



本报讯（记者高雅丽）3月27日至29日，由中国科协、北京市政府共同主办的2026中国科幻大会在北京举行。大会以“荟萃十载 智启新元”为主题，举办“忆十载 聚共识 兴产业 向未来”4个板块20余场活动。

2016年，中国科协发起创办中国科幻大会。10年来，大会坚持科幻、科普、科技交融互促，点燃公众科学兴趣，培育会聚了大量技术专家、企业家等专业人士，推动全国科幻产业规模不断成长壮大。大会开幕式全面回顾了科幻大会10年发展历程和建设成果，发布了《2026中国科幻产业报告》（以下简称报告），展示了全国特色科幻应用场景，展演了科普科幻新片，呈现了前沿科技成果。

报告显示，2025年，中国科幻产业总营收1261亿元，连续3年突破千亿元大关。中国科幻产业已形成科幻阅读、科幻影视、科幻游戏、科幻衍生品、科幻文旅五大板块协同发展的多维格局，并在技术装备与国际传播等新领域持续拓展增长空间。

开幕式上，中国科学院院士刘嘉麒、中国首批航天员赵传东和科幻作家刘慈欣进行了跨界对话。同期，还举行了首届北京国际科幻与未来产业博览会和2026北京科幻嘉年华活动。

有望像苹果树一样，一次栽种，多年收获 科学家找到水稻“多年生”开关

■本报记者 冯丽妃 见习记者 江庆岭

如果时间回到8年前，中国科学院院士韩斌和合作者王佳伟可能不会想到，一次不经意的跨界合作，会让他们找到控制水稻寿命的基因“钥匙”。

一粒稻种，落地生根，开花结实，随后枯萎死亡——这是人类驯化水稻的生命轨迹。

而今，这一“宿命”被打破了：中国科学院分子植物科学卓越创新中心（以下简称分子植物卓越中心）研究员韩斌与王佳伟团队合作，挖掘出水稻“长寿”基因，有望让人类驯化水稻在收获后“返老还童”，从“一年生”作物回归“老祖宗”野生稻的“多年生”特性。近日，相关研究成果以封面论文形式发表于《科学》。



▲海南小院里的野生稻。
▶《科学》封面图。

国际科学界认为，这是一项非常重要的进展，有望让水稻“像苹果树一样，实现‘一次栽种，多年收获’”。日本名古屋大学的植物遗传学家 Moto Ashikari 在接受《科学》采访时评价称：“这项研究提供了强有力的概念验证：通过基因手段，一年生作物有望被改造成多年生作物。”

联手追踪“遗失的钥匙”

故事的起点，源于2018年一场不经意的聊天。

“韩老师，你们最近在忙啥？”

“我们刚发现一个很有意思的基因片段，你有没有兴趣？”

在汇聚植物学、昆虫学与合成生物学等学科门类的分子植物卓越中心，很多时候，合作不需要什么“正式”的程序。餐厅、咖啡厅，或是散步时偶尔碰到，聊上几句，契机就来了。

“60后”的分子植物卓越中心主任韩斌和“70后”的中生代科学家王佳伟就是在这样的情境下一拍即合，决定一起寻找水稻的“长寿”基因——控制水稻生命周期的“开关”，让这种主粮作物种一年，连收数年。

“在植物学领域，有一句话是‘年年岁岁花相似，岁岁年年花不同’。”韩斌说，“很多植物，特别是一年生植物，一旦开花，就会走向死亡。”

对于水稻来说，自然界未经驯化的野生稻是多年生的，但人类驯化的栽培稻却是一年生的。这是人类上万年选育的结果——要收获有营养的种子，付出的代价就是寿命缩短。

“袁隆平先生的梦想是‘禾下乘凉’。未来，能不能像收获木本植物的种子那样收获水稻这样的木本植物，减少年年耕种对土地、劳动力的消耗？”这是韩斌多年的梦想。

问题的关键在于找到遗失在历史长河里的那把“长寿”基因“钥匙”。这并不容易。

韩斌和王佳伟一开始并不确定，他们能做的只有尽可能发挥各自团队的优势。韩斌团队长期深耕水稻基因组和遗传学研究，拥有珍稀的野生稻资源、高效的复杂基因组鉴定方法；王佳伟团队则擅长植物发育生物学研究，尤其是多年生植物年龄研究。

