

历时 7 年对 3900 篇论文进行分析发现

半数社会科学研究无法复制

本报讯 美国国防部高级研究计划局的“开放研究与证据的系统化信心”(SCORE)项目组4月1日在《自然》发表多篇论文,报告了一项历时7年的大型研究的结果。研究人员在对3900篇社会科学论文进行分析后,得出一个令人不安的结论——在进行重复实验时,只有半数研究结果得到了验证。

美国斯坦福大学的 John Ioannidis 表示,SCORE 项目的研究规模和广度令人印象深刻,但结果“并不令人意外”,因为这与之前小规模研究的结果一致。

“这并不意味着科学研究的质量低下。”美国开放科学中心(COS)的研究负责人 Tim Errington 表示,有些结果无法复制是因为研究人员的失误或罕见的学术不端行为所致,但 SCORE 项目发现,在许多情况下是因为没有提供足够的细节或数据,造成实验无法准确重复。

10 多年来,研究人员一直在调查科学成果可靠性的“危机”。他们发现许多科学实验无法重复——不仅在社会科学领域,在生物医学领域也是如此。

SCORE 项目的 865 名研究人员对发表在 62 种期刊上的论文进行了研究,内容涵盖经济学、教育学、心理学和社会学等多个领域。他们通过评估 3 个特征检验已发表的研究结果是否站得住脚,分别是可复现性、稳健性和可复制性。

检验一篇论文可信度的一个方法是看其结果能否再现,即对相同数据进行完全相同的分析能否得出相同的结果。当研究人员试图再现 600 篇论文的数据分析时,发现只有 145 篇论文提供了足够的细节,其中仅 53% 的结果能够被再现。不过,Errington 表示,许多失败可能是因为 SCORE 的研究人员需要对程序进行猜测或重新创建原始数据造成的。更开放地共享数据、更透明地说明使用的方法应该有助于解决这个问题。

SCORE 团队还检查了研究的稳健性,即对一篇论文的数据进行另一种合理的分析是否仍能得出相同的结论。在接受审查的 100 篇论文中,约 3/4 通过了测试。但在 2% 的案例中,新分析得出了与原始论文相反的结论。“这令人担

忧。”Errington 说,新兴的自动化工具对同一数据进行多种合理分析,被称为“多元宇宙分析”。这有望让研究人员在发表论文前了解不同的方法能否得出相同的结果,从而提高研究的稳健性。

最后,研究人员对论文的可复制性进行了检验。他们努力重复整个实验,从头开始收集和分析数据。在关注的 164 项研究中,只有 49% 在统计学意义上具有可复制性。这一数字与其他类似研究的结果大致相符。

Errington 表示,由于重复实验既耗时又费钱,因此开发包括人工智能(AI)模型在内的自动化分析工具很重要。这些工具能够预测一篇论文是否可靠。SCORE 项目的一个目标就是开发出能够为社会科学发现分配置信度分数的自动化工具。

自动化工具的价值通常以人们完成任务的效果来衡量,因此 SCORE 团队首先检查了人类能否准确预测论文的可复制性。他们测试了两种策略:一种涉及在线市场,另一种则基于结构化的群聊和研究人员的独立评估。根据近日公布于预印本平台 MetaArXiv 的一项研究,这

些方法在预测研究可复制性方面的最高准确率为 76% 至 78%。

SCORE 团队最初尝试使用自动化工具做类似的事情,但并不成功。COS 的 Andrew Tyner 牵头开展了一个独立于 SCORE 的“预测可复制性挑战”项目,目前正在测试包括大语言模型在内的计算工具。挑战获胜者将获得现金奖励。

在去年 10 月举行的首轮竞赛中,使用 AI 工具的 10 支队伍在预测一篇论文能否被复制方面的得分低于随机猜测的水平。但在上个月结束的第二轮竞赛中,表现最佳的 AI 模型准确率达到 68.5%。目前第三轮竞赛正在进行中。

Errington 说,这些结果令人鼓舞,表明 AI 工具终有一天会助力评估科学研究,但我们离实现这一目标还很遥远。(徐锐)

