

从盲目拼图到智能复原：

# AI 照亮生命的未知版图

■本报记者 李晨

一克土、一片叶、一滴水，均隐藏着人类认知不足 1% 的微生物世界。

想象一下，如果一种微生物的基因组是一幅拼图——成千上万种微生物的基因组拼图拆成碎片并混在一起，那么微生物宏基因组分箱技术面临的终极挑战，便是在没有任何参考图纸的情况下，将它们准确复原。

近日，中国工程院院士、南京农业大学教授沈其荣团队开发的 LorBin 算法成功解决了三代宏基因组分箱的共性关键技术难题。他们正试图让这些“隐形居民”首次拥有清晰的基因身份证。相关成果在线发表于《自然－通讯》。

## 地球生命的未知版图

微生物看不见、摸不着，却与人类生活紧密相连。论文共同通讯作者、南京农业大学资源与环境科学学院教授韦中向记者展示了这样一组数据：1 克土壤中活跃着数以亿计、种类复杂的微生物。

“微生物组被称为地球生命的‘暗物质’，是因为目前仍有超过 99% 的微生物无法在实验室条件下分离培养。”韦中说。

通过破解微生物基因组的信息，人们不仅能够识别环境中已知与未知的微生物种类，还可以直接从基因序列预测其潜在的生理功能、代谢通路，以及微生物与宿主或环境间的相互作用机制。

“微生物研究将从描述性的物种组成成分迈入功能机制探索的阶段。”韦中说。

宏基因组测序技术成为破解这一难题的关键途径，特别是三代测序技术的发展，让碱基序列的检测长度更长、质量更高。“短读长测序如同将一本书撕成无数碎片，难以拼回原貌；而长读长技术则能直接获取完整的‘段落’甚至‘章节’。”论文共同通讯作者、南京农业大学资源与环境科学学院副教授江高飞解释道。

## “小麦时空图谱计划”启动

本报讯(记者刁雯蕙)近日，第二届植物时空组学国际研讨会暨北京国际学术交流季在北京举行。来自全球 13 个国家和地区的 460 名专家学者围绕植物时空组学前沿技术、多物种研究应用及全球粮食安全等议题展开深度研讨。会上，“小麦时空图谱计划”正式启动。

该计划由中国、澳大利亚、德国等多国专家共同发起，将秉持开放包容的原则，面向全球科学界广泛征集合作伙伴。该计划旨在构建全球首个开放共享的小麦全生命周期时空单细胞图谱。该图谱将精准呈现小麦从种子萌发到成熟收获各阶段的细胞分化、基因表达及代谢变化规律，为小麦精准育种提供“导航图”，不仅有利于破译小麦的生命密码以应对粮食安全挑战，更为未来培育更高产、优质和抗逆的“定制化”小麦奠定科学基础。

本次大会由植物时空组学联盟、基因组多组解析技术全国重点实验室主办，是 2025 中关村论坛系列活动之一。

## 南京工业大学科产教融合培养创业型工程人才——

# “螯合”产业需求 链通要素育人

■朱琳

“从实验室的原理验证到企业生产线的技术落地，学校系统培养了我们的创新能力，让我们真正理解市场需要什么样的产品。”南京工业大学(以下简称南工大)2011 学院大四学生赵柄昇感慨道。日前，他带领团队研发的“感存算一体缺陷检测技术”，不仅签下 200 万元意向订单，还在中国国际大学生创新大赛(2025)中斩获金奖。

赵柄昇从大一起加入导师课题组，在“大创”项目与校企合作支持下持续攻关，成果已进入实际应用验证阶段。南工大校长蒋军成指出，该成果是学校“ $\pi+$ ”人才培养理念的生动体现——在“ $\pi$ 型”人才基础上，强化产业耦合度、动态适配性与自进化能力，着力培养能够深度融合“四链”、适配现代产业体系的创业型工程人才。

