

他们用“高清标尺”揭示香蕉千万年“族谱”

■本报记者 朱汉斌

香蕉是热带与亚热带地区最具经济价值的水果之一，也是全球超 4 亿人口的重要食物来源。但鲜为人知的是，超市货架上超半数香蕉均来自同一无性繁殖品种——“卡文迪什”。该品种依赖营养繁殖，每一株都是母体的复制品，遗传基础高度一致，多样性极为匮乏。

这个庞大的“克隆军团”一旦遭遇香蕉枯萎病热带 4 号生理小种(Foc-TR4)等毁灭性病害，就可能面临灭顶之灾。这种被称为“香蕉癌症”的土传真菌，可在土壤中存活数十年，目前正从东南亚向全球香蕉主产区蔓延，而卡文迪什对其几乎不具备抵抗力。

如何破局？答案可能藏在香蕉的野生“亲戚”里。芭蕉科现存约 80 个物种，蕴藏着抗病、抗逆等宝贵遗传资源。但这些野生近缘种的演化关系是什么？染色体结构变化与苞片颜色多样化之间是否有关联？这些问题一直缺乏基因组层面的直接证据。

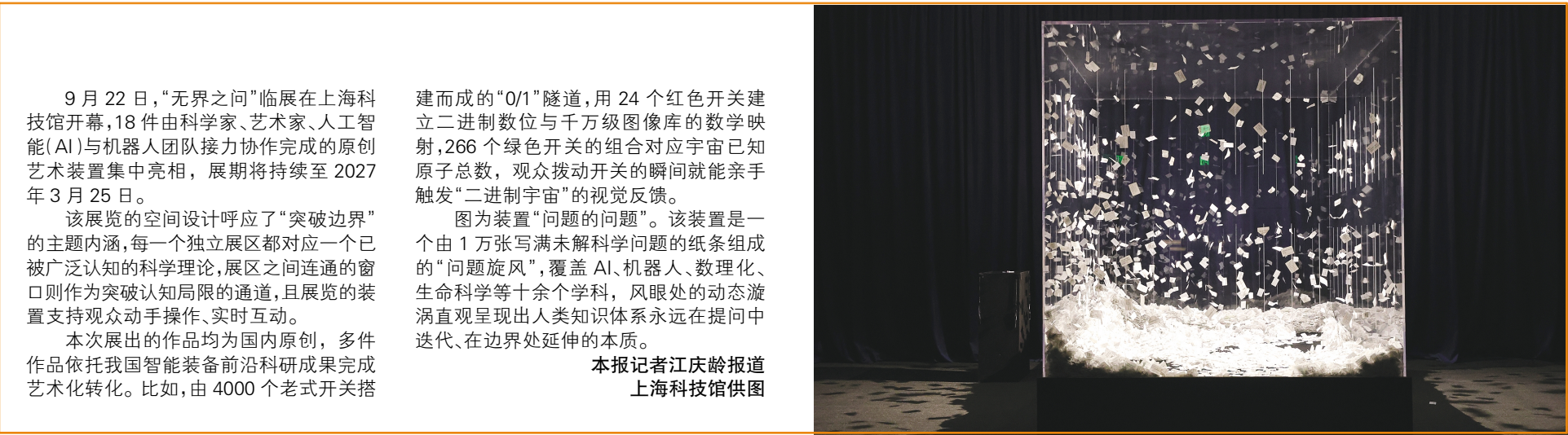
中国科学院华南植物园副研究员王新凤、黄慧润团队联合四川大学副研究员孙朋川等科研人员，首次重建了芭蕉科的祖先核型，从染色体层面系统揭示了该类群的演化轨迹，并发现染色体结构变异与苞片颜色表型分化之间存在密切关联。近日，相关研究成果发表于《当代生物学》。

