

# 量子计算机首次编码一个完整基因组

**本报讯** 具有里程碑意义的人类基因组解码工作在 21 世纪初完成后，DNA 测序技术迎来了爆炸式增长，而传统计算机已难以应对海量数据和激增的算力需求。这也推动了替代解决方案的发展。

如今，量子计算距离实现这一目标又近了一步。科学家宣布，他们首次将一个完整的基因组——丁型肝炎病毒基因组编码到量子计算机上，从原理上证明了这类机器未来有望助力基因组学研究。相关研究结果近日发布于 arXiv。

“这是至关重要的一步。”意大利国际高等研究院的 Guglielmo Mazzola 表示，“想要处理基因组，首先必须把数据载入进去。”但他提醒，在量子计算机能够处理更大的基因组或真正对这些数据开展分析前，很难判断它是否会超越其他先进的技术。“量子计算能否真正带来好处，目前仍不清楚。”

与传统计算机以 0 和 1 的二进制编码信息不同，量子计算机依靠量子比特运行，后者可以被设定为 0、1，或同时处于 0 和 1 的叠加态。理论上，这种并行状态让量子计算机能够处理传统计算机无法解决的问题。原则上，量子计算机可以将多种可能的答案表示为量子比特的波函数，从而提升某些问题的优化速

度。随着这些状态的演化，它们会像水面的涟漪一样相互干涉，让出现更优解的可能性更高，出现较差解的可能性更低。

这种方法有望为研究人类及其他生物体内海量的遗传变异带来希望。尽管遗传学家一直依赖以单一线性序列为代表的参考基因组，但他们正越来越多地转向泛基因组，后者被视为个性化医疗和理解病原体演化的关键，但它们在计算上很复杂。构建和分析泛基因组需要在海量、交错的序列组合“迷宫”中寻找路径，而这正是量子计算机可能擅长的任务。

量子生物计划 (Q4Bio) 是由惠康飞跃资助的一个 5000 万美元的项目。惠康飞跃是源自英国慈善机构惠康基金会的一个高风险生物学资助机构，旨在推动此类与健康相关的量子计算应用。共有 12 个团队经历了一场“饥饿游戏”般的竞争——通过展示在各自领域的量子优势，换取奖励和后续融资。

由英国牛津大学的 Sergii Strelchuk 与惠康桑格研究所的研究人员开展的量子泛基因组项目，是进入 Q4Bio 决赛的 6 个项目之一。Strelchuk 团队开发的算法，能够高效地压缩 DNA 序列并将其编码为量子态。

团队最初打算用感染细菌的 ΦX174 病毒

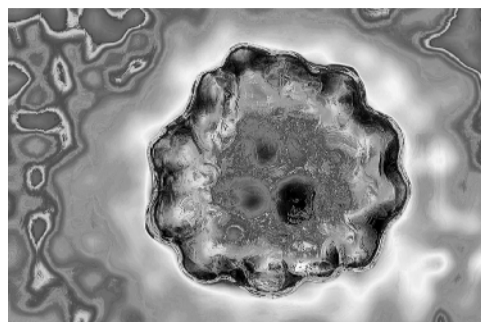
进行测试。该病毒于 1977 年成为首个完成 DNA 完全测序的生物体。但 ΦX174 的 5386 个碱基需要一台拥有 387 个量子比特的量子计算机，超出了研究人员使用的具有 156 个量子比特的 IBM 处理器的能力。

团队于是转向丁型肝炎病毒，它仅有约 1700 个 RNA 碱基，是已知最小的人类病毒基因组。研究人员最终用 117 个量子比特成功编码了丁型肝炎病毒的遗传信息。

“我们才刚刚起步。”惠康桑格研究所首席信息官 James McCafferty 表示，他们目前正在商议如何处理这些编码数据。团队希望开发一个在线界面，供研究人员未来上传、处理和分析序列使用。

