

这些年货，由科学家“严选”

■本报记者 高雅丽

“刘老师，您来啦？快看看我们的鱼怎么样？”1月10日，第四届中科院年货节在中国科学院地理科学与资源研究所（以下简称地理资源所）启动。吉林磐石千塘鱼的销售经理王志壮站在自家产品前，热情地招呼一位身着紫色唐装的女科学家。

王志壮口中的“刘老师”是地理资源所研究员刘闯，也是吉林磐石千塘鱼夏钓冬捕“地标生境”案例的首席专家。《中国科学报》记者看到，一条足足6斤重的胖头鱼在一个透明氧气袋里翻腾着。这条鱼两天前从水库里被捞上来，一路由王志壮带到北京。

年货节现场，还有广西荔浦芋头、江西乐安竹笋、云南基诺普洱茶、陕西镇巴腊肉、山西泽州黄小米、吉林磐石兰家村大米、四川遂宁红薯……与普通“土特产”不同，这些年货都经过科学家“严选”，贴上了“优质地理产品”的标志。

“地标生境”即“优质地理产品生态环境保护与可持续发展”项目，是地理资源所、中国地理学会等联合提出的2021—2030十年行动计划。目前，来自12个省区的22个地标生境优秀案例已被成功推出。

地标生境还被纳入“科创中国”计划。与此同时，经中国科协批准，“科创中国—地标生境专业科技服务团”正式成立，刘闯任首席专家。跟刘闯一样，服务团的科学家深入田间地头，与农民亲切交流，了解他们的需求和困难。

优质地理产品往往具有独特的地域特色和品质优势，但由于目前在市场上与普通产品难以区分，因而得不到合理的市场回报。

“如何用科学的语言讲一句公道话？”刘闯在实践中将地理、资源、生态等基础科学与地理信息系统、遥感与地球观测等信息通信技术融为一体，通过规范化、标准化，将科学普及和地方优秀传统文化有机结合，保护优质地理产品的生态环境和品质，扎扎实实地推动一个个案例落地。



王志壮向记者展示吉林磐石千塘鱼。高雅丽/摄

据了解，所有的地标生境案例均需规范标准下将案例信息归纳成数据、视频和文章，3项成果均需经过同行专家严格三审、三校，并在国内外正式注册“地标生境”案例，在《全球变化数据学报》《全球变化数据仓储电子杂志》正式出版。案例产品推介到“优质地理产品电子商城”，以此确保每一件商品都产权明晰、安全健康、品质卓越，使知识产权得到充分尊重与保护。

王志壮告诉《中国科学报》记者：“磐石千塘鱼品质很好，之前只在当地有名气。自从刘老师带着科学家来到我们这里，通过采集数据、试验论证，为我们认证了优质地理产品，也为产品打开了广阔市场，让大家的钱袋子实实在在了鼓了起来。”王志壮道出众多地方农户的心声。

年货节现场的另一侧，身着基诺族民族服装、来自云南边境的刘怀鑫正在为宾客介绍普洱茶和红茶的不同。袅袅茶香，不仅传递着基诺山的自然韵味，也讲述着科学保护与“绿水青山”的故事。

与茶香交织的一股米饭香也让不少人驻足，这香味来自刚出锅的“磐石兰家村大米”。刘闯和兰家村结缘始于2020年12月。她第一次进

村时，这里交通闭塞，全村1900多人，35岁以下劳动人口仅2人。村主任说，当年的村集体收入为零，甚至还欠村民的钱。

“大米质量好，却卖不上价格。”看到这种情况，刘闯决定用科学手段帮助这个村庄致富。她要求兰家村大米注册商标、开导村民组织起来建立合作社、配备科学家担任案例首席专家……经过一系列努力，兰家村大米价格由每斤3元涨至22元，产品得到了市场的认可，村民收入显著提高。

整个年货节现场，人声鼎沸、笑语连连。“过去请也请不到的大专家，现在帮我们打出了优质地理产品的名号。”一位企业家告诉《中国科学报》记者。

地理资源所研究员诸云强是广丰马家柚亚热带低山丘陵案例首席专家。他带领团队采取基因检测等手段，科学界定了马家柚的品种和品质，还通过测定环境、水土气等因素，为马家柚的生产提供了科学的指导和保障。

“通过这次案例，我才有机会全面审视自己的家乡，发现了家乡的美，也感受到科技为家乡带来的变化。”诸云强说。

如今，地标生境这项工作还在联合国闯出了名头。尼泊尔、巴拿马、巴布亚新几内亚、不丹、孟加拉国等20多个国家纷纷加入地标生境技术培训行列，并将地标生境方法和技术融入联合国“一国一品”倡议在本国实施的方案中。