一本“无缺页”的基因天书

这项研究的基石是一项基因组学的前沿技术——端粒到端粒(T2T)基因组组装。

“如果将基因组比作一本记录生命全部遗传指令的百科全书，那么过去的技术如同老式扫描仪，总会在染色体末端(端粒)和复杂重复区域留下模糊甚至空白的页面。”论文共同通讯作者王新凤告诉《中国科学报》，而 T2T 基因组组装实现了从头到尾的完整读取，没有任何缺失。

研究团队发现了一个关键物种——*Musa exotica*，这是一种早期分化的野生观赏蕉，分布在我国广西南部及越南北部。团队完成了它的 T2T 基因组组装，基因组组装质量指标 contig N50 达到 47.41Mb。这一指标意味着基因组片段高度连续、完整，好比以往只能拼出几厘米长的碎片，如今拼出了



观赏蕉 *Musa exotica* 的苞片艳丽多彩。 付宁 / 摄

冯四全：做团队“一块砖”，当科研“长跑人”

■本报记者 孙丹宁

热油下锅，土豆在锅里翻出金色，香辣气腾起。这是中国科学院大连化学物理研究所(以下简称大连化物所)副研究员冯四全科研之外的小小热爱。从四季如春的云南大学到依山傍海的大连化物所，从食品科学与工程专业到工业催化研究，在他看来，催化剂制备和美食烹饪可谓异曲同工，唯有精准把控配比、温度、工艺参数，秉持细心、耐心、匠心深耕，才能让科研成果如美食般“可口怡人”。

美食讲究火候，科研亦有机缘。冯四全常以一句话自勉：“过去心不可得，现在心不可得，未来心不可得。”不纠结过往遗憾，不必焦虑未知，专注当下、脚踏实地、深耕不辍，便是最好的成长。

一次“意外之喜”

2012 年，冯四全以专业第一的成绩保研进入大连化物所，加入研究员丁云杰、严丽团队。结合行业发展痛点，他将甲醇羰基化锁定为核心研究方向。该技术是 C1 化学的核心关键，长期被欧美垄断，普遍存在设备腐蚀严重、催化剂分离困难、贵金属流失突出等行业痛点，国产自主可控绿色工艺的研发迫在眉睫。丁云杰、严丽团队深耕多相催化羰基合成领域多年，目标是突破国外技术壁垒，攻克这一“卡脖子”难题。

初入团队的 5 年，冯四全扎根实验室，却几乎没有像样的成果产出。但他选择摒弃浮躁，埋头苦干。

为摸索甲醇羰基化反应规律，积累精准可靠的基礎数据，冯四全日复一日驻守实验室，频繁进行催化剂分析，其中单次分析就要一两个小时。这些日积月累的“笨功夫”，为突破早期技术瓶颈奠定了扎实的基础。



观赏蕉 *Musa exotica* 的苞片艳丽多彩。 付宁 / 摄

几十公里长的连续路段，整座“基因长城”的每一处都清晰可辨。

“高质量 T2T 基因组是本次研究的重要基础。”论文共同通讯作者黄慧润告诉《中国科学报》，该基因组为芭蕉科不同物种之间的染色体结构比较提供了可靠参考，也支撑了后续祖先核型重建和系统比较分析。

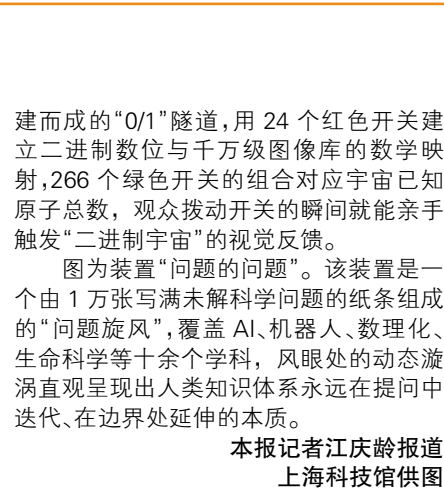
有了这把“高清标尺”，团队着手进行更具挑战性的工作——重建整个芭蕉科的祖先核型。

