

丛书序

科技浪潮奔涌不息，人类探索未知的脚步从未停歇。科学早已穿透学术的壁垒，以万千姿态融入日常、照亮生活。普及科学知识、掌握科学方法、传递科学思想、弘扬科学精神，不仅是拉近公众与科学距离的美好期许，更是点亮全民好奇心、培育社会创新活力的必经之路。让高深的科学变得平易近人，让严谨的理性之光温暖人心，正是中国科学院学部科学普及与教育工作委员会深耕科普出版的初心所在。

为以思想照亮科学道路、以智慧服务科学决策、以前瞻引领发展方向、以文化塑造价值坐标，中国科学院精心策划打造了国家科学技术思想库“决策咨询”“学术引领”“科学文化”和“科学普及”四大系列品牌图书。“科学普及系列”丛书作为其中兼具专业性与普及性的核心分支，旗下囊括“科学与中国”与“科学大院”两大丛书，旨在以专业为骨、以通俗为翼，用有温度、有深度、有新意的内容，让科学传播更具感染力，让科学精神浸润人心。

“科学与中国”丛书，源自底蕴深厚的院士科普品牌，凝聚了无数科学大家的毕生所学与科普热忱。丛书紧跟科技前沿脉搏，紧扣公众关切的科学议题，将院士们深耕领域的真知灼见、严谨求索的科研态度、历经沉淀的实践智慧，化作深入浅出、耐人寻味的文字。在持

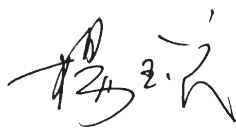
续的内容深耕与迭代升级中，丛书将始终坚守科普本心，用专业且易懂的表达，拆解科学难题、传递核心知识，为大众推开一扇通往科学殿堂的窗，点燃公众对未知的探索热情。

“科学大院”丛书，则是贴近大众、点亮童心的科普佳作。它着眼于普通读者与青少年群体，全力打破专业知识与公众认知的隔阂，摒弃晦涩枯燥的专业术语，用生动鲜活、灵动有趣的语言，拆解复杂的科学原理，讲述妙趣横生的科学故事。由科研工作者与专业科普团队携手打磨，既守住了科学内容的严谨精准，又赋予文字满满的烟火气与吸引力，让青少年在轻松阅读中感受科学魅力，在好奇心的驱使下走近科学、爱上科学。

科学的进步，从不是少数人的独行；创新的土壤，需要千万人的滋养。我们期待，“科学普及系列”丛书，能成为一把轻盈的钥匙，为每一位读者解锁浩瀚的科学世界；能化作一座温暖的桥梁，让科学的光芒照亮更多人的心灵。

愿每一位翻开书页的读者，都能在字里行间邂逅科学之美，习得科学思维，涵养科学素养，让崇尚科学、勇于探索的种子悄然生根。也愿“科学普及系列”丛书，能为全民科学素养提升添砖加瓦，让科普之花恣意绽放，让科学的力量成为推动社会前行、点亮美好生活的长久动力。

中国科学院学部第三届科学
普及与教育工作委员会主任



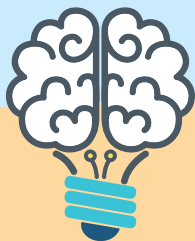
2026年5月

目 录

丛书序 / i

1. 你能跑多久，肠道菌群说了算？ / 001
2. 脑子里这个东西会影响睡眠质量 / 008
3. 新发现的光子能量超乎你想象 / 015
4. 声音的力量不简单 / 021
5. 首次在实验室实现人工合成淀粉 / 030
6. 给地球插上插头？向岩石要热量！ / 036
7. 智慧农业之“虫脸识别”技术 / 043
8. 蛇的模样演化 / 050
9. “给原子世界按下快门”的阿秒脉冲技术 / 058
10. 量子点是如何变得好用的？ / 069
11. 二氧化碳超级“充电宝” / 081

12. 盐碱地为什么适合“种草”？ / 089
13. 3米高的巨猿灭绝于“吃得不好”？ / 094
14. 长城脚下生命演化新揭秘 / 102
15. 恐龙灭绝的新证据 / 110
16. 怎样拍出“最小”的电影？ / 116
17. 水滴的力量，超乎你的想象！ / 126
18. 蜗牛壳里留下的天气痕迹 / 132
19. 关于引力波的重磅发现 / 142
20. 至今最重的反物质超核 / 150
21. 3D 打印“抗疲劳”重大突破 / 156
22. 怎么看天文望远镜发回的“数据”？ / 161
23. 天文台应该怎么选址？ / 169
24. 极端天气气候事件未来可能更频繁？ / 179
25. 中国拥有完全自主知识产权的塑料钞 / 186