美国弗吉尼亚大学的 Stefan Bekiranov 称赞了这一技术成就，但认为量子基因组学短期内不会快速发展。Strelchuk 则持乐观态度，认为未来几年，随着基因组数据压缩与编码方法的进步，加上更大、更稳定的量子计算机的出现，这项研究将变得更为现实。

Strelchuk 补充说，尽管将量子计算机应用于拥有 31 亿个碱基对的人类基因组仍是一个遥远的目标，但研究人员可以聚焦更短、在医学上重要且高度变异的 DNA 区域。



丁型肝炎病毒基因组成功载入量子计算机。  
图片来源: James Cavallini

Q4Bio 的其他项目团队同样也抱有乐观的预期。美国芝加哥大学的 Fred Chong 负责一个关于癌症生物标志物的项目，他开发了一个量子-经典混合算法，用于在海量癌症样本数据集中挖掘可用于预测疾病的模式。尽管量子比特数量有限，该方法目前在量子计算机上仍无法超越经典方法，但 Chong 认为，“我们预计未来两三年内将具备这一能力”。 (王方)

相关论文信息：  
<https://doi.org/10.48550/arXiv.2604.06106>

## 研究发现男性生育能力下降可能提示患癌风险

**据新华社电** 瑞典隆德大学一项新研究发现，男性生育能力严重下降与结肠直肠癌、甲状腺癌患病风险升高之间存在关联。这提示，男性生育能力或可作为反映整体健康状况的早期信号之一。

此次研究人员分析了 1994 年至 2014 年间首次生育的 110 多万名瑞典男性的信息。其中，14540 人借助第二代试管婴儿技术（通常用于治疗严重男性不育症）成为父亲。研究人员随后交叉对比这些男性的健康数据与瑞典国家癌症登记系统数据。结果发现，与自然受孕成为父亲的男性相比，通过这一辅助生殖技术成为父亲的男性患结肠直肠癌的风险约为 2 倍，而患甲状腺癌的风险约为 3 倍。

研究人员强调，并不是辅助生殖技术本身导致了癌症。这种关联背后可能同时涉及基因构成、表观遗传和生活方式等多方面因素。

研究人员表示，接受生育能力检测或相关治疗的男性大多集中在 30 岁至 35 岁之间，通常在完成生育诊疗后缺乏后续健康随访。未来若能结合生物标记物、基因突变、表观遗传特征以及环境因素等进一步识别高风险人群，将有助于推动相关癌症的早期筛查和预防。

相关研究成果已发表在《欧洲流行病学杂志》上。  
(朱昊晨 徐谦)

## 联合国气候机构负责人：全球需合作抵御双重危机

**据新华社电** 《联合国气候变化框架公约》秘书处执行秘书西蒙·斯蒂尔 4 月 21 日在“彼得斯伯格气候对话”会议开幕式上表示，在当前形势下，气候合作是抵御全球变暖 and 化石燃料成本问题双重危机的关键。

“彼得斯伯格气候对话”会议当天在柏林开幕。斯蒂尔说，近期的战争意味着全球未来数月甚至数年会面临高昂的化石燃料成本，这给各国和广大民众带来沉重打击。由化石燃料问题驱动的滞胀正推高物价、抑制经济增长、加剧债务负担，并压缩政府的政策空间。

他表示，清洁能源能够帮助保证能源安全，加速气候行动的必要性从未如此清晰，这需要动用一切可用工具。

斯蒂尔说，当前全球必须采取行动，确保在《联合国气候变化框架公约》第三十三次缔约方大会第二次全球盘点时，能够落实首次盘点中所作出的承诺。

斯蒂尔说，相关的“行动议程”已在实体经济中调动数万亿美元，并推动清洁能源转型变得不可逆转。他呼吁各国政府继续推动进展和鼓励投资，并聚焦紧迫性强的领域，例如电网现代化、甲烷减排、城市可持续发展、具备气候韧性的粮食供应体系等。  
(杜哲宇 褚怡)

