

25 年长跑，他们破解柴油车尾气净化难题

■本报记者 冯丽妃

柴油车尤其是重型货车堪称“经济动脉”——承担着全国 70%以上的公路货运量，是物流运输和经济发展的“强劲引擎”。但这个“大力士”也有“副作用”，高频次长途运行使其成为交通行业大气污染的“头号选手”。

氮氧化物(NO_x)、颗粒物(PM)_{2.5}……这些柴油车排放的污染物，是我国大气 PM_{2.5} 和臭氧污染的主要“元凶”，全国 NO_x 排放总量中约 30% 来自柴油车。

怎么啃下这块“硬骨头”？这是美丽中国建设的一道“必答题”，也是一个关乎自主技术的“卡脖子”难题。中国工程院院士、中国科学院生态环境研究中心(以下简称生态中心)研究员贺泓带领团队以“催化剂技术”为突破口，二十五载砥砺前行，攻克了这道难题，并实现了技术的迭代升级。日前，贺泓团队的研究成果获得 2024 年度中国科学院杰出科技成就奖技术发明奖。

催化材料成为突破口

2001 年，在海外深造工作 11 年的贺泓回到祖国。彼时的中国，正处于经济快速发展与环境保护并重的新阶段。交通运输行业是环境污染和碳排放的“大户”之一。更严峻的是，尽管重型货车的保有量不足 10%，却贡献了超过 50% 的碳排放，其排放的 NO_x 和 PM 分别占汽车总排放量的 75.4% 和 52.1%，成为“高污染、高排放”的典型代表。

我国机动车排放标准从无到有、从“国一”到“国六”仅用 20 余年，这对重型柴油车污染控制技术提出了前所未有的挑战。

“由于我国柴油车排放标准实施时间较欧美同类标准晚近 10 年，使得我国柴油车排放控制存在‘卡脖子’技术难题。”贺泓回忆说。

与汽油车相比，柴油车采用富氧的燃烧模式，具有燃烧效率高、燃油经济性好的优势。然而，这一燃烧特点也带来了新的技术挑战：提高柴油机燃烧效率会加剧热型 NO_x 排放，形成难以协调的“跷跷板效应”。

贺泓敏锐认识到：“关键在于高性能的后处理催化材料！”

作为柴油车排气净化系统的关键组成部分，催化材料的性能直接决定了 NO_x、PM 等污染物的转化效率及排放达标水平，是突破技术



2011 年，贺泓(中)与团队成员在中国重汽产线做生产工艺研究。受访者供图

瓶颈、提高净化效率的关键和难点所在。

机遇总是眷顾有准备的人。2001 年，国家“863”计划首次纳入资源环境技术领域，贺泓团队成功申请到首个柴油机 NO_x 净化技术研究课题。从此，他们开启了长达 25 年的科研长跑，连续承担“十五”到“十四五”期间的“863”计划和国家重点研发计划项目，在柴油车污染控制领域持续深耕。

从实验室研究到产业化落地的 25 年长跑

在攻克柴油车尾气净化这一难题的过程中，贺泓团队构建了“原理性技术－工艺性技术－产业化应用”全链条创新体系，开创了我国柴油车尾气治理的新局面。

“我们的研究路径很明确——先吃透催化反应机制、实现高性能催化剂的设计合成，再利用产业化技术研发平台，破解放大合成、涂覆成型等技术难题，最终实现自主可控生产以及规模化应用。”贺泓说。

这条看似清晰的科研路线，走起来却充满艰辛与变数。

最初，基于技术先进性考量，研究团队选择了以车载燃油和乙醇添剂作为还原剂的碳氢选择性催化还原(HC-SCR)技术路线实现 NO_x 净化。但 2004 年欧洲排放标准升级后，国际上侧重于以尿素为还原剂的氨选择性催化还原(NH₃-SCR)技术路线，迫使团队不得不转向

“双轨并行”策略。

在技术推广阶段，研究团队本想推广更先进的 HC-SCR 技术，却遭遇未曾料到的市场阻力。因此，他们不得不重新布局——既要考虑技术先进性，又要兼顾现实可行性。最终，他们优先满足国家重大需求，全力攻关 NH₃-SCR 技术，成功研制出满足“国四”至“国六”标准的系列后处理系统。

“每项突破都是集体智慧与努力的结晶。”贺泓强调，团队构建了老中青结合、多学科交叉的创新梯队，形成了覆盖基础研究到工程转化的完整创新链条。

在这个团队中，贺泓作为带头人，负责规划研究方向和总体技术路线；催化剂关键原理及技术的攻关突破，主要由生态中心研究员余运波、何广智与中国科学院城市环境研究所(以下简称城市所)研究员连志华负责；而在中试验证、放大生产和技术落地等环节，城市所研究员单文坡和生态中心研究员单玉龙发挥了关键作用。

