

“小柯”秀

一个会写科学新闻的机器人

《国家科学院院刊》

气候变化对日长变化主导作用日益增强

瑞士苏黎世联邦理工学院 Shahvandi Mostafa Kiani 发现，气候变化对日长变化的主导作用日益增强。相关论文近日发表于美国《国家科学院院刊》。

冰盖和全球冰川的融化导致海平面上升，两极到赤道的物质输送增加了地球扁率，并导致白昼长度(LOD)增加。

研究人员通过对 1900 年以来地球表面质量变化的观测和重建，发现 20 世纪气候引起的 LOD 趋势在 0.3–1.0ms/cy 之间徘徊，但自 2000 年以来已经加速到 $1.33 \pm 0.03\text{ms/cy}$ 。进一步的研究表明，地表质量运输解释了过去 30 年观测到的地球扁率加速趋势。研究得到了由冰川均衡调整(GIA)引起的 LOD 下降趋势的独立测量值 $-0.80 \pm 0.10\text{ms/cy}$ ，这为地幔深度设置了阈值。

GIA 速率和月球潮汐摩擦的总和充分解释了 LOD 的长期趋势，这种趋势是从当代气候变化开始之前的过去 3000 年日食记录中推断出来的。该研究对高排放情景下未来气候变暖的预测表明，到 2100 年，气候引起的 LOD 速率可能达到 $2.62 \pm 0.79\text{ms/cy}$ ，超过月球潮汐摩擦，成为 LOD 长期变化的最重要因素。

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1073/pnas.2406930121>

《细胞》

海绵状逆转录病毒的跨界演化关系及组装

英国弗朗西斯·克里克研究所研究人员与德国德累斯顿工业大学研究人员合作，通过综合冷冻电镜结构揭示了海绵状逆转录病毒的跨界演化关系，及其组装和病毒入侵的分子基础。相关研究成果近日在线发表于《细胞》。

据介绍，海绵状病毒(FV)是一种古老的逆转录病毒谱系，其演化历史超过 4.5 亿年。基于原型海绵状病毒(PFV)的载体系统是基因治疗和溶瘤治疗的有前景的候选者。研究 PFV 的结构有助于理解 FV 复制、进入细胞以及逆转录病毒演化的机制。

研究人员结合 cryoEM 和 cryoET 来确定 PFV 二十面体衣壳(CA)和包膜糖蛋白(Env)的高分辨率原位结构，包括其 III 型跨膜锚点和膜近端外区(MPER)，并展示了它们如何在组装的 PFV 颗粒的集成结构中组织。原子模型揭示了一种古老的逆转录病毒衣壳结构，以及 Env 与其他单胞病毒 1 类融合蛋白之间意想不到的关系。上述研究结果是从头测定组装逆转录病毒颗粒的结构。

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1016/j.cell.2024.06.017>

更多内容详见科学网小柯机器人频道：
<http://paper.scientenet.cn/AInews/>

给多肉浇水，她意外发现液体传输新机制

(上接第 1 版)

当前，在医学应用中，微流控芯片的结构设计仍然面临一些挑战，包括如何精确操控微量液体，如何实现高通量和高效率分析检测设备的微型化、集成化和自动化等。

“如果能够设计出类似若绿表面、具有选择性定向液体传输功能的结构，提供一种新的操控模式，可有效解决流体流动中的多种问题，结合现有的工业和医学应用场景，可以进一步推动这些技术的发展和应用。”杨玲说。

做“不以发文章为目标”的科研

从西安交通大学硕士毕业后，杨玲进入企业和高校工作了两年。出于内心对科研的向往，她决定前往香港大学继续深造。

“硕士阶段以能源动力和传热研究为主，偏向工程学，而博士阶段的研究方向则更偏向基础和理论研究，两者有很大的不同。”杨玲说。

研究方向的转变并没有让杨玲知难而退。“我在生活中处处都能发现科研的灵感。比如，雨滴落在不同表面上的轨迹、水沸腾时的气泡形成现象、孩子们吹出的泡泡形状等。如果带着好奇心观察自然界，会发现很多有意思的现象。”杨玲说。

同时，课题组的科研理念和合作精神也让杨玲受益匪浅。“我的导师和同伴们都秉持以质量取胜、追求研究深度的理念，而非单纯追逐论文数量的增长。这种纯粹的科研态度深刻地影响了我。”