相关论文信息:
<https://doi.org/10.1038/s41586-025-10078-y>
<https://doi.org/10.1038/s41586-026-10203-5>
<https://doi.org/10.1038/s41586-025-09844-9>
<https://doi.org/10.1038/s41586-026-10251-x>

科学家实现 DNA 安全加密实景测试

据新华社电 法国国家科学研究中心 4 月 1 日发布公报说,该中心研究人员与同行合作,开发出一种基于 DNA(脱氧核糖核酸)的安全加密方案并完成真实场景下的测试,为外交、军事和科研等敏感领域的通信加密开辟了新途径。

公报介绍,当前,敏感数据加密大多依赖“有条件安全”方法,即默认攻击者算力有限且很难破解。理论上最安全的“一次性密码”虽然可实现“无条件安全”,但存在诸多难点,例如密钥必须提前共享、与信息内容等长、只使用一次,而且必须完全随机。现实中尤其在远距离通信时,生成和共享这样的大规模随机密钥一直很难。

法国国家科学研究中心等机构研究人员开发出一种基于 DNA 的加密方案。研究人员先制备两套完全相同的人工合成 DNA 样本作为“密码本”,一份给发送方,一份给接收方。DNA 由 A、T、C、G 四种碱基组成,其排列可以实现统计学上的随机。通信前,双方分别对所持 DNA 片段进行测序,生成彼此一致的二进制密钥,从而借助密钥实现对最高可长达数百兆字节信息的编码、发送和解码。

据介绍,这种加密方法颇具优势。DNA 本身具备高存储密度和稳定性。几毫克 DNA 即可存储文字字节二进制信息,相当于约 100 万个硬盘容量;在妥善保存的情况下,DNA 聚合物可保存数千年。此外,这种共享密钥的机制不会受到收发双方距离的限制,理论上甚至可用于地月通信。

更重要的是,基于 DNA 的加密让“无条件安全”加密成为可能。研究团队通过测试发现,即使生成密钥所用 DNA 被拦截,通信仍可保持安全,因为每个 DNA 序列只有两份拷贝,任何被部分窃取的数据都不会被再次使用;如果截获者试图拷贝密钥再归还,会导致拷贝数量异常,通信双方可轻易检测到这一风险并弃用这些密钥。(罗毓)

黑洞质量存在“禁区”

本报讯 在全球引力波天文台网络(LIGO-Virgo-KAGRA)发表的针对双黑洞系统的第四版引力波瞬变目录数据中,研究者获得了黑洞质量存在“禁区”的证据。这些发现支持了特定质量黑洞因不稳定性而无法存在的理论,但仅限于特定双黑洞系统中较小的次质量黑洞。这些发现有望为恒星和黑洞的演化提供见解。相关研究结果 4 月 1 日发表于《自然》。

恒星演化理论预测,某些超大质量恒星会发生被称为“对不稳定超新星”的爆发事件,其威力和破坏性之大,留不下任何黑洞残骸。这一过程预计会在可存在的质量范围内形成缺口,即“对不稳定质量缺口”,预测为太阳质量的 50 至 130 倍。科学家此前缺乏此类缺口存在的证据,但引力波天文台是探测对不稳定超新星爆发结果的一个可靠途径,因为它们能够探测此类巨大宇宙事件发出的信号。

第四版引力波目录数据聚焦了双黑洞系统内的质量分布。澳大利亚蒙纳士大学的童辉(音)和同事报告称,分析结果提供了此类系统中关于次质量黑洞的对不稳定质量缺口的证据。这类缺口在双黑洞系统的较大黑洞中未见,但在约 44 至 116 倍太阳质量范围内不存在次黑洞。研究人员认为,这一缺口与双黑洞自旋行为变化的质量范围一致,可能反映了潜在的对不稳定性过程。

研究人员提出,此类系统中的主黑洞可能存在于该“禁区”质量缺口内,因为其形成方式可能与由对不稳定超新星形成的次黑洞不同。他们认为,这些发现有助于加深对超大质量恒星演化的理解。(冯维维)

