

“小柯”秀

一个会写科学新闻的机器人

《科学进展》

研究重建始新世南极河流流域模式

英国伦敦帝国理工学院的 James W. Marschalek 团队基于阿蒙森海河口沉积物源分析,重建了始新世南极河流流域模式。相关研究成果近日发表于《科学进展》。

沉积记录能揭示西南极洲新生代地形与古环境历史,进而阐明该地区气候、地形与冰川作用之间的关联。结果表明,始新世砂岩中所有观测到的物源指标均来自西南极洲岩体,这暗示当时存在发源于西南极洲分水岭的局部河流系统。

该发现为限定西南极洲始新世中晚期的地形演化提供了关键依据,同时为理解裂谷作用历史及内陆盆地沉积物充填特征提供了新视角。

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1126/sciadv.aea2373>

《癌细胞》

人类胶质瘤从诊断到治疗和复发的多组学研究

美国斯坦福大学医学院的 Michael Angelo 团队开展了人类胶质瘤从诊断到治疗和复发的多组学研究。相关研究成果近日发表于《癌细胞》。

胶质瘤是最致命的癌症之一,其治疗选择有限。为揭示治疗逃逸和肿瘤微环境(TME)景观的特征,研究组应用空间蛋白质组学、转录组学和糖组学,对 310 名成人和儿童患者的 670 个病变进行了研究。单细胞分析结果显示,B7H3+ 肿瘤细胞在胶质母细胞瘤(GBM)和多形性黄色星形细胞瘤中的患病率很高;而大多数胶质瘤,包括儿科病例,仅不到 50%的肿瘤细胞表达可靶向的肿瘤抗原,这可能解释了试验失败的原因。

此外,异柠檬酸脱氢酶(IDH)突变胶质瘤的成对样本揭示了肿瘤免疫空间重组驱动的复发——从 T 细胞和血管相关的骨髓细胞富集壁龛转移到小胶质细胞和 CD206⁺巨噬细胞主导的肿瘤。多组学整合鉴定出 N- 糖基化是最好的分级指标,而免疫转录组最能预测 GBM 的生存。

该研究为胶质瘤的靶向、分类、结果预测和所有阶段 TME 组成的基线提供了一个框架。

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1016/j.ccell.2025.11.006>

《国家科学院院刊》

绝缘体的瞬时响应和量子几何

美国哥伦比亚大学的 Raquel Queiroz 团队对绝缘体的瞬态响应和量子几何进行了研究。相关论文近日发表于美国《国家科学院院刊》。

研究团队提出时间相关量子几何张量(τQGT),将其作为一个综合的工具来捕捉在线性响应中可观察到的绝缘子的几何特征。研究证实,τQGT 能够描述束缚电子的零点运动,同时可作为电子电导率广义和规则的生成函数。因此,它为计算绝缘体的瞬时响应提供了一个系统框架,包括光学质量、轨道角动量和介电常数。这种结构保证了在限制无限大量子系统的低能量描述中占据和未占据状态的数量时,相关数据之间的近似一致性。

此外,研究团队还概述了如何通过晶格干涉在周期系统中产生量子几何,并通过创建几何上的平坦发光,验证了从低频率到高频率的谱权转移现象。

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1073/pnas.2405837122>

《免疫学》

先天 2 型淋巴细胞触发肺泡巨噬细胞炎症开关

比利时根特大学的 Bart N. Lambrecht 团队发现,先天 2 型淋巴细胞(ILC2)会触发肺泡巨噬细胞(αAM)的炎症开关。相关研究成果近日发表于《免疫学》。

研究人员表示,组织驻留 αAM 通过抑制炎症保护气体交换。与募集的肺泡巨噬细胞(αAM)相比,αAM 被认为具有更强的免疫调节能力和抗炎症重编程能力。

通过小鼠模型实验,研究团队发现 αAM 在 II 型免疫过程中具有促炎作用。暴露于过敏原后,白细胞介素-33 激活的 ILC2 产生白细胞介素-13,通过诱导转录因子干扰素调节因子 4(IRF4)重编程 αAM。IRF4 抑制转录因子过氧化氢酶体增殖体激活受体 γ(PPARγ)的表达,并拆除 PPARγ 依赖的稳态调节。该调节定义了 αAM 的身份,同时启动转录程序驱动趋化因子的产生和细胞凋亡。这导致粒细胞、ILC2 和调节性 T 细胞的募集,以及肺泡生态位中多核巨细胞的形成。最后,PPARγ-to-IRF4 开关将 αAM 重新配置为促炎效应物,促进过敏原诱导的肺部病理。

