

“小柯”秀

一个会写科学新闻的机器人

【国家科学院刊】

大气永久氧化前1亿年已出现有氮循环

美国麻省理工学院的 Benjamin T. Uveges 团队发现大气永久氧化前1亿年已出现有氮循环。5月12日,相关研究发表于美国《国家科学院院刊》。

研究人员报告了来自4个相隔数百公里的钻探岩芯、分别形成于约24.3亿年前(Duitschland组)和约23.3亿年前(Rooihoogte组)的稳定碳($\delta^{13}\text{C}$)、氮($\delta^{15}\text{N}$)同位素比值数据。在 Duitschland 组中观察到显著的碳同位素负偏移,表明当时发生了大规模有机碳氧化事件,这可能与一次假定的“雪球地球”事件及24.3亿年前的大气氧含量上升事件密切相关。此外,Duitschland 组中一致较高的 $\delta^{15}\text{N}$ 正值,结合全球 $\delta^{15}\text{N}$ 记录在时间尺度上的广泛变化趋势,呈现出与现代海洋沉积物相似分布模式,表明有氮循环的出现时间比此前公认的早了大约1亿年。

这项研究更新了关于大氧化事件前后海洋氮循环和地球表面氧化演化过程中的一个关键时间节点。

相关论文信息:

<https://doi.org/10.1073/pnas.2423481122>

【光:科学与应用】

高度多模系统频率转换过程的光子-光子化学热力学

美国加州大学洛杉矶分校的 Demetrios N. Christodoulides 团队对高度多模系统中频率转换过程的光子-光子化学热力学进行了研究。5月12日,相关研究发表于《光:科学与应用》。

通过运用光学统计力学中的基本概念,研究人员建立了一个普适性理论框架,将所有频率成分视为可以参与由多种多波混频效应所介导的“光学热力学反应”的化学反应物或产物。这些光子-光子反应受守恒定律支配,直接决定了每种频率组分在所形成的化学平衡中的光学温度和化学势。

在此基础上,研究人员构建了一个全面的化学计量模型,并正式推导出一个表达式。该表达式类似于原子/分子化学反应的方式,将化学势与光学化学计量系数联系起来。这一理论进展开启了新的预测能力,有助于在高度多模光子结构中优化频率生成,从而超越传统方法仅依赖非线性光学动力学的局限性。此外,研究人员识别出一种瑞利-金斯热化的普适机制:在接近零光学温度的条件下,某种光学反应能够促使光向目标频率的基本模式进行完全且焓增不可逆的转化。

这项研究的理论结果在可实现二次谐波产生、和频产生及四波混频过程的数值模拟中得到了验证。

相关论文信息:

<https://doi.org/10.1038/s41377-025-01856-4>

更多内容详见科学网小柯机器人频道:

<http://paper.sciencenet.cn/Alnews/>

全球人类基因组研究“最后一块拼图”找到了

(上接第1版)

独特的丹尼索瓦人基因渗入模式

目前大量关于古人类基因组的研究表明,现代人的基因组中至少存在两种已灭绝古人类的基因序列——尼安德特人和丹尼索瓦人。

其中,亚洲人来自古人类丹尼索瓦人的基因渗入,因其丰富的模式和多样的比例而受到广泛关注。研究团队对古人类基因渗入进行了系统分析,证明东南亚人群中确实存在多种丹尼索瓦人渗入模式。

除了之前报道的东亚人群的两次渗入事件,该团队首次在东南亚土著人群中发现了第3次基因渗入。

这一发现对人类进化具有重大意义,表明丹尼索瓦人可能广泛分布在旧石器时代的亚洲东部地区,并且可能在东南亚大陆与现代人发生了多次混血。

地区高发疾病的进化模式

东南亚地处热带-亚热带,炎热、潮湿的热带雨林环境塑造了当地人群丰富独特的表型特征,以及占全球发病率1/3的热带高发疾病。这些疾病严重影响了该地区的人口健康和地区经济发展。