“从理论上来说，这件事是可行的。”韩斌解释，将野生稻与栽培稻杂交并反复回交，把野生稻的所有单基因片段全部“替换”到栽培稻的基因组中，再逐一检测其能否让栽培稻变成多年生，就能“揪出”那个“长寿”基因。

这注定是一场“马拉松式”的研究。由于生殖隔离，野生稻和栽培稻杂交成功的概率极低。

2012年，韩斌带领团队开展水稻起源研究时，从全世界收集了400多份野生稻。为了养好这些“宝贝”，他在海南租了一个农家院。直到2018年，经过6年“蹲守”杂交，他们才将控制多年生性状的基因锁定在水稻1号染色体上的一个小区域。“有点冒昧了，但还没有完全确定。”韩斌回忆说。

与王佳伟的合作恰逢其时。两位科学家带着一批“80后”“90后”青年学者攻坚克难，经过反复搜索确定了一个目标。

“无尽的分枝与分蘖”

通过对446份野生稻资源的系统研究，合作团队终于找到了那把“钥匙”——植物发育生物学领域的“明星分子”miR156。过往研究认为，miR156在植物幼苗期高表达，维持幼年状态；随着植物生长，其表达量逐渐降低，植物随之衰老并进入生殖生长。

合作团队发现，在野生稻中，miR156由两个串联排列的微小RNA——MIR156B和MIR156C组成。它们的表达量会随着植物年龄增长而减少，但在野生稻开花后，串联基因又会重新启动，回到高水平，逆转腋芽发育程序，使其恢复营养生长，不断长出新分蘖，重复生长、开花、结籽的历程。

新发现让团队师生为之雀跃。分子植物卓越中心高级工程师吕丹凤仍记得那个瞬间——当博士生戴冰馨将带有荧光标记的基因转入水稻生长点，她在显微镜下捕捉到miR156的表达在开花后先降后升、重新激活。“观察到那个结果的时候，我们特别兴奋，觉得太神奇了。”



韩斌的学生、如今在德国莱布尼茨植物遗传与作物研究所进行博士后研究的陈二旺，给这个基因起了一个形象的名字——EBT1（Endless Branches and Tillers 1），意为“无尽的分枝与分蘖”。

有趣的是，miR156是王佳伟研究了近20年的“老朋友”。此次在野生稻中的意外发现，让两个团队的研究奇妙交汇。“看到这个结果时，我简直是拍着大腿恍然大悟：我怎么早没有想到这个基因！”王佳伟难掩兴奋。

研究到这里只进行了一半，还要验证这把“钥匙”的功能。戴冰馨记得，2020年的一次讨论中，韩斌在办公室小黑板上画出一株水稻边说：“如果将EBT1基因和匍匐基因聚合到栽培稻中，让水稻分蘖角度变大，茎秆倒伏后，分节落地扎根，岂不是会形成一个新的植株？”

根据这个设想，团队经历了四五年的水稻杂交、自交，终于将EBT1与科学家已经发现的两个水稻匍匐基因PROG1和TIG1聚合。新创制的水稻能像野生稻一样匍匐生长，在海南田间环境中已存活两年，不止一次结出籽实。

回忆8年研究历程，戴冰馨坦言，压力是实实在在的。她从2017年入学起便投身这项研究，直到2023年博士毕业，一篇论文也没发表。看着同学陆续有成果产出，“同辈压力”一度让她焦虑到极点。

（下转第2版）

全球陆地仅 1.9% 达到“长时序”降水监测标准

本报讯（记者冯丽妃）北京师范大学地理科学学部教授廖远团队与合作者基于1900年至2022年全球约22万个降水观测站点的记录，对全球降水监测网络的时空分布与覆盖水平进行了系统评估，并在此基础上综合多因素识别了需要优先加密建站的区域。近日，相关研究成果发表于《自然》。

降水是水循环的重要环节，直接影响径流形成、土壤水分变化与蒸散过程，对生态系统和水资源管理产生

深远影响。在全球尺度上系统评估降水观测站网分布并提出优化方向，对于提升气候变化监测能力与支撑水资源评估具有重要意义。既往站网优化研究多集中于流域或区域尺度，面向全球尺度的系统评估不足。

