

科技新闻

·前沿动态·

西伯利亚甲烷排放或抵消全球近20%人为减排

受北极快速变暖影响,西伯利亚地区冻土退化与野火频发导致甲烷排放激增,使其成为全球甲烷排放增长的重要热点。中国科学院大气物理研究所朱思宏、刘毅与英国爱丁堡大学 Paul I. Palmer 等综合卫星、地面观测和大气反演发现,2010—2023年,西伯利亚生长季甲烷排放增加 1200 ± 190 万 t,平均每年增长约5%,到2023年的排放增幅已超过2010年的2倍。8月6日,相关研究成果发表于《Science》。

北半球永久冻土区储存的碳约为大气碳储量的2倍。土壤解冻后,缺氧湿地中的微生物会把有机质转化为甲烷;干旱和高温则会增加野火的风险。由于西伯利亚幅员辽阔、地面站稀少,湿地、火灾和大气输送过程常混合

在同一组观测信号中,长期以来难以分别估算。

研究团队使用日本温室气体观测卫星 GOSAT 获取的甲烷柱浓度,结合地面和塔站资料,通过大气输送模型反推地表排放,并比对火灾清单、土壤水分、温度、积雪和环流指数。全年甲烷排放中,超过2/3集中在5—9月,因此研究重点放在地表解冻和植被活动最强的生长季。

这种大气反演类似在下风口闻到烟后,根据风向、风速和浓度推算上风口燃烧了多少。

结果显示,西部和东部西伯利亚的排放增长受不同因素控制。西部地势较低、湿地广,暖湿气流和较早融雪使土壤更暖、更湿,湿地相关甲烷排放平均每年增加 40 ± 10 万 t;东部更高、更干,阻塞高压带来的晴热天气加剧野火,火灾相关排放平均每年增加 70 ± 10 万 t。

东部火灾信号在2019年后尤其明显。2019—2021年的甲烷排放量,约相当于2010—2018年

累计量的70%。预计在高排放情景下,该区域激增的甲烷排放到21世纪中期可能抵消全球近1/5的人为减排努力,且这一增长趋势在东西伯利亚发生的概率与幅度最大。

(综合:《Science》、GOSAT任务资料、中国科学院大气物理研究所)

AI让台风预警提前1天以上

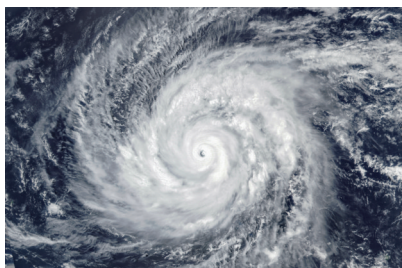
热带气旋的路径、强度和结构受到不同尺度大气过程共同影响,往往难以由同一套模型同时准确预测。谷歌 DeepMind 团队开发的人工智能(AI)模型 WeatherNext Cyclones(WN-C),在多项业务化测试中改善了热带气旋路径和强度预报,并将达到同等路径预报精度的时间平均提前1天以上。2026年8月6日,相关研究成果在线发表于《Nature》。

全球数值天气预报模型擅长模拟大尺度环流,通常更有利于判断风暴路径;高分辨率区域模型能够刻画气旋核心,却可能牺牲部分路径预报能力。WN-C模型使用约28 km分辨率的全球大气资料,同时学习近5000个历史热带气旋的路径、强度和结构信息,试图在一套模型中兼顾这2类任务。

在5天预报期内,WN-C的路径预测比顶尖全球数值模型平均提前30多小时达到同等精度;其3天强度预报的平均绝对误差,比专门的高分辨率区域模型低3.75节。研究结果还表明,准确预测气旋强度并不必然依赖极高空间分



2021年年6月,西伯利亚发生了毁灭性的大火,吞噬了超过1000万 hm^2 的针叶林和其他森林
(图片来源:俄罗斯Greenpeace研究团队)



2026年4月中旬,一场强烈的风暴袭击了
美国北马里亚纳群岛和关岛
(图片来源:美国宇航局地球观测站/
Michala Garrison)

