

X射线以创纪录精度洞察微芯片“内心”

科技日报北京8月8日电（记者刘霞）瑞士保罗谢勒研究所、洛桑联邦理工学院、苏黎世联邦理工大学和美国南加州大学科学家合作，首次使用X射线，以4纳米超高精度观测了先进计算机微芯片的“内心”，创造了新的世界纪录。研究团队制作的高分辨率三维图像，有望推动信息技术和生命科学等领域取得显著进展。相关论文发表于新一期《自然》杂志。

目前，一块微芯片上能够集成上百亿甚至更多晶体管，其制造过程复

杂而精细，对由此产生的结构进行表征和映射面临极大困难。虽然扫描电子显微镜的分辨率可达几纳米，非常适合对微型晶体管进行成像，但它们通常只能生成物体表面的二维图像。若需获取三维图像，则必须逐层检查芯片，而这会破坏芯片结构。

X射线能更深入地穿透材料，利用X射线断层扫描技术可在不破坏芯片的情况下，生成三维图像。然而，现有的X射线技术难以对微芯片这类微型结构进行精确成像。

为克服这一难题，研究团队使用叠层相干衍射成像技术作为解决方案。

这项技术使X射线光束不是聚焦于样品的某个纳米点，而是让样品在纳米尺度移动，使照射在其上的X射线光束的移动路径形成一个精密网格，网格上的每个点都会记录样品的衍射图案。由于单个网格点间距离小于光束直径，成像区域存在重叠，因此可提供足够的信息，算法据此能以高分辨率重建样本图像。

2017年，研究团队成功以15纳米的分辨率对计算机芯片进行了空间成像，创下当时的纪录。此后，他们一直致力于提升这一技术的精度。在最新研究中，通过采用更短的曝光时间和更先进的算法，他们以4纳米的分辨率打破了此前的纪录。

研究团队指出，这项技术不限于洞察微芯片的“内心”，还能为生命科学等领域的样品内部精确成像，从而推动相关领域的进一步发展。

科技日报北京8月8日电（记者张梦然）美国能源部阿贡国家实验室团队开发了一种新的显微技术，利用电脉冲可观察室温下形成电荷密度波的材料中的纳秒动态。发表在新一期《物理评论快报》上的这项成果，可广泛应用于节能微电子领域。

为应对超级计算机的能耗问题，科学家正在利用人工智能神经网络开发更节能的下一代计算机。其要点是模拟人类大脑基本单位神经元的过程，这种模拟可通过材料中出现的电荷密度波来实现。

电荷密度波增加了材料中电子运动的阻力，控制波的能力可快速打开和关闭电阻，然后可利用此特性实现节能计算以及超精确传感。然而，人们尚不清楚该切换过程是如何发生的，特别是考虑到波在200亿分之一秒内就能从一种状态变为另一种状态。

为此，团队测试了硫化钨薄片，并用两个电极连接以产生电脉冲。一般认为，在短脉冲期间，产生的高电场或电流可能会驱动电阻切换。但利用超快电子显微镜的两次观察，改变了这种认识。

首先，电荷密度波的熔化是受到注入电流产生的热量而不是电荷电流本身的影响，即使在纳秒脉冲期间也是如此。其次，电脉冲在材料中引起鼓状振动，从而使波的排列发生摆动。

团队确定了这两种以前从未观察到的电能操纵电荷密度波状态的方式。熔化反应模拟了大脑中神经元的激活方式，而振动反应可在神经网络中产生类似神经元的放电信号。

这项成果不仅展示了类脑计算中重要的“开关过程”，还意味着人们首次能够利用超快电子显微镜，观察微电子材料在纳米级长度和纳秒速度下如何运作。

当今的超级计算机消耗大量能源，人工智能神经网络计算是解决该问题最有潜力的手段之一。但这其中，电荷密度波的控制问题一直悬而未决。只有了解电能如何操纵它的状态，才能更好的构建下一代计算机。现在研究人员不但揭示了这一神奇过程，还介绍了硫化钨这样的新材料。随着人们对微型电子设备尺寸越来越小、速度越来越快和效率越来越高的追求，这种新材料也会变得极具吸引力。

新显微镜可观察微电子材料纳秒动态
展示类脑计算中关键“开关过程”

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

破解疟疾传播路径之谜

——重建古基因组为根除致命疟原虫提供新线索

今日视点

◎本报记者 张梦然
通讯员 朱一格

疟疾是世界上致死率最高的传染病之一。尽管人们作出了巨大的控制和努力，全球仍有近一半的人口生活在有感染疟疾风险的地区。据世界卫生组织最新估计，疟疾每年导致近2.5亿人感染，60多万人死亡。

