

“神仙宿舍”背后的“秘密”

■本报记者 杨晨

近日，电子科技大学沙河校区 16 栋 505 宿舍“全寝保研”的故事引发社会关注——寝室里的 4 个女孩儿均以优异成绩保研，都将奔赴心仪的高校继续深造。

每到毕业季，类似新闻常见诸报端——整个寝室的人都成绩优异，要么保研名校，要么出国深造，要么找到满意的工作，成为令人羡慕和称赞的“神仙宿舍”。

但也有一些寝室的学生频频出现厌学、挂科，甚至退学等令人遗憾的情况。

这引起相关研究者的好奇——高校寝室环境对个体学业成绩有影响吗？如果有，又是如何影响的？

为此，电子科技大学大数据研究中心教授周涛以复杂系统零模型和回归分析为工具，收集了 5000 余名学生寝室分配和学习成绩数据，揭示了寝室环境中同伴影响的程度和调节因素。相关成果近日发表于《自然－通讯》。

为量化教育提供参考

在西方国家的一些高校，为大一新生分配寝室通常会考虑新生个性或生活方式等偏好。但在中国，除了专业和性别的限制外，寝室分配是一个随机的过程。并且一旦分配完毕，很少再有变化。

但周涛认为，国内这样的寝室分配机制，提供了一个难得的研究环境。“可以帮

助我们回答一个问题，即在随机分配的寝室里，是如何出现全体室友都非常优秀，或都陷入学习困境的？简而言之，室友之间是如何在成绩上影响彼此的？”

周涛向记者解释，之所以要选择这一话题进行探究，是因为揭示和深入理解同伴对个体学业成绩的影响，有助于制定优化学习环境的管理政策，对量化教育具有参考意义。“例如设计个性化的寝室干预措施，以便有效利用高成就同伴的影响力来促进其他学生的学业表现。”

研究过程中，周涛团队收集和整理了两个年级总计 5272 名匿名本科生的住宿信息，他们分属于 1318 个 4 人间寝室，且 5 个学期内无变动。同时，该团队还收集了每人每学期相应的成绩数据，即每个人的专业排名百分位。

团队利用复杂系统零模型和传统回归分析工具，定量刻画了寝室环境中同伴对学习成绩影响的程度，并进一步分析了室友的成绩差异，以及自身在寝室中的排序对未来成绩的影响。

周涛解释，零模型是自然科学中广泛使用的研究复杂系统非平凡特征的方法，借助零模型，可以准确判断寝室中同伴影响的存在性，并进一步衡量其强度和变化趋势。同时，回归模型是解释性和预测性建模的基本工具，可以厘清寝室中影响成绩的同伴因素。

优秀的室友集体有正面作用

研究提出了一个评估室友之间学业成绩相似程度的指标，即同化程度，并将其在实际数据中的值与在室友零模型中的值进行对比，以此衡量室友同伴效应的大小。

数据分析显示，实际数据中的同化程度明显大于室友零模型，这说明室友间具有同伴效应，即室友的相似表现比随机比对情况下更多。随着时间的流逝，同化呈现出总体上升趋势，意味着室友住在一起的时间越长，同伴效应就越强。“简单来说，寝室中大约 10% 的成绩变化归因于室友之间的同伴影响。”周涛表示。

令研究团队意外的是，学生自身已有成绩对未来成绩的影响最强，其程度远超室友的同伴影响。回归模型的结果显示，室友已有平均成绩对学生未来成绩的影响，大约仅为学生自己已有成绩对未来成绩影响的 6%。

周涛解释，分析中的“已有成绩”和“未来成绩”是一组时间上的相对概念，前者指学生在前一学期的成绩，后者指学生在接下来一学期的成绩，“二者都是收集到的真实数据”。

但在控制年级、专业、性别等因素后，团队发现，学生自身未来成绩与室友的已有平均成绩仍具有显著的正向关联，且这种正向关联受到室友成绩差异的显著调节。

“室友成绩差异较小时，学生自身未来

成绩与室友的已有平均成绩的正向关联更加显著。另外，学生自身在寝室内的成绩排序与未来成绩也呈现正向关联，即排序靠后的学生更可能在未来提高成绩。”但周涛强调，该正向关联仅在室友之间的成绩差异较小时存在，暗示优秀的室友集体有正面作用。

他补充说，室友成绩差异较小，是相对于所有室友成绩差异的平均值而言。差异“较大”指高于室友成绩差异平均值 1 个标准差。而差异“较小”指低于室友成绩差异平均值 1 个标准差。“但总体来说，室友已有成绩对学生未来成绩的影响，都明显小于学生自身已有成绩对未来成绩的影响。”

