

“小院高墙”最终困住了谁

◎胡定坤

近日,美国全国经济研究所(NBER)发布报告称,美国对华政策的变化正在“围绕科学筑起一堵墙”,严重阻碍了中美科学合作,特别是导致美国对华裔人才吸引力下降、中美学术交流减少,以及美国华裔科学家“生产力”降低。

NBER 这份报告中的统计结果显示,2016年至2019年,中国毕业生在美攻读博士人数减少16%,美国华裔科学家科研产出下跌高达6%。可以说,报告披露了一个事实,即美国对中美科学合作的破坏已经“反噬”美国科学界,直接削弱了该国的科研能力。

众所周知,2019年美国开始有组织、大规模破坏中美科学合作。美国司法部于2018年11月推出了所谓的“中国倡议”。这项由美国联邦调查局主导开展,主要针对华裔科学家的调查计划一直实施到2022年3月,仅公开受到调

查的科学家就超过150人,还有更多学者遭到秘密调查。与此同时,数以千计的中国留美学生和学者被美国相关机构拒签、吊销签证甚至驱逐出境。

在中美合作较为密切的生命科学领域,仅2018年8月至2021年7月,就有接近200名与中国存在学术联系的科学家被美国国立卫生研究院(NIH)审查。今年4月,美国国家科学院院刊发表论文《中美紧张关系对美国科学的影响——来自美国国立卫生研究院调查的证据》。文章将美国11.3万生命科学领域的研究人员按照是否与中国有合作史分为两组。结果显示,从2019年开始,就在NIH开启审查后,有合作史组的科研产出迅速下跌,至2021年跌幅超过10%。

可是,美国科学界的伤痕并不能使其某些机构和政客清醒。美国边境执法人员仍在持续粗暴滋扰、盘查、遣返中国赴美留学生和学者。美国国会部分议员则试图通过立法恢复表面上已经结束的“中国倡议”。6月24日,美国常务副国务卿库尔特·坎贝尔甚至公开声称,中国

留学生应该学习人文而不是科学。

就像美国众议员沃尔夫当年提出“沃尔夫条款”导致中美在太空合作上脱钩类似,美国的某些政客,也想推动中美在科学合作上脱钩。这种对中美科学合作的“刻骨仇恨”,也是源于其内心的傲慢和病态心理。他们认为只要围绕某个领域修建一堵墙,将中国挡在外面,就能阻止中国在该领域的发展,就能保持美国在该领域的领先地位。

美国通过限制与中国的合作确实会对我国相关科学领域造成一定压力。但“小院高墙”这种美式“闭关锁国”政策,更让中国科学界展现出自立自强的决心。NBER发布的这份报告显示,随着美国加强对中美科学合作的阻挠,中国研究人员引用美国论文等科研成果的数量在逐渐减少,但中国研究人员的平均科研产出并没有因此受到影响。

美国的这堵高墙挡不住中国科学的发展。2022年8月,日本国家标准与技术研究院发布的一份报告称,在2019

年全球引用次数排名前1%的大约17440篇科学研究论文中,中国占4744篇,超过美国,排名全球第一。2023年5月,《自然》网站发表文章称,2022年,中国首次超过美国,成为“自然指数”数据库高质量自然科学期刊论文发表量排名第一的国家。

无论是美国全国经济研究所的报告,还是美国国家科学院院刊的论文,都是在给试图破坏中美科学合作的某些政客敲响警钟:科学发展的正道是开放合作,最忌讳封闭和固步自封,围绕科学修建围墙,困住的只能是自己,结局也只能是作茧自缚。



5.2万年前猛犸象三维染色体结构首次重建——

复活灭绝生物不再是梦想

今日视点

◎本报记者 张梦然

提起冰川时代,许多人脑海中会浮现出猛犸象身披长毛、踱步而来的图画。在距今大约480万至1万年前的时期,猛犸象是最具代表性的生物之一。但随着气候变暖,加上生长速度缓慢、没有足够食物以及人类和猛犸追杀等因素,猛犸象数量开始迅速减少,幼象成活率极低,最终绝灭。