对于第一次在顶刊发表论文，杨玲有着自己的感悟。“将个人兴趣融入研究之中，注重每一个细节的打磨与持续改进，积极寻求与他人的合作，这些都是我实现科研目标的关键策略。这些做法不仅提升了研究质量，更让科研过程本身变得充满乐趣与成就感。”

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1126/science.adk4180>

每棵树包含超 1 万万个微生物

大量细菌、古细菌和真菌可能有助于保护树木

本报讯 树木是各种生命的家园。一项迄今最全面的调查发现，平均每棵树干内生活着超过 1 万万个真菌、细菌和其他微生物，它们组成了针对各个树种的独特群落。近日，该研究公布于预印本平台 bioRxiv。

未参与该研究的西班牙国家研究委员会微生物学家 Jesús Mercado Blanco 表示，其中一些微生物可能是益生菌的候选者，它们可以抵御或杀死病原体。因此，这项研究可能为保护世界各地的脆弱树木带来新方法。

微生物是植物生命的重要组成部分。例如，土壤中的真菌可以帮助植物根系获得水分和养分；叶子上的有益细菌和真菌可以防止有害真菌或细菌的感染。但人们对生活在健康树木中的微生物知之甚少。据估计，地球上 10 万棵大树含有 4500 亿吨碳，这使动物体内的 20 亿吨碳不值一提。

在这项新研究中，美国耶鲁大学博士生 Jonathan Gewirtzman 与该校另一位专门研究分子生物学的博士生 Wyatt Arnold 合作，在美国

康涅狄格州的一片研究林分析了 15 个常见树种，包括橡树、枫树和松树。他们从 158 棵树的树干上取下了比铅笔还细的木材样本，又从每棵树周围采集了土壤样本。在从木材和土壤中提取 DNA 后，他们将遗传物质送到实验室，对关键标记基因 16S 和 ITS 进行了测序。Arnold 将这些数据与已知微生物的序列进行了对比。

为了粗略估计一棵典型树木内原核微生物的数量，他们从树干中 1 克木材的丰度入手，再乘以一棵 5 吨重的树的重量，最终得出了 1 万万个原核生物的结果。这一结果并不包括真菌——后者是真核生物，其丰度无法从遗传数据中可靠地计算出来。尽管这听起来很多，但人类消化道含有的原核细胞大约是树干的 38 倍。

正如各种动物都有自己独特的微生物群落一样，这 15 个树种也有独特的群落。例如，枫树中有更多吃糖的微生物，后者可能以甜树液为食。与此同时，已知能抵抗腐烂的树种（如东部铁杉）的微生物丰度最低。

整个森林也有一个广泛的模式。无论什么

树种，微生物群落似乎都在不同的组织中提供专门服务。例如，致密的芯材往往比周围的树干含氧量更少，但有更丰富的产甲烷细菌。相比之下，边材中的细菌能够适应高浓度的氧气。

虽然这种模式在一项对单一树种的研究中已被发现，但新研究将分析范围扩展到 15 个常见树种，从而提供了一幅活树中典型木材微生物组的图景。“这是向前迈出的重要一步。”美国华盛顿大学植物微生物学家 Sharon Lafferty Doty 说。

Gewirtzman 说，这项研究提出的问题比回答的问题多。一个谜题是生活在木头里的微生物的起源。最明显的来源是土壤，因为土壤富含细菌、古细菌和真菌。但在研究小组研究的一些树种中，只有 3% 的树木微生物多样性与其生长的土壤中的微生物重叠。

最终，研究人员需要找到调整树木微生物组的方法，以帮助树木免受病原体的侵害。美国佛罗里达大学植物病理学家 Samuel Martins 说，这需要更多地了解生活在树木中的微生物的功



健康树木内部生活着多种微生物。

图片来源：WIRESTOCK CREATORS

能，这是一个挑战，因为很少有微生物可以在培养皿中生长。他说，这项新研究可以帮助回答关于植物中微生物的两个基本问题：“谁在那里？它们在做什么？”

(李木子)

相关论文信息：

<https://doi.org/10.1101/2024.05.30.596553>

科学此刻 ■

数百种植物要改名

研究人员首次投票删除了植物的学名，因为它们令人反感。植物学家决定，超过 200 种植物、真菌和藻类物种的名称中不再包含一个与种族歧视有关的词汇——caffra，这个词主要针对非洲南部的黑人和其他人种。

