

量子联手类脑智能 信息处理更像人

■本报见习记者 田瑞颖

大脑是人体最复杂的器官，也是高超、精巧和完善的信息处理系统。虽然现代人工智能模型在识别图像、语音、文字等方面已经有优异的表现，但相较于能处理复杂多变环境信息的大脑，人工智能模型仍“逊色”不少。

人脑的信息处理机制能为人工智能“进化”开辟新思路吗？近日，中科院自动化研究所研究员曾毅团队提出了受量子叠加启发的脉冲神经网络(QS-SNN)，相比传统的人工神经网络，它在背景反转图像识别、带有噪声的图像识别方面都表现出了更好的泛化能力。相关研究成果发表于《交叉科学》。

灵感源于量子大脑假说

大脑的高效性受很多重要因素影响，包括大脑神经元的种类、数量以及连接的复杂性。此外，神经元发放的脉冲序列所具有的时间维度信息、大脑中可能存在的量子信息处理机制都可能是大脑产生高级功

能的关键。

量子生物学研究发现一些生物反应过程中可以观测到量子效应，但大脑是否是一个量子信息处理系统仍存争议。曾毅表示，开展这项研究并不是为了给量子大脑假说提供直接的有说服力的证据，而是探索受量子信息理论和大脑脉冲信号编码启发的新型人工智能模型。

他认为，与传统的人工神经网络不同，大脑的复杂认知功能，一方面源于其神经元和网络连接的复杂结构，另一方面源于其强大的信息编码能力。虽然以往的研究已经证明量子计算的引入加速人工智能模型的信息处理，但他们仍希望另辟蹊径，通过量子理论的引入使神经网络获得前所未有的能力。

“量子信息和神经元脉冲之间具有机制上的相似性。量子态以希尔伯特空间的复向量表示，对应的神经元脉冲也具有频率和相位时空维度信息，而传统的人工神经网络只在实数空间表示信息，信息维度的拓展意味着表示能力加强。”曾毅解释道。

基于此，研究人员提出了受量子信息启发的神经元脉冲频率—相位信息编码模式，该模式结合脉冲神经网络，能够很好地处理背景反转的图片以及加入背景噪声的图片，获得超过传统卷积神经网络的性能。

更接近于人的能力

对于背景反转等图像属性的巨大变化，传统的全连接人工神经网络(ANN)和卷积神经网络模型是难以处理的，而 QS-SNN 模型在识别背景反转图像时，能够保持识别性能基本不变，这与人类的认知行为更接近。

不仅如此，与其他神经网络模型相比，QS-SNN 在抗干扰能力方面也更接近人类的视觉能力。随着更多反转像素噪声添加到图像中，它们变得越来越难以识别，而当更多的噪声添加到像素中，图像特征再次变得清晰，QS-SNN 迅速恢复了对图像的识别能力，而其他的人工神经网络模型却没有。

实际上，传统的量子机器学习研究中，

会将图像处理方法与量子信息理论相结合，将图像转换为量子状态，从而使用量子计算加速图像处理算法。但曾毅认为，这样的融合并没有赋予人工智能模型新的认知能力。

该论文第一作者、中科院自动化研究所博士生孙胤乾表示，该研究提出了一种互补叠加信息编码方法，并在量子图像形成和时空脉冲序列之间建立了联系。与柔性量子图像表征算法不同的是，这种编码方法在借鉴传统量子图像编码的基础上使用了纠缠态量子比特编码原始图片信息和背景反转图片信息，而柔性量子图像表征算法只是编码像素信息。

实际上，早在 2017 年，曾毅团队就开始类脑量子智能的研究，他们相信，将量子理论融入类脑智能的研究会给传统的人工智能模型带来新的能力。“虽然这只是初步尝试后取得的点滴成果，但让我们在开展后续研究时信心倍增。”

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1016/j.isci.2021.102880>

■ 简讯

“科创中国”开源创新联合体召开首次联席会议

本报讯 近日，“科创中国”开源创新联合体(以下简称联合体)在京召开第一次理事长、秘书长联席会议。会议听取了联合体秘书处关于近期工作总结和下一步工作计划的汇报，审议了申请加入联合体机构名单。

会议还进行了 RISC-V 开源芯片产业发展研讨，联合体荣誉理事长、中国工程院院士倪光南作主旨报告。他提出 CPU 芯片和操作系统是网信领域最基础的核心技术，只有少数企业能承受中高端芯片研发成本，制约了芯片领域的创新。实践表明每一种 CPU 在市场竞争中要取得成功很大程度上取决于其生态系统，开源芯片生态将是一种开发、推广和商业模式。