此外，研究团队采用了“开放式攻关模式”，将深层次合作扩展到团队外部。2012 年，贺泓与浙江大学教授肖丰收的一次偶遇，促成了富铝分子筛催化剂的联合攻关。2015 年，为解决控制系统的“卡脖子”问题，研究团队与东风商用车公司一起，研发自主控制系统，实现了“催化剂－载体－封装－控制”一整套全自主后处理系统的应用，打破了国外公司的垄断。

通过产学研协同创新，研究团队还与整车、整机和车用排气后处理厂商等合作，研发了适配不同车型的后处理系统，已在超过 500 万辆中重型柴油车上实现应用，满足“国四”“国五”“国六”排放标准，年减排 NO_x 约 200 万吨。同时，富铝分子筛的高活性也为“史上最严”的“国六”排放标准实施提供了重要的科技保障。

(下转第 2 版)



本报记者陈彬报道
匡林华/摄

阿根廷“科学灭绝”引发研究人员大规模抗议



本报讯 近日，上千名阿根廷科学家走上街头，谴责政府削减科研经费。他们受阿根廷剧集《宇航员》启发戴上防毒面具，借用这部剧的主题——团结可以战胜压迫，抗议该国“科学灭绝”，即科学体系的崩溃。

据《自然》报道，阿根廷总统哈维尔·米莱自 2023 年底上任以来，大幅削减政府支出，部分原因是为了减少该国赤字并降低通货膨胀。由于缺乏资金，阿根廷许多科学活动陷入停滞，科学部门约有 1300 名员工被解雇，研究人员因工资过低而被迫前往国外工作。

参加抗议游行的阿根廷布宜诺斯艾利斯大学的物理学家 Fernando Stefani 表示，其研究资

金已经完全被冻结，即便是那些已经获批且正在进行的研究的资金也是如此。作为该国研究项目的主要资助机构，阿根廷国家研究、技术发展与创新促进局自 2023 年底以来未发布任何新项目的通知。

消息人士称，阿根廷主要科学机构——国家科学与技术研究委员会(CONICET)目前仅能维持工资发放。该机构资助该国约 280 个研究所，并雇佣了该国大部分科学家。尽管工资尚未停发，但自米莱就职以来，研究人员工资已减少约 40%。

米莱在总统竞选期间曾承诺彻底关闭 CONICET，目前虽尚未付诸行动，但他多次对科学家表露敌意，暗示他们“靠政府吃白食”。

阿根廷国会 2021 年通过的一项法律规定，该国科研经费应逐步增加，到 2032 年达到国内生产总值(GDP)的 1%。然而，米莱政府将今年的科研预算降至 GDP 的 0.15%，2023 年这一比

例为 0.30%。国会尚未就这些举措的合法性提出异议。

自上任以来，米莱还大幅削弱科学的地位，将科学和环境部降级，并主张政府决策减少对科研成果的依赖。例如，他下令政府工作人员避免使用“气候变化”一词，并启动了该国退出世界卫生组织的程序。

“我们正面临一场试图消灭科学技术部门的风暴，而该部门本是知识的创造者和公共政策的支持来源。”布宜诺斯艾利斯大学的气候研究员 Carolina Vera 说，“最优秀的人才正流向国内私营部门或移民国外，这一现象在所有学科领域都可以看到。”

Vera 指出，这些变化将使阿根廷难以应对重大社会问题。“我们已能预见风暴、火灾和干旱将影响普通民众，而恢复或重建一个能够应对这些威胁的风险管理系统需要花几十年时间。”(李木子)

青藏高原“幽灵祖先”的遗传血脉来自哪儿

■本报见习记者 蒲雅杰

在遥远的过去，青藏高原上曾生活着一群神秘的人，他们的部分遗传来源长期不为人知，被学界称为“幽灵祖先”。从雪域之颠向南延伸，如今这里分布着我国傣族、布朗族和东南亚的部分民族，他们的祖先起源与迁徙扩散路径也一直存在争议。

现在，这些秘密终于被中国科学家揭开了。中国科学院古脊椎动物与古人类研究所研究员付巧妹领衔的研究团队，联合云南省文物考古研究所等多家机构科研人员，历经 9 年攻关，成功捕获并测序了来自云南 17 个遗址、7100 年前以来的 127 例古代人类基因组。5 月 30 日，相关研究成果在线发表于《科学》，并被列为亮点推荐。