7 月 18 日在西班牙马德里国际植物学大会上表决通过的上述变化，意味着从 2026 年起，像南非刺桐这样的植物，将被正式更名为 *Erythrina affra*，而不是原先的 *Erythrina caffra*。

尽管投票结果总是势均力敌，但我们始终对这个过程和大部分国际同行的支持充满信心。”南非纳尔逊·曼德拉大学(NMU)植物分类学家 Gideon Smith 说。他与另一位 NMU 植物分类学家 Estrela Figueiredo 一起提出了这一建议。

他们的建议是将基于 caffra 及其衍生词的物种名称替换为“aff”的衍生词，以此来表明其非洲起源。这项建议在无记名投票中顺利通过，赞成票与反对票的比例为 351 : 205。



从 2026 年起，*Erythrina caffra* 改名为 *Erythrina affra*。

图片来源：Orazio Puccio/Alamy

成立了特别委员会，用来处理新描述的植物、真菌和藻类命名的伦理问题。物种名称通常是由首次在科学文献中描述它们的科学家决定的。现在如果名称被认为包含对一类人群的贬损，则可以被该委员会否决。但这一规定仅适用于 2026 年后命名的物种，而不适用于 Thiele 和其他植物学家希望删除的历史名称。

Thiele 表示，成立一个命名伦理委员会并制定规则处理带有贬义的新名称，可能是他在本次大会上期望的最好结果，“至少是对这个问题有了一点认识”。(冯雨晴)

成立了特别委员会，用来处理新描述的植物、真菌和藻类命名的伦理问题。物种名称通常是由首次在科学文献中描述它们的科学家决定的。现在如果名称被认为包含对一类人群的贬损，则可以被该委员会否决。但这一规定仅适用于 2026 年后命名的物种，而不适用于 Thiele 和其他植物学家希望删除的历史名称。

Thiele 表示，成立一个命名伦理委员会并制定规则处理带有贬义的新名称，可能是他在本次大会上期望的最好结果，“至少是对这个问题有了一点认识”。(冯雨晴)

“旧石器饮食”存在风险

本报讯 近年来，高蛋白饮食很受欢迎。然而，一项新研究发现，这么吃并非没有风险。

瑞士日内瓦大学(UNIGE)科研人员利用小鼠模型研究了高蛋白饮食的影响，发现虽然这种方式能够调节体重和稳定糖尿病病情，但过量的蛋白质摄入，大大增加了铵的产生，使肝脏不堪重负。过量的铵会导致神经系统紊乱，严重时还会导致昏迷，这意味着在遵循这些饮食方式时要谨慎。相关研究成果近日发表于《生物化学杂志》。

为研究高蛋白饮食的影响，研究人员给健康的小鼠和肝脏中缺乏 GDH 的小鼠提供了一种蛋白质含量与“旧石器饮食”相近的饮食。

结果显示，在健康小鼠体内，虽然过量的蛋白质会增加铵的产生，但由于 GDH 的作用，肝脏能够控制这种过量的铵，GDH 会在铵造成损

害之前进行解毒。

相比之下，在缺乏 GDH 的小鼠中，肝脏无法消除来自蛋白质的过量有毒铵。

“无须等待数周或数月，持续几天的饮食改变就足以观察到主要结果。”论文第一作者 Karolina Luckowska 解释说。

这些结果表明，在 GDH 功能失调的情况下，高蛋白饮食可能会导致有害的铵过量。未被肝脏清除的铵可引起严重的疾病，特别是神经系统疾病。血液检测可以评估 GDH 活力，以避免 GDH 缺乏的人体内的蛋白质代谢负荷过重。

“因此，在摄入高蛋白饮食之前，了解情况非常重要。”Maechler 总结说。(文乐乐)

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1016/j.jbc.2024.107473>

环球科技参考

中国科学院成都文献情报中心

美国支持下一代新冠疫苗临床试验

近日，美国生物医学高级研究和发展管理局(BARDA)宣布，将向美国生物技术公司 GeoVax 实验室提供约 2430 万美元的 Project NextGen 项目资金，以推进该公司开发下一代新冠病毒候选疫苗 GEO-CM04S1 的 2b 期临床试验。