研究团队收集了全球约22万个逐日降水观测站点的记录，但满足“长时序”监测要求——记录时长达30年以上且数据缺失率低于10%的站点仅约4万个。该研究将现有站点密度与世界气象组织提出的年降水量监测最低站点密度标准对比后发现，全球仅13.4%的陆地面积达到该标准；若仅考虑“长时序”站点，达标面积比例降至1.9%。

在此基础上，研究构建了降水观测台站选址优先级指标，将历年降水信息、现有站点密度、未来降水变化预估和社会经济因子纳入综合分析。结果表明，在仅考虑历史观测与站网特征时，约25%的全球陆地被识别为高优先级建站区域，主要分布在南美洲北部、北

美洲北部、非洲中部和南亚。进一步纳入未来情景后，高排放情景下高优先级区域面积占比将增至32.1%。

该研究通过整合多源逐日站点数据，并结合未来情景信息，对全球范围内的站网缺口与优先建站区域进行了量化评估，可为观测网络优化与监测能力提升提供参考依据。

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1038/s41586-026-10300-5>

全球首例 LXRα 基因编辑猪诞生



记者从中国科学院亚热带农业生态研究所（以下简称亚热带生态所）获悉，在中国工程院院士、亚热带生态所首席研究员印遇龙带领下，其团队研究员陈建文、徐奎等，近期成功培育出4头基因编辑猪个体。这批猪以肝脏X受体（LXRα）为靶点开展基因编辑，是目前已知世界首例LXRα基因编辑猪模型。

LXRα是胆固醇代谢与炎症反应的重要调控因子。LXRα基因编辑猪相当于被换掉了胆固醇代谢的“总调控大脑”，这不仅影响胆固醇清理，还影响炎症反应和免疫应答。LXRα基因编辑猪适合研究“代谢病如何引发心血管炎症”等问题。

图为3月28日拍摄的LXRα基因编辑猪。

本报记者王昊报道
受访者供图

大型学术会议“拒”数百篇论文，因作者评审违规使用 AI



组织者：在分发给评审人员的论文中隐藏了水印，以此检测违规使用AI的情况。违规使用大语言模型（LLM）生成同行评审内容的人，其论文会被大会拒绝。

会议组织者介绍，水印添加了只有LLM才能识别的隐藏指令，能使其生成包含一些特定短语的评审内容。例如，生成同时包含“该手稿的关键思想涉及”和“这项研究涉及的一个关键概念”等短语的评审内容。出现误报，即包含这两个确切短语但并非由LLM编写的可能性微乎其微，并且每个被标记的评审内容都会经过人工核查。

许多研究人员对ICML的举措表

示赞赏。有人建议其他会议效仿，还有人认为ICML可以更进一步——禁止被拒稿的作者重新投稿。不过，也有人认为该政策可能毫无效果，只会让所有审稿人失去积极性。

如今，在同行评审中使用AI已十分普遍。2025年，瑞士Frontiers出版社的一项调查显示，尽管许多期刊和会议禁止使用AI，但仍有超半数研究人员曾这样做。AI研究人员对于在同行评审中使用LLM也存在严重分歧。

事实上，这次ICML的拒稿并非“一刀切”，会议组织者首次设立了两条同行评审通道，一条允许有限地使用LLM，另一条则严格禁止使用。作者和评审人员可自行选择一条评审通道。只

有那些明确表示选择严格禁止使用通道的作者和审核人员，才会被要求在评审过程中避免使用AI。

会议组织者表示，该方法只能发现“评审过程中使用LLM的最糟糕的情况”，因为LLM并非百分之百遵循水印指令，而且评审人员若知晓水印的存在，进行规避并非难事。

其他会议和期刊也在尝试各种方法，以检测AI使用情况。美国公司GPTZero开发了AI检测工具，将在今年4月于巴西举行的国际学习表征会议上与会议组织者合作，检测提交的论文是否违反了AI使用政策。该会议规定，作者和评审人员都必须披露LLM的使用情况。

（徐锐）

全球首例 LXRα 基因编辑猪诞生