(高雅丽)

清华—智源健康计算联合研究中心成立

本报讯 近日，北京智源人工智能研究院宣布与清华大学智能产业研究院(AIR)联手成立清华—智源健康计算联合研究中心，AIR 首席科学家马维英任联合中心主任。

中心将通过人工智能技术推动健康各领域从孤立、开环走向协同、闭环发展，推动被动式健康管理走向提早预测、主动预防、个性化、主动参与的新范式，实现更智能的个人健康管理、更有效的公共健康治理。目前中心已汇集了人工智能机器学习、计算机视觉、自然语言处理、生物信息学、分布式计算、智能硬件等领域的高水平研究人员。

(郑金武)

“蚊子工厂”巧用核技术灭蚊

本报讯 (记者朱汉斌 通讯员李建平)蚊子是传播疟疾、登革热、寨卡热等疾病的重要媒介。据世界卫生组织统计，每年蚊媒传染病造成的死亡人数超过 70 万，蚊子也因此被认为是“世界上最致命的动物”。

近期，由中山大学组建的中国国家原子能机构核技术(昆虫不育)研发中心就将核技术应用在了“灭蚊子”上。这听起来似乎有点不可思议，其实，在实验室使用射线辐照

破坏雄蚊的生育能力，正是核技术的一种应用。这些不育雄蚊被释放到野外后，与野生雌蚊交配，使雌蚊不产生子代，从而达到降低蚊媒病发病率的的目的。

据国家原子能机构核技术(昆虫不育)研发中心主任吴忠道介绍，与传统虫媒防治方法相比，这种做法不会产生化学污染，杀蚊选择性强，不祸及其它有益生物或害虫天敌，并且不会诱导蚊子产生抗药性，防治效

果持久，是目前唯一有可能在一个区域内根除特定蚊虫、达到控制疾病传播目的的现代生物防治技术。

为了推动研发中心的关键技术运用与转化，中山大学成立了国有投资为主体的蚊媒防控技术产学研运营公司——广州中大核昆虫生物技术有限公司，即中山大学“蚊子工厂”，选址东莞中山大学研究院，于 2020 年 12 月建成并投产。

亚季风的形成和发展紧密切正相关；虽然横断山区的物种分化速率高于非横断山区，但没有发现不同山地系统之间有物种形成速率的转换。

“这些研究结果暗示中新世中期由东亚季风带来的温暖湿润气候在马铃薯属物种的快速分化中起主要驱动作用，而地质历史事件(如山地抬升)的作用是次要和间接的。”康明说。

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1093/sysbio/syab068>

今年 6 月，中山大学与国际原子能机构签约，成立“国际原子能机构核技术(昆虫不育)协作中心”。双方在核技术蚊媒控制领域展开合作，在核技术和平科学利用上作出更多探索 and 成绩，尤其为发展中国家控制蚊媒传染病和应对国际公共卫生健康挑战提供更多解决方案。

吴忠道表示，未来，中山大学“蚊子工厂”将建成为“亚洲地区绝育蚊大生产基地”，预计生产车间产能将达 4000 万~5000 万雄蚊/周，以提供足够的绝育蚊虫。他们还计划在粤港澳大湾区建立 3~4 个灭蚊示范点，并且设立海外培训基地。

河南又成暴雨中心？

专家提示警惕强风暴雨叠加致灾

■本报见习记者 辛雨

根据中央气象台预报，8 月 21 日至 24 日，我国自西向东有一次强降雨天气过程。其中，刚刚经历“7·20”特大暴雨的河南，时隔一个月后，再次遭遇强降雨。

此次强降雨与“7·20”特大暴雨相比，强度如何？致灾风险大吗？中央气象台首席预报员张涛进行了解读。

影响 9 省市 四川河南降雨最强

张涛表示，此次强降雨具有影响范围广、局地降雨强、系统移速快等特点，同时，在黄淮地区伴有大风。由于这次过程移动速度比较快，所以累计雨量不会特别极端，但短时雨强比较大，需要引起注意；此次降雨叠加河南前期受灾区域，水库、湖泊、河流都需要严阵以待。

