

科技瞭望

近日，中国科学院南海海洋研究所联合多家科研机构，系统揭示了海龙科鱼类“雄性怀孕”背后的细胞学、分子生物学与演化机制。这项研究不仅解答了一个长期存在的生物谜题，也为理解脊椎动物生殖方式演化提供了新视角。



刚出生的小海马。

受访者供图

海马爸爸为何能“怀孕”？

本报记者 周殊芸

雄性海马孵化后代

从昆虫到哺乳动物，在绝大多数动物类群中，怀孕生子几乎由雌性动物进行。然而，大自然永远在创造惊喜。在蔚蓝而神秘的海洋深处，海马及其近亲海龙，正在上演一场颠覆认知的生育奇观，在这里，承担怀孕重任的是雄性。

“我们长期关注海马雄性怀孕现象，有一个核心的科学追问，为何海马及其所属的海龙科鱼类能独立演化出结构、功能完备的雄性怀孕机制？”中国科学院南海海洋研究所研究员刘雅莉说，这一现象本身，可视为自然界一次关键的演化创新。“它不仅挑战了我们对生殖性别角色的传统认知，也提供了一个天然的实验系统，使得我们能在跨物种框架下，重新审视‘怀孕’这一复杂生命过程的本质与调控基础。”



雄性海马。

受访者供图

找到育儿袋的“源头细胞”

为了找到这些问题的答案，研究团队引入了单细胞转录组测序技术，对育儿袋在7个关键发育阶段的细胞组成与基因表达变化进行了精细解析。

刘雅莉说，在研究中，他们鉴定出一类具有干细胞潜能的“育儿袋上皮祖细胞”。这类细胞在雄性激素调控下被激活，并协同胶原蛋白等结构基因的表达，启动育儿袋的形成过程。可以说，它们是育儿袋这一创新器官的“源头细胞”。

更具说服力的是，研究人员向雌性海马体内注射雄激素后，发现其体表竟然也能形成类似育儿袋的结构。这一结果明确表明，雄激素及其调控的上皮祖细胞，是激活育儿袋器官发生的开关。

突破不止一项。刘雅莉说：“在基因调控层面，我们首次构建了海马的基因敲降品系，证实了海马特异进化出的两个基因—sp-chia与pastn—在类胎盘的形成过程中起重要调控作用，这可能是海马实现‘父孕’的关键遗传基础。”

海马“超级奶爸”的传奇，生动展现了生命演化的无限可能。

独特的免疫耐受机制

妊娠对脊椎动物来说，还是一场免疫学挑战。胚胎携带来自另一亲本的遗传物质，理论上被免疫系统识别为“异物”。在人类和其他哺乳动物中，这一问题通过复杂的免疫耐受机制得以解决。

那么，海马爸爸又是如何避免“排斥自己孩子”的？

刘雅莉解释：“它们丢失了脾脏这一重要免疫器官，并丢失了包括foxp3在内的若干关键免疫耐受相关基因。同时，多个免疫相关基因家族在海马身体中发生收缩甚至丢失。这些改变使得海马的免疫系统能够与胚胎‘和平共处’。”

为了追溯育儿袋的演化起源，研究团队还比较了多种海龙科鱼类的育儿袋类型。结果显示，不同物种之间存在显著差异。例如有的育儿袋是开放式的，有的半封闭，有的则完全封闭、功能高度复杂。

研究人员认为，育儿袋的演化起点，可能是一类特化的表皮细胞。在早期阶段，这些细胞的功能仅仅是帮助粘性卵附着在雄性体表。随着演化推进，这些细胞逐渐“招募”更多功能相似的细胞群，并通过新基因的产生与调控网络的重塑，最终演化出结构精巧、功能多样的育儿袋系统。