1. 你能跑多久，肠道菌群说了算？

肠道菌群和人们的生活特别是健康息息相关，减肥、阿尔茨海默病、癌症治疗等都和它有关系。就连你能跑多久，肠道菌群也有很大的“话语权”。

《自然－医学》在线发表了一项研究成果^①：优秀马拉松运动员肠道中有一类特殊的菌，该类菌可以帮助运动员提高运动成绩。

优秀的运动员有优秀的肠道菌群

来自哈佛大学的研究人员招募了 15 名参加马拉松赛的运动员，以及 10 名久坐的人员作对照研究。在马拉松比赛之前和之后的一周时间里，研究人员收集这两组人员的粪便样本，并进行了 16S 核糖体 DNA（16S rDNA）基因测序。

结果发现，在运动前和运动后，马拉松运动员肠道菌群中差异最大的微生物是韦荣氏球菌（*Veillonella*），比赛后肠道中韦荣氏球菌相对丰度明显增加。这是为什么？这个菌会不会与运动员的运动能力或运动后的恢复有关呢？

① 文章名是“Meta-Omics Analysis of Elite Athletes Identifies a Performance-Enhancing Microbe that Functions via Lactate Metabolism”（《从精英运动员中鉴定出一种通过乳酸代谢提升运动能力的微生物：一项宏组学研究》）。

为了回答上面的问题，研究人员从所研究运动员的粪便样本中分离出一株韦荣氏球菌——非典型韦荣氏球菌。他们把该菌株接种到小鼠肠道中，结果让人感到吃惊，这些小鼠的运动能力显著提升了，小鼠在特制的“跑步机”（跑轮）上跑的时间明显延长！

研究人员进一步进行机制分析后发现，韦荣氏球菌将乳酸作为唯一碳源，而乳酸是引起运动后疼痛的主要物质。运动时，肌肉消耗葡萄糖的代谢过程中有乳酸产生，长跑运动中，氧气供应不足时会形成无氧代谢，机体内产生的乳酸不能在短时间内进一步分解为水和二氧化碳，从而导致大量乳酸在体内堆积。乳酸堆积会引起局部肌肉的酸痛，影响跑步的持续进行。

难道这个菌可以分解运动后的乳酸，从而帮助运动后的恢复？研究人员在 87 名精英运动员中做了宏基因组分析，发现运动后，将乳酸盐代谢为丙酸盐的代谢基因相对丰度明显增加。此外，他们通过在小鼠中使用同位素标记的乳酸盐，发现血清中的乳酸盐可以穿过上皮屏障进入肠腔。也就是说运动后血液中积攒的乳酸可以运输到肠道，肠道中的微生物就可以分解乳酸了。

乳酸可导致酸痛，那么分解乳酸就能提升运动能力吗？运动能力提升是去除乳酸所起的作用，还是乳酸的分解产物丙酸起的作用呢？研究人员验证了丙酸所起的作用：研究人员在小鼠直肠内直接滴注丙酸盐，结果发现，仅仅这个乳酸的代谢产物就足以重现用韦荣氏球菌灌胃观察到的提升跑步能力的结果。这就表明，肠道非典型韦荣氏球菌通过将运动诱导的乳酸代谢转化为丙酸盐来延长运动时间，提升运动表现。

运动改善肠道菌群组成

肠道菌群影响运动能力，运动（图 1-1）也反过来影响肠道菌群。

2018 年，芬兰科学院的研究员发现，耐力运动训练改变了肠道菌群的组

1. 你能跑多久，肠道菌群说了算？

成。经过 6 周的训练后，运动者肠道内的有害微生物减少，促进新陈代谢相关的有益微生物 [阿克曼氏菌 (*Akkermansia*) ，一种肠道有益菌] 增加。

此外，美国伊利诺伊大学的两项研究发现，与久坐者相比，运动者的肠道菌群环境更有利于健康。研究小组

招募了一些习惯久坐的成年参与者，在研究开始时对他们的肠道菌群进行采样，然后实施运动计划。其间，参与者每周做 3 次监测心率的运动，每次运动 30 ~ 60 分钟，持续 6 周。研究小组在运动计划结束时再次对参与者的肠道菌群进行采样，然后，在参与者恢复到久坐生活模式 6 周后再次对其肠道菌群进行采样。