鲜为人知的是，除了对现代人类造成巨大影响之外，疟疾还强烈地影响了人类的进化史。

马克斯·普朗克—哈佛研究中心(MPI-EVA)研究员梅根·米歇尔表示，疟疾的“痕迹”已经写在了人类的基因组中，其导致镰状细胞病等毁灭性血液疾病的基因变异，在人类群体中持续存在，因为它们“赋予”了对疟疾感染的部分抵抗力。

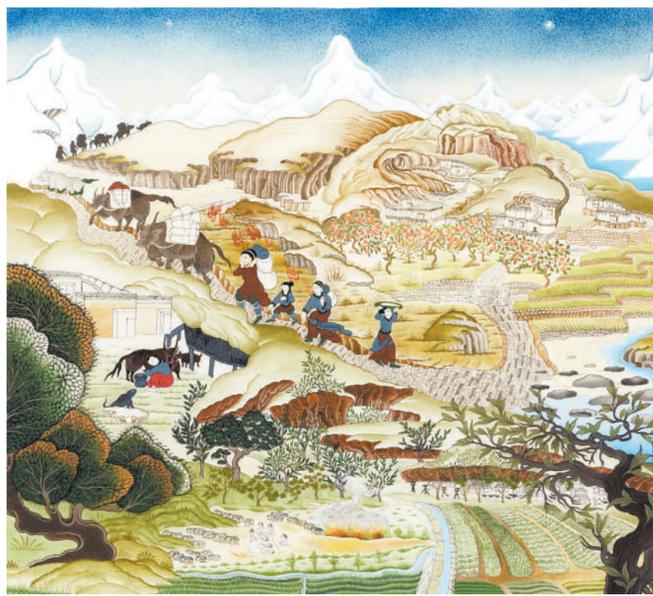
尽管人们已经研究疟疾这么多年，但两种最致命的疟原虫——恶性疟原虫和间日疟原虫的起源和传播一直是个谜。同时，因为疟疾感染不会在人类骨骼遗骸中留下清晰可见的痕迹，历史文献中的记载也难以解读。

现在，古DNA领域的一项最新进展表明，人类牙齿可保存死亡时血液中的病原体痕迹，这为研究考古记录中通常看不见的疾病提供了机会。

为了探索疟疾的神秘历史并根除这一疾病，来自80个机构和21个国家的国际研究团队重建了36名疟疾感染者的古代疟原虫基因组数据。这些数据横跨了5500年的人类历史。近期发表在《自然》杂志上的研究成果，为研究疟疾在世界范围内的传播及其在全球、地区甚至个人层面的历史影响提供了前所未有的机会。

追踪美洲疟原虫遗传足迹

疟疾是当今美洲热带地区的地方



艺术家重现了本研究中重点分析的一位长途商人的生活。他患有疟疾，大约公元前800年被埋葬在尼泊尔乔科帕尼遗址。

图片来源：尼泊尔加德满都博达哈大佛塔唐卡中心

病。长期以来，科学家一直在争论疟原虫进入美洲的传播路径。

研究团队这次分析了一名感染疟疾的个体的古代DNA。该个体来自莫米纳斯湖，位于秘鲁安第斯山脉东部偏远的云雾林中。

基因组分析显示，莫米纳斯湖的间日疟原虫菌株，与古代欧洲的间日疟原虫菌株有着惊人的相似性，研究结果表明欧洲殖民者在到达美洲后大约一个世纪内就将该物种传播到了那里。由于战争、奴役和人口流离失所的影响，包括疟疾在内的传染病在殖民时期摧毁了美洲原住民，在一些地方死亡率高达90%。

值得注意的是，该团队还发现了莫米纳斯湖菌株与400年至500年后现代秘鲁间日疟原虫种群之间的

遗传联系。数据表明：病原体在此蓬勃发展并建立了“地方性疫源地”，产生了至今仍感染秘鲁人的寄生虫。

贸易导致高海拔出现感染

在世界的另一端，研究团队意外地在喜马拉雅高地乔科帕尼遗址（约公元前800年）发现了已知最早的恶性疟原虫疟疾病例。该遗址位于尼泊尔卡利甘达基河谷沿岸，海拔2800米，按道理讲，这已远远超出了疟原虫和按蚊的栖息地范围。