张涛解释，从系统配置看，此次强降雨过程是十分典型的季风降雨，副热带高压西伸，让来自印度洋、南海、西太平洋的暖湿气流顺畅地沿副热带高压西侧边缘北上，与来自北方

的冷空气形成对峙之势，造成大范围降雨。

此次强降雨影响范围广。四川、重庆、陕西、山西、河南、湖北、安徽、山东、江苏等 9 省(市)都在强降雨落区里，整体以中到大雨为主，但在几个比较集中的地方，会出现大到暴雨。其中，以四川盆地和河南的降雨最强，局地雨量可达 250~400 毫米，这已是特大暴雨的级别。

此次降雨区域与前期受灾地区重叠

这次降雨过程中，河南又是暴雨中心。时隔一个月，不禁让人想起上个月“7·20”特大暴雨，两次过程在强度、成因上有何异同？

对此，张涛表示，河南这次的暴雨过程与“7·20”不同。这次降雨过程是移动性的，不会重现此前降雨的“盘桓不前”，因此累计雨量不会特别极端。进一步来讲，这次过程是副热带高压西侧引导气流和水汽组合形成的暴雨，是典型汛期暴雨配置。相比之下，“7·20”过程中台风和副热带高压在海上，离

得较远，属于间接影响，加上水汽和地形等方面产生“化学反应”，不仅今夏独有且历史罕见，最终导致了那场罕见的破纪录暴雨。

不过，张涛特别提示，这次的累计雨量虽然不会特别极端，但仍可能会给河南带来不利影响。因为 1 个月前极端暴雨给河南带来的灾情影响尚未完全过去，此次降雨区域又与前期暴雨受灾地区重叠，因此建议当地提前做好防汛排涝和应急处置准备工作。

河南山东等地还需防范大风

张涛表示，这次降雨过程有一个十分典型的特点是不仅雨大，风还特别强。随着夏秋季节转换，北方的冷空气渐渐活跃，与来自南方的暖湿气流碰撞过程中“搓”出 3 个气旋，落在西南到东北一线上，分别位于东北、西北地区东部到河南、山东，以及四川盆地。这 3 个区域也是本轮降雨集中区域。

特别是西北地区东部到河南、山东的气旋沿河南、山东向东移动过程中自带强

风，强风加大雨，破坏力更强。从防范角度来说，这个气旋经过的沿线地区可把这次过程当作“陆地上的热带气旋”，以高标准进行防范。

根据预报，22 日至 24 日河南中东部、山东大部及黄海海域先后有 4~6 级、阵风 7~9 级的旋转风，局地阵风可达 8~11 级。

因此，河南、山东等地需做好户外广告牌、临时搭建物的加固，减少或避免高空作业；黄海海域需防范大风对过往船只、海上作业的不利影响。

张涛提示，目前可以预见 3 个降雨中心大致的位置和强度，但还需关注可能隐藏在 3 个降雨中心下尺度小得多的强对流天气过程。这些像“水沸腾后的小水泡”一样的强对流过程，是真正决定单点降雨极端性的中小尺度系统。

从自然规律上来说，尺度越小存在的不确定性就越大，可预报性就越低，所以，各地还需动态关注当地气象部门滚动更新的短时临近预报预警信息。

■ 发现·进展

华东师范大学

用葡萄酒成分 调控肿瘤免疫治疗



叶海峰供图

本报讯 (记者秦志伟)华东师范大学医学合成生物学研究中心研究员叶海峰团队开发出通过葡萄酒固有生物活性成分白藜芦醇调控的基因表达装置，并率先应用于可控肿瘤免疫治疗中，实现 T 细胞活性的精准控制。相关研究近日发表于美国《国家科学院刊》。

白藜芦醇是一种有益于人类健康的非黄酮类多酚化合物，是一种安全的天然小分子，可被设计用于基因表达调控开关。实际上，除了存在于葡萄中外，白藜芦醇同样普遍存在于花生、虎杖等植物中，具有抗氧化、抗炎、抗癌及心血管保护等作用。在这之前，白藜芦醇已被广泛用于保健品、化妆品、饮料、食品等领域。

嵌合抗原受体 T 细胞疗法(CAR-T 疗法)通过改造患者自身的 T 细胞使其能够识别肿瘤抗原，进而消除肿瘤细胞，被认为是最有潜力攻克癌症的疗法之一。特别是 2012 年使用 CAR-T 治疗白血病成功的案例更是点燃了科学家探索 CAR-T 疗法和推广其临床应用的热情。

然而，随着临床研究的深入，CAR-T 疗法带来的副作用让人始料未及。叶海峰向《中国科学报》介绍，尽管 CAR-T 疗法可以快速识别并杀伤肿瘤细胞，但 T 细胞快速且剧烈的响应过程会引发大量细胞因子的释放，导致细胞因子风暴、肿瘤溶解综合征等致命副作用。

