

“小柯”秀

一个会写科学新闻的机器人

《自然－物理学》

蛇类快速非平面步态的拓扑动力学

美国哈佛大学的 L.Mahadevan 团队开展了对蛇类快速非平面步态的拓扑动力学研究。近日，相关研究论文发表于《自然－物理学》。

蛇类展现出多种多样的步态，包括在空中滑翔和在地面上的侧向缠绕运动，后者因非平面运动尤为引人注目。对此，研究人员展示了一种新的非平面步态的观察结果，这种步态被幼年绿水蚺用作逃避威胁的策略。由于其类字母 S，研究人员将这种步态称为“S-start”。在这种短暂的运动模式中，蛇在向前滚动的过程中会扭曲并脱离平面，同时围绕其中段弯曲且不发生滑动。

为了量化该观察结果，研究人员建立了一个模型，用来描述一条与摩擦基底各向异性相互作用的活性非平面细丝模型。结果表明，这种运动是源于一个拓扑量的局部脉冲的传播－链路密度。一个由标准化体重和微转矩表征的二维相空间显示，相对较轻的幼蛇能够完成“S-start”，而较重的成年蛇则无法做到，这与实验结果一致。此外，研究还表明，一系列周期性的“S-start”会自然过渡到侧向缠绕步态。

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1038/s41567-025-02835-7>

《物理评论 A》

从二维超流相猝灭到自由玻色子的非平衡动力学过程

日本中央大学的 Shion Yamashika 团队探索了二维光晶格中，玻色子在从超流相突然猝灭到自由玻色子状态后的非平衡动力学过程。近日，相关研究论文发表于《物理评论 A》。

该研究对初始的超流相可以近似地用博戈留波夫理论和高斯变分原理来描述，随后的时间演化仍保持高斯特性。通过考察动力学的不同方面，研究人员比较了基于对初始态的不同近似所得到的结果。

根据观察，在分别基于博戈留波夫理论和高斯变分原理的情况下，纠缠熵在达到饱和点前都随时间呈线性增长。对于粒子数对称性的演变情况，研究者使用纠缠不对称性进行测量，观察显示其演化情况会根据用于描述初始态的理论而在性质上有所不同。通过评估稳态约化密度矩阵和瞬时时间演化的密度矩阵之间的量子保真度，研究者评估了达到稳态所需的时间。

在高斯变分原理下，研究者发现了一个离稳态更远的初始态可能比离稳态更近的初始态更快地弛豫，这表明存在最近发现的量子姆潘巴效应。由此可以推导出这种效应发生所需的微观条件，并证明这些条件在博戈留波夫理论中永远不会得到满足。

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1103/PhysRevA.111.043304>

《细胞》

肌肉乙酰胆碱受体结构揭示自身免疫机制

美国加州大学洛杉矶分校的 Ryan E. Hibbs 研究团队通过肌肉乙酰胆碱(ACh)受体结构揭示了自身免疫机制。相关研究成果近日发表于《细胞》。

骨骼肌收缩是由 ACh 与其在神经肌肉接头处的离子型受体(AChRs)结合触发的。在重症肌无力(MG)中，自身抗体攻击 AChRs，破坏神经传导并导致肌无力。尽管目前 MG 已有治疗方法，但患者反应的差异表明了致病机制的异质性。由于缺乏完整的人类肌肉 AChRs 结构，此前对 MG 分子基础的了解一直受到限制。

该研究展示了人类成年型 AChRs 在不同功能状态下的高分辨率冷冻电子显微镜结构。利用 6 种来自 MG 患者的单克隆抗体，研究人员绘制了参与多种致病机制的不同表位，这些机制包括受体阻断、内化和补体激活。电生理学和结合实验揭示了这些自身抗体如何直接抑制 AChRs 通道的激活。这些发现为 MG 的免疫发病机制提供了重要的见解。

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1016/j.cell.2025.03.004>

《癌细胞》

主开关控制肿瘤相关巨噬细胞程序

以色列魏茨曼科学研究所的 Ido Amit 团队发现 ZEB2 是控制肿瘤相关巨噬细胞(TAM)程序的主开关。4 月 10 日，相关研究论文发表于《癌细胞》。

研究人员通过整合人类肿瘤单细胞 RNA 测序数据与专用 CRISPR 筛选，生成了一个 TAM 调控网络。他们利用深度生成模型，构建了一个基因扰动网络，将各个候选基因与典型的 TAM 功能联系起来。根据结果，研究人员确定 Zeb2 是 TAM 程序的主要调控因子，协调抑制 I 型干扰素反应和抗原呈递，同时激活免疫抑制程序。ZEB2 的基因敲除可在染色质、RNA 和蛋白质水平上重编程 TAM 的功能和特性。在富含巨噬细胞的人类肿瘤中，ZEB2 表达与不良预后相关。体内选择性靶向 Zeb2，可重编程 TAMs 并激活系统性 T 细胞反应，实现显著的肿瘤清除效果。