## 环球科技参考

中国科学院成都文献情报中心

### 病原体家族研发路线图发布

近日，世界卫生组织 (WHO)、流行病预防创新联盟 (CEPI) 等发布了病原体家族研发路线图 (以下简称路线图)，旨在系统性降低下一次全球大流行的不确定性，全面提升全球研发准备的协同性与响应效率。

当前全球传染病风险呈现复杂化、跨区域、高隐蔽性特征，而全球疫苗研发存在碎片化、滞后性、针对性不足等短板。WHO 基于过往全球疫情应对经验与 CEPI 等组织合作，启动路线图计划，以系统化、家族化、前置化研发思路打破传统模式局限，为全球提供统一、科学、可落地的研发框架。该计划 5 年预计总投资约 22 亿美元，资金主要来自各国政府专项拨款、全球卫生基金及慈善机构捐赠、私营部门投入与技术捐赠。

路线图以“降低不确定性、强化协同性、提升公平性”为核心定位，目标是构建覆盖高风险病原体家族的全球协同研发体系，实现预测

优先、研发前置、响应快速、全球共享。具体目标包括：明确优先级，系统界定高风险病原体家族，统一全球研发焦点与资源投向；构建协同网络，建立政府、科研机构、企业、国际组织的标准化协作机制；加速技术转化，缩短从病原体发现到疫苗/药物候选物的研发周期；保障公平可及，从研发设计阶段嵌入公平分配原则，消除地区与人群壁垒；防范未知风险，为“X 疾病”等未知大流行威胁建立技术储备与响应预案。

路线图旨在突破单一病原体局限，按传播能力、致病率、变异潜力、扩散风险、防范缺口五大维度，将全球高风险病原体划分为若干家族集群，作为研发核心对象。其重点覆盖了冠状病毒家族、丝状病毒家族、黄病毒家族、副黏病毒家族、汉坦病毒、布尼亚病毒、甲型流感病毒等。

路线图是全球大流行防范领域又一里程碑式纲领文件，标志着全球防疫进入系统化、家族化、前置化新阶段。路线图与 CEPI 战略

## 科学此刻

### “蝙蝠宴”传播致命病毒

“此前从未有过这样的观察记录。”论文作者、乌干达坎布拉狮子监测项目科学主任 Alexander Brackowski 表示，“有时它一晚就能吃掉 30~40 只蝙蝠。”

更令人惊讶的是，在摄像机运行的 4 个月里，研究团队通过视频记录到有 200 多人，包括游客、当地野生动物研究所的实习生以及学校团体的孩子接近过该洞穴。其中仅有一名游客佩戴了口罩。尽管洞穴周围张贴了关于马尔堡病毒的警告标识，但仍有如此多的人冒险靠近。目前尚无针对

对这种病毒的有效治疗方法或疫苗。

“我感到非常震惊。”美国波士顿大学的 Elke Mühlberger 说。接触洞穴是已知导致人类感染马尔堡病毒的最大原因。波士顿大学的 Adam Hume 进行的一项未发表的研究显示，自 1967 年以来确诊的 21 起马尔堡病毒疫情中，有 43% 与探访洞穴有关。

事实上，蟒蛇洞中的蝙蝠与马尔堡病毒疫情有着直接关联。2007 年，距离该洞穴 50 公里的基塔卡矿发生疫情，其源头可追溯至飞往该洞穴的蝙蝠。此外，2007 年和 2008 年曾有两名游客造访该洞穴后感染了病毒，其中一人死亡。据幸存者透露，他们进入洞穴约 3 米，“向内张望了至少 30 分钟”。美国疾病控制与预防中心 (CDC) 的 Jonathan Towner 曾多次考察该地并实地采样，他表示，这些游客很可能是在蝙蝠飞过时接触了它们的粪便或尿液。