相关论文信息:
<https://doi.org/10.1038/s41586-026-10359-0>



一场恒星大爆发,背景中隐约可见双黑洞系统的痕迹。 图片来源:澳大利亚斯威本科技大学



乌贼。

图片来源:Keishu Asada

科学此刻 破解乌贼起源之谜

鱿鱼和乌贼是海洋中最迷人的动物之一,被称为头足纲十腕类。几十年来,科学家一直试图弄清这些奇特生物的演化历程,但进展缓慢,因为它们的化石记录有限,且基因组十分复杂。

3 月 30 日发表于《自然-生态与演化》的一项研究,将大规模基因组数据集与 3 个新测序的鱿鱼基因组结合起来,揭示了一种“长引信”模式,从而解释了鱿鱼和乌贼是如何演化成今天所见的多样化群体的。

论文第一兼通讯作者、日本冲绳科学技术大学院大学的 Gustavo Sanchez 表示:“关于鱿鱼和乌贼的起源问题,许多研究团队基于不同形态特征和分子数据提出过各种演化假说。我们凭借新的基因组信息,终于解开了围绕它们起源的一些谜团。”

鱿鱼和乌贼生活在从深海到浅海沿岸的各种环境中。尽管种类繁多,但它们大多有一个共同特征——内壳。这一结构差异很大,从乌贼圆筒的海螺蛸,到鱿鱼薄如刀片的角质壳,再到壳壳鱿鱼的螺旋形壳,部分浅海物种甚至完全没有壳。

厘清这些不同形态的亲缘关系并非易事。Sanchez 解释道:“早期对十腕类演化的推断基于分辨率有限的数据集,容易产生偏差信号,掩盖了不同物种间的真实关系。如今,全基因组数据能够更清晰、更一致地展现这些动物的演化历程。”

鱿鱼基因组通常是人类基因组的两倍,需要先进技术和强大算力来分析。此外,获取合适样本也很困难,因为需要鲜活

约 6600 万年前,白垩纪-古近纪大灭绝导致地球上约 3/4 的物种消失,包括恐龙。尽管遭遇了这场灾难,但鱿鱼的祖先却幸存下来。

科学家认为,这些早期头足纲动物在深海富含氧气的小区域找到了避难所。Sanchez 说:“海面环境对头足纲来说极为恶劣,那时海岸附近几乎没有合适的富氧栖息地。而浅海强烈的海洋酸化现象也很可能腐蚀了它们的外壳,因此一些结构能够在其整个演化历程中得以保留的事实,恰恰证明了它们起源于更深的海洋。”

随着地球环境恢复,珊瑚礁逐渐重现,形成了新的浅海生态系统。许多鱿鱼和乌贼的谱系随后向这些环境扩散。“在白垩纪初期的谱系分化后,数百万年间并未出现太多分支。但在大灭绝后的恢复期,物种突然快速多样化的多样性大爆发。”Sanchez 说。

这项工作为未来研究鱿鱼和乌贼的独特性状打下了坚实基础。论文共同通讯作者、美国加州大学伯克利分校的 Daniel Rokhsar 说:“有了这些基因组和清晰的演化关系,我们就能进行有意义的比较,揭示与头足纲进化相关的分子变化——从新型器官、动态伪装,到支撑其非凡行为神经复杂性。”(王方)

相关论文信息:
<https://doi.org/10.1038/s41586-026-10359-0>

而许多物种生活在偏远或难以抵达的栖息地。最终,研究团队基于几乎所有主要谱系的基因组序列,构建了首个头足纲十腕类的演化树。

其中一个重要物种是稀有的壳壳鱿鱼,它奇特的内壳长期困扰着科学家。“过去,壳壳鱿鱼的壳壳结构让一些研究者错误地认为它和乌贼关系密切。”论文作者、西班牙海洋研究所的 Fernando A. Fernández-Alvarez 说,“我相信,这个基因组能填补关键缺口,为更广泛的头足类演化问题带来清晰的答案。”

结合基因组数据与化石证据,研究人员重建了鱿鱼和乌贼的演化时间线与环境背景。“我们的分析显示,这类动物起源于深海,那里如今仍孕育着像壳壳鱿鱼这样的动物。”Sanchez 说。

