

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”

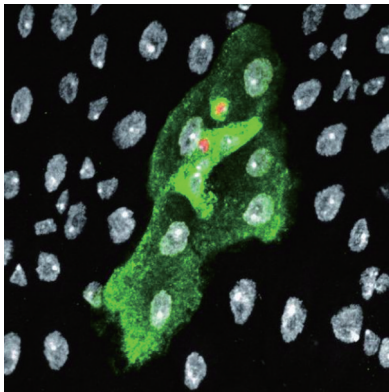
肠道上皮不断更新,却能长期维持不同类型细胞的相对比

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



喜马拉雅鬼白(桃儿七),生长于高山草甸和开阔的林地,可用于提取抗癌药物
(图片来源:英国皇家园艺学会)

应耦合;随后引入芳基四氢萘类木脂素骨架合成酶,使酵母能够从头形成(-)-去氧鬼臼毒素等核心骨架;再利用多个植物来源的细胞色素 P450 和糖基转移酶,对骨架进行不同位点的氧化和糖基化修饰。其中,一个关键瓶颈是糖基化。团队通过基因组挖掘和功能筛选鉴定出糖基转移酶 UGT709AX1,使鬼臼毒素类分子能够在 C-4 位直接完成酶促糖基化,为获得依托泊苷和替尼泊苷的直接糖苷前体补上了关键一步。

围绕上述多个环节,研究人员进一步重新设计酵母代谢网络,在单一细胞中完成 60 余次基因编辑,引入涉及 45 种异源酶的合成体系,最终使酵母能够从简单碳源出发,实验室发酵约 3 天即可获得目标前体。

(综合:《Science》、首都医科大学官网、科学网)

人工智能设计出可复制噬菌体基因组

人工智能已经能够设计单个蛋白质和基因,它能否进一步“写出”一套可以运行的完整基因组?斯坦福大学与 Arc 研究所团队利用基因组语言模型 Evo 生成完整噬

菌体基因组。在人工合成并测试的 285 个设计中,16 个能够感染大肠杆菌并产生后代。2026 年 8 月 6 日,相关研究成果发表于《Science》。

设计完整基因组远比设计单个蛋白质复杂。噬菌体虽然结构简单,但要完成一次感染和复制,需要宿主识别、DNA 复制、病毒颗粒组装和基因组包装等多个过程相互配合。一个核苷酸变化还可能同时影响重叠排列的多个基因。因此,过去的病毒工程更多是在天然基因组基础上进行局部修改,而不是一次生成整套基因组。

研究以经典的 Φ X174 噬菌体为设计模板。它是一种感染大肠杆菌的单链 DNA 噬菌体,基因组只有 5386 个核苷酸,却包含 11 个相互紧密排列的基因。Evo 模型此前从超过 200 万个噬菌体基因组中学习 DNA 序列规律,研究人员又利用 14466 条微病毒科序列进行微调,使模型学习 Φ X174 近缘噬菌体中哪些序列可以变化、哪些组合需要共同保留。

模型首先生成约 70 万个候选序列,研究人员通过信息学筛查排除与天然序列过于接近或明

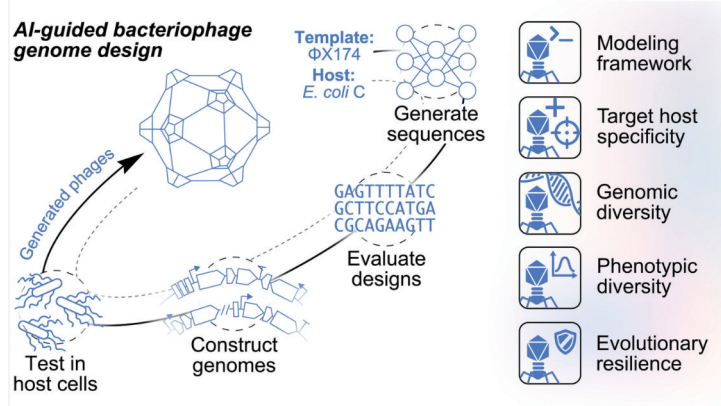
显不完整的设计,再选择 285 个进行化学合成和细菌感染实验。最终,形成噬菌斑的 16 个设计表现出不同的复制能力和宿主特异性。冷冻电镜显示,其中 Evo- Φ 36 的衣壳使用了与 Φ X174 进化距离较远的 G4 噬菌体 DNA 包装蛋白,说明模型产生的部分组合并非简单复制天然模板。

这些人工生成的多样性还可能具有应用价值。将多种生成噬菌体组成“鸡尾酒”后,研究人员能够感染已经对 Φ X174 产生抗性的大肠杆菌,而天然近缘噬菌体组合未表现出同样效果。这表明,生成模型可能用于快速扩展噬菌体多样性,为研究耐药菌治疗提供候选工具。

(综合:《Science》、斯坦福大学官网、Arc 研究所)

蜗牛用胶原蛋白制造 5 种黏液

森林葱蜗牛能够分泌 5 种外观和力学性能截然不同的黏液:帮助爬行的润滑黏液、将壳口固定在物体表面的黏附膜、冬眠时封闭壳口的休眠膜,以及受到威胁时释放的黄色黏液和泡沫黏



一种用于 AI 指导的噬菌体基因组设计框架

(图片来源:《Science》)