为揭示东南亚地区高发疾病的进化遗传模式,研究团队通过对SEA3K数据进行系统注释,鉴定出10个东南亚特异高频的致病变异。

其中,最显著的一个例子是 α -地中海贫血相关基因HBA2上的一个新致病变异。该变异在东南亚人群中频率高达28.6%,而在其他人中几乎为零。研究人员认为,这是地中海贫血风险变异与抗疟疾之间平衡选择的演化结果。

同时,研究首次发现了189个全新纯合子基因功能丧失变异,覆盖158个蛋白质编码基因。这些变异为探索罕见病与遗传变异的关联提供了天然研究模型,对东南亚地区人群的疾病风险评估与遗传咨询具有重要意义。

宿兵介绍,目前该所联合国际合作伙伴正式启动“东南亚人群基因组计划”二期工程(SEA10K),意在构建覆盖东南亚全域的万人级高分辨率基因组图谱,深度解析东南亚大陆人群与岛屿人群的遗传多样性关联,为我国在东盟地区推进疾病联防联控,加强科技交流合作筑牢核心数据基石,并推动“一带一路”健康科学合作迈向新高度。

相关论文信息:

<https://doi.org/10.1038/s41586-025-08998-w>

罕见病婴儿接受全球首例定制 CRISPR 基因治疗

本报讯 美国一名患有严重遗传病的婴儿在接受了针对其设计的基因编辑治疗后,病情已有所改善。5月15日,《新英格兰医学杂志》刊发研究报告,介绍了该婴儿的治疗情况,称这为其他罕见病的治疗带来了希望。

在近日召开的新闻发布会上,美国费城儿童医院 Rebecca Ahrens-Nicklas 表示,这是首次为个体患者设计针对致病突变的基因编辑治疗方法。“他已显现出一些早期获益迹象,但目前判断治疗效果为时尚早。”

研究团队成员、美国宾夕法尼亚大学的 Kiran Musunuru 表示,他们尽快公布细节是希望能够激励同行。“毫不夸张地说,这就是医学的未来。”他补充说,“这是将基因编辑疗法应用于治疗各类罕见遗传病的第一步。目前这些疾病

几乎没有任何在研疗法。”

患儿 KJ Muldoon 出生不久即确诊患有氨甲酰磷酸合成酶1型(CPS1)缺乏症。CPS1 能够编码一种肝脏酶,缺乏这种酶会导致分解蛋白质时血液中的氨含量升高,进而损伤大脑。Ahrens-Nicklas 指出,超过半数先天性 CPS1 缺乏症患者会死亡。

研究团队一直致力于开发针对肝脏的碱基编辑疗法。这是一种 CRISPR 技术,用来修正 KJ 两个 CPS1 基因拷贝中的一个突变版本。

研究团队很早就与美国食品药品监督管理局(FDA)沟通,“他们意识到这是一个特殊情况”。Musunuru 说,“KJ 当时病情极其危重,常规流程已来不及。当他6个月大时,我们正式向 FDA 提交了申请,仅一周就获得批准。”

科学此刻

喝多少母乳 现在有“数”了

对于父母来说,不知道宝宝在母乳喂养过程中到底喝了多少奶是一件令人头痛的事。为此,科学家发明了一种设备,可以实时向智能手机发送信息,追踪宝宝到底喝了多少母乳。5月14日,相关研究成果发表于《自然-生物医学工程》。

“关于婴儿到底摄入了多少母乳存在不确定性,这是围绕母乳喂养的一个常见焦虑,也增加了父母甚至临床医生的压力。”美国西北大学的 Daniel Robinson 表示,临床医生通常通过喂奶前后为婴儿称重、查看尿布更换频率评估母乳喂养情况,但这些方法既烦琐又粗糙。

为了开发更精确的测量方法,Robinson 与同事制造了一种设备,它由4个电极组成,每个电极宽几厘米,可以贴在远离乳头的乳房上。其中两个电极从乳房一侧发射非常微弱的电流,再由另一侧的两个电极接收。

“该设备将这些记录发送到一个智能手机应用程序上,而程序会根据泌乳越多电信号越弱的原理,实时计算出泌乳量。”Robinson 解释说。

为测试该设备的有效性,研究人员在12名



衡量一个母乳喂养的婴儿喝了多少奶可能很难。 图片来源:lebedinskaia natalia/Getty Images

使用吸奶器的哺乳期女性身上进行了实验,她们每人挤奶约15分钟,结果显示,平均而言,系统估算的乳汁量与实际收集到的相差不超过2毫升。每名参与者平均挤出了约50毫升乳汁。

