告别“数据孤岛”，全球首个海洋硬骨鱼组学平台建成

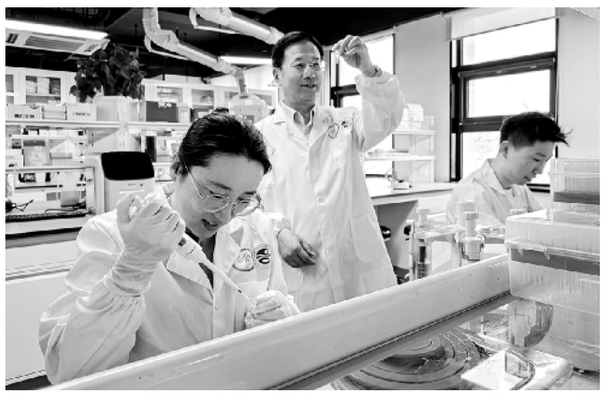
■本报记者 廖洋 通讯员 曹馨月 宋俊谕

2024年冬天的一个凌晨，窗外夜色沉沉，实验室里寂静无声，只有电脑屏幕透出微光。屏幕上突然弹出一行报错信息，原本持续运行的程序戛然而止。

这样的场景，在数据库建设过程中反复上演。一次次排查问题，一次次调整程序代码，再一次次重新运行，是中国工程院院士、中国水产科学研究院黄海水产研究所（以下简称黄海水产所）研究员陈松林团队3年攻坚路上的常态。

近日，陈松林团队成功构建全球首个海洋硬骨鱼类综合功能与进化基因组数据库MFDB，首次系统整合了来自85种海洋硬骨鱼的89个染色体水平基因组数据，并创新集成了多种特色分析模块和生物信息学工具，为全球海水鱼种业自主创新奠定了重要的数据基础。相关研究成果发表于《核酸研究》。

截至9月15日，MFDB上线23天，累计访问量达5200余次，访问者遍布全球多个国家和地区。



陈松林（中）指导团队成员开展实验。 受访者供图

绕不开的“数据困境”

作为国内海水鱼领域的领军科学家，多年来，陈松林带领团队围绕海水鱼生物技术和遗传育种持续开展研究，从建立鱼类种质冷冻库、破译我国首个鱼类基因组到基因组育种技术应用，不断探索如何利用现代生物技术提升海水鱼育种效率。

在长期科研实践中，陈松林发现，看似简单的“找数据”，往往要耗费大量时间和精力。

随着基因组测序和多组学技术快速发展，大量研究数据不断积累。海洋鱼类的多组学数据分散在NCBI、Ensembl等国际公共数据库中，这些数据库大多面向不同物种，数据格式、来源和注释标准也存在差异。科研人员往往需要在多个平台之间反复检索、比对，再根据研究需求进行筛选和整理，整个过程繁琐且耗时。

这种数据分散、资源难以有效整合的现象，被称为“数据孤岛”，长期制约着海洋鱼类功能基因组学、进化生物学研究以及相关分子育种技术的发展。如何更加高效地获取和利用这些数据，成为亟待解决的问题。

更现实的压力，来自外部环境。国内许多基因组和多组学研究的数据长期存储于国外的公共数据库。一些国外数据库一度限制国内学者访问，科研人员的学术研究与交流受到了极大阻碍。

“对于国内学者而言，这是一种资源的损失。”陈松林对《中国科学报》表示，“如果中国拥有自主可控的平台，就可以将这些数据存储在自己的网站上，提升科研人员获取和利用数据的效率，减少对国外数据库的依赖。”

掌握数据，就是掌握科研主动权。多年来，陈松林持续关注相关数据资源的整合，并推动这一设想落地。

2023年底，黄海水产所博士后高成斌加入陈松林团队，承担起MFDB建设工作。高成斌的专业是水产养殖，从硕士阶段起便自学生物信息学，并逐渐将其运用于鱼类研究。

做加法容易，做减法难

项目刚开始，数据收集工作就给高成斌上了一课。

“最大的挑战是如何从不同公共数据库中批量获取鱼类的海量数据。”高成斌说。不同数据库的检索方式、数据结构各不相同，单靠人工逐一下载，工作量十分庞大。为提高效率，他用Python编写脚本，从各公共平台自动检索和下载所需数据。