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1016/j.immuni.2025.11.015>

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

健康的肠道菌群到底长啥样？

本报讯 人们常说有益肠道菌群的东西也有利于人体健康,但健康的肠道菌群究竟由什么构成?此前一直没有明确答案。一项涵盖 3.45 万余人的研究让我们对这些微生物的组合有了更进一步的了解。正是它们让人体拥有了较低的炎症水平、良好的免疫力、健康的胆固醇水平。12 月 10 日,相关研究成果发表于《自然》。

肠道菌群会影响人体免疫系统功能、衰老速度,甚至导致心理健康问题。以往的评估指标多聚焦于菌群多样性,但很难明确菌群组合如何相互作用、与人体某一特定健康指标有何关联。这是因为人与人之间的肠道微生物组差异悬殊。

论文共同通讯作者、意大利特伦托大学的 Nicola Segata 指出:“饮食结构、肠道菌群构成、菌群对健康的影响,三者存在极为复杂的关联。要厘清这些问题,唯一的办法就是扩大样本量。”

为绘制这份关联图谱,Segata 团队分析了来自“预测计划”的数据集。该计划由肠道菌群检测公司 Zoe 在英美两国开展,涵盖 3.45 万余名参与者。研究人员还利用西方国家 25 个其他

队列的数据分析,对研究结果进行了验证。

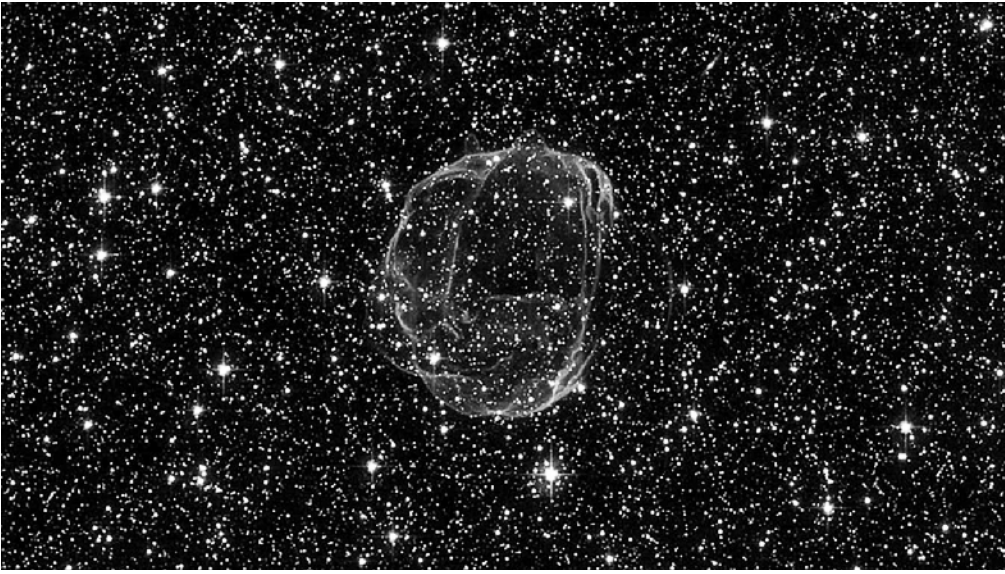
人体肠道内存在数千种细菌,研究人员重点关注了在参与者中出现率超过 20%的 661 种细菌。通过分析,他们筛选出 50 种与健康指标呈正相关的细菌,以及 50 种与健康指标呈负相关的细菌。