“我们首次从遗传学角度精准识别了青藏高原‘幽灵祖先’之一，并揭示了南亚语系人群的遗传起源，同时凸显了云南作为多元人群交流枢纽的关键作用。”论文通讯作者付巧妹说。

解码青藏高原的“神秘基因”

此前，该团队研究发现，自 5100 年前至今，青藏高原原人群约 80% 的遗传成分源自 9500 年前至 4000 年前的中国北方人群，但剩下的 20% 始终找不到明确来源。这成为学界长期关注的谜题。

那么，这 20% 的遗传血脉究竟来自哪里？答案藏在一处 7100 年前的云南兴义遗址个体之中。研究人员将这名生活在约 7000 年前的“祖先”命名为“亚洲基部兴义祖先”，并在其基因组中识别出一种此前未被发现、深度分化的亚洲遗传成分。这一发现填补了人类演化研究中的关键空白。

“进一步分析显示，这种遗传成分不仅对古代青藏高原原人群有显著贡献，也在现代藏族的基因组中得以保留。”付巧妹介绍，“这表明，以‘亚洲基部兴义祖先’为代表的古老人群，正是学界长期以来推测但未能精准定位的青藏高原‘幽灵祖先’之一。”

研究表明，这一“幽灵祖先”至少在 4 万年前就已从其他亚洲人群中分离出来，并在云南地区长期繁衍生息，直到 7100 年前，仍有携带该遗传成分的人群存在。

值得注意的是，比“亚洲基部兴义祖先”更早的 1.1 万年前的广西隆林个体，也含有这一成分。然而，到了 8000 年前至 6000 年前间，这种成分在广西人群中迅速减少，并在后来的历史时期彻底消失。相比之下，青藏高原人群则将其保留下来，成为其遗传结构的重要组成部分。

付巧妹指出，这一发现不仅为理解高原人群来源提供了关键线索，也为东亚地区现代人类迁徙与演化的历史补上了重要的一块拼图。

揭示南亚语系族群“迁徙之路”

中国的傣族、布朗族和远在越南、柬埔寨、

老挝的一些民族，都属于同一个语言大家庭——南亚语系族群。这个族群分布在从印度东北部到中国西南，再到东南亚的广阔土地上，像是一张横跨亚洲的大网。

这张“语言之网”是怎么织成的？他们到底从哪儿来，又是在什么时候、沿着哪些路线迁徙扩散到各地的？这些问题长期以来是学术界争议的焦点。

过去，语言学家根据语言的相似性推测出几个可能的“起源地”，比如印度东北部、中国云南三江地区和长江中游，甚至湄公河流域，但都缺乏直接的遗传学证据。

通过基因组数据分析研究，科研人员发现，云南中部 5500 年前至 1400 年前的人群中，有着一全新、独特、从未被发现过的“东亚血统”。这种血统既不属于中国北方人，也和南方主流人群不一样，可以说是“自成一派”。因此，他们被命名为“云南中部祖先人群”。

令人惊喜的是，从“云南中部祖先人群”身上，他们还发现这一祖源与如今的南亚语系人群密切相关，表明云南可能是南亚语系族群的早期核心区域之一。

结合考古学、语言学 and 遗传学证据，一条南亚语系族群可能沿云南红河流域向东南亚扩张的“迁徙路线”开始逐渐变得清晰。

“我们在古代东南亚人群中发现了‘云南中部祖先人群’的基因痕迹，而后者在广西的一些历史时期人群中也有体现。”付巧妹解释说，这说明南亚语系人群很有可能从云南中部地区沿中国红河流域向东南亚扩张，而非之前认为的起源于印度或者东南亚。

云南——人群基因交流的“枢纽”

“早在青铜时代，云南就已成为不同族群交流与融合的中心，并展现出高度复杂的人群结构。”付巧妹告诉《中国科学报》。

比如，在云西南部，人们主要继承了来自东亚北方的遗传特征，与黄河流域的农业人群有着密切联系。而在云南中部，则以独特的“云南中部祖先人群”为主，他们可能是南亚语系族群的重要基因来源。值得注意的是，云南东部的人群则像是“混血儿”，同时具有东南亚南方和云南中部祖先成分的特点。

更有趣的是，通过对约 2000 年前至 1400 年前的云南金莲山遗址和约 2500 年前至 2100 年前的高寨遗址的研究，科研人员还发现墓葬中的一些个体可能跨越了三到十代以上的家族谱系。这表明，史前云南人非常重视家族血缘关系，并且可能遵循稳定的宗族葬俗。

付巧妹表示，这些发现不仅为了解古代云南的社会组织、家庭结构和文化传统提供了宝贵的遗传学证据，也为探讨整个东亚地区早期社会形态的演变提供了新视角。

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1126/science.adq9792>

科学家发现控制家蚕滞育的关键“开关”