周涛表示，目前的研究范围仅限于同一所大学中两个年级的本科生，研究获得的发现能在多大程度上推广到其他学生群体、大学和国家，还有待进一步探究。“如果有机会获得不同社会经济背景下的学生相关住宿信息和学业成就数据，将非常有利于对该普适性问题做进一步调查和分析。”

同时，周涛指出，寝室环境之外的因素可能会影响室友学业成绩的同化度量，如行为严谨性、课堂互动、社交网络、行为模式和共同的外部因素。该研究还揭示了寝室同伴影响背后的机制，如同伴压力，这也是研究人员要继续探索的内容。

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1038/s41467-024-49228-7>

华南植物园迁地保育珍稀濒危植物 1027 种

本报讯（记者朱汉斌 通讯员黄瑞兰）近日，中国科学院华南植物园（以下简称华南植物园）举办了植物多样性宣教系列活动。记者在活动上获悉，被誉为珍稀濒危植物保护诺亚方舟的华南植物园目前迁地保护分类群 18856 个，其中保育珍稀濒危植物 1027 种。

华南植物园副主任叶清表示，华南植物园一直致力于热带亚热带地区的植物保护、科学研究、资源开发利用与知识传播，率先创建了利用生物技术、生境恢复技术和种间关系促进技术集成方法，合作开展了珍稀濒危植物回归研究与示范，成功实现了报春苣苔、古黄兜兰、杜鹃红山茶、虎颜花、龙州金花茶、猪血木、长梗木莲、峨眉拟单性木兰等 36 种华南珍稀濒危植物的野外回归。

基于植物园迁地保育活植物的长期观测评价，华南植物园筛选出 100 种特色经济植物，赠送给广州市、韶关市和肇庆市以供地方植物园建设和开发利用，同时也将向广州市机关单位和 100 个科学种植科技劳动教育示范校园赠送猪血木、金花茶、华盖木、花榈木等一批国家重点保护植物种苗，助力植物园和绿美广州、绿美校园等生态建设。

华南植物园研究员曾宋君表示，华南植物园自上世纪 70 年代开始进行猪血木的引种工作，1995 年引种的 4 株猪血木生长良好并开花结实。目前，已在其原产地阳春市顺利开展野外回归工作；在广西平南县和巴马县进行群落重建，扩大野外种群数量；并利用栽培 10 年的植株侧枝等对猪血木的木材品质进行系统评价。

本报讯（记者李惠钰）聚氨酯是日常生活中随处可见的新材料，通过发泡技术，它可以塑造出不同形状。7 月 16 日，巴斯夫“小小化学家”北京站活动在中国科学技术馆启动。今年，“小小化学家”全新推出“奇幻发泡世界”和“水魔法世界”两款实验项目，通过安全、有趣的实验操作，为孩子们打开聚合物世界的大门。

生活中，小朋友经常接触的玩具，很



小朋友正在做“奇幻发泡世界”实验。

巴斯夫供图

『小小化学家』 打开聚合物世界的大门

能，即便有外力施压也很难将已经吸进去的水再分离出来。通过“水魔法世界”实验，小朋友们能够直观感受到不同材料的吸水性能，观察吸水树脂从“小颗粒”变成“大水珠”的过程，感受材料的魔幻魅力。

据悉，7 月 16 日至 7 月 21 日，6 到 12 周岁的学龄儿童可前往中国科学技术馆体验实验活动，发现隐藏在身边的化学创新。

中国科学报

进展

西南大学

鲨鱼 XY 性染色体起源于 1.8 亿年前



实验分析了 9 种软骨鱼，其中一种。张帆 摄

本报讯（记者温才妃 通讯员雷四维）西南大学生命科学学院教授徐浩浩团队重构了软骨鱼类及有颌脊椎动物的染色体演化历史，获取了首个软骨鱼类高质量 Y 染色体序列，并发现鲨鱼的 XY 性染色体起源于其共同祖先，距今约 1.8 亿年。近日，相关研究成果发表于《细胞基因组学》。

细胞遗传学分析提示，鲨鱼染色体的形态与构成可能保留了脊椎动物祖先特征，但仍缺乏直接证据。该研究组装了一条雄性条纹斑竹鲨的两个单倍型基因组，其中每个单倍型基因组的大小约为 5Gb，是目前已发表最大的软骨鱼基因组。系统发育分析显示，鲨鱼的共同祖先和鲭鱼大约在 2.37 亿年前分化，而须鲨目大约在约 1.8 亿年前从其他鲨鱼中分化出来。

课题组通过比较 6 种软骨鱼类染色体级别基因组，重构了软骨鱼类及有颌脊椎动物的染色体演化历史。研究发现，条纹斑竹鲨的大部分微染色体与鸡的微染色体存在共线关系，这意味着软骨鱼和硬骨脊椎动物可能具有共同的微染色体起源，进一步推断出有颌脊椎动物的祖先可能具有 18 对微染色体，软骨鱼类的祖先可能具有 46 对染色体。