在 50 种“有益菌”中,有 22 种为科学界首次发现,主要在 4 个关键领域发挥积极作用——调节胆固醇水平、改善炎症与免疫健康、优化体脂分布、控制血糖。

研究显示,在没有基础疾病的健康人群中,肠道内的“有益菌”比患病人群平均多 3.6 种;而体重健康人群肠道内的“有益菌”则比肥胖人群平均多 5.2 种。

研究人员认为,肠道菌群之所以影响健康,核心在于其会释放多种关键化学物质,这些物质在胆固醇转运、抗炎、脂肪代谢及胰岛素敏感性调节中扮演着重要角色。

从菌群分类来看,无论是“有益菌”还是“有害菌”,多数属于梭菌纲。在这个类别中,毛螺菌科细菌出现频率极高,共涉及 40 种,其中 13 种是“有益菌”,27 种是“有害菌”。



大约 600 年前爆发的一颗超新星的遗迹。

图片来源: Claude Cornen

的前提下,为地球提供所需的放射性“原料”。在模型中,一颗距离太阳系约 3 光年的超新星,可通过两个阶段产生所需的放射性元素。第一阶段,放射性铝、锰等元素将直接在超新星内部生成,并随爆发产生的冲击波传播至太阳系;第二阶段,超新星释放的高能粒子,即宇宙射线,将紧随这些冲击波轰击太阳系原行星盘中尚在形成的气体、尘埃和岩石,并生成其他所需的放射性元素,如铍和钪。

“以往的太阳系形成模型只关注物质注入,却忽略了高能粒子的作用。”Sawada 表示,“我当时想,如果年轻的太阳系被这种高能粒子‘浴’吞没会怎样呢?”

由于该机制允许超新星位于比以往模型更远的位置,研究团队估计,银河系中 10%至 50%的类太阳恒星及行星系统,都可能通过这

种方式获得放射性元素,从而形成像地球一样富含水的行星。Sawada 说:“过去那种被近距离超新星击中的情形,就像中彩票一样罕见;而使超新星远离后,形成地球的配方很可能就不是一个罕见的偶然事件,而是遍布银河系的普遍过程。”

英国卡迪夫大学的 Cosimo Inerra 评论道:“这一机制相当新颖,因为它在毁灭与创造之间取得了精妙的平衡——既需要合适的元素,又需要恰当的距离。”

如果该理论成立,未来美国宇航局计划中的“宜居世界天文台”等望远镜,在搜寻类地行星时,便可优先关注那些靠近古老超新星遗迹的恒星系统。

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1126/sciadv.adx7892>

科学此刻

地球诞生可能与超新星有关

通过分析太阳系中的放射性元素,科学家提出地球的一些关键特性或许要归功于一颗在太阳系形成时爆发的恒星。这项 12 月 10 日发表于《科学进展》的研究指出,这颗超新星的气泡包裹着年轻的太阳并向后者倾泻宇宙射线。这种模式可能普遍存在于银河系中,意味着类地行星的数量可能远超此前预期。

科学家通过古老陨石样本得知,早期太阳系曾充斥着大量能产生热量的放射性元素。它们在迅速衰变过程中释放的热量,带走了最终构成地球的太空岩石和彗星中的大量水分,同时又确保了地球上足够的水为生命的出现提供支持。

然而,这些放射性元素究竟是如何到达太阳系的,一直是个谜。尽管许多此类元素常见于超新星爆发,但对附近超新星的模拟,始终难以复现陨石样本所揭示的早期太阳系中的放射性元素比例。此外,若超新星距离太近,其爆发威力可能会在任何行星形成前就将脆弱的早期太阳系彻底摧毁。

针对这一谜题,日本东京大学的 Ryo Sawada 和团队提出一个新模型:只要距离稍远一些,一颗超新星就能在不干扰行星形成过程

适度饮酒也有致癌风险

本报讯 在新年来临之际,一项研究提醒人们,要仔细思考举杯庆祝对健康的长期影响——酒精已被证实会诱发多种癌症,即便适度饮酒也是如此。

美国佛罗里达大西洋大学查尔斯·施密特医学院(以下简称施密特医学院)的研究人员进行了一项全面的系统性综述,旨在探究过量、适度乃至轻度饮酒对美国成年人患癌风险的影响。