猛犸象以自己整个种群的灭亡,宣告了一个冰川时代的结束。

现在,一个国际研究小组成功重建了一头生活在5.2万年前的猛犸象基因组和三维染色体结构,这是首次利用古代DNA样本开展此类研究。该研究揭示了猛犸象基因组在细胞内的组织方式,以及特定基因在皮肤组织中的表达情况。相关成果登上新一期《细胞》杂志封面。

这项前所未有的研究意味着:人们复活灭绝生物,或许不再是梦。

“冻干”的染色体化石很珍贵

大多数古DNA标本,都是由非常小且“乱七八糟”的DNA片段组成。美国贝勒医学院基因组结构中心主任艾里兹·利伯曼·艾登认为,在绘制人类基因组三维结构的基础上,如果能找到正确的古DNA样本,即三维结构仍然完好的样本,就有可能使用同样的策略组装古代基因组。



发表在《细胞》杂志封面的猛犸象染色体化石研究。图片来源:《细胞》网站

研究团队在大约5年的时间里测试了数十个样本,但进展依然缓慢。

直到2018年,俄罗斯西伯利亚东北部出土了一头保存异常完好的猛犸象。这头猛犸象在死后不久就被“冻干”了。由于脱水样品中的细胞核结构可以长时间保持,这种条件使DNA以类似玻璃的状态被保存下来,避免了以往古DNA样本的降解问题,也让今天的人们能够看到前所未有的结构细节。

“猛犸象染色体化石的长度是普通古DNA片段的数百万倍,代表了一种全新的化石类型。”艾登说。

这头猛犸象在等待人们找到它。团队异常兴奋,因为这次可以深入了解猛犸象的基因组在其活细胞内是如何组织的,以及哪些基因在提取DNA的皮肤组织中是活跃的。不过,“组装”依然是个难题。

30亿碎片的拼图需组装

“想象一下,你有一个由30亿个碎片组成的拼图,但却没有最终拼好后的样子。”西班牙巴塞罗那国家基因组学中心和基因组调控中心结构基因组学家马丁·雷诺姆说,幸好“Hi-C技术可以让你在把拼图拼凑在一起之前,有一个近似的图像”。Hi-C是团队为了重建猛犸象的基因组调控中心结构基因组学方法。他们从猛犸象耳朵后面采集的皮肤样本中提取了DNA。Hi-C技术使他们能够检测DNA的哪些部分可能在空间上非常接近,并在细胞核中的自然状态下相互作用。

然后,他们将Hi-C分析的物理信息与DNA测序相结合,以识别相互作用的DNA片段,并使用当今大象的基因组作为模板,创建猛犸象基因组的有

序图谱。分析显示,猛犸象有28条染色体,与今天的亚洲和非洲大象相同。

通过检查细胞核内基因的区域化,团队能够识别出猛犸象皮肤细胞内活跃和不活跃的基因——这是表观遗传学或转录组学的代表。猛犸象的皮肤细胞与其近亲亚洲象的皮肤细胞相比,具有不同的基因激活模式,这可能包括与其体毛和耐寒性相关的基因。

染色体化石带来无限可能

这项研究中使用的方法,其实取决于保存异常完好的化石——该化石所保留的古代染色体结构,已精确到了纳米级!但研究团队乐观地认为,这一方法也可用来研究其他古代DNA标本,从猛犸象到埃及木乃伊,也包括博物馆标本。

染色体化石无疑成为研究地球生命史的有力新工具。这是因为典型的古代DNA片段很少超过100个碱基对,或遗传密码的100个“字母”——这远远小于生物体的完整DNA序列(通常有数十亿个“字母”长度)。相比之下,染色体化石则可以跨越数亿个遗传“字母”。

“染色体化石改变了游戏规则”,美国贝勒医学院基因组结构中心分子和人类遗传学助教奥列伽·杜德琴科表示,因为“通过将古代DNA分子与现代物种的DNA序列进行比较,有可能发现遗传密码中单个‘字母’发生变化的情况”。

换句话说,通过了解生物体染色体的形状,科学家可以组装出灭绝生物体的整个DNA序列,实现以前不可能实现的想法。

但就目前而言,复活猛犸象,还只是一个开端。

一种神经发育障碍相关基因找到

科技日报讯(记者张佳欣)包括英国曼彻斯特大学、牛津大学科学家在内的国际研究团队发现了一种基因,其变异可能会导致全球数十万人患上神经发育障碍(NDD)病。该病可能对学习、行为、言语和运动造成严重影响。这一研究成果发表在最新一期《自然》杂志上。

