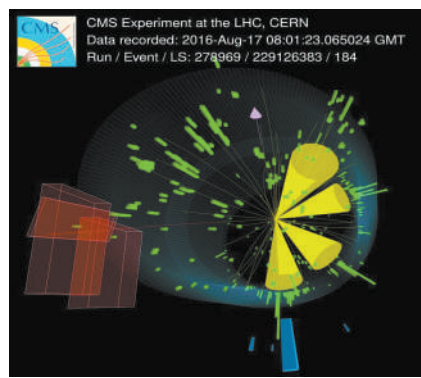


# 顶夸克迄今最精确质量测得

## 有助科学家在最小尺度上理解宇宙



一对顶夸克在LHC内产生的艺术图。  
图片来源：欧洲核子研究中心官网

科技日报北京4月20日电（记者刘震）据欧洲核子研究中心官网19日报道，大型强子对撞机（LHC）的紧凑型质子线（CMS）合作组对顶夸克的质量进行了迄今最精确的测量，新测量出来的质量值误差率不超过0.22%。研究人员表示，精确了解顶夸克的质量对于科学家们在最小尺度上理解宇宙至关重要。

夸克是科学家们认为不能再分割的一种基本粒子，目前已知的夸克包括上夸克、下夸克、粲夸克、奇异夸克、底夸克和顶夸克6种，其中顶夸克是已知最重的基本粒子。

科学家们认为，尽可能深入了解顶夸克有助更好地测试粒子物理学标准模型。如

果精确地知道W玻色子和希格斯玻色子的质量，则可以根据标准模型预测顶夸克的质量。同样，利用顶夸克和希格斯玻色子的质量，可以预测W玻色子质量。

此外，科学家们对宇宙稳定性的认识取决于对希格斯玻色子和顶夸克质量的综合认知。如果顶夸克的质量处于此前所测量的精度，那么宇宙非常接近亚稳状态；而如果顶夸克的质量稍有不同，从长远来看，宇宙将不太稳定，最终可能在类似于大爆炸的剧烈事件中消失。

为对顶夸克质量开展更精确测量，CMS团队使用了CMS探测器在2016年收集的发生在LHC内的质子-质子对撞数据，测量了

能够产生一对顶夸克的碰撞事件的5种不同性质。之前的分析只测量了其中3种，而这些性质都取决于顶夸克的质量。

此外，该团队对CMS数据进行了极其精确的校准，并深入了解了实验和理论的不确定性及其相互依赖性。通过这种创新方法，研究团队得出顶夸克质量的数值为 $171.77 \pm 0.38 \text{ GeV}$ （十亿电子伏特），与之前的测量和标准模型的预测相吻合。

CMS合作组表示，对不确定性的统计处理和更多属性的使用极大地提升了测量精确度，如用新方法处理CMS探测器在2017年和2018年获取的数据集，有望获得更大发现。

## 人工智能预测蛋白质结构数量将超亿

# 阿尔法折叠革命何去何从？

### 科技创新世界潮⑭

◎ 实习记者 张佳欣

十多年来，德国马克斯普朗克生物物理研究所分子生物学家马丁·贝克及其同事一直试图拼凑出世界上最难的拼图游戏之一：人类细胞中最大分子机器的详细模型。这个庞然大物被称为核孔复合体，控制着分子进出细胞核的流动，而细胞核正是基因组所在之处。每个细胞中都存在数百个这样的复合体，每个都由超过1000种蛋白质组成，它们形成一个环，镶嵌在核膜上。

这1000块拼图由30多种蛋白质构建块组成，它们以多种方式交织在一起。让拼图更难的，实验确定的这些构建块的三维结构是来自许多物种的结构大杂烩，并不能总是很好地融合在一起。而且，拼图的终极目标，即核孔复合体的低分辨率三维视图缺乏足够的细节，人们无法知道需要有多少块能精确地拼在一起。