## 源头校准：“螯合”产业需求，重塑育人根基

盾构技术、建筑机器人、构件智能制造、工程物联网……南工大“土木工程施工与数字建造”课堂上，一系列行业前沿内容让学生耳目一新。“过去教学偏重劳动密集型工艺，如今必须将智慧工地、装配式建筑、3D 打印等数智技术融入教学。”该校土木工程学院教授岳健广介绍，学院联合中建三局、中建科工、中铁等企业，共同升级课程与教案，精准对接产业发展，提升学生岗位竞争力。

为增强人才培养的社会适配度，南工大持续推进“产教融合”，与企业共同制定

然而，三代宏基因组测序分析面临原始数据量庞大、碱基序列错误率高，以及分析算法不完善等挑战。“尤其是在分箱重构高质量单菌基因组这一关键环节，传统工具如同为超级显微镜配了个老花镜，造成了信息资源的巨大浪费。”江高飞说。

论文共同第一作者、南京农业大学智慧农业学院(人工智能学院)副教授薛卫解释称道，“宏基因组分箱”的核心目标是从复杂微生物群落中重构高质量的单菌基因组。这个过程需要将测序得到的碱基序列进行组装，形成更长的序列片段，随后再将这些片段分配到若干“箱”中。在理想情况下，每个箱对应一个微生物的基因组。

“看似简单，实则挑战巨大。”韦中说，“既要克服复杂微生物群落中物种组成与丰度的不确定性，又要有效区分高度相似近缘物种，甚至菌株水平的遗传变异规律。”

## 为微生物基因组拼图装上“AI 眼睛”

面对这些挑战，南京农业大学资源与环境科学学院与智慧农业学院(人工智能学院)展开了跨学科合作。薛卫形象地描述了他们的创新思路：“传统方法就像是在黑暗中盲目拼图，而我们要做的是给这个过程装上‘人工智能(AI)眼睛’。”

LorBin 的核心创新在于深度融合了多项前沿 AI 技术：生成式 AI、无监督学习、深度学习和注意力机制等。薛卫进一步解释道：“这项研究中主要有四大技术突破，对应分箱过程中的每个关键难点。这使得 LorBin 的内核拥有一个能够自主学习和智能决策的‘AI 大脑’。”

第一项创新是适配变分自编码器。薛卫打了个比方：“这就像教 AI 识别带有口音的普通话——它能够自动过滤三代测序数据中的‘噪声’，提取稳健、可用于区分不同微生物的深层



序列特征，彻底摆脱了对人工设计特征的依赖，实现了对数据本质更智能的解读。”

第二项创新是两阶段多尺度自适应迭代聚类算法。韦中用显微镜对焦来比喻，首先用“低倍镜”快速锁定大目标，分离出高丰度物种；然后自适应调整，用“高倍镜”精细挖掘那些数量稀少但重要的稀有微生物。这显著提升了新物种的发现能力。

第三项创新是，在质量评估环节，团队引入了单拷贝基因集等信息引导的循环分箱质量评估模型。“这相当于在装配线上设置了质检员，对每个‘产品’进行实时检测，确保基因组不被混淆或错误分裂。”江高飞说。

令人耳目一新的是第四项创新：采用 Transformer 模型评估高维数据的空间分布特征。“不同微生物的数据在空间中呈现不同形态，有的像苹果般饱满，有的则像月牙般有缺口。理解这种凹凸性直接关系到分类算法的选择。”论文共同第一作者、已毕业研究生刘佐解释称。

这些技术共同构成了一个完整的解决方案，取得的基准测试结果令人振奋。LorBin 整体优于以往 6 种高性能深度学习算法，重构的高质量单菌基因组比现有工具多 15%~189%，意味着从相同样本中能挖掘出成倍增加的完整、纯净的微生物基因组，极大扩展了可研究的微生物。