在另一项实验中,一名女性在哺乳时佩戴该设备,应用程序计算出她的宝宝喝了24毫升乳汁,这一数值与研究团队在婴儿喂奶前后立即称重估算出的20毫升相近。Robinson 表示,这表明,在临床医生的监督下,该设备可以帮助父母追踪婴儿的营养状况,并作出适当调整,如补充配方奶。

2025年2月,6个月大的KJ接受了低剂量治疗,随后在3月和4月接受了更大剂量治疗。目前他已在减少其他药物用量的情况下,摄入更多蛋白质。

理想情况下,这类患儿应接受更早期治疗以预防长期损害。Musunuru 的终极目标是实现产前基因编辑。

其他基因编辑疗法通常为通用型,不针对具体突变。例如,首个获批的镰状细胞病基因编辑疗法是通过激活胎儿血红蛋白起作用,而非修正导致疾病的成人血红蛋白突变。即使是通用型疗法,其在英国的单疗程费用仍高达161.5万英镑。

然而,个性化治疗成本可能更高。Musunuru 表示无法给出 KJ 治疗的确切费用,因为相关公

司承担了大部分成本,但他相信价格会下降。“随着技术进步,规模效应将显现,预计成本将降低几个数量级。”

此前个性化基因疗法发展受阻,部分原因是监管机构针对同一基因不同突变的疗法视为独立产品,要求企业每次都要重新走审批流程。但当前监管趋势转向平台化审批,即对某种疾病的治疗方式给予整体批准,不论其针对的是哪种具体突变。

英国遗传病联盟的 Nick Meade 表示:“KJ 接受的基于平台的 CRISPR 基因编辑疗法,为治疗最罕见的疾病提供了可扩展方案,终于让数千家庭看到了曙光。” (李木子)

相关论文信息:

<https://doi.org/10.1056/NEJMoa2504747>

法国让·扎伊超级计算机完成第四次扩展

据新华社电 法国国家科学研究中心官网近日发布消息说,法国让·扎伊超级计算机已完成第四次扩展,计算能力提升4倍,使其成为法国乃至欧洲人工智能领域最强且使用最广泛的超级计算机之一。

据介绍,完成第四次扩展后的让·扎伊超级计算机每秒可进行125.9千万亿次运算,其存储容量也增至约100拍字节(1拍字节为10的15次方字节)的数量级。

在开放科研框架下,数以千计的项目将免费使用该超级计算机,包括语言处理、多模态计算、生物医学研究等领域。让·扎伊超级计算机也将成为未来“法国AI(人工智能)工厂”项目的关键组成部分。该项目旨在为法国及欧洲的AI发展提供支持。

“我为启用让·扎伊(超级计算机)的新扩展感到自豪。法国需要这台在最新AI进展方面处于前沿的创新机器,以应对重大科学挑战。”法国国家科学研究中心首席执行官安托万·珀雷说。

让·扎伊超级计算机2019年投入使用,由法国国家科学研究中心旗下机构负责运行。为满足人工智能不断增长的算力需求,此后不断进行扩展以提升其性能。(罗毓)

巴西微生物学家获2025年世界粮食奖

据新华社电 巴西科技创新部日前发布消息说,该国微生物学家玛丽安热拉·温格里亚凭借在生物肥料方面的研究成果获得2025年世界粮食奖。

据世界粮食奖基金会介绍,温格里亚在生物固氮领域取得卓越的科学进展,显著提升了热带农业在土壤健康和作物营养方面的可持续性。她借助土壤共生微生物替代化肥,不仅大幅改善了植物养分吸收效率,还帮助农民显著降低种植成本,同时有效减少了相关环境污染。

巴西科技创新部表示,温格里亚在巴西政府下属的巴西农业研究公司工作多年,是将生物固氮技术作为化肥替代方案的先驱之一。该技术利用固氮菌将空气中的氮转化为植物可吸收的形式,推动了“一个更清洁、高效的农业循环体系的构建。”