尽管大多数NDD被认为是遗传性的,由DNA变化引起,但迄今为止,大约60%的患者尚未明确导致其疾病

的具体DNA变化。这种疾病会演变为严重的发育迟缓,许多被诊断出患有此病的人无法说话,需要通过管道进食,并可能出现癫痫。这些患者通常具有典型的面部特征,如大耳朵、丰满的脸颊和嘴角下垂。

几乎所有已知参与NDD的基因都负责制造蛋白质。然而,研究团队发现,基因RNU4-2却产生了一种RNA分子,该分子在细胞里其他基因的加工过程中发挥着重要作用。

该研究估计,RNU4-2基因的这些特定变化至少可以解释全球0.4%的NDD病例。

与之前的研究仅关注制造蛋白质的基因不同,该团队利用10万个基因组计划的数据,对整个基因组进行了测序,从而能够分析不制造蛋白质的基因(如RNU4-2)的变化。

该团队在115名NDD患者身上发现了RNU4-2突变,其中许多人具有完全相同的变体,该变体在RNA的重

要位置添加了一个额外的碱基。

曼彻斯特大学高级研究员、英国基因组学首席数据科学家杰米·埃林福德表示,这是一个非常重大的发现,证明了人们现在有能力查明人类DNA中可能成为疾病驱动因素的所有类型差异。

这一发现建立在曼彻斯特大学和牛津大学联合领导的工作的基础上,旨在了解人类基因组中不直接编码蛋白质的部分DNA差异的影响,该部分曾被称为“垃圾DNA”,因为其作用未知。

AI模型可提供快速可靠的心脏健康评估

科技日报讯(记者张佳欣)来自英国东安格利亚大学、谢菲尔德大学和利兹大学的团队共同开发出一种智能计算机模型,可利用人工智能(AI)分析心脏磁共振成像(MRI)检查结果。这种自动化技术不仅能为患者提供快速可靠的心脏健康评估,还能显著节省时间和资源。论文发表于近日出版的《欧洲放射学杂志》上。

研究人员表示,AI模型能精确测定心脏腔室的大小和功能,其结果与医

生分析的结果相当,但速度要快得多。标准的手动MRI分析可能需要45分钟或更长时间,而新的AI模型只需几秒钟即可完成分析。

研究人员利用来源于814名患者的回顾性观察研究数据训练AI模型。为了确保模型结果准确,研究团队随后使用了另外101名患者的扫描和数据进行了测试。

尽管已有其他研究探索了AI在解释MRI扫描中的应用,但最新的AI模

型是使用来自多家医院和不同类型扫描仪的数据进行训练的,并对来自不同医院的不同患者组进行了测试。

此外,AI模型通过提供显示所有四个腔室的视图,实现了对整个心脏的完整分析,而大多数早期的研究通常仅聚焦于查看心脏的两个主要腔室。

自动化评估心脏功能和结构的过程将极大节省时间和资源,并确保医生获得一致的结果。这项创新有望为心脏病患者带来更为高效的诊断,更

优的治疗决策,并最终改善结果。此外,AI根据心脏扫描结果预测死亡率的潜力,也预示着其在彻底改变心脏护理领域和改善患者预后方面的巨大前景。

研究人员表示,未来研究应当扩大样本量,纳入来自不同医院的更多患者,使用各种类型的MRI扫描仪来测试该模型,并考虑医疗实践中可能遇到的其他常见疾病,以验证其在更广泛现实情况下的有效性。



卢卡被认为是所有现代细胞生命的共同祖先,拥有免疫系统并受过病毒攻击(艺术想象图)

图片来源:科学平面设计

科技日报北京7月15日电(记者张梦然)现代细胞生命有一个共同祖先,被称为卢卡(LUCA)。英国布里斯托尔大学领导的国际研究团队比较了生物物种基因组中的所有基因,揭示了这一共同祖先的生物学特征。研究还令人震惊地展示了卢卡拥有免疫系统并受过病毒攻击。研究成果发表于最新一期《自然·生态与进化》。

