



破译“小豆丁”与珊瑚礁的共生“密码”

■本报记者 朱汉斌

海洋生物的起源、演化及多样性形成机制一直是学界的研究热点。在广袤的海洋中，珊瑚礁生态系统以极高的生物多样性脱颖而出，成为众多海洋生命的摇篮。

近日，美国《国家科学院院刊》(PNAS)以封面论文形式发表了中国科学院南海海洋研究所(以下简称南海海洋所)研究员林强团队与合作者的最新研究成果。他们聚焦海龙科鱼类对珊瑚共栖的适应进化机制，成功解密珊瑚礁共栖物种形成与适应进化的遗传调控机制，为生物多样性研究提供了全新视角。

“我们以典型的珊瑚礁共生物种豆丁海马为研究对象，解析了其体形小型化和拟态演化的关键遗传因素，验证了 *hoxa2b* 基因对鱼类颌面骨骼发育的重要调控功能，并首次提出珊瑚礁驱动共栖物种小型化的新观点。”论文共同通讯作者林强对《中国科学报》表示。

PNAS 编辑和审稿人对该研究给予高度评价，认为豆丁海马是珊瑚礁共生的典型代表，研究团队基于详实数据和深入分析，揭示了其独特的小型化、拟态和免疫等遗传特征，是一项十分有趣且有意义的工作。

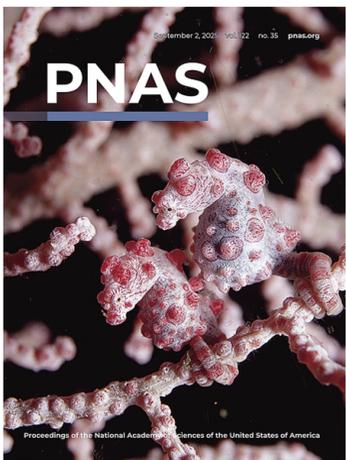
豆丁海马与珊瑚共生之谜

豆丁海马是已知体形最小的硬骨鱼类之一，成体全长仅 1-2 厘米，终生专性栖息在柳珊瑚上。与其他海马不同，豆丁海马没有育儿袋结构，胚胎植入雌鱼体内发育，形成了独特的“雌性体内怀孕”模式。为更好融入宿主柳珊瑚的环境，豆丁海马全身覆盖类似柳珊瑚的瘤状结节，“长吻”退化，与柳珊瑚在视觉上几乎融为一体，堪称“伪装大师”。

然而，柳珊瑚分泌的毒素属于自然界最致命的天然毒素之一，给豆丁海马与柳珊瑚的零距离接触带来了严峻挑战。两者之间独特的附生关系是如何形成的，柳珊瑚又是如何驱动豆丁海马体形演化的，这些问题一直是学界关注的焦点。

为了解开这些谜题，林强团队联合德国康斯坦茨大学教授、南海海洋所特聘研究员 Axel Meyer 等人，对豆丁海马进行了多组学分析和生物实验解析。研究发现，宿主柳珊瑚不仅“驱动”豆丁海马的伪装能力演化，还显著削弱其免疫能力，主要依靠柳珊瑚分泌的抗菌肽类物质实现免疫功能。

论文共同第一作者、南海海洋所副研究员曲滕表示，在共生演化过程中，柳珊瑚分泌物对豆丁海马的生存是一把“双刃剑”。一方面，豆丁海马的神经传导和离子通道相关基因发生了显著的快速进化，表明它们可能衍生出对柳珊瑚毒素更强的耐受或抵抗能力；另一方面，豆丁海马能



当期期刊封面。

研究团队供图

够利用宿主珊瑚分泌物的免疫保护功能抵御外源病原体，这可能与豆丁海马大量丢失免疫相关基因存在协同演化关系。

“豆丁海马的演化过程受到宿主珊瑚的影响。它采取‘免疫精简’策略，既降低了能量消耗，又有效避免了胚胎着床过程中的免疫排斥反应，有助于‘雌性体内怀孕’模式的形成。”曲滕称，这种高度依赖宿主、通过主动“精简”自身基因组获取生存优势的过程，符合生物学中的“黑皇后假说”，即生物舍弃某些“昂贵”功能，依赖“伙伴”提供。