“这一地区寒冷干燥。”哈佛大学人类学副教授、MPI-EVA团队领导克里斯蒂娜·沃里纳称，“寄生虫和传播疟疾的蚊子都无法在这种海拔高度生

存。这带来一个关键问题：这名乔科帕尼人是如何感染疟疾并最终导致其死亡的？”

基因分析显示这名感染者是当地男性，具有适应高海拔生活的基因。与此同时，考古证据表明，当地居民会积极参与长途贸易。

“我们今天认为这些地区偏远且难以到达，但实际上，卡利甘达基河谷是一条横跨喜马拉雅的公路。”美国加州大学默塞德分校教授马克·阿尔登德弗说，他在该地区的发掘，揭示了当地的长途贸易，“不必走很远，人们就能到达尼泊尔和印度特莱平原的低洼、排水不畅的地区，那里正是疟疾流行的地区。”

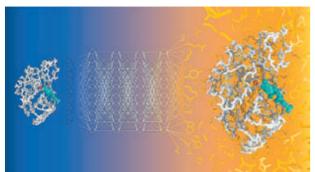
研究认为，这名男子出于贸易或其他目的前往海拔较低的疟疾流行地区，然后返回或被带回乔科帕尼，随后被埋葬在那里。古代DNA揭示的详细信息，首次为疟疾等传染病在过去传播的无数方式提供了线索，这也是当前疾病格局的形成基础。

古DNA重建成抗病新工具

如今，人类与疟疾的抗争正处在十字路口。得益于蚊虫控制方面的进步和协调一致的公共卫生运动，疟疾死亡人数在2010年代创下历史新低。然而，抗疟药物耐药性寄生虫和杀虫剂耐药性媒介的出现，有可能逆转数十年取得的进展，而气候变化和环境破坏，也会使新的地区容易受到疟疾媒介物种的攻击。研究团队希望，古代DNA重建的成果可为对抗甚至根除这种公共卫生威胁提供额外工具。

“这是我们首次能够探索古代寄生虫的多样性。”马克斯·普朗克进化人类学研究所考古遗传学主任约翰内斯·克劳斯特说，“我们看到了过去人口流动如何传播疟疾，就像全球化使无疟疾国家和地区今天容易再次引入疟疾一样。研究疟疾等古代疾病，将为理解这些今天还在影响着世界的微生物提供一个新窗口。”

预测蛋白质序列的新AI模型问世



使用CARBonAra进行序列预测（示意图）。
图片来源：瑞士洛桑联邦理工学院

科技日报北京8月8日电（记者张佳欣）瑞士洛桑联邦理工学院开发了一种名为CARBonAra的新型人工智能(AI)驱动模型。该模型可以根据不同分子环境所施加限制的主链支架预测蛋白质序列，有望在蛋白质工程及包括医学和生物技术在内的多个领域带来重大进展。这一成果发表在最新一期《自然·通讯》杂志上。

CARBonAra是在一个包含约370000个亚基的数据集上进行训练

的。它还从蛋白质数据库中额外选取了100000个亚基用于验证，70000个亚基用于测试。

CARBonAra建立在该团队开发的蛋白质结构转换器框架的基础上。它使用了几何转换器，是一种深度学习模型，可以处理点之间的空间关系（如原子坐标），以学习和预测复杂的结构。该模型突出特点是“上下文”感知能力，这在提高序列恢复率方面尤为明显。

当CARBonAra包含分子“上下文”，如蛋白质与其他蛋白质、核酸、脂质或离子的界面时，其恢复率显著提高。

该模型不仅在合成基准测试中表现出色，还经过了实验验证，其灵活性和准确性为蛋白质工程开辟了新的途径，增强了未来药物发现的能力。CARBonAra在酶工程方面的成功也展示了其在工业应用中的潜力。

300多种反刍动物基因组将测序

科技日报北京8月8日电（记者刘霞）据最新一期《自然·遗传学》杂志报道，由多个机构组成的国际“端粒对端粒(T2T)”联盟正在推进“反刍动物端粒-端粒”项目，旨在对300多种反刍动物的基因组进行测序。研究团队期望通过测序得到的基因组图谱，推动农业的发展并促进动物保护工作的深入开展。

该项目建立在T2T联盟最新发布

的一系列重要成果的基础之上。例如，今年6月，T2T团队公布了6种猿类基因组的测序结果；去年8月，团队发表了首个人类Y染色体序列。

长期以来，由于缺乏完整、准确的基因组参考序列，反刍动物的遗传学研究一直面临巨大挑战。在最新研究中，科学家将运用先进的测序技术，深入分析反刍动物的基因组，特别是以往难以测序的染色体区域，如着丝粒和端粒

