

“小柯”秀

一个会写科学新闻的机器人

《国家科学院院刊》 超流涡旋重联中普适性有了理论证据

英国纽卡斯尔大学的 Piotr Z. Stasiak 团队提出了超流涡旋重联普适性的实验和理论证据。近日,相关研究发表于美国《国家科学院院刊》。

在流体和超流体中,发生重联的涡旋之间最小间距随时间变化遵循一个普适的标度律。该标度律在重联前和重联后的系数不同,这一特性与过程的不可逆性以及能量传递和耗散机制密切相关。该研究通过实验和一个数值模型确定了这些系数在超流氦中的温度依赖关系。该数值模型完整考虑了超流涡旋线与热态正常流体组分之间的耦合动力学。

在所有温度条件下,研究人员都能观察到在其他超流体和经典黏性流体中所见的重联前后不对称性,这表明涡旋重联行为具有普适性,不依赖于小尺度上的正则化动力学机制。数值模拟结果表明,每一次涡旋重联事件都代表了一次向超流体中突然注入能量。研究结果表明,在湍流状态下,只要超流涡旋密度足够高,这些间断式的能量注入就足以使正常流体维持在一个受扰动状态中。

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1073/pnas.2426064122>

《细胞》 科学家开发出能够直接 物理接触 DNA 的人类蛋白质组

德国慕尼黑工业大学的 Bernhard Kuster 团队开发出能够直接物理接触 DNA 的人类蛋白质组。近日,相关研究发表于《细胞》。

在一个人类细胞中,DNA 与组蛋白、RNA 以及染色质相关蛋白被紧密包裹在一起,形成一种凝胶结构。在任意特定时刻,只有部分蛋白质组能够物理接触 DNA,并对其结构、转录、复制、修复以及其他关键分子功能进行组织和调控。

研究人员开发了一种“零距离”的光交联技术,用于定量测定活细胞中直接与 DNA 接触的蛋白质。通过对人类乳腺癌细胞中的 DNA 相互作用蛋白进行系统分析,研究人员绘制出一个包含 1000 多种可直接接触 DNA 的蛋白质图谱,并鉴定出数百个肽-核苷酸交联位点,其分辨率精确到单个氨基酸水平的蛋白质-DNA 相互作用界面。研究人员通过对不同处理条件下细胞中 DNA 相互作用蛋白组的定量比较,不仅重现了关键转录因子和 DNA 修复蛋白的招募过程,还揭示了一些在数分钟时间尺度上快速限制染色质可及性的调控因子。

该研究为探索基因组调控机制提供了一种无需预设假设、直接可行的方法,适用于多种生物体和系统。

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1016/j.cell.2025.04.037>

《自然-细胞生物学》 中性粒细胞通过分泌外泌体 DNA 缓解无菌性急性炎症

美国密歇根大学的 Carole A. Parent 团队揭示了中性粒细胞可通过外泌体相关 DNA 分泌来缓解无菌性急性炎症。近日,相关研究成果发表于《自然-细胞生物学》。

急性炎症是一种以中性粒细胞快速浸润为特征的保护性免疫反应,若未能及时消退,可能会导致慢性炎症性疾病发生。研究人员此前的研究表明,在炎症过程中,中性粒细胞通过核膜来源的多囊泡结构分泌含有白三烯 B4(LTB4)的外泌体,对于有效的中性粒细胞浸润至关重要。

该研究发现,在小鼠皮肤无菌性炎症模型中,这些外泌体与核 DNA 共分泌有助于中性粒细胞浸润的消退。活化的中性粒细胞在其定向迁移过程中,通过一种不同于“自杀式”中性粒细胞的胞外诱捕网释放和细胞死亡的机制,表现出快速且重复性的 DNA 分泌行为。DNA 被包裹进核膜来源的多囊泡腔内的过程,是由层粘连蛋白 B 受体和染色质去凝集机制介导的。这些发现加深了对中性粒细胞在炎症过程中的功能的理解,并揭示了 DNA 分泌在生理条件下的重要意义。

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1038/s41556-025-01671-4>

《自然-遗传学》 研究揭示配子相位不平衡 对复杂性状遗传力的贡献

澳大利亚昆士兰大学的 Loic Yengo 团队研究了配子相位不平衡(GPD)对复杂性状遗传力的贡献。近日,相关研究发表于《自然-遗传学》。

非随机交配会在全基因组范围内诱导未连锁的遗传变异之间的相关性,这种现象被称为 GPD,而其对遗传力的具体贡献尚未被明确揭示。这项研究引入了一种基于不平衡基因组的限制最大似然方法(DGREML),用于同时量化单核苷酸多态性(SNPs)对遗传力的加性贡献,以及它们对方向性协方差的贡献。