一部染色体的“缩编史”

“挖掘和利用香蕉野生近缘种的优异遗传资源，是拓展香蕉遗传基础、推动品种改良的重要途径。”论文共同第一作者、中国科学院华南植物园已毕业博士生付宁表示，要充分利用这些资源，首先需要厘清芭蕉科的染色体“族谱”——祖先的染色体是什么样，又经历了怎样的演化。

核型是一个物种染色体组的完整“合影”，其数量、大小、形态一目了然。祖先核型则相当于所有现代物种共同祖先的染色体“全家福”。

芭蕉科现存物种的染色体数目差异显著：有的含 11 对，有的含 10 对，有的仅含 9 对。这些数字差异是随机演变，还是遵循某



建而成的“0/1”隧道，用 24 个红色开关建立二进制数位与千万级图像库的数学映射，266 个绿色开关的组合对应宇宙已知原子总数，观众拨动开关的瞬间就能亲手触发“二进制宇宙”的视觉反馈。

图为装置“问题的问題”。该装置是一个由 1 万张写满未解科学问题的纸条组成的“问题旋风”，覆盖 AI、机器人、数理化、生命科学等十余个学科，风眼处的动态漩涡直观呈现出人类知识体系永远在提问中迭代、在边界处延伸的本质。

本报记者江庆龄报道
上海科技馆供图

种演化规律呢？

研究团队通过比较 *M. exotica* 与多个已有基因组的精细结构，像拼合一幅巨型演化拼图一样，逐步还原出芭蕉科祖先的面貌。令人意外的是，芭蕉科祖先的单倍体染色体数应为 n=17。也就是说，今天所有染色体数目各异的芭蕉科物种，均源自同一个拥有 17 对染色体的共同祖先。

从 17 到 11、10、9，这一过程是如何发生的？研究发现，这条“缩编”路径并非一次性骤减，而是经多种染色体重排事件有序推进：端到端连接(两条染色体末端融合)、嵌套染色体融合(一条染色体整体插入另一条内部)和相互易位(染色体片段交换)等。这些事件不断重塑染色体结构，使不同演化支系的染色体数目逐步减少。

值得关注的是，这一基于染色体结构推演的演化路径，与基于 DNA 序列构建的分子系统发育关系高度一致。两种独立证据指向同一棵“家族树”，为芭蕉科各类群间的演化关系提供了可靠的细胞生物学证据。

“祖先核型为比较不同物种的染色体结构、推断演化轨迹提供了客观依据，也让我们看清了野生近缘种所保留的遗传信息及其利用价值。”论文共同第一作者孙朋川表示。

染色体“拆迁”与苞片颜色“装修”

染色体数目演化的谜底揭开后，团队开始进一步追问：染色体重排是否影响了苞片颜色的多样性？

芭蕉科植物苞片色彩丰富多样，涵盖鲜红、橙红、粉红等颜色，性状差异显著。*M. exotica* 本身即以亮(橙)红色苞片著称。这些颜色差异不仅关乎观赏价值，也是分类和育种的重要依据。

研究团队发现，染色体“断裂-融合”的边界区域显著富集花青素生物合成相关基因。花青素是赋予苞片红、紫、蓝色泽的天然色素。在这些“断裂热点”上，不仅分布着查尔酮合酶(CHS)、黄烷酮 3-羟化酶(F3H)等结构基因，还聚集了 MYB、bHLH 等转录调控因子。

团队通过对不同颜色花苞的转录组比



较分析，发现花青素合成通路中 CHS、CHI、F3' 5' H、ANS 等关键基因的表达差异，主要源于转录调控水平的强弱，而非基因拷贝数的多寡。也就是说，不同颜色苞片的差异不在于“生产工厂”的数量，而在于“调度员”下达指令的强度。