该研究还利用生物信息分析鉴定了条纹斑竹鲨的 XY 性染色体，并通过实验验证了 Y 染色体。研究发现，条纹斑竹鲨的 Y 染色体高度退化，丢失了绝大部分基因。

该研究揭示了所有鲨鱼共享 XY 性别决定系统，这表明鲨鱼的性染色体至少在约 1.8 亿年前已经分化形成。这是目前已知脊椎动物最古老的性染色体系统之一。

相关论文信息：<https://doi.org/10.1016/j.xgen.2024.100607>

中国科学院昆明植物研究所等

3 种假说解释花瓣内外颜色为何不同

本报讯（记者高雅丽）自然界大多数植物的花瓣内面色彩鲜艳，而外面颜色较淡，呈现出典型的颜色不对称分布的特点。近日，中国科学院昆明植物研究所研究员王红研究组提出了 3 种科学假说，解释花瓣内外面颜色的不对称性。相关研究成果发表于《植物生物学》。

王红与合作者选取了滇西北玉龙雪山和欧洲的百余种花朵，对花瓣的内面和外面以及花苞的花色展开研究。他们利用紫外摄影技术和反射、透射光谱，比较了花朵在花蕾期和开放后花瓣内外面颜色的差异，以及紫外吸收和反射的色素分布的不对称性。研究发现，花瓣内外面颜色在可见光和紫外光下具有明显差异。花瓣的背面，特别是暴露于外界的花苞往往具有较为均一的紫外吸收特点，而花瓣内面则表现出紫外花色式样，即紫外吸收和反射同时出现在花瓣上。

基于上述结果，研究人员提出 3 种科学假说解释花瓣内外面颜色的不对称性。第一种为“花粉保护假说”，花瓣在花蕾期通过各种折叠方式包被发育中的花粉，从而起到保护花粉的作用；第二种为“植食昆虫趋避假说”，花蕾期的花瓣外面颜色较为暗淡，不容易被植食昆虫发现，从而保护花朵，同时，一些暴露于外界的花瓣背面的色素具有抗虫毒性，如金丝桃属植物，能趋避植食性昆虫；第三种为“传粉昆虫吸引信号假说”，花结构中吸引传粉昆虫的部分往往具有鲜艳的颜色或紫外花色式样，反之，花瓣外面颜色较为暗淡。3 种假说互不冲突且相互补充，为解释花瓣颜色内外面的不对称性提供了重要支持。

相关论文信息：<https://doi.org/10.1111/plb.13680>

广东省农业科学院动物卫生研究所等 盖塔病毒鉴定获进展

本报讯（记者朱汉斌）近日，广东省农业科学院动物卫生研究所研究员翟少伦团队与复旦大学研究员张荣团队合作，在猪盖塔病毒鉴定研究方面取得新进展。相关成果发表于《微生物学谱》。

盖塔病毒隶属于披膜病毒科甲病毒属，是一种由蚊虫传播的虫媒病毒，可在蚊子体内增殖并通过叮咬传播给宿主动物，感染盖塔病毒的宿主动物又成为传染源，被未感染蚊子叮咬，形成“蚊子－宿主动物－蚊子”的循环模式。盖塔病毒宿主范围广泛，目前发现的潜在感染宿主动物多达 19 种，在人类中也检测到盖塔病毒中和抗体的存在。盖塔病毒感染宿主猪后，主要临床表现为发热、腹泻和繁殖障碍，严重时甚至引起患病仔猪死亡。

盖塔病毒属于 RNA 病毒，其核酸为单股正链 RNA，基因组由 5′ 非编码区、两个开放阅读框和 3′ 非编码区组成，其中 3′ 非编码区极少出现连续碱基的缺失或插入。近年来，盖塔病毒引起猪病的相关报道持续增加，给养猪业造成了巨大损失。

该研究从发生母猪流产、发情异常、腹泻，新生仔猪体温过低、水肿、共济失调和死亡的猪场，分离到一株新异猪盖塔病毒，命名为 GDHYLC23。研究人员利用病毒全基因组测序和生物信息学方法获得病毒全基因组，并对其进行分析。结果显示该病毒毒株属于 GⅢ 基因型，序列比对分析发现在其紧邻 ORF1 的 3′ 非编码区处存在一段较长插入，长度为 32bp，该片段插入目前尚未见报道。该毒株的发现拓展了对猪盖塔病毒多样性及变异性的认知，为研究相关猪病奠定了基础。

相关论文信息：<https://doi.org/10.1128/spectrum.00483-24>