LorBin 识别的特有物种数量更是其他工具的 2.4~17 倍，直接体现了其在探索微生物“暗物质”上的较大优势。这些提升为功能基因挖掘、微生物生态机制解析等领域打开了新窗口，有望推动微生物组学研究进入“看得更多、看得更清、发现更新”的阶段。

薛卫强调：“LorBin 具有良好的硬件适配性，只需配备常规图形处理器的 Linux 计算机就能顺畅运行，极大降低了使用门槛。”

## 从实验室“照进”现实

薛卫向《中国科学报》特别强调了这一工具的开源价值：“我们已将 LorBin 的代码在 GitHub 平台全面公开，并结合多种工具和模块搭建了智能分析流程。”

这种开源共享的理念，正是团队跨学科合作精神的延伸。回顾研发历程，薛卫感慨道：“LorBin 的诞生，源于资源与环境科学学院 LorMe 实验室和智慧农业学院(人工智能学院) BioAI 实验室的‘双向奔赴’。这并非简单的技术嫁接，而是一次生物学与 AI 的深度对话。”

LorBin 的突破不仅体现在技术指标上。在医学领域，LorBin 展现出强大的病原体检测能力。团队利用该工具对 104 个肠道样本进行分析，成功复原了 3194 个中高质量的微生物基因组，从中识别出 477 个潜在的病原菌物种。

在农业领域，LorBin 正在改变传统的微生物组研究范式。韦中指出：“过去我们只知道‘土壤里有好细菌’，而现在能精准锁定那些负责固氮、解磷，促进作物生长的‘明星菌株’。”

这一突破为农业微生物肥料研发提供了新思路。通过解析作物根际微生物基因组，研究人员可以挖掘出能够促进作物生长的有益菌株，实现在不改变作物基因的前提下提高产量。

环境监测是 LorBin 的另一重要应用场景。该工具能够完整描绘污染物被微生物降解的路径图，并能准确识别环境中耐药基因的携带者及其传播网络。

LorBin 推动了微生物组研究从“观测时代”向“发掘与创造”的转变。“它使我们能够窥见此前被遮蔽的、数量稀少但功能关键的低丰度微生物。这些微生物往往是驱动整个生态系统运转的‘核心引擎’。”韦中说。

相关论文信息：  
<https://doi.org/10.1038/s41467-025-64916-8>

## 发现·进展

中国科学院合肥物质科学研究院

# 新型 AI 系统在“零样本”条件下“看懂”胸片

本报讯(记者王敏)中国科学院合肥物质科学研究院研究员李海团队开发了一种新型人工智能(AI)医疗诊断系统 MultiXpert，能够在“零样本”条件下对胸片进行智能诊断，意味着它无需任何标注数据，就能识别出从未见过的疾病，从而使 AI 具备更接近医生诊断思维的能力。日前，相关研究成果发表于《信息处理与管理》。

胸片是临床最常用的影像学检查手段之一，但人工判读耗时且依赖专家经验。传统 AI 系统虽在一些任务中媲美专家，却严重依赖大量人工标注的数据，难以应对新发疾病或不同医院之间的数据差异，导致模型泛化能力有限，无法满足复杂临床环境下的精准诊断需求。

为应对这一挑战，李海团队提出了多模态双流协同增强的新思路，构建了一个无需额外标注数据即可实现“零样本”高精度诊断的胸片智能分析框架 MultiXpert。它能够同时处理图像与文字信息，并利用大语言模型和放射科专家知识优化病灶描述，实现图像与语言的深度融合，让 AI 面对未见疾病也能“看懂”胸片，从而更加趋近于医生的思考逻辑。

结果显示，MultiXpert 在 4 个单标签公共数据集上 AUC(评估模型的一个指标)平均提升 7.5%，在零样本场景下较主流视觉语言模型平均提升 3.9%。在来自 10 家医院的多中心私有数据上，MultiXpert 相较于传统的单中心监督学习模型 AUC 提升 13.9%至 22.6%，充分证明了其优异的跨中心泛化性能与临床可迁移性。