“雌性怀孕”的豆丁海马

“该研究从构思到发表历经约 5 年，最大难点是实验样品的获取。”论文共同第一作者、南海海洋所博士后张颖表示。豆丁海马稀有且无法人工养殖，很多生物学实验无法在其身上操作，因此，团队选择线纹海马作为替代品进行发育生物学相关实验。同时，由于“雌性怀孕”，海龙科鱼类均无法进行 CRISPR 基因编辑操作，他们不得不使用模式物种斑马鱼进行基因编辑后验证实验。

该研究发现，豆丁海马基因组中丢失了大量与体形大小和颌面骨骼发育相关的保守非编码区(CNE)，它们能够调控相关基因表达模式，进而影响颌面骨骼的生长发育过程。引人注目的是，*hoxa2b* 基因发生了假基因化，即失去了功

能。基于 CRISPR 基因编辑实验，团队进一步证实敲除 *hoxa2b* 基因会导致鱼类颌面骨骼发育畸形。由此，团队得出结论：CNE 丢失和关键基因(如 *hoxa2b*)的功能突变，是驱动豆丁海马体形极度小型化和短吻表型的关键遗传因素。

遗传学家、西班牙巴塞罗那大学教授 Cristian Canal 指出：“在生命演化中，基因丢失现象十分普遍。但这项出色的研究提供了一个清晰例证，说明基因丢失有时反而能带来益处，从而促成进化上的创新和适应性变化。”

英国海洋生物学家 Richard Smith 表示：“该研究揭示了一种残酷的现象。这些海马之所以能够成功繁衍，正是得益于它们具备的一些特征，但如今这些特征恰恰成为它们应对环境变化的最大弱点。”一旦全球气候变化和人类活动威胁到其特定的珊瑚礁生态系统，豆丁海马等依赖性物种将面临严峻的生存挑战。

海龙科鱼类研究前景广阔

珊瑚礁生物多样性与遗传多样性成因是生物学界核心问题之一。其中，复杂的生物共生关系是珊瑚礁生态系统多样性的关键支撑，除少数经典共生(如虫黄藻-珊瑚虫)外，其他生物相互作用机制仍存在大量未知。

“豆丁海马与柳珊瑚的共生关系，是共生驱动物种进化的典型例子，为生物多样性研究提供了新的理论和范式。”林强指出，豆丁海马终生专性栖息在柳珊瑚上，柳珊瑚为其提供庇护，在长期共同演化中，豆丁海马演化出与柳珊瑚高度相似的外表，这是数百万年进化留下的模仿“天赋”。

作为进化速率最快、多样性最丰富的硬骨鱼类群之一，海龙科鱼类的奇特形态与繁殖方式使其成为研究全球扩散与定殖模式的重要旗舰类群。

多年来，林强团队围绕海龙科物种适应性进化过程开展研究，前期已明确诸多复杂性状的进化与遗传调控机制。如今，他们的研究不仅揭示了豆丁海马与柳珊瑚之间的协同进化机制，还为生物相互作用驱动的演化创新提供了新视角。

研究团队表示，下一步，他们将会视野拓展至整个海龙目，明确海龙目鱼类物种演化历史和地理分布格局特征，阐释其适应辐射规律和物种高度多样化的成因；揭示其适应演化规律，尤其是“雌性怀孕”模式的演化过程；探究其遗传脆弱性特征，解析对未来气候变化的响应模式，提出物种多样性保护策略。

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1073/pnas.2423818122>

第五届世界生物圈保护区大会组委会在京召开第二次会议

本报讯 9 月 5 日，第五届世界生物圈保护区大会组委会在京召开第二次会议，研究部署推进大会筹备工作。中国科学院院长、党组书记侯建国，浙江省委常委、常务副省长徐文光出席会议并讲话。中国科学院副院长、党组成员何宏伟主持会议。