从微小的细菌到巨大的红杉树再到人类,卢卡被进化学界认为是所有现代细胞生命的共同祖先。卢卡这个名字其实是“最后的普遍祖先”的缩写,意思是它是离现代生命最近的共同祖先,其代表了“生命之树”的根,在它之后才出现今天公认的细菌、古细菌和真核生物。

此次研究团队计算了自卢卡以来,序列中随时间推移发生的突变,并使用遗传等价物来计算卢卡何时出现,最终得出了“42亿年前”这个答案,即大约在地球和太阳系形成后4亿年。接下来,团队将现存物种的生理特征通过生命谱系建模回溯到卢卡,从而确定了卢卡的生物学特征。

研究表明,卢卡是一种复杂的生物体,与现代原核生物没有太大区别。但有趣的是,很明显它拥有早期的免疫系统,这表明即使在42亿年前,它也曾与病毒进行过“军备竞赛”。卢卡在利用和改变其环境,但它也不太可能一直独自生存。它的废物可以成为其他微生物的食物,如产甲烷菌,这有助于创建一个回收生态系统。

该研究汇集了多学科数据和见解,拓宽了对早期地球和生命的理解。同时,研究展示了在早期地球上建立生态系统的速度有多快,这表明生命也可能在宇宙中其他类似生物圈上蓬勃发展。

生命到底是怎样起源的?长久以来,这是一个巨大的科学之谜。目前,有几种关于生命起源的假说在科学界较为流行。但这些假说只能对生命起源进行粗略勾勒,许多疑问依然令人产生无限遐想。最新研究估算出现代细胞生命共同祖先卢卡出现的时间,并推测出卢卡曾利用早期的免疫系统抵御病毒,这为生命起源故事增加了更多“有血有肉”的细节。

新太空服可将体液回收成水

科技日报讯(记者张佳欣)著名科幻小说《沙丘》中,一件名为“静服”的全套装通过回收汗液和尿液,来保留沙漠星球探险者身体的所有水分。现在,现实版的“静服”已经出现。美国康奈尔大学威尔医学院研究人员推出了一个用于航天服的新型尿液收集和过滤系统原型。相关论文发表在7月12日出版的《空间技术前沿》杂志上。

研究人员表示,新的服装原型专为即将到来的月球和火星任务而设计。它包括一个基于真空的外部导管,通向组合的正向反渗透单元,可通过多种安全机制提供持续供应的饮用水,确保宇航员健康。

研究人员设计了一种尿液收集装置。它包括由多层柔性织物制成的内衣,可连接到模制硅胶收集杯。收集杯内衬是尼龙-氨纶混纺面料,能将

「卢卡」四十二亿年前曾受过病毒攻击

现代细胞生命共同祖先生物学特征揭秘

总编辑 卷点
环球科技24小时
24 Hours of Global Science and Technology

湖南农大花生创新成果落地尼日利亚

科技日报讯(记者俞慧友 实习生陈羿妃)7月10日,记者从中国湖南农业大学获悉,该校农学院李林教授团队和中国香港李氏集团Sun Crops农业有限公司正式签署“尼日利亚花生复兴计划”合作协议。未来将利用李林团队花生现代高效栽培种植技术,结合尼日利亚种植区自然和经济条件,创新集成适合当地的花生经济高效种植技术,助力示范种植区亩产量增产50%以上。

尼日利亚具备丰富的光温资源,土地面积广大,发展农业产业潜力巨大。但在尼日利亚的花生生产项目实施过程中,李氏集团发现花生种植遭遇产量逐年降低、空秕率高、品质差、

农民经济收益差等问题。李氏集团在获悉李林团队拥有花生优质高产栽培技术后寻求合作。今年5月,李林团队赴尼日利亚对当地花生生长条件,如光、温、水、土、肥、种质资源、机械化配套、栽培模式等方面进行深入调研,有针对性地提出了计划。

湖南农业大学农学院院长吴俊表示,此次合作一方面解决了非洲农业生产和企业增效的实际问题,另一方面调动了专家服务的积极性,是一种多赢模式。下一步,学院拟持续发力,力促水稻、棉花、玉米等科研团队积极参与国家农业科技援非行动,助力非洲国家实现农业现代化和粮食安全。