染色体“车厢重组”恰好重新排布了“调度员”与“工厂”的相对位置——有些被搬到了新“街区”，有些换了“邻居”。这种基因“居住环境”的改变，可能重塑了整个调控网络，为苞片颜色的表型分化奠定了遗传基础。

黄慧润指出，该研究揭示了染色体结构变异与苞片颜色表型分化之间的联系，为理解观赏蕉花部性状的遗传基础提供了新视角，也为苞片颜色的表型分化奠定了遗传基础。

“在我们团队，每个人都是‘一块砖’，都是团队不可分割的一部分，哪里需要哪里搬；协力攻坚，握紧拳头，是一支敢打胜仗、能打胜仗的队伍。”冯四全说。

工作之外，冯四全酷爱跑马拉松。他将科研比作长跑——孤独的坚持，长期的深耕，缓慢的绽放。“科研是高投入、长周期、低回报的事业，日复一日的实验、枯燥的数据、反复的试错，成果未必都能立竿见影。很多科研工作者的深耕半生、默默坚守，靠的不是一时热血，而是长久的热爱与自洽。”

“人生是一场长跑。无论科研攻坚，还是寻常生活，每个人都在奔跑。上坡路注定艰辛，唯有坚持、沉淀，不言放弃，才能跨越难关。”冯四全说。

原子催化剂精准判定与结构解析的核心依据。但光源机时稀缺，团队每年仅有一次宝贵的 24 小时连续测试窗口。这次测试集中了团队师生积攒了一年的核心样品——学生的毕业答辩、青年老师的科研成果、项目的结题验收，每一个样品都关乎大家的心血。“多抢一分钟，就能多测一个样品。”冯四全说。

EXAFS 测试流程复杂，需要多台设备联动操作，不同金属、不同体系的样品需要单独调整换气、校准参数、切换测试模式。他和一名同事高强度“作战”，吃饭、上厕所都争分夺秒，合作完成了几乎所有关键样品的测试工作，解了老师和同学的燃眉之急。

“人生是一场长跑。无论科研攻坚，还是寻常生活，每个人都在奔跑。上坡路注定艰辛，唯有坚持、沉淀，不言放弃，才能跨越难关。”冯四全说。

原子催化剂精准判定与结构解析的核心依据。但光源机时稀缺，团队每年仅有一次宝贵的 24 小时连续测试窗口。这次测试集中了团队师生积攒了一年的核心样品——学生的毕业答辩、青年老师的科研成果、项目的结题验收，每一个样品都关乎大家的心血。“多抢一分钟，就能多测一个样品。”冯四全说。

EXAFS 测试流程复杂，需要多台设备联动操作，不同金属、不同体系的样品需要单独调整换气、校准参数、切换测试模式。他和一名同事高强度“作战”，吃饭、上厕所都争分夺秒，合作完成了几乎所有关键样品的测试工作，解了老师和同学的燃眉之急。

“人生是一场长跑。无论科研攻坚，还是寻常生活，每个人都在奔跑。上坡路注定艰辛，唯有坚持、沉淀，不言放弃，才能跨越难关。”冯四全说。

做团队靠谱的“一块砖”

“我是团队一块砖，哪里需要哪里搬。”这句口头禅，已成为众多像冯四全一样的青年科研工作者的行动指南。

让他印象最深刻的是 2026 年那次近 70 个紧急样品的测试任务。

上海光源的 EXAFS 同步辐射表征是单

较分析，发现花青素合成通路中 CHS、CHI、F3' 5' H、ANS 等关键基因的表达差异，主要源于转录调控水平的强弱，而非基因拷贝数的多寡。也就是说，不同颜色苞片的差异不在于“生产工厂”的数量，而在于“调度员”下达指令的强度。

染色体“车厢重组”恰好重新排布了“调度员”与“工厂”的相对位置——有些被搬到了新“街区”，有些换了“邻居”。这种基因“居住环境”的改变，可能重塑了整个调控网络，为苞片颜色的表型分化奠定了遗传基础。