夜幕降临，年货节仍人头攒动。而刘闯又回到了办公室，为即将于1月20日举办的第四届磐石千塘鱼冬捕文化节做着准备。



1月12日，在浙江嘉兴，新建萧山机场站枢纽及接线工程钱塘江隧道“钱塘号”盾构顺利启动。

钱塘江隧道为杭州机场高铁全线重点工程，北起海宁周王庙，南至杭州钱塘区，隧道全长5328米，其中盾构段长3704米。

隧道以单洞双线形式下穿钱塘江，最大埋深49.2米，最大水土压力为4.5巴，被称为“钱江高铁第一隧”。

图为“钱塘号”盾构机刀盘转动、掘进。
中新社记者王刚/摄
图片来源：视觉中国

2024 天气事件盘点:极端高温成为常态

■本报记者 高雅丽

2024年3月至5月，乍得、肯尼亚、埃塞俄比亚、乌干达等非洲国家遭遇持续暴雨，引发了大规模洪涝灾害和山体滑坡，大量农田被淹、道路被毁、房屋倒塌……而这仅仅是2024年极端天气频发的一个缩影。

世界气象组织最新发布的报告显示，2024年成为自1850年有记录以来最热年份，多项关键气候指标破纪录。这一年的破纪录高温也伴随频繁极端天气事件，对人类社会造成巨大影响。

1月11日，中国科学院大气物理研究所副研究员张文霞牵头，联合澳大利亚联邦科学与工业研究组织、英国气象局等机构学者在《大气科学进展》发表论文，对2024年全球主要极端事件进行了总结回顾，讨论了这些极端事件的基本事实、关键物理过程和对全球增暖的影响，并探讨了当前面临的科学挑战。

“2024年全球主要极端事件包括暴雨洪涝、热带气旋和干旱，而极端高温正在成为‘新常态’。”张文霞表示，这是该团队第四年作年度全球极端事件综述，且每年都有各类破纪录的极端事件发生，几乎影响到全球各大洲。归因研究表明，人类活动影响了许多极端事件发生的概率或强度。

暴雨洪涝席卷全球

2024年，全球平均温度再创新高，成为有观测记录以来最热的一年。在此背景下，极端天气气候事件频发，其中暴雨洪涝更是席卷全球。

2024年4月至5月，中国华南、阿联酋、阿曼、中亚、巴西南部、东非、亚洲西南部等地均经历了灾难性暴雨洪涝。此外，热带气旋和干旱也在全球多地肆虐，如台风摩羯、飓风“海伦妮”和“米尔顿”，以及巴拿马运河、意大利等地的长时间干旱。

国家气候中心数据显示，2024年，全国平均降水量697.7毫米，较常年偏多9.0%，为1961年以来历史第三多，仅次于1998年的713.1毫米和2016年的711.0毫米。

“当暴雨洪涝发生在极度干旱地区时，例如2024年4月沙漠城市迪拜遭遇暴雨，8月塔克拉玛干沙漠发生洪水，由于当地应对经验不足，给抗洪救灾带来更大挑战。”张文霞表示。

气候变化加剧极端事件

从物理过程来看，极端天气气候事件往往伴随着天气系统扰动和大气环流异常，这是气候系统的自然变率。2024年上半年，全球许多地区的

暴雨和干旱事件都与前冬厄尔尼诺事件导致的大气环流异常有一定关系。

“但是，包括厄尔尼诺—南方涛动在内的内部变率并不能完全解释极端事件。基于极端事件的归因研究，我们已经知道工业化以来，人为导致的气候变化在许多地区加剧了极端降水、热带气旋和干旱的强度或频率。”论文合著者、澳大利亚联邦科学与工业研究组织James Risbey说。

“这与基本的物理解释一致。一方面，人为气候增暖导致大气水汽含量增加，有利于极端降水增强；另一方面，增暖的大气使得蒸发需求增加，干旱加剧。”张文霞解释说。

尽管气候学界对极端事件变化的认识在过去几十年中已有很大提升，但仍然面临挑战。特别是围绕极端降水的变化机理和归因，一个常见的难题是观测和气候模式模拟的长期变化趋势不一致。