然而，程序真正“跑”起来，问题接踵而至。

“一些大型数据库设置了相应的保护机制，程序运行几个小时后便报错中止。”高成斌说。而初代程序一旦中止，此前工作便前功尽弃。为此，高成斌不得不修改、迭代程序。经过一次又一次的失败和再挑战，他反复调试，数据收集逐步完成。

最初，研究团队采用“广撒网”的方式，从公共数据库中收集了256种鱼类的数据，涵盖众多淡水鱼、海水鱼。但随着分析的深入，他们意识到，现有数据过于庞杂，不利于围绕同一方向开展后续分析与研究。

基于团队长期以来在海水鱼遗传育种领域的研究，陈松林决定“做精、做专”，进一步聚焦于海洋硬骨鱼类。团队结合物种生活史和盐度适应特征，对候选物种进行筛选，确定以85种海水硬骨鱼为首批收录对象。

“建数据库最难的不是做加法，而是做减法。”高成斌说，“确定好研究对象后，下一步就是从海量数据中筛选出有效信息。”

公开数据库中的数据来源复杂，数据格式和注释标准并不统一，团队需要在大量数据中比对和整理，确认数据来源及其可靠性，确保不同来源的数据能够在同一标准下进行分析。

以转录组数据为例，同一种鱼可能包含来自肌肉、血液、皮肤等不同器官的大量样本；同时，不同发育阶段，以及高温、低温或细菌、病毒感染等处理，也会产生不同样本数据。团队需要逐一确认每个数据对应的组织来源和实验处理条件，并剔除非常规条件下的样本，只保留反映鱼类基础状态的数据。

从“数据书架”到“工具箱”

“如果数据库只是一个‘书架’，数据摆在那里，研究人员仍需要下载后在本地环境里进行分析，还是不够便利。”高成斌说。

于是，研究团队将工作从数据整理延伸到分析应用。2024年下半年，他们开展了泛基因组、基因表达和功能注释等多维度生物信息学分析，挖掘基因背后的生物学信息。

考虑到分析任务计算量较大，为提高平台使用效率，团队将完成的分析结果提前部署到平台中，用户可以直接调用，大幅缩短等待时间。

“同时，这也降低了使用门槛。即使是刚接触相关研究的科研人员或缺乏专业服务器的小型科研团队，也能直接利用平台进行检索和调用个性化分析结果。”团队成员、黄海水产所研究员徐文腾说。

其中，泛基因组分析尤为复杂，由于数据量巨大，服务器难以一次完成全部分析。于是，团队采用分段分析的方式，将任务按照生物分类层级逐步完成后再整合结果。从方案摸索到最终完成，分析工作持续了6个月。

来自85种海洋硬骨鱼的89个染色体水平基因组及3017套高质量转录组数据被纳入数据体系，覆盖33个目；团队还对231万多个基因统一进行了功能注释，总数据量达到2.6TB，大幅提升了数据的可用性与可比性。在此基础上，科研人员可以开展基因功能、表达调控和物种演化等多层面的研究。

不同于传统数据库仅提供数据检索与下载，MFDB还内置了多个特色分析模块，包括泛基因集与核心基因集、组织特异性基因共表达网络等，并设计了基因组、共线性等六大核心板块，搭载了JBrowse2、Muscle等常用生物信息学工具，让用户可以轻松调用数据，并直接利用平台开展相关研究，真正实现“一站式”数据分析。

让数据多跑路，让科研人员少跑腿，这正是MFDB的设计初衷。MFDB的建成不仅为海洋鱼类基因功能解析、适应性进化研究等提供了系统化的数据资源，也为生长、抗病、抗逆等重要经济性状基因挖掘和分子育种提供了基础支撑。

“随着基因组技术和人工智能的快速发展，育种模式正在迎来新的变革。”陈松林表示。在他看来，MFDB并不只是一个“存数据”的平台，更是一个面向未来海洋鱼类研究和育种的数据基础设施。而85种海洋鱼类，只是团队迈出的第一步。

相关论文信息：
https://doi.org/10.1093/nar/gkag844

全球首个人工智能+脑机接口标准发布

本报讯（记者陈彬）近日，国家药品监督管理局批准发布了我国第三个脑机接口医疗器械标准，这也是全球第一个采用人工智能技术处理脑电数据的脑机接口医疗器械产品标准。

新标准系统规范了脑机接口医疗器械数据采集、处理、标注、存储和访问等全流程的技术要求和测试方法，帮助企业解决脑机接口医疗器械数据集质量控制尺度不统一、建设过程不规范等共性问题，新标准将于2027年9月1日起正式实施。