研究人员表示，这项研究揭示了海马的育儿袋并非完全“从头进化”产生的新结构，而是通过对已有“功能模块”进行重组、整合而形成的。这一发现具有重要的演化生物学意义，它表明自然界生物在构建复杂生殖结构时，倾向于巧妙重新利用已有的遗传与细胞元件，而非每次进行全新创造。这项研究为我们人类理解脊椎动物从“卵生”到“胎生”的演化规律提供了新视角。

海马“超级奶爸”的传奇，生动展现了生命演化的无限可能。

近日，中国农业科学院农业信息研究所科学数据研究室利用新一代信息技术，研制出牛行为识别轻量化模型 MASM-YOLO，实现了对肉牛六类典型行为的快速精准识别，有效提升了牛群饲养管理效率，为放牧机器人装上了“看得清、看得准、跟得上”的智能之眼。

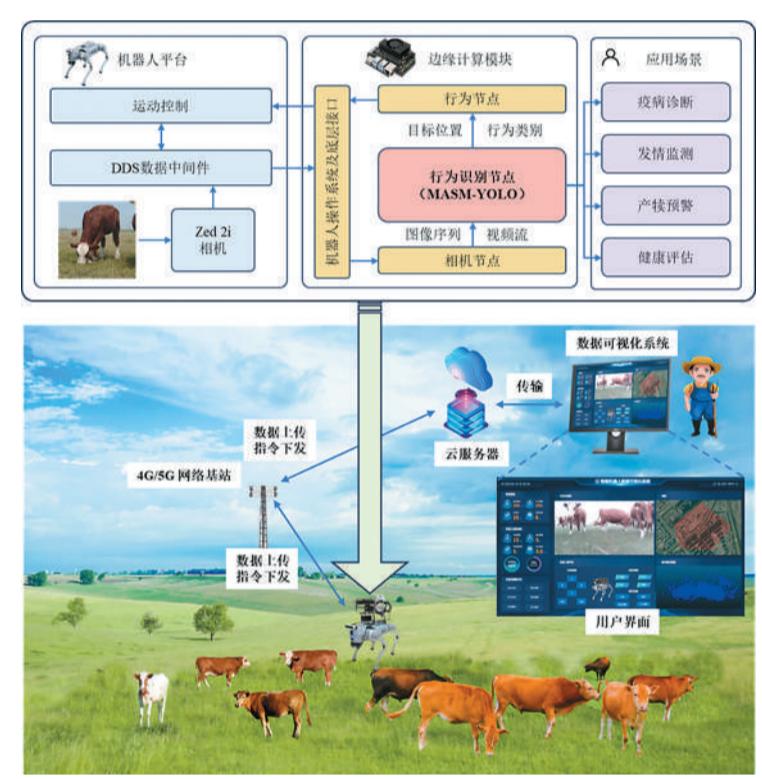
与圈舍饲养不同，天然草原牧场放牧场景对机器视觉感知提出了很高要求，面临着光照变化剧烈、背景环境复杂、牛只群体遮挡以及运动模糊等难题。科研团队在研发四足放牧机器人的过程中发现，传统目标检测或行为识别模型往往难以同时兼顾识别精度与实时性，难以在移动装备和边缘设备上稳定运行。

针对这一难题，研究团队创新研制出 MASM-YOLO 模型。据研究人员介绍，该模型在架构设计上融合多尺度特征提取、自适应检测机制与轻量化骨干网络，围绕“在真实草原环境中可用、好用、稳定运行”这一目标进行系统优化。

在真实牧场实验场景下，MASM-YOLO 模型对站立、躺卧、采食、饮水、回舔和吮吸六类肉牛行为均表现出良好的识别稳定性与准确性，并在识别精度与计算效率之间取得了最优协同，为草原牧场自由放牧场景下的牛群疫病诊断、发情监测、产犊预警和健康评估等饲养管理提供了重要基础。模型本身也很“轻巧”，直接用在四足放牧机器人所使用的机载计算平台上，几乎不影响机器人的正常运行。这意味着，放牧机器人可以一边行走巡牧，一边稳定地“看懂牛在干什么”，为实际应用扫清技术障碍。