张文霞指出，这背后包括了多方面原因，例如观测资料的不确定性、气候内部变率的影响、气候模式的不确定性等，都制约了极端降水归因的信度，是未来研究需要着重解决的问题。

“提高极端事件的归因水平需要更好地理解气候变化。更准确的归因将助力从灾后恢复到未来适应的一系列气候决策。”论文合著者、美国乔治·梅森大学Michael Brody说。（下转第2版）

全国科技工作会议在京召开

据新华社电 全国科技工作会议1月13日在京召开。中共中央政治局常委、中央科技委员会主任丁薛祥出席会议并讲话。

丁薛祥指出，党的二十大明确提出2035年建成科技强国，习近平总书记在全国科技大会上发表重要讲话，对新时代新征程科技工作作出重要部署。我们要深刻领悟“两个确立”的决定性意义，增强“四个意识”、坚定“四个自信”、做到“两个维护”，进一步统一思想、认识和行动，扎实推进科技强国建设，一步一个脚印把宏伟蓝图变为现实。

丁薛祥表示，要准确把握我国科技工作的总体格局，坚持全国“一盘棋”，加强战略规划、政策措施、重大任务、科研力量、资源平台、区域创新等方面的统筹。强化科技重大项目分工负责管理，抓好任务布局、监督评估和动态调整，项目管理向主责单位充分授权，确保接得住、管得好。强化以新型举国体制开展关键核心技术攻关，优化科技攻关组织模式和运行机制，充分发挥超大规模市场优势，促进产学研用协同、上下游协作。强化规划引领，增强工作推进的系统性、整体性、协同性。

中外科学家揭示

蛋白质稳定性与疾病的关联

本报讯(记者刁雯蕙)西班牙巴塞罗那基因组调控中心联合华大生命科学研究院(以下简称华大)在蛋白质研究领域取得重要突破,相关成果发表于《自然》。科学家首次通过对522个人类蛋白质结构域的大规模定点突变进行研究,成功构建了名为“Human Domainome 1”的数据集,揭示了蛋白质稳定性在致病机制中的关键作用。

人类基因组中有超过2万个基因序列用于编码蛋白质,这类基因如果发生了错义突变,将影响蛋白产物的结构和功能。其中,近5000种与蛋白质有关的错义突变和单基因遗传病相关,如脊髓性肌肉萎缩症、地中海贫血、白化病等。然而,对几乎所有蛋白质而言,变异对功能的影响目前尚未充分解析。

在该研究中,科学家采用华大自主研发的高通量并行合成技术,构建了包含120多万种蛋白质结构域突变体的深度饱和扫描突变文库。通过整合高通量测序和蛋白质质谱片段互补实验技术,他们精准量化了突变对蛋白质稳

定性的影响,发现其对蛋白质核心区域的稳定性影响更为显著,而对表面区域突变的影响较弱。该研究涵盖了195个全α(螺旋)、127个全β(折叠)、47个α+β等多种蛋白质结构类型,以及275个来自人类疾病基因的结构域,其中包含108个已注释的致病突变。

研究进一步预测了7271个蛋白质结构域中超过400万种突变,涵盖了13878种临床注释突变,包括1310种致病变体和951种良性变体。分析表明,52%的致病变体均表现出稳定性下降现象。而对整个数据集的分析发现,超过60%的致病性错义突变会显著降低蛋白质稳定性,揭示了蛋白质稳定性在疾病发生中的关键作用。

据介绍,“Human Domainome 1”数据集未来有望成为基础科学研究、临床遗传学及药物研发领域的重要工具,推动人类基因组精确注释和精准医学的实现。

相关论文信息:
<https://doi.org/10.1038/s41586-024-08370-4>

月壤样品中发现奇特晶体生长现象

本报讯(记者朱汉斌)中国科学院院士、中国科学院广州地球化学研究所研究员何宏平团队,首次在嫦娥五号月壤样品中观察到一种奇特的晶体生长现象,发现月表的铬铁矿纳米晶体可以像雨后的蘑菇一样从橄榄石表面向外生长。近日,相关成果发表于《美国矿物学家》。

结晶是人类生产生活中最重要的物理化学过程之一。传统结晶生长过程均是在地球上观察到的,但其他天体环境中的晶体生长是否有别于地球还不得而知。例如离地球最近的月球,由于没有大气层保护,其表面无时无刻不在遭受陨石和各种高能粒子的轰击;在轰击产生的极端高温、高压之下,月表晶体的粒径、形貌、生长方式和矿物组合都与地表晶体具有明显差异。