等，从而绘制出这些动物遗传蓝图。

团队成员、美国康涅狄格大学系统基因组学研究所所长瑞秋·奥尼尔表示，这些基因组图的绘制不仅有助于制定和实施更加精准的动物保护管理策略，还能帮助科学家更透彻地理解物种的基因组生物学特性。例如，对于绵羊和牛等反刍动物，基因组研究有望推动乳制品和肉类生产效率的提升，并降低传染病从牲畜向人类传播的风险。

研究团队指出，除农业效益外，高质量的基因组信息对于管理濒危反刍动物的遗传多样性，制定提高其种群生存机会的策略至关重要。奥尼尔解释称，基因组测序结果有望为反刍动物的进化生物学提供宝贵线索，揭示物种完整的遗传史。动物保护管理人员可利用这些信息，确定种群是否经历了近亲繁殖，并探索促进种群遗传多样性的有效途径。

韩批准龙仁半导体产业集群供电方案

科技日报首尔8月8日电（记者薛严）韩国产业通商资源部8日表示，已于近日批准SK集团下属能源公司SK E&S和韩国中部发电公司共同推进的“龙仁半导体产业集群能源事业”。产业通商资源部下属电力委员会于7月末对建设1.05GW级发电站的事业方案进行审议，并于8月初书面表决通过，相关发电站将从2026年下半年开始启动，为龙仁半导体产业集群供应电力和热量。

最初，为向龙仁半导体产业集群供电和供热，SK E&S和SK集团下属半导体企业SK海力士积极推进液化天然气发电站建设。但在碳中和政策基调下，新建液化天然气发电站被抑制。

根据韩国第11次电力供需基本计划草案，到2038年止，韩国新建液化天然气发电站发电量限制在2.5GW。一方面韩国政府执行新建发电站发电量限制政策，另一方面韩国支柱产业半导体产业需要大量用电，能源供给和产业集群建设政策发生冲突的情况下，韩国开始寻找关闭老旧发电站的途径解决上述矛盾。

在此情况下，SK E&S和韩国中部发电公司开始合作，提出用龙仁液化天然气发电站，替换2027年将废止的保宁复合火力发电站方案。通过此次合作，SK E&S在目前运营5GW规模的液化天然气发电站基础上，将再追加供应1GW级发电站供应。

酪氨酸酶抑制剂或能用于安全美白

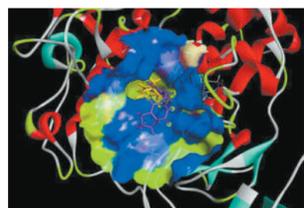
科技日报讯（记者张佳欣）日本东京理科大学研究人员从一种常见于人类皮肤上的细菌——结核硬脂酸棒状杆菌中，发现了一种有前景的酪氨酸酶抑制剂，可起到安全美白皮肤的效果。这项研究发表于新一期《国际分子科学》杂志。

紫外线照射会导致黑色素的生物合成途径紊乱，使黑色素过度积累。为此抑制黑色素合成的酪氨酸酶抑制剂常被应用在化妆品行业中。然而，一些抑制黑色素合成的化合物，如对苯二酚，对人类皮肤有毒性，已不再推荐作为美白剂使用。对更安全替代品的日益增长的需求，促使科学家竞相从微生物中寻找低毒性的酪氨酸酶抑制剂。

研究人员表示，寄居在人类皮肤上且能逃避免疫反应的细菌，通常会成为共生细菌。这些天然的皮肤衍生物毒性低，因此本质上更安全。经过对100多种皮肤来源的细菌进行筛选后，研究人员发现结核硬脂酸棒状杆菌能够产生一种强效的酪氨酸酶失活化合物。随后的实验确定了该活性

化合物为环(脯氨酸-酪氨酸)。实验证实，环(脯氨酸-酪氨酸)对人体细胞无毒，适用于对抗色素沉着。此外，该代谢物还表现出其他有益特性，如抗菌、抗氧化和抗癌活性，进一步增强了其在各种应用中的治疗潜力。

尽管前景看好，但在这些天然活性成分进入消费市场之前，还需进行广泛研究。



环(脯氨酸-酪氨酸)与酪氨酸酶的底物结合位点结合，阻塞底物口袋并阻止其活性。
图片来源：东京理科大学