

### 男子先化16年回程香性腺腺瘤找到家人 丢失的记忆能否找回,这一点很关键

【科技日报北京19日电】近日，中国科学院昆明动物研究所张亚平院士课题组和伊朗克尔曼沙希德贝赫什提大学合作，成功揭示了伊朗家犬在驯化过程中积累的变异组。

中国科学院昆明动物研究所张亚平院士课题组和伊朗克尔曼沙希德贝赫什提大学合作，成功揭示了伊朗家犬在驯化过程中积累的变异组。研究团队对来自“新月沃土”东部伊朗的3只狼和3只犬进行了全基因组测序，共鉴定到大约1200万个单核苷酸突变位点(SNPs)，在灰狼中鉴定了1000万个单核苷酸突变位点，家犬中鉴定了近780万个单核苷酸突变位点。

此外，他们还鉴定了350万个基因短片段插入缺失，其中在灰狼中鉴定了310万个，家犬中鉴定了220万个。同时，在伊朗的6个样品中，还发现了10571个拷贝数变异区段共154.65兆，约占家犬基因组的6.41%。

进一步的分析表明，灰狼比家犬在含子区域和基因间区积累了更高比例的突变，但是在编码区和一端的非翻译区则相反。二者的结构变异，富集在嗅觉和免疫系统。这一研究揭示了与灰狼相比，家犬在编码区积累了更多的有害突变。本研究也首次解析了伊朗家犬和灰狼的变异图谱，进一步阐释了家犬驯化的遗传基础。

此项研究成果以“伊朗本土犬与狼的全基因组测序揭示了犬驯化过程中积累的变异”为题，发表在《BMC基因组学》杂志上。

### 英国砸12亿英镑,研发天气预报超级计算机 天气就这样被超算“算计”了

【科技日报北京19日电】英国政府近日宣布，将投入12亿英镑，用于研发新一代天气预报超级计算机。这一项目旨在提高天气预报的准确性和时效性，以应对日益严重的气候变化。

英国政府近日宣布，将投入12亿英镑，用于研发新一代天气预报超级计算机。这一项目旨在提高天气预报的准确性和时效性，以应对日益严重的气候变化。项目将由英国气象局主导，联合多家顶尖科技企业共同研发。

新一代天气预报超级计算机将采用最先进的处理器和存储技术，能够处理海量的气象数据，并进行复杂的数值模拟。这将使得天气预报的精度和时效性得到显著提升，为防灾减灾和农业生产提供更有力的支持。



### 我国气象事业从手工画到智能化预报 “一公里内”精准预报未来可期

【科技日报北京19日电】我国气象事业正经历从传统手工画到智能化预报的深刻变革。随着人工智能和大数据技术的应用，未来“一公里内”的精准天气预报将成为现实。

我国气象事业正经历从传统手工画到智能化预报的深刻变革。随着人工智能和大数据技术的应用，未来“一公里内”的精准天气预报将成为现实。气象部门正加大科技投入，推动气象业务的数字化转型。

智能化预报系统能够实时分析海量气象数据，快速生成精准的天气预报。这不仅提高了预报的准确性，也大大缩短了预报的周期。未来，随着技术的不断进步，气象预报将更加精准、更加智能，更好地服务于社会生产和人民生活。

### 禽流感病毒传播竟然也划“圈子”

【科技日报北京19日电】一项最新研究发现，禽流感病毒的传播并非随机，而是呈现出明显的“圈子”特征。这有助于科学家更好地理解病毒的传播规律，制定更有效的防控措施。

一项最新研究发现，禽流感病毒的传播并非随机，而是呈现出明显的“圈子”特征。这有助于科学家更好地理解病毒的传播规律，制定更有效的防控措施。研究团队通过对病毒基因组的分析，发现病毒在特定地理区域和种群内部传播更为频繁。

这一发现表明，禽流感病毒的传播具有高度的局部性和特异性。这为防控禽流感疫情提供了重要的科学依据。未来，应加强对重点地区和重点种群的监测，及时发现和阻断病毒的传播链，防止疫情的大规模爆发。