相关论文信息：  
<https://doi.org/10.1038/s41561-026-01961-y>

“看到镜头里的所有动物，你便能够拼凑出蟒蛇洞与马尔堡病毒的联系，这是整个团队的重要时刻。”Brackowski 说，“这里不仅仅是蝙蝠的栖息地。” (文乐乐)

相关论文信息：  
<https://doi.org/10.1016/j.cub.2026.02.043>



研究人员通过摄像机捕捉到一只非洲豹在洞穴里捕食蝙蝠的画面。

图片来源: Bosco Atukwatse

## “小柯”秀

一个会写科学新闻的机器人

### 科学

#### 科学家确定太阳系对软 X 射线观测的影响

德国马克斯·普朗克太空物理学研究所的 K. Dennerl 团队确定了太阳系对软 X 射线观测的影响。相关研究近日发表于《科学》。

太阳风带电粒子与日球层内的弥散气体相互作用，产生软 X 射线。这种太阳风电荷交换 (SWCX) 过程会产生前景发射，干扰对 X 射线观测数据的解读。

研究团队分析了由“光谱-伦琴-伽马” (SRG) 航天器上的扩展伦琴巡天成像望远镜阵列 (eROSITA) 仪器获得的银河系西部半球 X 射线观测数据。这些数据规避了地球地冕的污染，源于 4 次全天巡天观测，涵盖了太阳活动周期小期。

研究团队确定了 SWCX 的影响并将其从巡天数据中去除，从而产生了受污染更小的弥散软 X 射线天空视图。此外，他们还证明，X 射线可用于绘制星际物质在太阳系中的流动图景。

相关论文信息：  
<https://doi.org/10.1126/science.adt9147>

### 自然

#### 全脑血容量反映的相反神经群

英国伦敦大学学院的 Matteo Carandini 团队揭示了全脑血容量反映的相反神经群。相关研究近日发表于《自然》。

研究团队测量了小鼠全脑神经活动与血容量的波动，发现二者之间的关系在不同脑状态和脑区间具有一致性，但在全脑范围内两个相互拮抗的神经群体中却呈现相反模式。记录显示，与那些减少活动的神经元相比，增加活动的神经元具有不同的血流动力学反应功能。全脑神经像素记录显示，这些对立的群体在整个大脑中共存。它们对血容量的不同贡献在很大程度上解释了不同脑区血容量波动的明显差异。大脑包含两个神经群，它们与大脑状态的关系相反，与血液供应的关系不同，它们共同解释了全脑血容量的波动。

相关论文信息：  
<https://doi.org/10.1038/s41586-026-10350-9>

### 自然-地球科学

#### 大气环流设定的南极洲水同位素-温度关系变率

法国巴黎萨克雷大学的 Mathieu Casado 团队研究了大气环流设定的南极洲水同位素-温度关系变率。相关研究近日发表于《自然-地球科学》。

水同位素既是水文过程的示踪剂，也是冰芯中记录古气候的代用指标。同位素信号贯穿整个水文循环过程，从海洋蒸发到水汽由低纬度向高纬度输送过程中发生的降水，再到沉积后积雪与大气水汽之间的同位素交换。受多重因素影响，南极冰芯中同位素比值与局地温度之间的关系在不同区域存在差异，且在同一地点，将同位素比值与温度进行空间对比和时间相关性分析所得出的关系不尽相同。

研究团队报告了穿越东南极洲的考察途中以及两个固定站点——沿海迪蒙·迪尔维尔站和冰穹 C 的水汽同位素组成测量结果。结合积雪与水汽同位素数据，研究人员证明了时间与空间上的同位素-温度关系之所以不同，是因为降水余量分数在时间和空间上的变化方式存在差异。