这项研究绘制出 TAM 基因调控通路详细图谱，并将 ZEB2 确定为具有治疗潜力的主控开关。

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1016/j.ccell.2025.03.021>

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

6 种猿类实现完整基因组测序

为人类进化研究提供“里程碑”视角

本报讯 人类与黑猩猩等猿类究竟有何不同?是什么塑造了人类?经过 20 多年的努力，科学家取得了一项里程碑式的成就——成功对 6 种猿类的完整基因组进行测序，这在几年前是不可能完成的任务。4 月 9 日，相关研究成果发表于《自然》。

该团队由来自多个国家的 123 名研究人员组成。这项研究结果不仅能为猿类保护工作提供支持，还将增进科学家对人类为何区别于其他猿类的理解。

“我从未想过这会在我有生之年实现。”论文共同作者、美国宾夕法尼亚州立大学的进化遗传学家 Kateryna Makova 说。近 25 年来，她一直致力于组装猿类基因组的完整序列。

基因组是细胞中完整的 DNA 指令集，对其测序意味着确定每个 DNA 分子构建单元的身份和顺序。在 2001 年成功对人类基因组进行测序后，科学家迅速着手研究其他猿类的基因组，

后者在基因上与人类最接近。

Makova 表示，理解猿类基因组至关重要，它为遗传学家提供了关于人类进化的见解，并揭示了使人类区别于其他猿类的遗传因素。例如，在医学领域，科学家经常研究猿类 DNA 中使得它们对某些疾病，如艾滋病具有抵抗力的变异。

科学家已经破解了猿类的部分基因组，但从未组装出任何猿类的完整序列。在这项研究中，Makova 和同事使用了先进的测序技术和算法，从而能够读取长链 DNA，并将其组装成每条染色体的端到端的完整序列，且没有任何间隙。“这是前所未有的成就。”Makova 说。

利用这些技术，研究人员解码了 6 种猿类的基因组，包括黑猩猩、倭黑猩猩、大猩猩、婆罗洲猩猩、苏门答腊猩猩和长臂猿(合趾猿)，并在每个物种中发现了 770 至 1482 个可能的新基

因。此外，他们还在此前无法“访问”的基因组区域发现了异常的 DNA 结构。

美国密歇根大学安娜堡分校的进化生物学家 Liliana Cortés Ortiz 评价，利用完整基因组能够进行更详细的研究，“这将帮助人们理解不同灵长类谱系的进化”。

这些结果对于分析濒危猿类种群的遗传多样性尤为重要——此次测序的 6 个物种均被列为濒危或极度濒危。Ortiz 表示，相关序列未来可能帮助科学家识别那些为了物种延续必须保留基因的猿类种群。

目前，该研究获得的数据已向全球科学家开放。“这是一个绝佳的资源。”德国海德堡大学的分子生物学家 Henrik Kaessmann 说。

全球科学家正在不断寻找人类独有的基因或某些灵长类特有的基因，以及在物种间共享但功能不同的基因。Kaessmann 解释说，为了实现这一目标，遗传学家将依赖高质量的参考基



极度濒危的婆罗洲猩猩。
图片来源：Nature Picture Library

因组，而 Makova 的研究成果提供了“猿类可用的最佳基因组”。
(蒲雅杰)

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1038/s41586-025-08816-3>

科学此刻

小行星撞击前恐龙“儿孙满堂”

在被一颗小行星消灭之前，恐龙可能并没有衰落，相反，根据一项新的研究，也许只是因为来自那个时期的化石有限才让人们得出了这样的结论。4 月 8 日，相关研究成果发表于《当代生物学》。

一颗巨大的小行星在 6600 万年前撞击了地球，当时的恐龙是繁荣还是在减少，一直是个争论不休的话题。具体来说，撞击事件前的一段时间的恐龙化石数量有所下降，这让一些科学家相信，无论撞击如何，这些庞然大物都是注定要灭绝的。

在这项研究中，英国伦敦大学学院的 Christopher Dean 团队分析了 8000 多块化石的数据，后者来自 8400 万年至 6600 万年前生活在北美地区的 4 种恐龙，包括著名的霸王龙和三角龙。他们发现，在 8400 万年至 7500 万年前有很多恐龙化石，然而这一数字在接下来的 900 万年里减少了，直到希克苏鲁伯撞击事件发生。