本报讯(记者王兆昱)中国科学院分子植物科学卓越创新中心研究员詹伟团队发现核心生物钟基因 *Cycle* 是控制家蚕滞育的关键“开关”，揭示了家蚕生活史变异的遗传机制。这一成果对理解昆虫季节性适应策略、掌握害虫种群的发生和分布规律具有重要意义。5 月 30 日，相关成果发表于《科学》。

昆虫的滞育类似于动物的冬眠，即在特定时期或特定季节性信号诱导下发生的发育停滞行为，可帮助昆虫应对不利环境并显著延长昆虫的世代周期，是形成昆虫不同年度生活史的生理基础。目前，只有果蝇的滞育变异机制得到了部分解析。

家蚕在长期驯化过程中，其年度生活史策略(一般称为化性)受到规律性人工选择。但至今，决定家蚕化性的主效基因和具体的遗传机制尚不清楚。

研究团队通过正向遗传学手段，利用家蚕二化滞育品系和非滞育多化品系构建位点群体，并结合全基因组关联分析，确定了 *Cycle* 基因是控制家蚕滞育和化性差异的主效基因。该

基因是昆虫核心生物钟基因，主要参与昆虫的昼夜节律调控。

研究团队发现，家蚕 *Cycle* 基因通过可变剪接编码 3 个亚型，相较于滞育品系，非滞育品系的 C 亚型功能缺失，但 A 和 B 亚型保留完整。通过基因编辑、生理生化实验、行为学实验等，他们发现 C 亚型控制家蚕滞育的环境诱导，而 A 和 B 亚型发挥 *Cycle* 本身的昼夜节律调控功能，进一步证明 *Cycle* 基因的双重功能在鳞翅目昆虫中具有普适性。

这项研究找到了控制家蚕滞育的关键“开关”，初步回答了关于家蚕化性的百年难题；解释了生物钟基因如何在不影响昼夜节律调控稳定性的前提下，实现季节节律调控的可塑性。研究还为掌握虫害发生规律、制订防治方案，“无创”打破滞育、高效利用资源昆虫，以及在全球变暖背景下预测昆虫种群潜在的动态变化，提供了分子水平的理论依据。

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1126/science.ado2129>

研究揭示心理压力诱发癌症进展新机制

本报讯(记者朱汉斌 通讯员赵现廷)中山大学肿瘤防治中心教授林东昕、研究员郑健团队研究发现，心理压力应激可通过激活交感神经释放去甲肾上腺素，作用于肿瘤细胞 ADRB2 受体，介导肿瘤 RNA m⁶A 去甲基酶 ALKBH5 表达降低，引发肿瘤细胞表观转录组紊乱和微环境神经重塑的正反馈促癌环路。近日，相关成果发表于《自然－细胞生物学》。

心理压力与多种癌症的预后密切相关，但目前人们对其机制仍知之甚少。以往研究显示，在癌症进展中，外周神经系统如交感神经和感觉神经功能紊乱可能有促癌作用，心理压力应激会影响神经系统功能。

研究团队通过构建胰腺癌基因工程小鼠(KPC 小鼠)及原位移植瘤模型，测试了束缚应激、慢性不确定性应激，以及伤害感受应激对胰腺癌生物学行为的影响。

研究发现，心理压力应激通过激活胰腺癌微环境中的交感神经，活化去甲肾上腺素信号，导致癌细胞 ALKBH5 表达降低。ALKBH5

表达降低引起癌细胞内 RNA m⁶A 修饰升高。在细胞外囊泡相关的 m⁶A 识别蛋白 SND1 介导下，高 m⁶A 修饰的 RNA 被特异性分选并转运至细胞外囊泡。这些细胞外囊泡被癌细胞分泌到微环境中，被那里的神经摄取，促进其神经轴突生成相关基因的表达，从而促进肿瘤组织的神经生长，形成“交感神经激活－ALKBH5 缺失－细胞外囊泡介导神经重塑”的恶性正反馈环路，持续驱动胰腺癌进展。

通过进一步药物筛选，研究人员发现天然黄酮类化合物 Fisetin(漆黄素)可有效阻断神经细胞摄取细胞分泌的携带 m⁶A-RNA 的细胞外囊泡。在 KPC 小鼠模型中，使用 Fisetin 可显著降低肿瘤组织的神经支配并抑制肿瘤进展，提示该化合物具有成药治疗胰腺癌的潜力。

该研究为解释心理压力与癌症发生发展的关系及可能的干预措施提供了实验证据。

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1038/s41556-025-01667-0>