在这项近日发表于《癌症流行病学》的研究中,科学家评估了 62 项相关研究,样本规模从 80 人到近 1 亿人不等。同时,他们还分析了肥胖、慢性肝病等已知会增加患癌风险的健康问题,并锁定了致癌风险尤为突出的人群。

研究结果表明,饮酒频率和饮酒量对患癌风险都有重要影响。这种关联在乳腺癌、结肠直肠癌、肝癌、口腔癌、喉癌、食道癌和胃癌中尤为明显。此外,饮酒还会加剧酒精性肝病,后者与更晚期的肝癌和更低的存活率有关。

研究显示,饮酒量越大,患癌风险越高,这

一趋势在非裔美国人、癌症遗传易感人群及肥胖或糖尿病患者中尤为显著。种族、年龄、受教育程度与收入水平等因素进一步影响了人们的酒精暴露程度和致癌易感性。

美国佛罗里达大西洋大学查尔斯·施密特医学院(以下简称施密特医学院)的研究人员进行了一项全面的系统性综述,旨在探究过量、适度乃至轻度饮酒对美国成年人患癌风险的影响。

在这项近日发表于《癌症流行病学》的研究中,科学家评估了 62 项相关研究,样本规模从 80 人到近 1 亿人不等。同时,他们还分析了肥胖、慢性肝病等已知会增加患癌风险的健康问题,并锁定了致癌风险尤为突出的人群。

研究同时揭示了显著的性别差异——在男性群体中,频繁饮酒会提升患癌风险;而在女性群

以“协同之笔”绘就科技自立自强“新画卷”

(上接第 1 版)

于是,在战略布局下,脑智卓越中心和海南大学、华大生命科学研究院等国内机构牵头,与国际顶尖科研机构及科学家开展深度合作,共同筹建“国际灵长类介观脑图谱联盟”,打破以往生命科学研究领域以课题组长为核心的独立研究模式,探索建制化新型科研组织模式。

在孙衍刚看来,平台和数据是开展“大兵团”作战的两大要素。“让不同研究中都用得上的技术规模化和平台化,能够把科研人员从重复性工作中解放出来。在应用中出现的新需求和新问题,也可以推动技术的进一步发展迭代。”因此,在实施过程中,这支国际合作团队采取“技术研发—平台赋能—协同攻关”三级架构,即前期由专项团队突破关键技术瓶颈,中期搭建标准化技术平台实现能力复用,后期由各

课题组依托平台资源,针对各自感兴趣的问题开展研究。

例如,“猕猴屏状核细胞分类与全脑联接图谱”研究由国内外 8 个研究机构的 92 位科研人员协同攻关完成。其中,图谱构建以脑智卓越中心的全脑介观神经联接图谱研究平台(非人灵长类)为底座,同时深度整合法国卫生与医学研究院干细胞与脑研究所的猕猴联接组数据、华大生命科学研究院的空间转录组技术,以及腾讯人工智能(AI)实验室在算法与算力上的关键支撑,形成多源协同的资源整合模式。

瞄准“十五五”,协同创新在路上

从嫦娥六号的“月壤攻坚”到脑图谱的“跨国突围”,中国科学院以科研组织模式创新为“金钥匙”,打开科技创新“加速之门”。这

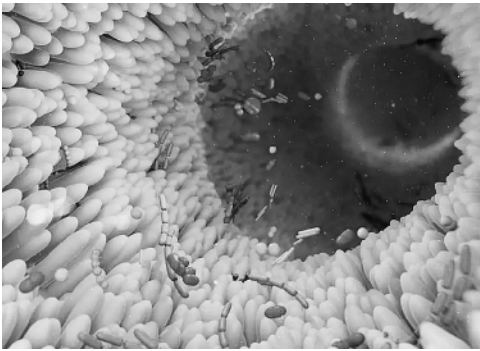
一变革更是渗透在“十四五”期间科技创新的方方面面——

在东北黑土地上,中国科学院东北地理与农业生态研究所联合百家单位勠力攻关,用科技力量筑牢“黑土粮仓”。

在合肥科学岛上,由中国科学院合肥物质科学研究院牵头,联合多方研制的全超导磁体,成功产生 35.10 万高斯的稳态强磁场。

在广东,由中国科学院高能物理研究所领衔、全球 74 个科研机构共同参与的江门中微子实验正式运行并发布首个物理成果,成为国际上首个建成的新一代大型中微子实验装置。

在太空,“夸父一号”已在轨运行超过 3 年。作为“夸父一号”卫星工程首席科学家及科学应用系统承担单位,中国科学院紫金山天文台已经形成了建制化科研攻关模式,引领全台科研人员积极投身国家重大任务研究。