会议审议了第五届世界生物圈保护区大会开幕式系列活动安排、边会和平行论坛安排、展览展示等工作方案，听取了大会注册报名情况、大会新闻发布会筹备情况等工作进展及下一步工作计划，与会单位代表围绕相关议题进行了交流讨论。

侯建国对大会组委会各部门、各单位的关心指导、通力合作和前期卓有成效的工作表示感谢。他指出，大会筹备工作进入决胜冲刺的关键阶段，希望各方进一步凝聚共识、完善方案，全面细致、精益求精推进大会筹备组织各项工作，确保办成一届高标准、高质量、高水平的国际盛会。他强调，中国科学院将会同大会

组委会各成员单位，在“绿水青山就是金山银山”重要理念发源地传播好习近平生态文明思想，精心组织宣传交流活动，讲好中国故事；坚持与国际惯例接轨，聚焦重要场合和关键环节进一步细化组织方案，全力做好会务组织和保障工作，体现中国水平；强化科技赋能议题引领，集中展示我国在科技助力生物圈保护区建设方面的典型案例和做法经验，发出中国声音。

徐文光感谢中国科学院以及国家相关部门对浙江省的帮助和支持，通过组织四次院地对接会，有力有序推进了前期筹备工作。他强调，浙江省将按照大会组委会统一部署，认真做好筹备工作，不折不扣抓好嘉宾接待、会议组织、展览展示、对外联络、服务保障等具体工作的落实落地。他希望大会组委会和大会执委会继续做好统筹协调和协调，通过院地、部省、省市的紧密合作和共同努力，向世界呈现一场精彩、圆满、安全、难忘的大会。(柯讯)

我国人工智能企业数量已超 5000 家

据新华社电 近年来，我国人工智能产业迎来高速发展期，目前人工智能企业数量已超 5000 家，已建成 11 个国家人工智能创新应用先导区、17 个国家级智能网联汽车测试示范区，展现出强劲的创新活力和市场潜力。

这是记者从正在重庆举行的 2025 世界智能产业博览会上了解到的信息。

“智能产业基础日益坚实，智能产品蓬勃发展，赋能应用更加深入。”工业和信息化部相关负责人表示，目前我国在人工智能芯片、算法框架等关键核心技术上持续取得突破，自主开源大模型正引领全球开源创新生态，算力基础设施的规模和水平位居全球前列，总算规模达 788EFLOPS。人工智能企业数量已超 5000 家，国家级人工智能专精特新“小巨人”企

业超 400 家，已建成 3.5 万余家基础级、6300 余家先进级、230 余家卓越级智能工厂。

同时，我国已成立总规模 600 亿元的国家级人工智能产业投资基金，编制人工智能科技治理服务管理办法，成立中国-金砖国家人工智能发展与合作中心，累计研制人工智能核心技术领域标准 240 余项，推动产业生态持续完善。

展望未来，与会嘉宾表示，我国具备超大规模市场、海量数据和丰富应用场景的独特优势，可进一步夯实基础研究，加强人工智能安全治理国际合作，同时推进“人工智能+”与实体经济深度融合，尤其在智能网联新能源汽车、数字城市、低空经济等重点领域打造出更多的标杆应用。(赵宇飞 田金文)



2025 世界智能产业博览会 9 月 5 日至 8 日在重庆举行。本届博览会聚焦“人工智能+”和“智能网联新能源汽车”主题，设置智能网联新能源汽车、数字城市、智能机器人、智能家居、低空经济五大板块，分别聚焦智慧生态、城市治理、特种应用、生活场景及飞行技术，通过实景演示与专业活动，为观众呈现智能产业前沿成果与技术转化路径。图为博览会机器人足球比赛现场。图片来源：视觉中国

全球首个奶牛多组织单细胞表达图谱问世

本报讯(记者温才妃 通讯员刘铮)中国农业大学教授孙东晓团队构建了覆盖奶牛 59 种组织、179 万个细胞的多组织单细胞表达图谱，为解析牛重要性状遗传调控机制、推进精准育种及探索人类疾病的牛模型研究提供了重要资源。相关研究成果近日发表于《自然-遗传学》。