为探究这些奇特晶体生长现象的发生机制,研究团队采用原位聚焦离子束制样方法从嫦娥五号月壤角砾岩碎屑中提取样品,使用装载电子能量损失谱探测系统的高分辨透射电镜,对样品进行了微—纳米级矿物学研究。他们在样品中观察到一种罕见的由铬铁矿—陨硫铁纳米球—零价铁纳米球组成的枝晶结构,如蘑菇一般从橄榄石表面垂直生长。

电镜下的结构和成分分析揭示了该“蘑菇”结构形成的过程:一是碎屑遭受微陨石撞击,其所含Fe²⁺发生歧化反应,在熔融玻璃中

产生纳米零价铁球及Fe³⁺,同时产生纳米硫化铁球或其与零价铁球的不混溶复合体;二是含铁的纳米球在高温下与橄榄石发生定向附着;三是定向附着产生了具有高势能的缺陷位点,橄榄石中的Cr³⁺和玻璃中的Fe³⁺向缺陷处聚集并结晶出铬铁矿;四是在非平衡条件下,铬铁矿以枝晶形态向玻璃中持续生长,将纳米球向外顶出,直到体系能量消耗至无法跨越结晶的能垒为止。该过程得到了晶格失配度计算及热力学模拟计算的支持。

该研究提出了一种发生在极端非平衡条件下的生长新机制,能够利用原有物相内部的杂质离子,在原物相之间的非均质界面上产生新的矿物相。这一发现首次证明定向附着不仅可以发生在均相体系中,也可以发生在多相体系中,对现有非经典生长机制体系起到了重要的补充和开拓作用。

考虑到月球表面遭受撞击的频率很高,可以想见这种机制可能在月球风化层中普遍发生,从而影响月表的矿物组成和元素分布。同时,此类“蘑菇”结构的出现还可能作为极端非平衡结晶的指标,为后续针对无大气天体表面及其他极端条件下的晶体生长机制研究提供参考。

相关论文信息:
<https://doi.org/10.2138/am-2023-9214>

全球最大规模人类血液蛋白质研究启动



本报讯 为更好地了解疾病的发展和治疗方法,科学家1月9日启动了全球最大规模的人类血液蛋白质研究。

据《科学》报道,该项目由英国健康研究机构——英国生物银行与十几家制药公司合作完成,旨在测量50万人血液样本中5400种蛋白质的水平。组织者表示,对于其中一些人,研究人员将分析相隔数年的两个不同样本,生成一个研究个人蛋白质水平变化如何影响晚年疾病的“首创”数据库。

为该项目提供数千万美元支持并对30万份血液样本进行初步分析的公司将获得9个月的独家数据访问窗口,之后这些信息会更广泛地提供给经英国生物银行批准的研究团队。

科学家普遍认为,项目产生的大量数据将有助于开发血液检测方法,在症状出现之前发现疾病,并确定新的药物靶点。“这将是了解健康和疾病信息的非常强大的资源。”德国亥姆霍兹转化基因组学研究所所长Eleftheria Zeggini说。

自2006年以来,英国生物银行收集了50多万名志愿者的生物样本、医学图像和健康数据,并定期向研究人员发布一批匿名的健康信息及基因和其他数据。来自约50个国家的2

万多名科学家目前正在研究这些数据。

英国生物银行参与蛋白质数据分析始于2020年。当时,13家生物制药公司作为该机构合作方,分析了5.4万人血液中近3000种蛋白质的水平。在2023年的一篇论文中,合作团队确定了特定遗传变异与血液蛋白水平之间的1.4万多种关联,其中约80%是以前未知的。

该蛋白质组学数据集目前是同类数据集中最大的,被用于确定乳腺癌、帕金森病等疾病的生物标志物和潜在药物靶点。“这些数据最令人兴奋的应用之一是训练用于疾病预测的人工智能模型。”全球生物制药公司阿斯利康的遗传学家Ryan Dhindsa说。

下一阶段,该项目将把这项工作扩大近10倍,扫描来自英国生物银行50万名参与者的初始血液样本,以及15年后从其中10万名参与者中采集的后续样本。

英国玛丽女王大学的流行病学家Claudia Langenberg表示,扩充后的数据集将为追踪经常“被忽视”的疾病提供更好的解决方案,比如多囊卵巢综合征、运动神经元疾病以及某些肾癌和肝癌。

首批30万份样本的研制工作预计耗时一年,研究人员希望能够在数据开源时获得它们。“我们肯定会有所行动。”英国牛津大学的遗传流行病学家Cornelia van Duijn表示,研究蛋白质水平可以深入了解一个人的健康状况,并使其从早期治疗中受益。(王方)