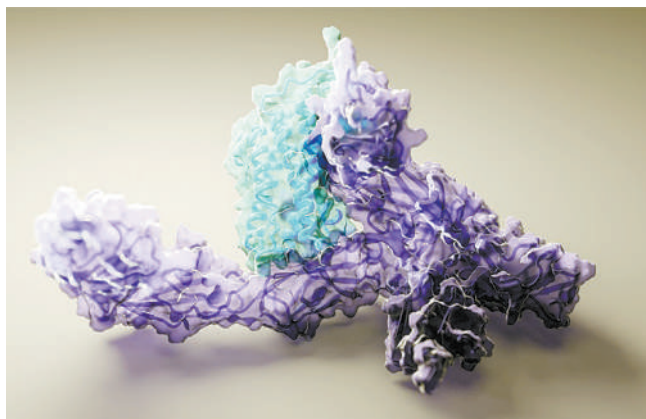
2016年，贝克团队报告了一个模型，它覆盖了核孔复合体约30%以及30个构建块的约一半，称为Nup蛋白。2021年7月，深度思维公司公开了一款名为阿尔法折叠2的人工智能（AI）工具。该软件可从蛋白质的基因序列中预测其三维结构，并且大部分情况下是精确的。这改变了贝克的任务，以及成千上万其他生物学家的工作。

在某些情况下，AI为科学家们节省了时间；在其他情况下，它使以前难以想象或极不现实的研究成为可能。尽管它有局限性，但它的发展已经不可阻挡。

### “一鸣惊人”的成功

2020年12月，阿尔法折叠2引起了轰动。当时，它在一场名为“蛋白质结构预测关键评估”的比赛中大放异彩。而阿尔法折叠2的预测平均而言已与大多数实验数据不相上下。

在阿尔法折叠算法广泛开源之前，美国华



AI预测的人类白介素12蛋白与其受体结合的结构。  
图片来源：Ian Haydon, 威斯康星大学蛋白质设计医学研究所

盛顿大学医学院蛋白质设计研究所研究人员开发了AI工具RoseTTAFold，其拥有可媲美阿尔法折叠2的蛋白质结构预测超高精度，而且速度更快、所需计算机处理能力更低。

2021年7月15日，深度思维宣布，它已经使用阿尔法折叠预测了几乎每一种人类制造的蛋白质的结构，以及其他20种被广泛研究的生物的整个蛋白质组（比如小鼠和大肠杆菌），共计超过36.5万个结构。深度思维还将这些数据公开发布到欧洲生物信息学研究所维护的数据库中，这个数据库已扩展到近100万个结构。

今年，深度思维计划发布总计超过1亿个结构预测。这几乎占所有已知蛋白质的一半，是蛋白质数据库（PDB）结构库中实验确定的蛋白质数量的数百倍。阿尔法折叠还部署了深度学习神经网络，目前已经接受了PDB和其他数据库中的数十万个实验确定的蛋白质结构和序列的训练。

### 从结构角度解答新科学问题

阿尔法折叠解决结构的能力给生物学家们留下了深刻的印象。“只要一种蛋白质卷曲成单一的明确的三维结构，阿尔法折叠的预测

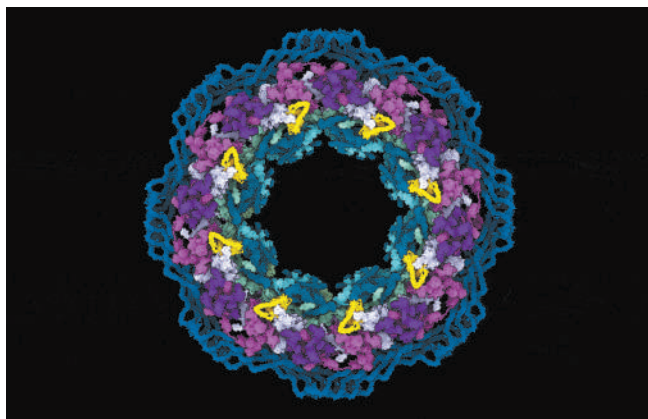
就很难被推翻。”瑞典斯德哥尔摩大学生物信息学家阿恩·埃洛夫松说。“这是一种一键式解决方案，你可能会得到最佳模型。”

英国伦敦大学学院计算生物学家克里斯汀·奥伦戈团队正在利用其确定新的蛋白质种类，并发现了数百、甚至数千个潜在的新蛋白质家族，扩大了科学家对蛋白质外观和功能地了解。在另一项工作中，该团队正在搜索从海洋和废水中收集的DNA序列数据库，试图识别新的分解塑料的酶。

美国哈佛大学进化生物学家谢尔盖·奥夫钦科夫表示，将任何蛋白质编码的基因序列转化为可靠结构的能力都非常可贵。研究人员通过比较基因序列，以确定生物及其基因在不同物种之间的关系。但对于远亲基因，仅通过比较，可能找不到进化上的近亲，因为序列发生了太大的变化。而通过比较蛋白质结构，其变化速度往往不如基因序列那么快，研究人员或能揭示被忽视的古老关系。这为研究蛋白质的进化和生命起源提供了一个绝佳的机会。