作为人类最早驯化的家畜之一，奶牛在全球粮食安全与农业生态系统中占据关键位置。该研究突破技术瓶颈，采用单细胞转录组测序技术，对 1 头荷斯坦奶牛胚胎、4 头犊牛和 10 头成年荷斯坦奶牛(含公牛、母牛)的 59 种组织进行深度测序，最终筛选出 179 万个高质量细胞，成功注释出 131 种细胞类型，涵盖免疫细胞、上皮细胞、上皮细胞、基质细胞、神经细胞、肌肉细胞和生殖细胞 7 大细胞谱系。

团队深入分析乳腺上皮细胞，发现这种细

胞分为 8 个亚型。其中 6 个腔分泌细胞亚型高表达 *ELF5*、*LTF* 等标记基因，*MEO-3* 亚型因高表达泌乳相关基因，与乳汁生物合成密切相关；腔激素响应细胞亚型表达 *ESR1*、*PGR*、*PRLR* 等激素受体基因，可能通过激素信号调控乳腺泌乳功能；基底肌上皮细胞亚型高表达 *OXTR*、*PLCB1* 等催产素信号通路基因，参与乳汁排出过程中的乳腺收缩。通过整合 1.6 万头荷斯坦奶牛数据，研究人员发现，兴奋性神经元与乳脂产量、乳脂酸显著相关，视网膜无长突细胞和骨骼肌细胞与乳脂酸相关，为奶牛产奶性状遗传调控机制解析提供了新思路。

团队解析了奶牛 4 个胃的细胞异质性，并通过跨物种比较，揭示了反刍动物皱胃与人类胃上皮细胞的功能同源性，有力支持了“前胃起源于食道，皱胃起源于十二指肠”的多起源假

说。皱胃中胃酸分泌和蛋白质加工相关基因被显著激活，为理解反刍动物独特消化机制及物种间消化系统演化提供了分子证据。

在奶牛健康与疾病研究方面，团队聚焦副结核这一影响牛养殖业的疾病，发现肠道杯状细胞发挥了重要作用。杯状细胞与免疫细胞间存在 *APP-CD74*、*MIF-CD74*、*CXCR4* 等配体-受体通路的跨肠道段共享互作用，*GC5* 亚型主要分布于空肠，其标记基因在结核与副结核相关的 529 个基因中显著富集。跨物种遗传力分析发现，人炎症性肠病、乳糜泻的遗传力在奶牛空肠、网胃组织和 *GC5* 亚型中显著富集，为利用牛模型研究人类肠道疾病提供了理论支撑。

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1038/s41588-025-02329-5>

欧洲变暖导致蚊媒传染病激增



本报讯 据《科学》报道，今年夏天，以海滩、湿地和罗马遗迹闻名的意大利拉蒂纳省成为该国两个首次记录西尼罗河病毒(WNV)感染病例的省之一。同时，法国被另一种虫媒病毒——基孔肯雅热侵袭。对于欧洲来说，这是一个蚊媒疾病破纪录的季节。健康专家警告说，气候变暖将带来更多类似疾病。

欧洲疾病预防控制中心(ECDC)主任 Pamela Rendi-Wagner 在 8 月底的一份新闻稿中表示：“欧洲已进入一个新阶段，蚊媒疾病的传播时间更长、范围更广、强度更高已成为新常态。”

ECDC 病毒学家 Tamás Bakonyi 指出，今年蚊媒疾病的高发季节可能受到特别炎热的夏季的影响，尤其是在西欧。炎热天气不仅有利于蚊子繁殖，还让它们更早具有传播病毒的能力。基孔肯雅热病毒每年在全球感染约 3500 万人，可引起发烧、头痛、皮疹和剧烈关节疼痛，有时会导致严重慢性疼痛。今年欧洲疫情激增主要集中在法国，截至 8 月 26 日，回到法国的旅客中有 946 例病例，其中大多数是输入性病例。传播该病毒的关键蚊种——白纹伊蚊在过去 10 年里随气候变暖在欧洲广泛扩散。“在法国，白纹伊蚊无处不在。”法国波尔多大学研究新发病毒性传染病的医生 Denis Malvy 说，基孔肯雅热随之而来并不令人意外。法国东北部阿尔萨斯地区今年夏天报告了首例病例，ECDC 称这是“该纬度地区的罕