研究表明,主要的十腕类动物大约在 1 亿年前的白垩纪中期进行了首次分化。大

小鱼“组团”攀爬瀑布

本报讯 一项 4 月 2 日发表于《科学报告》的研究成果报告了发生在刚果(金)境内的小眼副克奈氏鱼(Parakneria thysi)攀爬瀑布的首个文献记录证据。研究人员发现,数千条体长不足 50 毫米的鱼通过摆动鱼鳍并左右扭动身体,耗时约 10 小时攀越了一座 15 米高的瀑布。

虽然全球范围内已有数千彼此亲缘关系较远的鱼被观察到具有垂直攀爬能力,但此类行为往往缺乏充分记录,关于小眼副克奈氏鱼的报道也多为零星传闻。

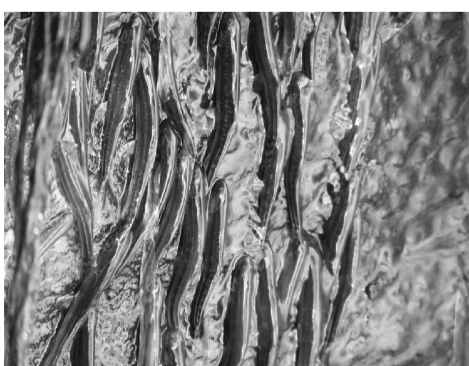
在这项研究中,刚果(金)卢本巴希大学的 Pacifique Kiwele Mutambala、比利时中非皇家博物馆的 Emmanuel Vreven 和同事于 2018 年和 2020 年间,分别 4 次记录到数千条小眼副克奈氏鱼攀爬刚果(金)卢维隆瀑布的垂直岩壁。

研究人员观察到,在降雨充沛年份的雨季

尾声(4 月至 5 月),体长介于 37 至 48 毫米的鱼会表现出这种行为。他们观察到,这些小眼副克奈氏鱼会紧贴瀑布的垂直岩壁,利用胸鳍和腹鳍——其腹面带有钩状突起,以及身体后半部的侧向波浪状摆动来向上攀爬。

研究人员估算,一条鱼平均需要约 9 小时 45 分钟才能爬上卢维隆瀑布的顶端。其中包括 15 分钟的持续移动、30 分钟的短暂停顿以及 9 次各持续 1 小时的休息。他们还注意到,若鱼体被水柱击中,尤其是在倒挂攀爬以绕过突出石壁时,则存在坠落的风险。

研究人员推测,小眼副克奈氏鱼可能在暴雨中被冲至下游后,为重新占据上游栖息地而攀爬卢维隆瀑布,或是为了迁移至食物竞争较少且捕食性鱼类如中间锡伯鲈较少的区域。他们提醒,等待攀爬瀑布的鱼面临被非法渔网的渔民捕获的风险。此外,若旱季为灌溉农作物而将卢维隆博河水引至瀑布上游,这条



小眼副克奈氏鱼正在穿越卢维隆瀑布。 图片来源:Pacifique Kiwele

河流的生物多样性可能受到威胁。研究人员建议对该生态系统实施全面保护。(赵熙熙)

相关论文信息:
<https://doi.org/10.1038/s41598-026-4253-4>

“小柯”秀

一个会写科学新闻的机器人

《科学》

拟南芥同步室外进化实验中的快速适应与灭绝

美国加州大学伯克利分校的 Moises Exposito-Alonso 团队发现拟南芥能够同步室外进化实验中的快速适应与灭绝。相关成果近日发表于《科学》。

气候变化迫使物种迅速适应以避免灭绝。为直接观察拟南芥的快速适应与灭绝,研究人员在西欧、地中海、黎凡特和北美的 30 个地点对拟南芥进行了同步进化实验。

对约 7 万株幸存植物的全基因组测序显示,在相似的气候条件下,等位基因的频率变化是可重复的,但在不同的气候条件下,等位基因的频率变化是不同的,这表明了进化适应。该研究确定了与气候适应相关的遗传变异,包括涉及从热应激感知到春季开花时间等过程的基因。在不同的环境中,进化趋势通常是可预测的,但却是可变的。在较温暖的气候中,进化的可预测性与 5 年以上的种群生存相关,而不稳定的变化会导致灭绝。