天津大学脑机交互与人机共融海河实验室作为核心起草团队，深度参与了该标准的研究与编制工作，推动非侵入式脑机接口数据集建设与质量评价的规范化、标准化，提升脑电数据的一致性、可追溯性与可用性，为人工智能算法研发评价和脑机接口医疗器械创新应用筑牢高质量数据基础。

9月15日，粤港澳大湾区首个变速抽水蓄能工程——广东肇庆浪江抽蓄电站上、下水库同时启动蓄水，标志着工程主体部分基本完工，进入以机组调试为重心的“投产收官期”。

该电站上、下水库海拔落差约440米，总库容约1800万立方米，相当于1.3个西湖大小。蓄水充足后，电站每小时可将112万立方米水量蕴含的水能转化为120万度清洁电能，满足约20万大湾区居民用户一天的用电需求。

图为该抽水蓄能工程全面启动蓄水。

本报记者朱汉斌 通讯员黄昉报道 李冕祺/摄

数字X线摄影检查迈向“微剂量”

■本报记者 张思玮

数字X线摄影（DR）是临床最常用的医学影像检查方式之一，如何在满足诊断需求的同时进一步降低医疗辐射剂量，始终是行业探索的重要方向。

近日，“微剂量”DR成像技术产学研医研讨会在苏州举行。会议由苏州大学放射医学与辐射防护国家重点实验室主办，近百名专家参会，围绕“微剂量”DR成像技术、临床应用与标准制定展开交流。

中国科学院院士、苏州大学放射医学与辐射防护国家重点实验室名誉主任柴之芳表示，对于X射线，剂量控制始终是关键。把剂量进一步降下来的同时保证影像质量，“微剂量”成像技术是非常有价值的技术进步，能够更好地造福患者、造福社会。

剂量控制始终是关键

DR已广泛应用于胸部、骨骼等常规检查，并普及至基层医疗机构。联合国原子辐射效应科学委员会（UNSCEAR）报告显示，全球DR检查每年约26亿次，占医学放射检查的六成左右。

据估算，我国DR年检查量约7亿人次，居全球首位。庞大的检查基数，也使DR检查的每一次剂量优化都具有更直接的临床意义。

会上，联影医疗展示了“微剂量”DR成像技术。该技术将X射线成像系统的噪声模型与神经网络图像处理技术相结合，针对剂量进一步降低时噪声增加的问题进行优化，在保证诊断图像质量的同时进一步降低辐射剂量。

“辐射剂量与图像质量之间的矛盾，是X射线发现以来一直存在的话题。高辐射剂量带来高信噪比，低辐射剂量意味着低信噪比。这个问题如何解决？答案就是将X射线物理与深度学习相结合。”联影医疗X射线事业部总裁向军介绍，他们建立了X射线成像噪声模型，通过2万余例病例训练、3000余例病例验证，使神经网络能够区分图像中的解剖结构与噪声，在降低辐射剂量的同时保持诊断图像质量。

据了解，目前联影医疗“微剂量”DR成像技术将平板探测器入射剂量由2.5微戈瑞降至750纳戈瑞。在辐射剂量降低70%的条件下，信噪比提升53%，空间分辨率提高29%。在特定儿童胸片检查条件下，一次“微剂量”胸片检查所受的X射线辐射可降至约3根香蕉中天然钾-40的等效辐射剂量。

为每一次临床检查“减负”

未来，苏州大学放射医学与辐射防护国家重点实验室与联影医疗将围绕“微剂量”DR成像技术的基础研究、辐射剂量评估及临床应用开展合作。

目前，搭载“微剂量”DR成像技术的相关设备已在北京大学人民医院、重庆医科大学附属儿童医院、苏州大学附属第一医院开展相关预实验，探索不同临床场景下的剂量水平、图像质量及应用价值。

苏州大学附属第一医院影像科主任胡春洪表示，在其科室中，DR是日常影像检查的重要组成部分，年检查约20万人次。按照辐射防护最优化原则，在保证诊断图像质量的前提下，辐射剂量若尽可能降低，患者将大大受益。

在该医院开展的初步预研究中，研究团队选取检查部位相同、体型相近的患者进行对比观察。在脊柱、腰椎、骨盆等部位的部分检查中，尽管曝光参数明显下降，图像质量仍基本相当。