结果发现，运动期间与久坐期间相比，参与者粪便中的短链脂肪酸，特别是丁酸浓度明显升高，当参与者恢复到久坐的生活方式后，这些短链脂肪酸浓度再次下降。此外，运动期间参与者肠道中产生丁酸的微生物的比例也更高。丁酸是肠道内微生物酵解产生的短链脂肪酸的一种，可以促进肠细胞保持健康，减少炎症，并可以为肠道提供能量。值得注意的是，这些变化在瘦人中更为明显。

在整个研究过程中，参与者都保持正常饮食，仅仅改变了运动方式，这就证明排除饮食和其他因素，运动本身就可以改善肠道菌群。



图 1-1 运动

图片来源：视觉中国

微生物与人体健康的关系

人们越来越关注人体微生物和健康的关系。

在 2003 年之前，人们只是对肠道细菌有所研究。直到 2003 年，科学家才首次报道了对人类粪便中非培养的病毒群落的宏基因组学的分析情况，发现病毒、真菌和古生菌等都是我们肠道菌群的重要成员，对人类健康有潜在影响。时隔一年，2004 年，两项研究揭示了菌群对黏膜免疫具有调控作用，揭示了

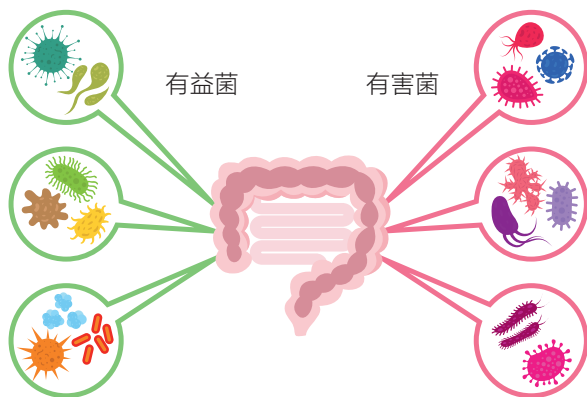


图 1-2 肠道菌群示意图

图片来源：视觉中国

免疫系统如何感知肠道菌群，以及正常条件下细菌是如何调节免疫系统发育的。这些发现为微生物的免疫应答打开了一个新视角——宿主对微生物的免疫应答并非仅仅是一种防御机制，而是维持共生关系的生理过程（图 1-2）。

2005 ~ 2006 年，人们发现饮食变化改变了结肠菌群的降解活性：肠道菌群组内含有成千上万的基因，它们参与分解食物，从中获取能量，对人体代谢产生影响。2006 年，人们第一次发现肠道微生物的神奇之处，通过菌群移植转移居然可以改变宿主的表型。研究人员发现，通过粪菌移植可以在小鼠身上复现人类表型。这项实验首次使用胖人和瘦人粪便进行研究，为研究菌群与人类表型之间的联系机制提供了关键实验依据。2010 年，研究发现抗生素会对菌群组成和宿主健康造成不良影响，抗生素不仅会对引起感染的细菌起作

用，还会影响原住菌群。若健康个体使用环丙沙星，该个体粪便样本中大约 1/3 细菌类群的丰度会受到影响。

更神奇的是，2012 年，人类发现了菌群 – 肠道 – 大脑轴的存在，一些实验发现，缺乏菌群影响了小鼠的行为、脑基因表达及神经系统的发育。而一些人体研究揭示了菌群与人类神经系统之间的潜在关联。人们后来又发现，人的肠道菌群情况会对癌症治疗产生应答，从而影响癌症治疗的效果。2018 年的研究证实肠道菌群组成影响了黑色素瘤患者、晚期肺癌患者及晚期肾癌患者对免疫检查点抑制剂治疗的应答及肿瘤控制。

2007 年，人体微生物组计划（Human Microbiome Project, HMP）被提出，这一项目不只是 2003 年完成的人类基因组计划的延伸，还是第一个真正意义上的 HMP，全球许多国家和组织也陆续开展了各类微生物组研究计划。

HMP 的目标是以没有明显疾病的健康人群为对象，检测肠道、皮肤和女性生殖道等微生物群落的组成，描绘人体存在的共同微生物和不同部位的微生物全景图。此外，HMP 还制定了支持可重复的全身微生物组采样、数据生成的实验方案，以及微生物组和流行病学分析的计算方法等，并得到了大量数据。HMP 为我们发现和理解人体内的微生物群体奠定了基础，同时也提出了一个问题：微生物在健康与疾病中扮演了什么角色？人类微生物组整合计划（Integrative Human Microbiome Project, iHMP）回答了此问题。