### 存在一定局限性

目前已有尝试证明，阿尔法折叠不具备



人体核孔复合体的俯视图，这是人体细胞中最大的分子机器。  
图片来源：《自然》网站

预测蛋白质新突变后果的能力，因为没有与进化相关的序列来检验。

研究人员表示，许多蛋白质具有多种构象，并与DNA和RNA等配体、脂肪分子和铁等矿物质一起发挥作用，但阿尔法折叠的预测是针对孤立结构，它不能真正处理那些可在不同构象中采用不同结构的蛋白质。

美国哥伦比亚大学的计算生物学家穆罕默德·库雷希说，开发下一代神经网络将是一个巨大的挑战。目前还无法获得大量的数据来捕捉蛋白质动力学，或者蛋白质可能与之相互作用的数百万个较小分子的形状。

欧洲生物信息学研究所计算生物学家珍妮特·桑顿认为，阿尔法折叠最大的影响之一可能只是说服生物学家对计算和理论方法的见解持更开放的态度。“对我来说，这场革命就是观念的改变。”

但阿尔法折叠革命激发了欧洲分子生物学实验室结构建模师扬·科斯基的远大梦想。他设想，受阿尔法折叠启发的工具不仅可用于单个蛋白质和复合体进行建模，还可用来对整个细胞器甚至细胞进行建模，直到完整单个蛋白质分子，“这是我们在接下来的几十年里要追寻的梦想”。

# 首个可协同工作分子机器人开发完成

科技日报北京4月20日电（实习记者张佳欣）日本北海道大学理学院科学家成功开发出世界上第一个利用集群策略工作的微型机器人，首次证明分子机器人能够通过采用集群策略完成货物递送，运输效率是单个机器人的5倍。这一发现20日发表在《科学·机器人》杂志上。

群体机器人学是一门新学科，其灵感来自于生物体的合作行为，它专注于机器人的制造及其在群体中完成复杂的任务的应用。群体是多个个体的有序集体行为。宏观规模的群体机器人已被开发并用于各种应用，如

运输、堆积货物、建造复杂结构等。

一群相互合作的机器人获得了单个机器人所没有的许多特性，它们可以划分工作量，应对风险，甚至可以创建复杂的结构来应对环境的变化。由于微米和纳米级的微型机器人太小了，因此它们几乎没有实际应用。但如果它们能够“结伴”合作，潜在用途将大大增加。

该团队建造了大约500万合单分子机器人。这些机器人由两个生物组件组成：连接DNA的微管，使它们能够聚集；以及驱动蛋白，作为能够运输微管的致动器。

DNA与一种名为偶氮苯的光敏化合物结合在一起，这种化合物起到传感器的作用，可以控制集群。当暴露在可见光下时，偶氮苯的结构变化导致DNA形成双链，并导致微管形成群体。暴露在紫外光下会逆转这一过程。

实验中使用的货物由直径从微米到几十微米的聚苯乙烯珠子组成。这些珠子用偶氮苯连接的DNA处理；因此，当货物暴露在可见光下时会被装载，而当暴露在紫外光下时则被卸载。然而，分子机器人和货物中使用的DNA和偶氮苯不同，因此可以独立于货物

的装载来控制集群。

单台机器人可装载和运输直径达3微米的聚苯乙烯珠子，而成群队伍的机器人可以运输直径达30微米的货物。此外，运输距离和运输量的比较表明，与单一机器人相比，集群的运输效率最高可达5倍。

通过证明分子机器人可被设计成集群并协同高效地运送货物，这项研究为微型机器人在各个领域的应用奠定了基础。研究人员表示：“在不久的将来，预计将看到微型机器人被用于药物输送、污染物收集、分子发电设备和微型检测设备。”

该研究的另一个主要发现是，尽管神经和血管受损，在大多数新冠患者的嗅球中并未检测到新冠病毒颗粒。

何教授解释道，依赖于常规病理检查的先前的研究推测，嗅觉神经元和嗅球的病毒感染可能在新冠患者的嗅球中起作用。然而新研究表明，嗅觉上皮细胞的新冠病毒感染会导致炎症，进而损害神经元，减少可用于向大脑发送信号的轴突数量，并导致嗅球功能失调。

图形显示了新冠病毒在鼻腔内的感染如何导致炎症，进而损害神经细胞，减少可用于向嗅球（帮助大脑处理信号）发送气味信号的轴突（脉冲传输器）的数量。而这往往导致新冠患者的嗅觉减弱或完全丧失。