中国工程院院士、首都医科大学附属北京友谊医院教授王振常表示，“微剂量”DR成像技术大幅降低了辐射剂量，未来应探索是否可应用于其他模态，惠及更多患者。希望通过产学研医的合作，形成放射防护和剂量管理的行业标准。

从筛查到长期守护

近年来，脊柱侧弯已成为继肥胖、近视之后，备受关注的儿童青少年健康问题。2025年12月，国家卫生健康委等13部门联合发布《儿童青少年“五健”促进行动计划（2026—2030年）》，明确提出“骨骼健康促进行动”，要求学校每年为10~16岁儿童青少年开展1次脊柱弯曲异常筛查和评估，并推动完善防、筛、诊、治、康一体化服务链条。

脊柱侧弯在青少年中并不少见，确诊后往往需要长期随访。部分患儿需每3个月复查一次，持续数年，每年可能接受数次全脊柱X线检查。因此，在保证图像质量的前提下尽可能降低单次剂量，让孩子“该查就查、查得安心”，既能回应儿童青少年脊柱健康管理的实际需求，也能为筛查异常后的影像确诊及长期随访提供新的技术选择。

此次大会上，中关村新智源健康管理研究院牵头发起“微剂量”DR儿童脊柱侧弯筛查公益项目，全国多家国家级儿童医学中心、国家儿童区域医疗中心，以及联影医疗共同参与。

项目首批将在复旦大学附属儿科医院、上海交通大学医学院附属上海儿童医学中心、武汉市儿童医院、重庆医科大学附属儿童医院、青海省妇女儿童医院等开展，覆盖我国东部、南部、中部、西南、西北多个地区。项目拟面向儿童开展脊柱健康筛查，对筛查异常的群体，根据临床需要安排进一步影像检查和诊断，并依据病情开展转诊、治疗建议及随访管理。

中华医学会健康管理学分会第三届主任委员、中关村新智源健康管理研究院创始院长武留信表示：“‘微剂量’DR成像技术一是有助于扩大筛查覆盖，二是有助于开展复查随访。希望以此次公益项目启动为契机，进一步提升儿童脊柱健康管理水平，促进儿童‘五健’政策落地。”

发现·进展

厦门大学

鉴定出铜死亡的执行蛋白

本报讯（记者孟凌霄 通讯员戴佩琪）厦门大学教授吴乔课题组首次鉴定出肌球蛋白重链9（MYH9）为铜死亡的执行蛋白，揭示了耐药肿瘤因高铜负荷而对内源铜介导的铜死亡更加敏感，为靶向内源铜介导的铜死亡、逆转肿瘤耐药开辟了全新思路。近日，相关研究成果发表于《细胞》。

铜离子在细胞命运调控中发挥重要作用。作为必需的微量元素和多种酶的辅因子，铜离子深度参与线粒体呼吸与代谢。一旦胞内游离铜超过生理阈值，细胞则走向死亡。学界对“铜如何杀死细胞”的理解经历了从“非特异性氧化损伤”到铜死亡概念的变化。铜死亡领域有两个根本性的问题始终悬而未决。一是铜死亡过程中是否存在执行蛋白驱动死亡程序，二是胞内游离铜离子来源如何被精确调控。

该研究以完整的证据链回答了这两大核心问题，不仅首次鉴定MYH9为铜死亡的执行蛋白，阐明了铜离子结合诱导MYH9多聚进而破坏肌动蛋白细胞骨架致死的关键机制，提出MYH9多聚可作为潜在的铜死亡生物标志物；而且揭示了内源游离铜离子触发铜死亡的完整通路。研究进一步提出靶向内源游离铜介导的铜死亡逆转临床肿瘤耐药的全新策略和首个工具化合物，可在有效抑制耐药肿瘤的同时规避外源铜离子产生的毒性。

相关论文信息：https://doi.org/10.1016/j.cell.2026.08.030

中国科学院深圳先进技术研究院

新型活性物质系统让水凝胶随时间变形

本报讯（记者刁雯蕙）中国科学院深圳先进技术研究院、医学成像科学与技术系统全国重点实验室研究员杜学敏等科研人员在形态演化水凝胶研究中取得重要进展，为解决传统材料与器件难以匹配特定生物学时间尺度的问题提供了新策略。近日，相关成果发表于《物质》。