2019 年 5 月 30 日，《自然》（*Nature*）封面发布了 iHMP 的研究成果。作为 HMP 的第二阶段，该计划包括了微生物组与早产、微生物组与炎症性肠病、微生物组与前驱糖尿病三个部分，即三种与微生物组关联性最为紧密的生理或病理状态。对这三种疾病与人体微生物的研究进一步回答了微生物与人体健康和疾病的关系：早产、炎症性肠病和糖尿病都与特定的微生物组成有关，微生物的紊乱可能影响了人的健康，引起上述疾病的发生。

结语

目前，我们已经知道，肠道菌群组对我们健康的多个方面具有巨大影响，很多因素也都对肠道菌群组的构成产生影响。如果将来有更多的研究报道出来，请不要惊讶。

人体微生物在胃肠道和整体健康中起着重要作用，可以被视为我们人体的一个隐形器官，与身体的其他器官密切联系是理所当然的，任何身体上的疾病或健康都与人体微生物有关也就不足为奇了。我们也期待有更多的研究出现，共同揭示人体微生物的奥秘。

参考文献

- [1] Scheiman J, Lubner J M, Chavkin T A, et al. 2019. Meta-omics analysis of elite athletes identifies a performance-enhancing microbe that functions via lactate metabolism[J]. Nature Medicine, 25(7): 1104-1109.
- [2] Wilson K H, Blitchington R B. 1996. Human colonic biota studied by ribosomal DNA sequence analysis[J]. Applied and Environmental Microbiology, 62(7): 2273-2278.
- [3] Kroes I, Lepp P W, Relman D A. 1999. Bacterial diversity within the human subgingival crevice[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 96(25): 14547-14552.
- [4] Eckburg P B, Bik E M, Bernstein C N, et al. 2005. Diversity of the human intestinal microbial flora[J]. Science, 308(5728): 1635-1638.
- [5] Mazmanian S K, Liu C H, Tzianabos A O, et al. 2005. An immunomodulatory molecule of symbiotic bacteria directs maturation of the host immune system[J]. Cell, 122(1): 107-118.
- [6] Ley R E, Turnbaugh P J, Klein S, et al. 2006. Microbial ecology: Human gut

- microbes associated with obesity[J]. *Nature*, 444(7122): 1022-1023.
- [7] Bäckhed F, Ding H, Wang T, et al. 2004. The gut microbiota as an environmental factor that regulates fat storage[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 101(44): 15718-15723.
- [8] Fei N, Zhao L P. 2013. An opportunistic pathogen isolated from the gut of an obese human causes obesity in germfree mice[J]. *The ISME Journal*, 7(4): 880-884.
- [9] Poutahidis T, Varian B J, Levkovich T, et al. 2015. Dietary microbes modulate transgenerational cancer risk[J]. *Cancer Research*, 75(7): 1197-1204.
- [10] Cox L M, Yamanishi S, Sohn J, et al. 2014. Altering the intestinal microbiota during a critical developmental window has lasting metabolic consequences[J]. *Cell*, 158(4): 705-721.
- [11] Arrieta M C, Stiemsma L T, Dimitriu P A, et al. 2015. Early infancy microbial and metabolic alterations affect risk of childhood asthma[J]. *Science Translational Medicine*, 7(307): 307ra152.
- [12] Schulfer A F, Battaglia T, Alvarez Y, et al. 2018. Intergenerational transfer of antibiotic-perturbed microbiota enhances colitis in susceptible mice[J]. *Nature Microbiology*, 3(2): 234-242.
- [13] Suez J, Zmora N, Zilberman-Schapira G, et al. 2018. Post-antibiotic gut mucosal microbiome reconstitution is impaired by probiotics and improved by autologous FMT[J]. *Cell*, 174(6): 1406-1423. e16.
- [14] Bercik P, Denou E, Collins J, et al. 2011. The intestinal microbiota affect central levels of brain-derived neurotropic factor and behavior in mice[J]. *Gastroenterology*, 141(2): 599-609. e3.
- [15] Routy B, Le Chatelier E, Derosa L, et al. 2018. Gut microbiome influences efficacy of PD-1-based immunotherapy against epithelial tumors[J]. *Science*, 359(6371): 91-97.
- [16] Matson V, Fessler J, Bao R Y, et al. 2018. The commensal microbiome is associated with anti-PD-1 efficacy in metastatic melanoma patients[J]. *Science*, 359(6371): 104-108.