黄慧润指出，该研究揭示了染色体结构变异与苞片颜色表型分化之间的联系，为理解观赏蕉花部性状的遗传基础提供了新视角，也为苞片颜色的表型分化奠定了遗传基础。

从“祖先密码”走向“育种密码”

“这项基础研究的意义不止于厘清香蕉的家族历史，更为育种应用开辟了实实在在的

首先，它为全球香蕉抗病育种提供了一张“导航图”。有了祖先核型作为参照，科学家可以精准比较各野生种与卡文迪什之间的染色体结构差异，为进一步挖掘抗 Foc-TR4 等病害的优异遗传资源提供线索，也为后续杂交育种或基因编辑指明方向。

其次，它为观赏蕉分子育种打开了新窗口。苞片颜色是观赏蕉的核心商业性状，理解染色体结构变化如何影响花色调控网络，生物学家便能更有针对性地开展性状改良。

最后，从演化生物学视角看，它提供了一个系统的案例——植物如何通过染色体的断裂、融合与重排，在数千万年间“化繁为简”，从 17 对逐步缩减至 9 对，同时衍生出丰富多样的表型。这是自然选择在基因组尺度上的精妙雕琢。

从解锁芭蕉科的“祖先密码”，到挖掘野生近缘种的“育种密码”，这些研究不仅为理解芭蕉科基因组演化历史与重要性状形成机制提供了全新视角，也为野生资源的保护利用与香蕉遗传改良开辟了新路径。

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1016/j.cub.2026.07.071>

发现·进展

安徽大学、中国科学院云南天文台

在太阳表面探测到 2407 个“雀斑”

本报讯(记者王敏)安徽大学教授张军与中国科学院云南天文台研究员金振宇合作，使用中国科学院云南天文台澄江抚仙湖太阳观测站一米新真空太阳望远镜(NVST)在 TiO 波段观测的高分辨率宁静太阳光球数据，探测到太阳光球中还有另一类基础结构——“雀斑”，并研究了这些“雀斑”的演化

基于 NVST 在 TiO 波段观测的 3 组高分辨率光球数据，研究人员使用双阈值自动识别技术在太阳表面探测到 2407 个“雀斑”。这些“雀斑”较为均匀地分布在宁静光球区域，但在磁场较强区域的数密度要低于弱磁场区域的数密度。通过检查这些“雀斑”的演化，研究人员发现“雀斑”的形成机制可以分为两类：米粒的自然消退和爆发米粒中心暗点的膨胀。

为揭示这些“雀斑”的性质，研究人员对其面积、寿命和亮度比进行了统计分析，并与太阳米粒参数进行了比较。此外，结合搭载在太阳动力学天文台上的日震与磁成像仪测量的数据，研究人员进一步对二者所处区域的磁场、温度及多普勒速度进行了统计与比较分析。

结果表明，“雀斑”和米粒是两类具有显著差异的现象：“雀斑”的面积虽然比米粒大 2.2 倍，但寿命仅有米粒的一半；米粒既位于弱磁场区域也位于强磁场区域，而“雀斑”几乎都位于弱磁场区域；“雀斑”的亮度比米粒的亮度低 16%；“雀斑”的温度比米粒的温度低 65 开尔文；大部分的“雀斑”所在的区域呈现出红移信号，即该区域为下降流区域。

研究表明，一些米粒“死亡”后，会在太阳光球中留下约 2 分钟的“雀斑”。这一现象与对流运动和强磁场无关。这一发现为描绘恒星对流层的物理图像提供了新的观测约束。

相关论文信息：<https://doi.org/10.3847/2041-8213/ae9ba9>

松山湖材料实验室等

纳米塑料扰动细胞膜引发混合物“旁观者摄取效应”