据悉，该技术突破不仅为四足机器人安装了“慧眼”，也为全面创新制放牧机器人提供了关键技术支撑。随着相关技术的持续完善与应用拓展，智能放牧正在为我国草原畜牧业的高质量发展注入新的科技动能。

该研究得到国家重点研发计划、中国农业科学院农科英才领军人才等项目支持。



放牧机器人工作示意图。

放牧机器人「慧眼识牛」

本报记者 周殊芸

人工智能助力药物虚拟筛选提速百万倍



▲浙江省金华兰溪市梅江镇的金线莲数智生产基地种植大棚内，工作人员检查记录金线莲种苗的生防菌田间实验数据，为林下生态栽培金线莲提供技术保障。

▼工作人员挑选健壮种苗。

陈业摄（人民视觉）



本报北京电（记者吴月）为疾病靶点匹配适配的小分子，是靶向药物研发的关键。面对人体内数以万计的潜在靶点，如何快速筛选苗头化合物？近日，清华大学智能产业研究院教授兰艳艳联合该校生命学院、化学系团队，创新研发了人工智能驱动的超高通量药物虚拟筛选平台DrugCLIP，其筛选速度比传统方法提升百万倍，预测准确率也取得显著突破。

依托该平台，团队首次完成了人类基因组级别的药物虚拟筛选，为创新药物发现带来新可能。相关研究成果以“深度对比学习实现基因组级别药物虚拟筛选”为题，于北京时间1月9日在线发表于国际学术期刊《科学》。

兰艳艳介绍，人类基因组编码2万余个蛋白，受传统工具效率等制约，现有蛋白靶点开发只覆盖其中小部分。团队创新将传统的分子对接方法，转化为蛋白口袋与小分子在向量空间中的高效语义检索。基于128核中央处理器和8张图形处理器的计算节点，DrugCLIP可在1天内完成10万亿次蛋白—配体打分，较传统方法提速百倍。

速度提升，准确性如何？团队进行了一系列实验。例如，去甲肾上腺素转运体是抑郁症等疾病的重要靶点，DrugCLIP从160万个候选分子中，为该靶点筛选出约100个高评分分子。实验检测显示，其中15个为有效抑制剂，12个分子的结合能力优于当前一种常用抗抑郁药物。

目前，依托DrugCLIP，团队完成了覆盖约1万个蛋白靶点、2万个蛋白口袋的虚拟筛选项目，分析筛选超过5亿个类药小分子，富集出超过200万个潜在活性分子，构建了目前已知最大规模的蛋白—配体筛选数据库。

据悉，该数据库已免费面向全球科研社区开放，为基础研究与早期药物发现提供数据支持。筛选服务平台也同步上线，支持对用户上传的靶点和蛋白口袋进行定制化筛选，截至论文发表时，已累计服务1400余名用户完成1.35万余次筛选。

兰艳艳说，DrugCLIP平台有助于在抗癌、传染病、罕见病等方向上，加速新靶点与首创新药的发现。团队将持续优化引擎性能，拓展支持模态，助力构建更智能、高效、普惠的药物创新生态。

定制化装备 高效采收马铃薯

本报电（记者周殊芸）日前，农业农村部南京农业机械化研究所绿色耕作与根果类作物收获技术创新团队依托中国农业科学院科技创新工程，创制出适合丘陵山区与平原区全场景适配的马铃薯联合收获系列装备，破解了马铃薯收获环节机械化水平低、用工量大、劳动强度高等难题。

马铃薯收获环节长期以来都是产业发展的痛点。目前马铃薯收获以人工或挖掘铺放方式为主，用工量占生产全过程的45%，成本高、效率低，特别是我国马铃薯种植地形复杂、地块差异显著，对机械化装备的适应性提出了严峻挑战。

研究团队针对马铃薯机收共性关键核心技术靶向攻关，系统突破了仿形限深、低损耐磨挖掘、



马铃薯机收系列装备。

研究团队供图