分辨率,历史气旋资料与全球大气状态的联合训练同样能够提供有效约束。

WN-C还提高了对“快速增强”的概率预报能力。快速增强通常指热带气旋最大持续风速在24 h内增加至少30节。模型的临界成功指数由不足0.3提高到约0.5。其函数生成网络每次预报只需要调用1次神经网络,在单张TPU v5p芯片上生成15天完整天气轨迹耗时不到1 min,可用于构建规模更大的集合预报,估计低概率但高影响的风险。

自2025年6月起,WN-C开始业务化运行,预测结果通过谷歌天气实验室Weather Lab实时发布。2025年大西洋飓风季的评估显示,将其加入官方共识集合后,路径预测准确率平均提高28%,强度预测准确率提高6%。

(综合:《Nature》、
Google DeepMind、
美国国家海洋和大气管理局)

组蛋白修饰让细胞学会“计数”

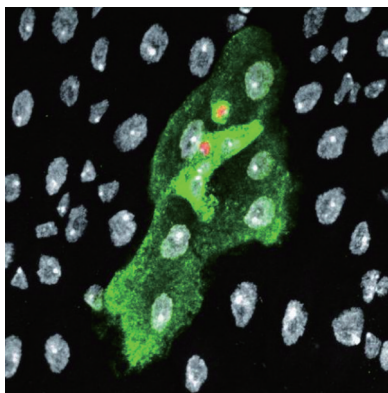
肠道上皮不断更新,却能长期维持不同类型细胞的相对比

例。华中科技大学同济医学院郭峥团队发现,果蝇肠道干细胞并非完全随机决定子代细胞命运,而是通过表观遗传变化记录自身分裂次数。2026年7月30日,相关研究成果发表于《Nature》。

果蝇肠道干细胞可以产生负责营养吸收的肠细胞和具有分泌功能的肠内分泌细胞。长期谱系追踪显示,每当干细胞产生一次肠内分泌母细胞后,会连续进行8次产生肠细胞的分裂,到第9次分裂时再次切换命运。即使肠道受到急性损伤、干细胞增殖速度明显变化,这一计数规律仍能保持。

“计数器”藏在染色质的组蛋白修饰中。由TrxG蛋白调控的H3K4me3、H3K36me3等激活型标记会随连续分裂逐渐减弱,由PcG蛋白调控的抑制型标记H3K27me3则不断积累。当2类标记的变化达到一定阈值,干细胞便切换分化方向。调节TrxG和PcG活性,也会改变计数阈值。

新的计数周期由子代细胞启动。新产生的肠内分泌母细胞会短暂激活干细胞中的Notch信号,重新建立激活型组蛋白标记,使此前累积的状态被重置。Notch



果蝇肠道上皮的谱系追踪
(图片来源:《Nature》)

信号、组蛋白修饰和细胞分裂由此组成一个能够循环运行的命运控制系统。

不过,这一“计数器”目前仅在果蝇肠道中得到验证,能否推广到哺乳动物仍须研究。

(综合:《Nature》、
华中科技大学官网)

珍稀植物抗癌成分实现酵母合成

长期依赖珍稀植物提取的抗癌药原料,有望找到新的微生物制造路径。首都医科大学中医药学院胡雅婷团队联合中国中医科学院黄璐琦团队,通过改造酿酒酵母,实现了依托泊苷和替尼泊苷共同直接前体的从头生物合成。2026年7月30日,相关成果发表于《Science》。

依托泊苷是小细胞肺癌等肿瘤治疗的重要药物,替尼泊苷则用于白血病和部分脑肿瘤治疗。目前,2种药物的生产仍依赖鬼臼毒素类天然产物,其中重要来源之一是生长于喜马拉雅地区的珍稀濒危植物桃儿七。由于野生资源有限、植物生长缓慢且人工栽培受到环境条件限制,相关药物原料的稳定供应长期面临资源压力。

研究的难点在于,鬼臼毒素类木脂素的形成需要经历前体供应、立体选择性二聚、复杂骨架构建以及多步氧化和糖基化等反应,要把这一整套植物天然产物合成过程“搬进”酵母并不容易。研究人员首先利用羧酸还原酶在酵母中重构松柏醇前体供给途径,并将其与立体选择性二聚反