研究人员将 DGREML 应用于来自多个生物样本库的 55 万名个体的 26 个性状,发现跨常染色体 GPD 对身高、受教育程度、智力、收入、自评健康状况和久坐行为等性状的 SNPs 遗传力贡献了 10%至 27%。

研究运用灵活且有力的方法揭示了复杂性状遗传结构中尚未受到充分研究的特征,并为摸清产生这些特征的潜在机制提供了线索。

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1038/s41588-025-02192-4>

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

海洋似乎越来越暗

将影响大量海洋物种生存

尽管这些变化的确切影响尚不完全清楚,但研究人员表示,它们可能会影响地球上大量海洋物种的生存,以及海洋提供的生态系统服务功能。

该研究由英国普利茅斯大学和普利茅斯海洋实验室的研究人员进行,他们花了 10 多年时间研究夜间人造光(ALAN)对全球海岸与海洋的影响。研究人员表示,ALAN 与海洋变暗没有直接关系,后者可能是农业径流、降雨增加等产生的海岸附近营养物质、有机物质和沉积物共同作用的结果。

在开阔海域中,研究人员认为藻华动态变化和海面温度变化等因素降低了光线进入表层水域的能力,从而导致变暗。

普利茅斯大学的 Thomas Davies 说:“有研究表明,过去 20 年海洋表面颜色发生的变化,可能是浮游生物群落变化的结果。但我们的研究结果提供了证据,表明这种变化导致大范围的透光区变暗,减少了依赖太阳、月亮

生存和繁殖的动物可利用的海洋面积。人类呼吸的空气、摄入的海产品、对抗气候变化的能力,以及地球的整体健康和福祉也依赖于海洋及其透光区。基于这些因素,我们的发现确实令人担忧。”

“海洋的动态性远超人们通常的认知。例如,水柱中的光照水平在 24 小时内会发生很大变化,而依赖光线的动物对光照的变化要敏感得多。”普利茅斯海洋实验室海洋生物地球化学和观测科学负责人 Tim Smyth 补充说,“如果大片海洋透光区深度缩减约 50 米,需要光照的动物将被迫靠近水面。在那里,它们不得不与原来生活在此的动物争夺食物和其他所需资源,这可能会给整个海洋生态系统带来根本性变化。”

为评估透光区的变化,研究人员用美国国家航空航天局海洋色彩网的数据,将全球海洋分解为一系列 9 公里见方的像素点。这些卫星数据使他们能够观测每个像素点的海洋表面变化,并通过一种测量海水光线的算法估算每个

■ 科学此刻 ■

5000 年前羊毛衣物 助推致命疾病传播

一种如今鲜为人知的莱姆病近亲——回归热,曾是早期文明的灾祸。这种由回归热螺旋体引发的疾病会让人剧烈头痛和反复高热,不及时治疗将损害器官甚至导致死亡。与麻疹和鼠疫等其他困扰古代世界的疾病类似,人们曾认为它在大约 1.1 万年前农业与驯化开始时,抓住了从动物传染给人类的契机。

5 月 22 日发表于《科学》的一篇论文追溯了这种细菌曲折的进化史,提出回归热实际流行于青铜时代金属工具出现的时期。来自古代细菌基因组的证据表明,约 5000 年前,也许是欧洲人开始穿羊毛衣物的时候,这种病原体从通过蜂虫在哺乳动物间传播的广谱性病原体,转变为专门通过人体虱传播的特化病原体。

该研究还表明,其他被认为与农业起源相关的疾病,实际上在数千年后才开始暴发——当时的人口日益密集,人们更多地利用奶制品和羊毛等“次要”动物产品。尽管人类放牧已有数千年历史,但论文合著者、英国伦敦大学学院的考古遗传学家 Pooja Swali 解释说:“青铜时代让人们与家畜及其体表寄生虫的接触更加密切。”

为探究疾病起源,Swali 团队从过去 5000 年英国数百具遗骸的古 DNA 数据库中搜寻螺旋体基因。患者死亡时,血液中的细菌会在牙龈处留下 DNA 的痕迹。他们从部分古人类牙齿样本中检测出回归热螺旋体,该菌与引发莱姆病的细菌同源。经重新采样,研究者复原并重建了 4 个距今 2300 年至 600 年的细菌基因组。“他们获

得的测序深度令人惊叹。”英国剑桥大学的病毒学家 Charlotte Houldcroft 评价说。

通过对比不同时期古人类牙齿样本,Swali 团队描绘出回归热螺旋体基因组随时间推移的演变与缩减。回溯显示,该菌约 6000 年前从其蛭传祖先中分化而出。之后,约 5000 年前,随着适应只通过体虱感染给人类,它开始丢失通用基因。“它们同时在适应人类与虱宿主。”爱尔兰都柏林大学的遗传学家 Kevin Daly 指出,“实时观测这一过程令人震撼。”