这些结果表明,快速的气候适应是可能的,但了解其局限性对生物多样性预测至关重要。相关论文信息:

<https://doi.org/10.1126/science.adz0777>

过冷水中液-液临界点的实验证据

瑞典斯德哥尔摩大学 Anders Nilsson 团队揭示了过冷水中液-液临界点的实验证据。相关成果近日发表于《科学》。

由于快速结晶,在过冷水中寻找液-液临界点极具挑战性。研究人员通过红外超快激光脉冲加热高密度和低密度非晶态冰,在冰形成之前的时间尺度上利用 X 射线散射研究了过冷水。改变泵浦激光的通量,可以进入跨越预测临界点的液态区域。研究人员观察到了从非连续转变到连续转变的过渡,在此过程中发生了广泛而缓慢的结构变化,与临界波动和减速一致。他们还观察到热容量的快速增加,表明在 210 ± 8 K 处存在临界发散,这与增强的密度涨落相吻合。

这些结果表明,该实验直接探测到了过冷水中临界点附近的区域。相关论文信息:

<https://doi.org/10.1126/science.aec0018>

《免疫》

围产期感染驱动抗体介导的病毒控制

瑞士巴塞尔大学 Daniel D. Pinschewer 团队揭示了围产期感染可引发克隆限制性 T 滤泡辅助(T_H)细胞反应,驱动抗体介导的病毒控制。相关成果近日发表于《免疫》。

研究人员利用围产期淋淋巴细胞性脉丛脑膜炎病毒感染——新生儿抗病毒免疫耐受的原型母基模型,观察抗体介导的病毒载量抑制和典型生发中心(GC)反应。这种新生儿反应是由抗病毒 CD4⁺T_H 细胞反应驱动的。然而,与成年感染小鼠相比,围产期感染动物体内的病毒表位特异性 CD4⁺T 细胞数量较少,克隆多样性也较差。

此外,CD4⁺T 细胞补充增强了围产期感染小鼠,而不是成年感染小鼠的 GC 反应。因此,体液免疫防御部分不受新生儿耐受性的影响。更广泛地说,数字和克隆限制 CD4⁺T_H 细胞反应使其成为功能性治愈的免疫治疗靶点。

研究人员表示,围产期感染通常导致病毒持续存在,如在人类中观察到的乙型肝炎病毒。通常认为,持久性与免疫耐受性有关,但这并不能预测病毒抗体的出现和最终的病毒载量控制。

相关论文信息:
<https://doi.org/10.1016/j.immuni.2026.03.004>

《自然-方法学》

用于髓鞘形成研究的可调水凝胶微柱阵列

英国伦敦大学学院的 Emad Moendarbary 团队开发出用于髓鞘形成研究的可调水凝胶微柱阵列。相关成果近日发表于《自然-方法学》。

为模拟调节髓鞘形成的关键生物力学线索,研究人员开发了一种可调的基于水凝胶的微柱阵列系统,模拟了轴突的三维结构和柔软度。支持少突胶质细胞的长期培养和啮齿动物与人类少突胶质细胞多层致密髓鞘的形成。通过共聚焦和透射电镜,研究人员观察到免疫染色的髓鞘厚度与髓鞘包裹数存在很强的线性相关性,从而实现了髓鞘形成的高含量定量。

在病理生理范围内的柱刚度、直径和表面化学的系统变化表明,轴突底物的力学和几何特性对少突胶质细胞分化与髓鞘包裹具有关键的调节作用。重要的是,研究人员证明药物对髓鞘形成表现出刚度依赖效应,这表明过刚性的体外模型可能产生假阳性的药物命中。

这项研究为解决少突胶质细胞生物学、研发多发性硬化症等疾病的髓鞘再生疗法提供了生理学相关的高通量检测。

相关论文信息:
<https://doi.org/10.1038/s41592-026-03048-3>

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