古生物学家通常在已经暴露于地表的古代地层中寻找化石。研究团队计算了目前古生物学家可以利用的小行星撞击地球前的土地面积，以及在这些地区已经进行了多少次挖掘，发



6600 万年前的北美洲恐龙。
图片来源：Davide Bonadonna

现当今可供研究的合适地层并没有多少。Dean 说，这就像在拼“一张缺了一半的拼图”。

基于当时的地质和地理信息，研究团队使用生态模型估算了这些地区的恐龙合理数量，表明在小行星撞击地球前，恐龙的总体数量保持稳定。Dean 说，当时的恐龙数量并没有减少，只是我们很难找到它们。

英国雷丁大学的 Manabu Sakamoto 认为，越来越多的研究表明，在小行星撞击地球前的 900 万年里，古生物学家对能从北美获得多少恐龙化石存在偏见。然而，他说，这并不能改变恐

龙在此前就开始衰落的大局。

即使恐龙在白垩纪末期仍大量存在并占主导地位，其物种似乎也没有太多变化。Sakamoto 的研究表明，在漫步地球的 1.75 亿年间，新恐龙物种的出现速度总体在放缓，导致恐龙物种灭绝的速度超过新物种的进化速度。

Sakamoto 说，尽管新研究表明对可获得的化石数量存在偏见，但恐龙多样性的长期下降趋势仍然成立，“二者并不互斥”。
(文乐乐)

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1016/j.cub.2025.03.025>

1 万多年前就有财富不平等



距离土耳其马尔丁市中心 30 公里的达拉古城，是古代美索不达米亚最重要的定居点。
图片来源：iStock

本报讯 4 月 14 日，一项发表于美国《国家科学院院刊》的研究表明，早在 1 万多年前，财富不平等就开始影响人类社会，远早于古代帝国的崛起或文字的发明。该研究挑战了传统观点，即财富差距是在埃及或美索不达米亚等大型文明中突然出现的。

科学快讯

(选自《Science》杂志，2025 年 4 月 11 日出版)

量子模拟中的超经典计算

量子计算机应该能够解决经典计算机无法解决的某些问题。然而，在目前发展阶段，量子计算硬件不完善削弱了这种比较优势。

研究者将量子退火处理器的性能与热门问题的最新经典模拟进行了对比。结果发现，在一系列图拓扑中，量子处理器的性能优于经典模拟。这些结果对经典计算提出了挑战。在过去，经典计算的方法改进曾多次削弱量子优越性相关主张的可信度。

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1126/science.adp6285>

任意子编织与随机电报噪声的量子态观测

寻找任意子、带分数电荷的准粒子和奇异

交换统计数据，激发了数十年的凝聚态研究。当环绕的局域准粒子数量发生变化时，量子霍尔干涉仪能够通过离散干涉相位跳跃直接观察任意子编织相位。

研究者通过实时探测三态随机电报噪声(RTN)，在 $\nu=1/3$ 和 $4/3$ 分数量子霍尔态中观察到这种编织相位。他们发现，观察到的 RTN 源于任意子准粒子数 n 的波动，并重建了 3 个相移 $2\pi/3$ 的 Aharonov-Bohm 振荡信号，证实了任意子分数统计特性。该方法可拓展至非阿贝尔任意子研究领域。

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1126/science.adp5015>

药物污染影响大西洋鲑鱼向河流洄游

尽管药物污染的威胁日益严重，但人们对其是否影响以及如何影响野生动物的行为缺

乏了解。

研究者通过在大西洋鲑鱼中进行的实验发现，全球检测到的抗焦虑性污染物——氯巴唑仑在暴露于其中的鲑鱼大脑里积累，并影响后者从河流成功迁徙到海洋。与对照组相比，暴露于氯巴唑仑的鲑鱼在迁徙路线上通过两座水电站水坝的速度加快，有更多到达大海。

研究者认为，这种影响可能是由于暴露于氯巴唑仑的鲑鱼改变了游动行为。药物引起的行为改变预计会对野生种群的生态和进化产生广泛影响。

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1126/science.adp7174>

树枝状纳米极设计的超高电容储能

基于介电材料的静电电容器凭借超快充

放电能力和稳定性成为能量存储的有力候选。然而，极性区域比例的丧失和高去极化场的产生限制了能量密度进一步提升，且低电场下的循环和温度稳定性也不理想。

研究者提出了一种微观结构策略，即在绝缘体中自组装树枝状纳米极性(DNP)区域。这可以同时增强击穿强度和高场极化能力，并且最小化能量损失，从而显著提升能量存储性能和稳定性。

为了验证这一点，研究者在设计有 DNP 结构的 $\text{PbZr}_{0.55}\text{Ti}_{0.45}\text{O}_3\text{-MgO}$ 薄膜中，在 7.4 兆伏每厘米的高电场下实现了 215.8 焦耳每立方厘米的高能量密度，效率为 80.7%。研究提出的策略普遍适用于高性能介电电容器的开发。

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1126/science.adt2703>
(冯维维编译)