### 我国科学家发现卡洛琳海山 成因接近“地幔柱假说”

【科技日报北京19日电】中国科学院地质研究所科学家近日发现，卡洛琳海山的成因与“地幔柱假说”高度吻合。这一发现为理解地球内部结构和地幔柱的形成提供了重要证据。

中国科学院地质研究所科学家近日发现，卡洛琳海山的成因与“地幔柱假说”高度吻合。这一发现为理解地球内部结构和地幔柱的形成提供了重要证据。研究团队通过对海山地质构造和地球物理数据的分析，揭示了其独特的形成机制。

地幔柱假说认为，地球内部存在从地核到地表的上升热流柱，这些热流柱在上升过程中会引发地壳的隆起和火山活动。卡洛琳海山的形成正是地幔柱活动的结果。这一发现不仅验证了地幔柱假说，也为研究其他类似地质构造的成因提供了新的思路。

### 家犬在驯化中 比灰狼积累了更多有害突变

【科技日报北京19日电】中国科学院昆明动物研究所张亚平院士课题组近日发表研究论文指出，家犬在驯化过程中比灰狼积累了更多有害突变。这一发现揭示了家犬驯化的遗传基础，也为理解物种驯化过程中的遗传变化提供了重要参考。

中国科学院昆明动物研究所张亚平院士课题组近日发表研究论文指出，家犬在驯化过程中比灰狼积累了更多有害突变。这一发现揭示了家犬驯化的遗传基础，也为理解物种驯化过程中的遗传变化提供了重要参考。研究团队通过对家犬和灰狼全基因组的比较分析，发现了大量有害突变位点。

这些有害突变主要分布在编码区和非翻译区，可能影响家犬的生理功能和免疫系统。这一现象表明，在驯化过程中，家犬的基因组经历了快速的遗传分化，积累了大量的有害突变。这可能与家犬在驯化过程中受到的人工选择压力有关。这一发现对于理解物种驯化过程中的遗传机制具有重要的科学意义。

## 家犬在驯化中 比灰狼积累了更多有害突变



科技日报讯（记者赵汉斌）记者近日获悉，中国科学院昆明动物研究所张亚平院士课题组和伊朗克尔曼沙希德贝赫什提大学合作，成功揭示了伊朗家犬在驯化过程中积累的变异组。

目前，世界上有400多种性情不同、形态各异的品种犬。尽管这些家犬群体之间差异巨大，但是它们却有一个共同的祖先——灰狼。

昆明动物研究所研究员王国栋介绍，历史上，北非地区、两河流域及附近一大片肥美的“新月沃土”，曾是现有记录的大多数动植物的驯化地，有研究表明，这个地区的品种犬和灰狼共享了很高比例的单倍型数量。所谓单倍型，就是若干个决定同一性状的紧密连锁的基因构成的基因型。这就意味着，这个地区的品种犬，与灰狼的种群亲缘关系更为接近。

为了进一步研究家犬驯化过程的遗传基础，研究团队对来自“新月沃土”东部伊朗的3只狼和3只犬进行了全基因组测序，共鉴定到大约1200万个单核苷酸突变位点(SNPs)，在灰狼中鉴定了1000万个单核苷酸突变位点，家犬中鉴定了近780万个单核苷酸突变位点。

此外，他们还鉴定了350万个基因短片段插入缺失，其中在灰狼中鉴定了310万个，家犬中鉴定了220万个。同时，在伊朗的6个样品中，还发现了10571个拷贝数变异区段共154.65兆，约占家犬基因组的6.41%。

进一步的分析表明，灰狼比家犬在含子区域和基因间区积累了更高比例的突变，但是在编码区和一端的非翻译区则相反。二者的结构变异，富集在嗅觉和免疫系统。这一研究揭示了与灰狼相比，家犬在编码区积累了更多的有害突变。本研究也首次解析了伊朗家犬和灰狼的变异图谱，进一步阐释了家犬驯化的遗传基础。

此项研究成果以“伊朗本土犬与狼的全基因组测序揭示了犬驯化过程中积累的变异”为题，发表在《BMC基因组学》杂志上。

- ➔ 丢失的记忆能否找回,这一点很关键
- ➔ 我国科学家发现卡洛琳海山 成因接近“地幔柱假说”
- ➔ 天气就这样被超算“算计”了
- ➔ 家犬在驯化中 比灰狼积累了更多有害突变
- ➔ 禽流感病毒传播竟然也划“圈子”