该研究结果表明，不应再将同位素-温度关系视为具有不同的时间斜率和空间斜率，而应认识到这种关系基于环流动力学与平均气候状态之间已知的依赖性，沿着一个连续谱而变化。通过沿湿等熵输送路径提纯水汽，研究人员可以利用对不同气候条件下大尺度水汽输送的物理理解，预测跨越时间或空间的同位素-温度关系。

相关论文信息：  
<https://doi.org/10.1038/s41561-026-01961-y>

### 免疫

#### 不同伤害感受器亚群独立调节皮肤炎症和瘙痒

法国图卢兹感染与炎症疾病研究所的 Nico-las Gaudenzio 团队揭示了皮肤炎症和瘙痒反应是由不同伤害感受器亚群独立调节的。相关研究近日发表于《免疫》。

常见皮肤疾病的特征是炎症与剧烈瘙痒。痛觉感觉神经元如何整合外周信号以调控炎症和瘙痒，其机制尚不明确。

为此，研究团队展开分析，发现在过敏性接触性皮炎 (ACD) 模型中，两类痛觉神经亚群具有截然不同且非冗余的生物学功能。通过对皮肤突出的神经元进行轴突逆行追踪与单细胞图谱分析，他们发现 MrgprD<sup>+</sup> 非肽能神经元的子集，在皮肤炎症反应中启动了一种短暂的再生程序。在 ACD 样炎症期间，清除这些经过重编程的 MrgprD<sup>+</sup> 非肽能神经元可消除瘙痒诱发行为，但不影响皮肤炎症。相反，选择性去除 Trpv1<sup>+</sup> 多肽能神经元通过增加中性粒细胞浸润而加剧炎症，但不影响瘙痒诱发行为。

该研究揭示了两种不同的适应性神经元回路的存在，它们独立地调节皮肤中的过敏性炎症和瘙痒。

相关论文信息：  
<https://doi.org/10.1016/j.immuni.2026.03.020>

更多内容详见科学网小柯机器人频道：  
<http://paper.sciencenet.cn/Alnews/>

据悉，韩国政府已制定保健医疗 R&D 路线图，重点投向生物健康范式转型、数据驱动的 AI 医疗、区域与必需医疗能力提升，以及任务导向型挑战性研究。2026 年相关研发推进计划还将覆盖 12 个重点项目，包括“韩国版 ARPA-H 项目”、国家综合生物大数据建设、跨部门尖端医疗器械研发、跨部门再生医疗技术开发和国家新药研发项目，显示其正通过跨部门协同强化医药与医疗器械创新链布局。

韩国将以此工作坊为契机，重点发掘并支持 AI 基础上的超智能疾病应对平台、类器官技术和个性化基因诊断治疗等前沿方向。韩国保健福祉部官员称，生物健康领域已从单纯提升福祉健康，扩展至保健安全和社会问题解决，未来将继续以前瞻性方式布局 R&D 资源，争取在下一代医疗科技和产业竞争中形成“超差距”优势。从整体看，韩国正加快由分散式科研投入转向战略性、任务型和产业导向型保健医疗创新体系。  
(刘竟雄)

形成互补协同：WHO 侧重公共标准、全球协调、公平治理；CEPI 聚焦疫苗研发、平台建设、快速响应。两者共同构成预防-研发-响应-分配全链条闭环，为应对已知与未知传染病威胁提供全球公共产品。若路线图全面落实，有望在 2031 年前建成全球首个体化、韧性、公平可及的大流行防范研发体系，实现“让大流行不再成为人类生存威胁”的长远目标。

### 韩国投资提升健康医疗产业竞争力

近日，韩国保健福祉部在首尔举办保健医疗技术政策审议委员会新任委员工作坊，围绕保健医疗研发 (R&D) 投资方向、2026 年重点项目及国家代表性技术推进方案展开讨论。此次会议旨在结合生物健康产业政策环境变化，系统梳理未来研发重点，提升保健医疗产业竞争力，并服务于“医疗人工智能 (AI)、制药与生物健康强国”的国家任务部署。