该发现与丹麦哥本哈根大学遗传学家 Martin Sikora 2023 年公布的预印本研究相互印证。Sikora 团队筛查了 3.7 万年来千余份欧洲古基因组后发现,约 5000 年前,回归热螺旋体感染率激增。同时,由动物宿主传播的麻风病与鼠疫杆菌也在此时期显著增加——这比许多

AI 工具可预测产后抑郁症高危人群

Roy Perlis 说,预防措施包括一些类型的治疗和压力管理策略。

研究人员基于 2017 年至 2022 年间在美国分娩的 2.9 万人的电子健康记录和产后抑郁症筛查评分等数据,开发并验证了该模型。他们排除了在分娩前一年内有抑郁症病史的产妇。大约有一半人的数据用于训练模型,另一半人的数据则用于验证模型。研究人员发现,在被模型标记为产后抑郁症高危人群患病的可能性几乎是其他人的 3 倍。

“如果我们知道哪些人的患病风险更高,就能尝试制定策略帮助其预防抑郁症。”美国马萨诸塞州总医院的精神病学家、研究论文合著者

全球人工智能模型又添“新成员”

■新华社记者 冯玉娟

今年,人工智能(AI)技术持续在大语言模型和多模态方面取得新进展。近来,全球多家科技公司推出了新模型,这些模型不仅在理解和生成能力上取得重大突破,也在实用性和效率上迈上新台阶,标志着 AI 正逐步从通用大模型向多模态助手和智能体演进。

美国西部时间 5 月 22 日,美国 Anthropic 公司推出“克劳德 4”系列两款新模型——“奥普斯 4”(Opus 4)与“十四行诗 4”(Sonnet 4),旨在为业界提供更高标准的编程、推理和智能体应用。该公司表示,Opus 4 是行业领先的编程模型,能够高效完成复杂且持续时间长的任务;而 Sonnet 4 在此前的 3.7 版本基础上显著升级,具备更强的指令理解能力与推理、编程表现。

美国西部时间 5 月 20 日,谷歌宣布推出多



引发回归热的细菌通过人体虱传播。 图片来源:TOMASZ KLEJDYSZ/SHUTTERSTOCK

得的测序深度令人惊叹。”英国剑桥大学的病毒学家 Charlotte Houldcroft 评价说。

通过对比不同时期古人类牙齿样本,Swali 团队描绘出回归热螺旋体基因组随时间推移的演变与缩减。回溯显示,该菌约 6000 年前从其蛭传祖先中分化而出。之后,约 5000 年前,随着适应只通过体虱感染给人类,它开始丢失通用基因。“它们同时在适应人类与虱宿主。”爱尔兰都柏林大学的遗传学家 Kevin Daly 指出,“实时观测这一过程令人震撼。”

该发现与丹麦哥本哈根大学遗传学家 Martin Sikora 2023 年公布的预印本研究相互印证。Sikora 团队筛查了 3.7 万年来千余份欧洲古基因组后发现,约 5000 年前,回归热螺旋体感染率激增。同时,由动物宿主传播的麻风病与鼠疫杆菌也在此时期显著增加——这比许多

者认为的晚了数千年。

这波疾病浪潮发生于技术创新的时代,即金属工具兴起与羊毛衣物普及。Swali 指出,羊毛衣物为体虱提供了藏匿、繁殖与人际传播的温床,促使病原体向虱媒方向演化。

厘清疾病驱动因素,如与动物密切接触、密集利用动物产品,与同期人口密度增长的关系并非易事。“可能是城市化或广义农业,而非集约化驯养推动了这一进程。”Daly 分析,“这是整个领域正在探索的问题。”

5000 年前促使细菌高效传播的基因变异,为疾病演化传统观点带来了警示。“公众普遍认为病原体会随时间推移趋于温和,现在古今数据均显示事实并非如此。”Houldcroft 指出。 (李木子)

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1126/science.adr2147>

所帮助,因为我们根本没有资源为每个人提供产后心理健康方面的后续护理”。

丹麦奥胡斯大学的流行病学专家 Mette-Marie Zachar Kjeldsen 指出,尽管人们对产后抑郁症的风险因素有所了解,但诊断手段仍然匮乏。“显然我们需要早期检测系统,从而为那些风险最高的人提供治疗。”

研究人员表示,他们将继续研究如何将这种工具整合到医院中。“我们希望该模型能够实现临床转化。”Perlis 说。 (徐锐)