解决细胞因子风暴最有力的策略是控制 CAR-T 细胞活性，而如何安全、精准控制其活性是全球科学家共同面临的挑战。

“以‘功能开关’模式控制工程化 T 细胞，可以减轻 CAR-T 疗法毒副作用。”叶海峰说。

于是，叶海峰团队以临床问题为导向，以白藜芦醇为突破口，利用 6 年多的时间，设计构建由白藜芦醇调控的转基因表达系统，通过白藜芦醇调控 T 细胞中 CAR 的表达与抑制，从而实现可控 CAR-T 细胞免疫治疗。

为了通过功能关闭/开启模式实现更安全的肿瘤免疫治疗，研究人员分别构建了白藜芦醇调控转基因表达的抑制系统和诱导系统，并利用白藜芦醇响应的反式激活因子和反式阻遏蛋白分别开发抑制(RESrep)和诱导(RESind)转基因表达控制装置。

经优化后，装置可控制人源 T 细胞的 CAR 表达和 CAR 介导的抗肿瘤免疫治疗功能。

进一步研究证明，在原代 T 细胞和异种移植肿瘤小鼠模型中，RESrep-CAR 装置可有效抑制 T 细胞活化。不仅如此，研究人员也证明 RESind-CAR 装置可通过对白藜芦醇浓度改变实现对 T 细胞活化的微调和可逆控制。

“在白血病小鼠模型中，通过口服或者腹腔注射白藜芦醇都可以精准调控 CAR 受体表达 T 细胞对肿瘤细胞的杀伤，从而延长小鼠的生存时间。”叶海峰说。

研究团队成功构建了白藜芦醇调控转基因表达的抑制系统和诱导系统，为合成生物学研究增添了一个有力的基因控制工具。此外，该研究所构建的白藜芦醇调控基因表达系统同时可用于精准调控任意基因编码的治疗性蛋白和其它精准可控的药物递送，为未来基于基因和细胞治疗的精准医学提供了一种安全可控的新工具。

相关论文信息：<https://doi.org/10.1073/pnas.2106612118>

中科院海洋研究所等

揭示微小杆菌属多样性

本报讯 (记者廖洋 通讯员王敏)近日，中科院海洋研究所张德超课题组与华中农业大学郑金水团队合作，对来源于海洋和陆地环境的微小杆菌开展了大尺度生理代谢和比较基因组分析，获得众多新认知。相关研究成果在线发表于美国微生物学会期刊 *mSystems*。

微小杆菌是一类革兰氏阳性、无芽孢、兼性厌氧细菌。其分布生境广阔，具有多种独特性质，包括耐/嗜热性、耐/嗜冷性、耐/嗜碱性和耐/嗜盐性等。然而，微小杆菌广泛分布的生存基础及适应性进化机制尚不清楚。此外，过去以 DNA-DNA 杂交为基础的细菌分类鉴定方法，导致微小杆菌属已发表物种之间存在一些分类混乱。

据介绍，该研究基于课题组海洋微生物种库，对 105 株来源于海洋和陆地环境的微小杆菌，开展了大尺度生理代谢和比较基因组分析。

基于系统发育和平均核苷酸一致性，研究团队从基因组水平将微小杆菌属分为 2 个基因类群——I 组和 II 组，对已发表物种进行了重新分类。研究团队提出，*E.encelese* 和 *E.indicum* 应重新合并为同一个种；*E.antarcticum* 和 *E.soli* 应重新合并为同一个物种。此外描述了 2 个微小杆菌的新物种，分别命名为青岛微小杆菌和藻微小杆菌。

研究表明，绝大部分微小杆菌能在较宽范围的温度、盐度和 pH 值下生存，能产生蛋白酶和淀粉酶等。比较基因组分析发现，微小杆菌能利用一系列复杂多糖和蛋白质在不同环境中生存。此外，微小杆菌还能利用大量伴侣蛋白和转运蛋白。I 组类群广泛分布在陆地环境，相对于 II 组类群，其基因组更大。转运蛋白家族的扩张驱动着 I 组类群基因组的扩张。研究人员预测到 25 个涉及有机物或无机物运输和抵抗环境压力的转运蛋白家族，可能有利于该属更广泛地分布。

该研究揭示了微小杆菌属的多样性和其全球分布的基因基础，以及该属进化适应性策略，并解释了该属不同类群适应环境的差异决定因素。

论文相关信息：<https://doi.org/10.1128/mSystems.00383-21>