本报讯(记者朱汉斌)近日,中国科学院东莞材料科学与技术研究所、松山湖材料实验室研究员元冰团队联合华南师范大学教授文锦团队、浙江师范大学教授杨旭团队,在环境毒理与膜生物物理交叉领域取得新进展。相关成果发表于《危险材料杂志》。

纳米塑料(小于 100nm)可通过食物链等途径进入生物体。然而在复杂的生物基质中,生物大分子聚集体容易被误判为纳米塑料,进而影响生物累积与毒性评估的准确性。

为此,研究团队采用“自下而上”的策略,将人工模型细胞膜的介观热力学表征与活细胞动力学实验相结合,系统揭示了 25nm 聚苯乙烯纳米塑料(PS25)通过物理膜扰动驱动大分子“旁观者摄取效应”的针对性机制。

研究发现,相较于较大尺寸的 PS50 颗粒,PS25 表现出更高的细胞内化效率,并更显著地引发线粒体去极化、细胞凋亡及迁移抑制。模型膜实验进一步揭示了其微观物理基础:尽管存在静电排斥,PS25 仍能高密度地物理吸附于脂质膜表面。在带负电的 SLB 体系中,PS25 的吸附产生了“物理钉扎”效应,使可移动脂质比例从 96.9%降至 67.2%,限制了膜的侧向流动性;在 GUV 体系中,这种不对称的物理插入诱发了宏观的膜拓扑形变,导致囊泡出芽/管状化比例从 18%增至 85%,但未造成细胞膜急性穿孔渗漏。

基于上述膜物理重塑现象,研究团队进一步探究了其共存惰性粒子的“旁观者摄取效应”。活细胞成像与流式细胞术结果表明,PS25 施加的局部曲率应力与脂质堆积状态的改变,促使细胞启动了高度依赖胆固醇的巨胞饮与囊泡内存通道。在这一大尺度流体力学过程中,PS25 能够像“人胞促进剂”一样,将通常不易穿透细胞膜的多种物质的内化效率协同提升 2 至 6 倍。这一发现表明,纳米塑料在环境中能够扮演共存污染物的“进入促进剂”角色,为真实环境下构建包含“鸡尾酒效应”的复合污染物风险评估模型,提供了物理化学层面的理论依据。

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2026.143303>

《2026 年中国人工智能算力发展评估报告》发布

本报讯(记者赵婉婷)9 月 21 日,2026 人工智能计算大会在京举行。会上,国际数据公司(IDC)与浪潮信息联合发布《2026 年中国人工智能算力发展评估报告》(以下简称《报告》)。

作为业内首份聚焦智能体基础设施的研究报告,《报告》指出,智能体正成为人工智能(AI)算力需求增长的关键新变量,并以乘数效应推动词元(Token)消耗加速跃升,由此带动中国智能算力增长斜率大幅上调。算力跃升是与水利、电网、铁路等同等级的国家战略基础设施。

《报告》预测,全球活跃智能体数量将从 2026 年的 7940 万个增至 2030 年的 22.16 亿个,复合增长率达 129.8%;同期全球 Token 消耗量复合增长率达 4822.6%,约为智能体增速的 37 倍。在中国,2026 年智能体部署渗透率达 81.0%,高于全球领先水平的 78.1%,Token 消耗量复合增长率达 3499.3%。

IDC 研究显示,到 2031 年,AI 预计累计创造 22.5 万亿美元的经济价值;作为下一阶段 AI 投入的重要增量,智能体预计推动企业 AI 采购预算进一步增长约 20%。

撬动这一投入的是智能体对 Token 消耗的乘数效应。《报告》指出,随着智能体承担的任务从简单的信息检索、内容生成,向需要多轮推理、工具调用和跨系统协作的复杂任务演进,单任务 Token 消耗已从数十 Token 增至数万甚至数十万 Token。智能体算力需求、任务复杂度与 Token 消耗的快速