该疫苗专门设计用于诱导抗体和 T 细胞对病毒中不太可能随时间发生突变的部分产生反应，因此可针对病毒新变种提供更广泛和持久的保护。

BARD A 资助的临床试验将评估 GeoVax 疫苗候选物与已授权疫苗的安全性和有效性。目前授权的新冠疫苗都是针对病毒的刺突蛋白。而上述研究性疫苗不仅针对刺突蛋白，还针对病毒的非刺突蛋白，这可能提供更广泛、更持久的保护，以对抗新冠病毒的新变种。GeoVax 将与 BARDA 的临床研究网络合作，进行临床试验，招募多达 1 万名志愿者。

据悉，Project NextGen 是由 BARDA 和美国国家过敏和传染病研究所牵头的 50 亿美元项目，旨在加速和简化下一代创新新冠疫苗、治疗药物和促进剂的开发。

世卫推出医疗设备信息平台

近期，世界卫生组织(WHO)推出了一个名为 MeDevIS 的医疗器械信息系统在线平台。这是第一个全球开放获取的医疗器械信息交换所，旨在支持政府、监管机构和用户在医疗器械的选择、采购和使用方面的决策，这些医疗器械将用于疾病的诊断、测试和治疗以及健康状况监测。

MeDevIS 平台涵盖 2301 种用于广泛健康问题的医疗器械，包括生殖健康、孕产妇健康、新生儿和儿童健康，以及非传染性疾病，如癌症、心血管疾病、糖尿病，还有传染病、如新冠肺炎。

全球有超过 10000 种不同的医疗器械用于健康问题的预防、诊断、治疗或康复，包括脉搏血氧仪、数字体温计、一次性注射器、医用口罩等。然而，目前有多个由主要国际组织、监管机构和捐助机构提供的医疗器械信息来源，导致用户难以辨别和利用所需的信息。在 MeDevIS 中，用户可以检索需要的设备，包括类型、支持设备的健康系统级别、设备的范围以及所需的基础设施等。MeDevIS 取代了多个出版物基于纸张的文献搜索。这

些出版物使用非标准的设备名称，这增加了搜索复杂性。

除了提供单一平台外，MeDevIS 还有助简化医疗器械的命名。MeDevIS 参考了两种医疗器械的国际命名系统。一种是欧洲医疗器械命名(EMDN)，主要用于欧洲国家在欧洲数据库中注册。另一种是全球医疗器械命名(GMDN)，被澳大利亚、加拿大、英国、美国等国家监管机构使用。这些命名系统包括编码和定义，可以在每个国家使用，以促进注册批准、采购和供应、卫生设施的库存、跟踪和定价。

澳大利亚开发基因编辑新工具

澳大利亚悉尼大学研究团队开发了一种新的基因编辑技术——SeekRNA，这种技术在准确性和灵活性方面超越了现有的 CRISPR 系统。相关研究近日发表于《自然 - 通讯》。

SeekRNA 由一个小型蛋白(约 350 个氨基酸)和一段 RNA 链(70–100 个核苷酸)组成，这种紧凑的系统便于通过纳米级递送载体将编辑工具有效传递到目标细胞。SeekRNA 依赖于可编程的 RNA 序列，这些序列能够精确定识别并

靶向基因组中的特定插入位点，从而实现更为精确的基因编辑。与传统的 CRISPR 技术相比，SeekRNA 通过其独特的 RNA 引导机制减少了在基因编辑过程中可能发生的错误，提高了编辑的精确度。

CRISPR 技术通过在目标 DNA 上制造双链断裂，然后利用细胞自身的修复机制插入新的 DNA 序列，但这一过程可能会引入一些错误。而 SeekRNA 提供了一种新的基因编辑方法，它能够在不依赖其他蛋白质的情况下，精确地切割目标 DNA 并插入新的序列，从而提高编辑的准确性和可靠性。

SeekRNA 技术源自于细菌和古菌中广泛存在的 IS1111 和 IS110 等天然插入序列家族。这些家族的成员通常具有很高的目标特异性，这使得 SeekRNA 能够针对任何基因组序列进行精确编辑。

研究人员已经在细菌中验证了 SeekRNA 的有效性，并计划进一步研究其在人类真核细胞中的适用性。SeekRNA 的开发为基因编辑领域带来了新的希望，它不仅提高了编辑的精确度，还可能减少与 CRISPR 相关的潜在错误，为未来的基因治疗和生物医学研究开辟了新的道路。