该研究为胸片“零样本”智能诊断提供了新的技术路径，也为医学 AI 从“依赖标注”迈向“自主理解”提供了新范式。

相关论文信息：  
<https://doi.org/10.1016/j.ipm.2025.104468>

华东师范大学等

# 仅需微量泪液30秒内即可诊断糖尿病性白内障

本报讯(见习记者江庆龄)华东师范大学教授万晶晶团队联合上海交通大学医学院附属第九人民医院副研究员苏瑾、教授范先群、主任医师郭涛团队开发了一种新方法，仅需 10 纳升泪液，即可在 30 秒内精准、无创诊断糖尿病性白内障，并揭示了糖尿病性白内障在眼表与眼内独特又密切相关的代谢重编程规律。近日，相关研究成果发表于《自然－通讯》。

作为一种完全无创、易于获取的眼部体液，泪液蕴含丰富的疾病分子信息，是理想的无创诊断生物标志物来源。然而，非刺激性泪液的量极少，且其中代谢物浓度低，对分析技术的灵敏度与通量提出了极高要求。传统的液相色谱－质谱联用技术所需样本量大、前处理复杂、分析时间长，难以应用于临床泪液样本的高通量检测。

研究团队研发的基于纳米颗粒增强激光解吸电离质谱(NELDI-MS)的方法，将代谢物检测的信号响应提升 1 至 3 个数量级，同时实现了高通量、高灵敏度和高重复性，契合了痕量泪液代谢分析需求。利用该方法，研究团队对 168 名白内障患者的泪液样本进行了分析，并进一步构建了一个仅包含 3 个关键代谢特征的诊断模型，在验证队列中表现出色。这意味着，仅需采集 10 纳升泪液，即可在分钟级别内实现对糖尿病性白内障的精准、无创鉴别诊断。

为了对 NELDI-MS 筛选出的关键代谢特征进行精准鉴定，研究团队提出了基于痕量样本的快速二维信息特征匹配策略，锁定了泪液中的诊断标志物。同时，研究团队发现 1.5- 脱水葡萄糖醇可作为糖尿病性白内障的生物标志物，其水平降低可能是糖尿病性白内障发生发展的重要环节。

相关论文信息：  
<https://doi.org/10.1038/s41467-025-65082-7>

中山大学等

# 实现北极海冰厚度逐日监测

本报讯(记者朱汉斌 通讯员曹宁)中山大学教授程晓、郑雷团队与合作者，依托我国自主构建的“天目一号”卫星星座，在北极海冰监测领域取得重大突破，首次实现了对北极海冰厚度的逐日、高精度监测。研究为极地航道冰情保障提供了关键数据支撑。相关成果近日发表于《科学通报》。

作为海冰监测的关键参数之一，海冰厚度长期以来缺乏及时、高精度的遥感监测手段。尽管全球导航卫星系统反射测量(GNSS-R)技术为此提供了新可能，但以往研究多依赖其他卫星数据的辅助，且单颗卫星覆盖范围有限，制约了其应用能力。2024 年 1 月，“天目一号”GNSS-R 卫星星座完成阶段性部署，目前在轨卫星达 22 颗，已成为全球规模最大的 GNSS-R 星座。该星座具备对极地进行高频次、大范围同步观测的能力。

研究团队联合航天天目(重庆)卫星科技有限公司、国家卫星气象中心，基于“天目一号”GNSS-R 卫星星座，通过耦合海冰微波反射模型与热力学模型，发展了一种不依赖其他卫星数据的北极海冰厚度独立监测方法。该方法将日尺度海冰厚度产品的有效监测能力从 0.5 米提升至 1 米以上，可提供每日 25 公里及每周 6.25 公里空间分辨率的北极海冰厚度数据。

相关论文信息：  
<https://doi.org/10.1016/j.scib.2025.11.049>