见事件”。在今年报告基孔肯雅热感染的另一个欧洲国家意大利，上周末感染病例数增加了一倍多，达到 63 例，此外还有 39 例输入性病例。与此同时，由一种在美国广泛传播的病毒引起的西尼罗河病毒(WNV)病例，正在欧洲出现。今年，从西班牙到罗马尼亚的 9 个国家报告了该病例，并且由于意大利的大规模疫情，病例数达到了近 3 年新高。截至 8 月 27 日，意大利已记录 430 例 WNV 病例和 27 例死亡病例。科学界目前仍缺乏快速解决方案，因为没有获批的抗病毒药物，病例治疗均采用支持疗法。针对 WNV 的疫苗仍在开发中，距离获得监管部门批准还有数年时间。Malvy 希望疫苗最终能保护人们免受侵害。但他补充说，欧洲人必须接受气候变化带来传染病威胁这一现实。(李木子)



工人在意大利那不勒斯一个公园喷洒杀虫剂，以杀死传播西尼罗河病毒的蚊子。图片来源：Getty Images

科学家在“宇宙化石”中直接观测到流浪黑洞

本报讯(见习记者江庆龄)中国科学院上海天文台研究员安涛带领国际团队，在一个距离地球约 2.3 亿光年的矮星系里发现了一个“离核、原位吸积、带喷流”的特殊黑洞。这是目前证据最扎实的离核大质量黑洞案例之一，进一步强化了“黑洞增长并非仅限星系中心”的认识，为了解矮星系演化及早期宇宙中超大质量黑洞的快速生长提供了新视角。相关研究近日发表于《科学通报(英文版)》。

过去，大质量黑洞常被视作星系“心脏”，位于星系中心，影响着星系演化。但越来越多的观测表明，某些黑洞会偏离核心位置，在星系盘或外侧边缘地带“游荡”。这些“流浪黑洞”就像迷路的旅人，在宇宙中四处游荡。

理论研究表明，星系合并后的引力波反冲

或者多体相互作用，容易把黑洞从引力势阱较浅的矮星系中心踢出，在星系外围游荡。矮星系质量小、演化历史相对简单，就像宇宙化石，保存了早期黑洞成长的印迹。一些模拟结果显示，相当比例矮星系黑洞会偏离中心达 1 千秒差距量级，但缺少直接、明确的观测证据。

研究团队基于“近邻星系光谱巡天”(MaNGA)的积分视场光谱(IFU)数据发现，一颗名为 MaNGA 12772-12704 的矮星系呈现较弱的活动星系核(AGN)特征，星系整体形态规整，没有明显合并或双 AGN 迹象。更为关键的是，与之成协的射电辐射并不在星系的几何中心，而是偏离中心将近 1 千秒差距。甚长基线阵列(VLBA)射电望远镜观测数据及分析结果表明，该源呈现典型的 AGN 特征。研究团队综合多个观测

特征，确认这是一个正在活跃吸积、拥有喷流的游荡黑洞，而且是目前最接近(红移最低)的此类矮星系案例之一。

值得一提的是，这项研究始于 3000 多个 MaNGA 矮星系中筛选出的 628 个 AGN 候选体，其中约 62% 的源存在 AGN 偏离星系光学中心的表象。射电喷流是黑洞活跃吸积的一个重要特征。在此基础上，研究团队进行了多级筛选，选出 11 个最有希望探测到射电辐射的目标，并利用最高灵敏度和分辨率进行跟踪观测。最终，只有 MaNGA 12772-12704 同时具备“致密高亮温度、秒差距喷流、30 年时域光变”三重证据。

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1016/j.scib.2025.09.001>