生活在肠道内的数万亿个微生物,对人体健康有着举足轻重的影响。

图片来源: THOM LEACH

Segata 认为,未来应进一步梳理这些关联,并扩大研究人群覆盖范围。一旦明确了个体的健康基线与肠道菌群特征,就有望通过推荐特定食物,精准调节肠道菌群构成。

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1038/s41586-025-09854-7>

14 种精神疾病共享相同遗传特征

本报讯 科学家在对 14 种精神疾病,包括抑郁、焦虑和精神分裂的筛查中,发现这些疾病共享了大部分遗传风险。这些发现基于 100 多万人的 DNA 数据,有助于改善诊断并催生跨多种疾病的新疗法。相关研究 12 月 11 日发表于《自然》。

精神疾病经常共同发生,且存在共有遗传影响。这使诊断与治疗面临挑战,尤其当诊断基于症状而非生物学机制时,往往难以明确界定这些疾病。理解精神疾病的遗传关联对优化诊断和照料十分重要。

美国科罗拉多大学博尔德分校的 Andrew Grotzinger 和同事分析了患有精神疾病的 1056201 人的遗传数据。他们发现有 5 种遗传因素解释了 14 种精神疾病的大多数遗传变异,并串起了不同疾病,包括强迫行为、精神分裂症与双相情感障碍、神经发育障碍、焦虑抑郁等内化障碍。这些遗传特征与数百个遗传区域和生物通路有关,包括一些影响思维和情绪的相关脑细胞通路。

这些发现表明,共有的遗传因素对早期大脑发育有影响,将有助于以更具生物学基础的方式来理解精神疾病。由于该研究主要针对欧洲裔人群,未来研究应包括更多样的人群,并探索这些发现如何指导新型治疗方案的开发。

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1038/s41586-025-09820-3>

冰川消失预计在本世纪中叶达到峰值

本报讯 《自然—气候变化》12 月 16 日发表的一项研究表明,全球每年消失的冰川数量预计将急剧上升,到本世纪中叶达到 2000-4000 座,具体情况取决于相较工业化前水平的升温程度。作者指出,如限制变暖在 1.5°C,到 2100 年,冰川存续数量相比变暖 2.7°C 的场景将翻倍,而在 4.0°C 升温下,冰川几乎完全消失。

瑞士苏黎世联邦理工学院的 Lander Van Tricht 和同事根据卫星观测冰川轮廓的数据库分析了超过 20 万座冰川,在 4 种变暖场景下使用了 3 种冰川模型。他们引入“冰川消亡峰值”概念,意为冰川消失数量最多的年份。结果表明,在 2100 年升温超过工业化前水平 1.5°C 场景下,冰川将在 2041 年达到消亡峰值,即每年 2000 座。在 4.0°C 场景下,由于冰川面积和体积损失更剧烈、持续更久,峰值将出现得更晚,于本世纪 50 年代中期达到每年 4000 座的峰值。以小型冰川为主的地区,如欧洲的阿尔卑斯山脉和亚热带的安第斯山脉,预计将较早达到峰值,在未来 20 年内可能有 50% 的冰川消失。拥有大冰川的地区,如格陵兰岛和南极周边,将在本世纪后期达到冰川消亡峰值。

这些发现揭示了冰川演化的转折点,其影响将波及生态系统、水资源和文化遗产。作者说,未来研究可能将调整这些预测,但本世纪中叶每年损失 2000 座还是 4000 座冰川,将取决于现在制定的气候政策。

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1038/s41558-025-02513-9>