温格里亚开发的微生物接种剂解决方案已在巴西超过4000万公顷田地上应用,每年为农民节省约250亿美元成本,同时减少了超过2.3亿吨二氧化碳当量的温室气体排放。

温格里亚表示,她在科学上始终立足现实的农业问题。“我会先去了解农民面临的困难和需求,再回到实验室寻找解决方案。”

世界粮食奖在1986年设立,旨在对改进全球粮食质量、数量和供应从而推动人类发展的个人突破性成就进行表彰。世界粮食奖每年10月在美国颁发,奖金为25万美元。(陈昊佳)

全球可能连续两年升温超1.5℃

本报讯 将全球变暖控制在1.5摄氏度以内似乎变得更加遥不可及,因为最新气候数据显示,全球气温仍然极高,2025年将与2024年一道成为有记录以来最热的一年。

根据欧盟气候监测机构哥白尼气候变化服务局和美国非营利组织“伯克利地球”的数据,2025年4月是有记录以来第二热的4月,仅次于2024年4月。哥白尼的数据显示,当月全球平均气温仍比工业化前水平高1.51摄氏度,是过去22个月中第21个高于这一关键阈值的月份。“伯克利地球”的数据则显示,2025年4月的全球平均气温比工业化前水平高1.49摄氏度,比2024年4月低0.07摄氏度。

这种持续的高温让科学家感到惊讶。2024年是有记录以来最热的一年,全球平均气温比工业化前水平高1.55摄氏度。这是一个具有里程碑意义的时刻——平均气温首次在一整年里工业化前高出1.5摄氏度。根据2015年的《巴黎协定》,各国同意将全球气温上升幅度限制在不高于工业化前水平2摄氏度的范围内,理想情

况下为1.5摄氏度。然而这一目标看起来越来越难以实现。

科学家曾预计,1月的拉尼娜天气模式将提供一个喘息的机会,使今年的气温略有下降。但是,全球气温仍居高不下,这加剧了人们对2025年可能连续第二年超过1.5摄氏度关键阈值的担忧。

“伯克利地球”的 Robert Rohde 在5月13日的一次简报会上说:“最近结束的拉尼娜事件并没有像通常预期的那样带来那么多的降温。”

Rohde 说,根据“伯克利地球”的数据,今年有18%的可能性成为有记录以来最热的一年,有53%的可能性成为有记录以来第二热的一年。2025年全球平均气温超过工业化前1.5摄氏度的可能性为52%。

Rohde 补充说,今年剩下的时间将如何发展,全球气温将如何变化,主要取决于太平洋是否会出现新的厄尔尼诺或拉尼娜模式。

持续的高温进一步打消了人们将全球升温控制在1.5摄氏度以内的愿望。虽然这一

目标是根据20年的平均气温衡量的,但研究人员越来越担心,最近的高温意味着这一阈值已经被突破。“在未来10年左右,气温不可避免地长期平均值上比工业化前高出1.5摄氏度。”Rohde 说。

去年,科学家警告说,如果连续3年全球平均升温保持在1.5摄氏度以上,就意味着《巴黎协定》的目标将落空。同样,今年早些时候发表的一篇论文指出,连续12个月升温高于1.5摄氏度表明,长期升温1.5摄氏度的可能性为80%。

英国雷丁大学的 Richard Allan 对气候变暖的持续性感到惊讶。他说,过去两年的研究和最近创纪录的气温从根本上改变了科学观点,即将升温限制在1.5摄氏度以内可以实现。“如果在未来20年内没有大规模的缓解措施,我们将不可避免地进入气温超过工业化前水平1.5摄氏度的时期。”

但 Allan 强调,《巴黎协定》将升温控制在2摄氏度以内的目标仍可以实现。“我们的目标仍然是将温度控制在这一阈值,这一点至关重要。” (王方)

美国学者质疑2024年诺贝尔化学奖“不够格”

■本报记者 赵广立 实习生 赵婉婷

2024年诺贝尔化学奖颁给3位学者,表彰他们在计算蛋白质设计和蛋白质结构预测方面取得的成就。然而,最近一篇经过同行评议的论文,对这一奖项提出了质疑。

论文作者、美国伊利诺伊大学芝加哥分校学院兼职教授 Sarfaraz K. Niazi 指出,与获奖相关的蛋白质结构预测模型(AlphaFold和RoseTTAFold)无法预测功能性蛋白质的三维结构,“因此,这些成果称不上突破性发现,不值得获诺贝尔奖”。近日,《中国科学报》对 Niazi 进行了专访。

连发质疑论文

《中国科学报》:你是什么时候开始质疑这类蛋白质结构预测算法的局限性的?是什么改变了你对预测蛋白质结构实用性的看法?