# 新冠嗅觉丧失症由炎症而非病毒本身所致

### 国际战“疫”行动

科技日报北京4月20日电（记者张梦然）虽然新冠导致的嗅觉丧失的破坏性影响众所周知，但其背后的生物学机制仍然是一个谜。18日发表在《美国医学会神经病学杂志》上的一项研究表明，当身体的免疫系统对新冠病毒感染作出反应时，嗅觉丧失很可能是发生炎症的附带后果，而不是病毒直接作用。

研究的主要作者、美国约翰斯·霍普金斯大学病理学副教授何程莹（音译）表示：“作为一名神经病理学家，我想知道为什么丧失嗅觉是新冠而不是其他呼吸道疾病的一个常见

症状。因此，我们决定对嗅觉机制进行深入研究，看看当新冠病毒侵入人体时，在细胞水平上实际发生了什么事。”

为了进行研究，何教授及其同事从23名新冠死亡者和一个对照患者的大脑底部嗅球（传递携带气味信息的神经脉冲的部位）中收集了组织。对照组由14名死于其他原因的人所组成，他们在死亡时体内并没有被检测到新冠病毒。

研究人员对所有收集的组织进行了任何可检测到的新冠病毒颗粒的评估，并使用光学和电子显微镜检查其中的细胞、血管和神经（神经细胞）的结构和特征，以及存在的轴突（传递电脉冲的神经元部分）的数量。从3名患者的临床记录和其他患

者的家庭访谈中获得了有关嗅觉和味觉的信息。

23名新冠患者中有3名被确定失去了嗅觉，4名嗅觉能力下降以及2名同时失去嗅觉和味觉。对照组的14名患者中没有人被确定为失去嗅觉或味觉。

研究人员想从两组的研究中了解三件事：嗅觉系统中神经元的退化（损伤）水平、嗅觉轴突丢失的数量以及微血管病变（小血管疾病）的严重程度。

研究人员将没有感染新冠病毒的患者的组织与感染新冠病毒的患者（尤其是那些嗅觉减弱或完全丧失嗅觉的患者）的组织进行比较后发现，新冠患者的血管损伤程度更严重，并且嗅球中的轴突量要少得多。

科技日报北京4月20日电（记者张梦然）尽管3D打印技术在过去十年中取得了长足的进步，但该技术仍然面临一个基本限制：物体必须逐层构建。美国研究人员开发了一种在固定体积的树脂内打印3D物体的方法。打印物体完全由厚树脂支撑，就像一个动作人偶漂浮在一块果冻的中心，可从任何角度进行添加。这项近日发表在《自然》杂志上的新3D打印系统，可更轻松地打印日益复杂的设计作品，同时节省时间和材料。

斯坦福大学电气工程助理教授丹·康格里夫说：“这种体积打印的能力使你能够打印非常困难的对象。对于3D打印来说，这是一个非常令人兴奋的机会。”

从表面上看，这项技术似乎相对简单：研究人员通过透镜聚焦激光并将其照射到凝胶状树脂中，这种树脂在暴露于蓝光时会变硬。但研究人员没有简单地使用蓝色激光，因为树脂会沿着光束的整个长度固化。相反，他们使用红光和一些巧妙设计的纳米材料分散在树脂中，仅在激光的精确焦点处产生蓝光。通过在树脂容器周围移动激光，他们能够创建详细的、无支撑的打印件。

研究人员专门使用一种称为三重态融合上转换的方法将一种波长的光转换为另一种波长。通过使正确的分子彼此靠近，研究人员创建一系列能量转移，如将低能红色光子转化为高能蓝色光子。

通过一系列步骤，研究人员将必要的上转换分子形成不同的纳米级液滴，并将它们包裹在保护性二氧化硅壳中。然后他们将得到的纳米胶囊分布在整个树脂中，每个纳米胶囊比人类头发的宽度小1000倍。

研究人员目前正在探索同时多点打印的可能性，这将大大加快这一过程，以及以更高的分辨率和更小的比例进行打印。研究人员也在探索使用上转换纳米胶囊的其他应用，通过将不可用的低能光转换成太阳能电池可收集的波长，将帮助提高太阳能电池板的效率。新技术也可用来帮助研究人员更精确地研究可用光触发的生物模型，甚至在未来提供局部治疗。