（本文由中国科学院微生物研究所段云峰撰写）



2. 脑子里的这个东西会影响睡眠质量

昨夜的你，失眠了吗？

人的一生大约有 1/3 的时间是在睡眠中度过的，但是全球有 10% ~ 49% 的人患有不同程度的失眠症，睡眠问题已成为全球性的课题。睡不好不仅仅表现为失眠，还包括睡着后又频繁地醒来的情况。这种“碎成渣”的睡眠被一种物质深深影响着……

睡得好不好比睡了多久更重要

很多人会在夜晚频繁醒来（这种情况专业上称为“睡眠片段化”）。例如，照顾新生儿的父母；特护条件下受到睡眠干扰的病重患者；神经系统疾病，如帕金森病、阿尔茨海默病的患者等。对于这类情况，人们的直观感受是“没睡好”。

相比睡眠（图 2-1）总量，人们逐渐意识到睡眠结构（睡眠质量）比睡眠长度更为重要。即使睡眠总时长相对稳定，如果睡眠结构异常（也就是睡眠片段化），也会严重影响生理机能。因此，对调控睡眠结构的神经环路之精准结



图 2-1 睡眠

图片来源：视觉中国

构和功能连接的探究，有助于在神经环路层面上找到影响睡眠质量的“病因”，以便改善睡眠片段化的情况。

中国科学院深圳先进技术研究院脑认知与脑疾病研究所刘畅研究员与美国布兰迪斯大学莱斯莉·格里菲斯（Leslie C. Griffith）教授团队合作，利用果蝇发现了大脑调控睡眠质量的神经机制。他们首次发现果蝇中调节睡眠结构而不影响睡眠总量的神经环路。这一发现有助于研究人员进一步了解调控睡眠的神经机制，推动探索新的治疗干预靶点及治疗策略，从而帮助人们改善睡眠质量。该研究后来发表于《细胞》（*Cell*）子刊《现代生物学》（*Current Biology*）杂志。

研究人类睡眠为何要从果蝇入手？

从果蝇入手研究人类睡眠主要有以下两个原因。

（1）人脑结构过于复杂，无法对其开展直接有效的研究。人脑包含了大约 1000 亿个神经元，其分子机制和细胞连接处于动态变化的状态。由于研究

方法和技术的局限以及伦理的束缚，我们几乎无法一步到位地研究清楚脑结构及其功能。

（2）从果蝇入手开展研究是因为其先天优势明显。果蝇脑内神经细胞数量相对较少（约 10 万个），约是人类大脑神经细胞数量的百万分之一，但其脑结构的复杂度和脑功能的复杂度达到了研究神经生物学的一个理想临界点，同时它具备多种感知能力及对复杂行为的调控能力；果蝇的许多关键基因在进化中变化很小，从昆虫到哺乳动物（包括人类）功能基本相同。因此，在果蝇身上做的许多研究结论，对于我们理解自身也很有帮助。

科研人员怎么判断果蝇是否已经入睡了？如果果蝇周期性地进入一种静息的状态，并且符合下列标准，我们就可以说果蝇睡着了。

- （1）果蝇在静息状态下对较弱刺激无反应，刺激强度升高时会快速觉醒；
- （2）果蝇的睡眠时间受昼夜节律调控；
- （3）果蝇神经元的电位发放情况在“睡眠”和“清醒”时存在差异。

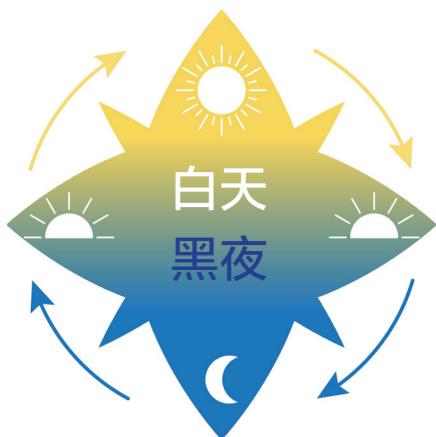


图 2-2 昼夜循环

图片来源：视觉中国

人类睡着的时候也是如此。果蝇的睡眠状态符合哺乳动物（含人类）的睡眠判断标准，所以人们从果蝇入手研究人类睡眠。

调节情绪与食欲的物质，也调节睡眠质量

在探索睡眠质量的“秘密”时，研究人员关注到大脑中一种重要的神经递质——5-羟色胺（5-HT）。5-羟色胺又称血清素，它参与情绪、食欲、