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1176/appi.ajp.20240381>

75%的案例中重新发现最优解,并在 20%的案例中提出更优方案。谷歌团队认为,该智能体未来有望在材料科学、药物发现、可持续性发展等领域发挥变革性作用。

4 月,美国开放人工智能研究中心(OpenAI)先后发布了 GPT-4.1 系列模型以及 o3 和 o4 mini 两款推理模型。据 OpenAI 官网介绍,GPT-4.1 系列模型在编程和指令理解方面表现尤为突出,显著提升了长文本处理能力,并具备更高的性价比。而 o3 和 o4 mini 则被 OpenAI 称作该公司“迄今最智能的模型”。o3 模型在编程、数学、科学、视觉感知等领域均实现突破,适合处理多维度复杂问题,尤其在图像、图表等视觉任务上表现突出。o3 还具备严谨的分析能力和批判性思维,可被视作可靠的“思维伙伴”。



英国和北大西洋地图显示了海洋发生的变化。 图片来源:普利茅斯大学

位置的透光区深度。

他们还使用太阳和月球辐照度模型,分析了白天和月光条件下可能影响海洋物种的特定变化。结果显示,夜间透光区深度的变化小于白天,但在生态上仍然十分重要。

开阔海域中透光区深度变化最显著的是墨西哥湾流顶部以及北极和南极周围地区,这也是地球上由于气候变化而经历最明显变化的区域。在沿海地区和封闭海域(如波罗的海),变暗现象也很普遍。在这些地区,陆地上的降雨将沉积物和营养物质带入海洋,刺激了浮游生物的生长,后者减少了光照的可用性。 (文乐乐)

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1111/gcb.70227>

每年损失 350 亿美元 全球入侵物种成本遭低估

本报讯 一项近日发表于《自然-生态与演化》的研究显示,入侵物种造成的全球经济成本可能比之前认为的高 16 倍以上,或有助于各国规划成本效益高的管理方式。

生物入侵对生物多样性、生态系统服务和经济构成了威胁。此前对入侵物种的经济成本估算只基于少数国家的少量成本记录,这些国家大部分位于欧洲和北美。这导致成本被低估,尤其是在记录不足的地区,如非洲和亚洲。

为更准确反映全球尺度的成本,捷克南波西米亚大学的 Ismael Soto、Brian Leung 和同事将 162 个入侵物种在国家尺度的估算成本与其在世界各地的分布模型结合起来。这些物种包括亚洲虎蚊、臭椿和美洲牛蛙。作者随后模拟了这些物种在其他国家的成本,包括之前没有成本数据的 78 个国家。结果表明,过去 60 年间,这些入侵物种的全球总成本估计在每年 350 亿美元左右——与引发气候变化的极端天气的全球成本数据相当。在此期间,总成本最高的是欧洲,约 1.584 万亿美元。其次是北美(2260 亿美元)和亚洲(1820 亿美元)。

该研究有助于进一步了解入侵物种在国家尺度的经济成本,并强调了亟须采取区域性管理策略和政策缓解全球入侵物种的影响。 (冯维维)

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1038/s41559-025-02697-5>

新研究量化科学家转换领域 面临的挑战

本报讯 《自然》5 月 28 日发表的一项研究分析了百万篇科学论文和专利,发现研究人员离之前的研究主题越远,新工作的被引量就越低。

从气候变化到新冠疫情,随着科研图景的不断变化,研究人员常常需要应对新出现的挑战。研究人员要考虑不同的研究方向,包括结合或转换到新的研究领域。这种转换有望带来新视角,但也可能出现适应不同主题或学科所面临的挑战。

美国西北大学的王大顺、印第安纳大学的 Benjamin Jones 和同事设计了一个新框架,能够量化研究人员与其现有工作领域的偏离有多远。他们评估了 1970 年至 2015 年发表的 2580 万篇科学论文及 1985 年至 2015 年美国授予的 170 万个专利的作者的研究转换程度和影响。结果发现存在一种“转换惩罚”,即研究人员与之前领域偏离越远,新研究的影响力就越小。与小幅度的事业转换相比,更大的转换与论文发表难度更大、被引量更少、成为“热门”论文(前 5% 的被引论文)的概率更小有关。此外,在专利中也观察到类似结果。

这项研究结果揭示了适应新研究领域面临的挑战。作者总结说,研究这些转换的影响,可能有助于找到更好的方法,提高适应成功率。(赵熙熙)

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1038/s41586-025-09048-1>

o4 mini 则是一款经过优化的小型模型,在数学、编程和视觉任务方面表现出色,适用于快速且成本效益高的推理。

4 月,中国 AI 公司商汤科技宣布推出全新升级的“日日新 SenseNova V6”大模型体系。据该公司官网介绍,这一大模型系统通过多模态长思维链训练、全局记忆、强化学习等技术突破,已形成领先的多模态推理能力,并突破成本边界。

随着技术快速发展,AI 的能力边界不断扩大,正如谷歌旗下“深层思维”公司首席执行官德米斯·哈萨比斯所说,团队正在塑造一个更加个性化、更主动、更强大的 AI,从而加快科学进展的脚步,并开创一个充满新发现和成就的新时代。