我们熟悉的3D打印这个词，其实是增材制造技术的俗称。所谓增材，就是把材料逐层叠加形成所需的实体模型。这种制造方式优点很明显，比如成本低、快速、自动、精确等等。但其缺陷也不可忽视，那就是分层制造的“台阶效应”——每个层次虽然很薄，但在一定微尺度下，仍会形成具有一定厚度的一级级“台阶”，如果制造对象表面要求非常圆滑的话，还会造成精度上的偏差。如今这项新成果的出现，完美克服了3D打印的某些限制，让这项了不起的技术真正应用无限。

# 名为微新星的新型恒星爆炸首现

科技日报柏林4月19日电（记者李山）近日，一个国际天文学家团队使用欧洲南方天文台（ESO）的甚大望远镜首次观测并确认一种新型的新型恒星爆炸，其强度约为新星爆发的百万分之一，暂命名为微新星。这一全新机制丰富和加深了人们对恒星爆炸的认识。

作为停止核聚变的恒星残骸，白矮星的质量与太阳质量差不多，但体积只有地球般大小。由于太阳的体积大约是地球的130万倍，因此，由白矮星和伴星组成的双星系统中，白矮星可通过吸积从伴星那里获得物质（主要是氢）。如果它们足够靠近的话，当这种气体落到白矮星非常热的表面时，氢原子会爆炸性地发生聚变融合成氦。在微新星中，这些热核爆炸发生在整个恒星表面，会导致白矮星的整个表面在数周内燃烧并放出明亮的光芒。

英国杜伦大学天文学家西蒙尼·斯卡林吉博士领导的国际合作团队发现，在一些具有强磁场的白矮星的磁极上，会发生类似的爆炸，但更小、更快，并且只持续几个小时。天文学家暂时将其命名为微新星。相关成果发表在《自然》杂志上。

该研究团队是在分析来自美国国家航空航天局的凌日系外行星勘测卫星（TESS）的数据时首次遇到这些神秘的微

爆炸的。论文合著者、荷兰阿姆斯特丹大学天文学家娜塔莉·德格纳尔解释说：“在审查TESS收集的天文数据时，我们发现了一些不寻常的东西：持续数小时的明亮闪光。随着继续搜索，我们发现了几个类似的信号。后来，通过使用ESO的甚大望远镜，我们能够确定所有这些闪光都是由白矮星产生的。”

论文合著者、荷兰内梅亨大学天文学家保罗·格鲁特说：“我们现在第一次看到氢聚变也可在局部发生。在一些白矮星的磁极底部，氢燃料可被捕获，因此聚变只发生在磁极。”微新星是非常不寻常的事件，但按天文标准来说很小。它们的能量远低于几个世纪以来天文学家已知的被称为新星的恒星爆炸。其强度约为新星爆发的百万分之一。但微新星一次爆发也可以燃烧约20万吨的物质。

斯卡林吉博士说：“我们第一次发现并确定了这种我们称之为微新星的现象。这一事件挑战了我们对热核爆炸如何在恒星中发生的理解。该发现揭示了一种全新的机制，它显示了宇宙是多么的动态。这些事件实际上可能很常见，但因为它们太快了，所以很难观察到它们。”微新星的发现扩大了已知恒星爆炸的范围。未来，科学家们希望通过新技术望远镜等先进仪器，捕捉和破译更多神秘的微新星。

# 木卫二上存在浅层液态水

科技日报北京4月20日电（记者张梦然）英国《自然·通讯》杂志19日发表的一项行星科学研究指出，基于来自格陵兰冰盖的数据，木星卫星木卫二上可能存在很浅的液态水。研究结果或为木卫二形成的地球物理过程增添了新的认知。

“旅行者号”和“伽利略号”探测器都到访过木卫二。除了模拟结果，这些任务采集的数据也显示，在一个厚度达20公里—30公里的冰壳下面可能存在一个液态水海洋。理解这个冰壳的结构和变化过程，对于认识木卫二形成的地球物理过程非常重要。

美国斯坦福大学科学家赖利·库尔伯格及其同事研究了一种名为“双脊”（近乎

对称的一对山脊，侧面有浅浅的低谷）的地表地貌，这种地貌分布在木卫二的每个区域，有些长几百公里。

研究人员在格陵兰西北部的冰盖中发现了这样一个相似的双脊，其几何结构和木卫二上的双脊一样。为了了解格陵兰双脊的形成过程，他们利用地表高程和雷达探测数据，发现它是在冰盖内一个很浅的水体经过重新冻结、加压、断裂的一连串过程之后形成的。研究人员认为，如果这也是木卫二上双脊的形成过程，那么它或许象征着木卫二的冰壳中也存在很浅的液态水。研究结果表明，浅水体的作用对于木卫二表面地貌的影响可能比之前认为的更大。