从向日葵的向光弯曲到组织器官的生长塑形，生物的形态变化无处不在，其背后是活性物质的持续生成与有序分布。这些活性物质通过扩散、反应和反馈，在数秒至数周的时间里完成形态转变。然而，传统刺激响应高分子材料主要依赖分子化学键改变形态，难以复现生物活性物质的跨时间尺度形态变化，严重制约了其在医学场景中的应用。

研究团队研发了一类具有时空演化特征的活性物质系统（STERS），可让水凝胶按照设定，在微观至宏观层面、数分钟至数周时间里，实现单次至多次循环的形态变化。

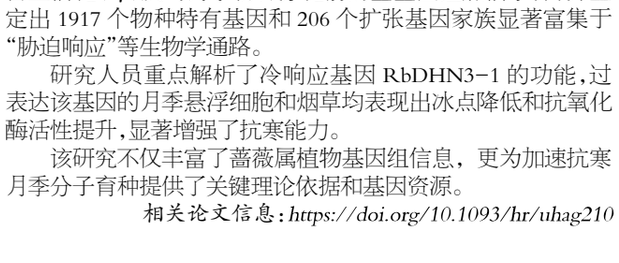
STERS由液态金属颗粒、经典乙烯基单体、近红外光3个核心要素构成。液态金属颗粒用于持续产生活性物质自由基与镓离子；经典乙烯基单体可与液态金属颗粒氧化层反应并参与聚合；近红外光则用于构建活性物质的时空梯度。光照前，液态金属颗粒就会和单体溶液发生反应，产出活性物质并引发化学反应，慢慢形成水凝胶。使用近红外光照射后，液态金属颗粒会产生光热效果，进一步加速活性物质生成，在凝胶被照射和未被照射的区域、凝胶上下表面之间，形成活性物质浓度梯度。通过调节液态金属颗粒浓度、单体比例或光照时间，可精确调控水凝胶薄膜的形态演化时间及演化次数。

研究人员利用水凝胶集成微结构动态演化平台，在数天内诱导间充质干细胞向成骨或神经样定向分化；利用水凝胶集成形态演化电极，在数周内动态适配大鼠生长过程中脑表面的形态变化，实现脑电图信号的连续监测。

相关论文信息：https://doi.org/10.1016/j.matt.2026.103004

中国农业科学院蔬菜花卉研究所

弯刺蔷薇缘何成为月季的抗寒育种亲本



弯刺蔷薇。 中国农业科学院供图

本报讯（记者李晨 通讯员陈旭）中国农业科学院蔬菜花卉研究所（以下简称蔬菜所）研究员杨树华团队首次成功构建了弯刺蔷薇的两套端粒到端粒（T2T）无缺口单倍型基因组，系统揭示了弯刺蔷薇的进化历史，以及冷响应基因RbDHN3-1的功能。近日，相关研究成果发表于《园艺学研究》。

弯刺蔷薇是蔷薇属重要的野生种质资源，自上世纪90年代起，原产于我国西北地区的弯刺蔷薇作为关键的抗寒育种亲本，被蔬菜所研究团队应用于月季抗寒育种，育成了“天山”系列现代月季品种。目前，尽管已有部分月季品种的高质量基因组完成了组装，但弯刺蔷薇的基因组信息仍未解析，制约了其优异抗寒基因发掘及调控机制研究。

研究人员综合利用多种测序技术，首次成功构建了弯刺蔷薇的两套T2T无缺口单倍型基因组，大小分别为417.13Mb和421.87Mb，并精确鉴定了7个着丝粒和14个端粒区域，两套单倍型分别预测到38039和37962个蛋白编码基因。基于该高质量基因组，研究团队系统揭示了弯刺蔷薇的进化历史，即经历了古三倍化（γ）及与月季物种分化前的全基因组加倍事件，并鉴定出1917个物种特有基因和206个扩张基因家族显著富集于“胁迫响应”等生物学通路。

研究人员重点解析了冷响应基因RbDHN3-1的功能，过表达该基因的月季悬浮细胞和烟草均表现出冰点降低和抗氧化酶活性提升，显著增强了抗寒能力。

该研究不仅丰富了蔷薇属植物基因组信息，更为加速抗寒月季分子育种提供了关键理论依据和基因资源。

相关论文信息：https://doi.org/10.1093/hr/uhag210