Niazi:我们第一篇相关论文是2024年1月发表的。当时,我们尝试用 AlphaFold 预测所有获美国食品药品监督管理局(FDA)批准的蛋白质药物的结构,结果发现,AlphaFold 提供的蛋白质结构的置信度差异很大,对于较小的肽类置信度更低。

我们试图将这种置信度水平与蛋白质多种物理化学性质联系起来,与所形成官能团的性质联系起来,但未发现置信度水平与任何性质存在相关性,氨基酸序列与任何性质之间也没有相关性。我们在论文中报告了这一结果并提供了大量数据。

在4月发表的论文中,我提出,AlphaFold 的预测基于蛋白质数据库(PDB)可用的结构数据以及 AlphaFold 生成的内容。我们的测试表明,如果对一个全新氨基酸序列进行蛋白质结构预测,AlphaFold 就会完全失效。

这篇论文在被几家期刊拒稿后才得以发表。论文发表后,我收到了来自欧洲、美国、中国的多位科学家的邮件。所有的评论都非常鼓舞人心,没有人质疑我的假设。其中,中国和德国的两位科学家建议我考虑新的计算模型。

Niazi:我还有一篇讨论这一话题的论文已被《自然》接收,不久后大家会看到。《中国科学报》:你曾与2024年诺贝尔化学奖获得者之一 John Jumper 取得了联系,并得到回应。是否可以展开谈谈?

Niazi:2024年的论文发表后,我们联系了

Jumper, 他的回复很直接——我们永远不应将物理化学性质与氨基酸序列或 AlphaFold 的置信度水平联系起来。而对于主要的批评意见,即 AlphaFold 的整个学习过程都是基于已知结构这一点,他并没有给出解释。

《中国科学报》:你给诺贝尔奖委员会发过信件,是否得到了回应?

Niazi:我清楚,我所提出的观点极具争议性。我写信给诺贝尔委员会,分享我的论文和长篇讨论,但也告诉他们,我不期望得到任何回复。最终果然没有回音,也不会有。

欢迎批评意见,而不仅是赞同

《中国科学报》:你认为在蛋白质结构及功能的研究过程中,这类基于算法的预测工具的有效性究竟如何?研究者应当如何理解、选择并合理使用这类人工智能辅助工具?

Niazi:我正是在这一点上遭到了很多人的反对。我想表明的是,如果预测目的是识别一个有活性的结构,那么任何预测生理结构的算法都没有价值。并且,这与算法的计算能力无关,

而与计算错误的属性有关,但这又是唯一可以被我们计算的属性(指静态结构)。

算法对已知的冷冻结构中学习,所以只能提供一些关于冷冻结构的想法。这毫不奇怪,算法对预测新结构不起作用,而且即使对已知结构,置信度也很低。

《中国科学报》:你批判了这些试图获得蛋白质结构的技术手段,那你认为什么才是生命科学正确的研究路线?

Niazi:在我看来,2024年诺贝尔化学奖的颁发不当。我们有必要将研究方向改变为实验设计,因为数十亿美元投入到基于人工智能的数据传输中,这使实验设计受到影响。

然而,要认同并实现这一想法并不容易——它是非此即彼的。对于这一认知,我们不能“公正地”持折中意见。我希望我的想法能很快得到讨论,希望我提出的质疑在未来被认为是一个突破性的研究。当然,我也希望中国科学家能够了解这些信息,得到他们的批评意见,而不仅仅是赞同。

相关论文信息: <https://doi.org/10.3390/biomedinformatics4010007><https://doi.org/10.1016/j.csbr.2025.100039>