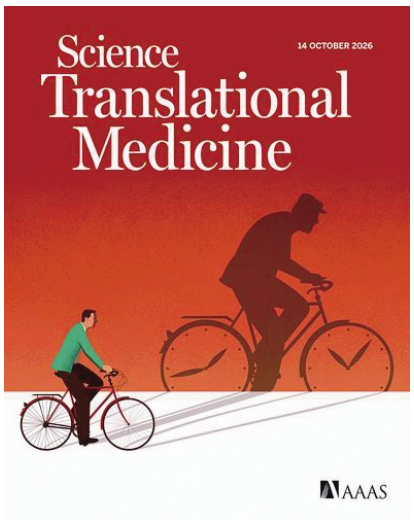
代谢衰老测量和慢病预警技术 AI 担重任

本报讯 上海交通大学医学院附属仁济医院教授卜军团队联合上海交通大学研究员钱昆团队，通过整合大规模临床人群、高通量代谢检测和人工智能（AI）分析，系统刻画了贯穿全生命周期的血浆代谢特征，并将代谢分子变化与慢性疾病、死亡风险及多病共存等临床结局相联系，为将血浆代谢组学作为一种可扩展且可进行临床解读的框架提供了证据。相关成果近日发表于《科学－转化医学》，并入选当期封面文章。

研究团队利用自主研发的高通量固相质谱检测与 AI 集成学习技术，分析了来自中国 6 个中心的 18476 名参与者的血浆代谢组，年龄覆盖 1 至 96 岁，随访约 6 年。在此基础上，团队描绘了从出生至衰老全生命周期的血浆代谢变化特征，筛选出 56 个代表性年龄相关代谢特征，并进一步揭示相关代谢指标与心脑血管、肿瘤等各种慢病，全因死亡风险及多病共存负担之间的联系。



《科学－转化医学》当期封面。
上海交通大学医学院附属仁济医院供图

团队进一步开发了一个名为“代谢组年龄加速”（mAA）的检测指标，旨在量化个体的代谢年龄及代谢状态相对于实际年龄的偏离。随着队列人群年龄的增长，该指标与高血压、脂肪肝、糖尿病等慢性疾病以及全因死亡风险的升高相关。在全因死亡分析中，mAA 每增加一个标准差，对应的死亡风险约升高 50%。

在此基础上，团队研究了一个疾病队列，并开发了名为“年龄偏差”的代谢指标。在患有更严重和全身性疾病的患者中，该指标的数值更高，并能预测多病预后及死亡风险。在纵向随访队列中，生活方式及慢性疾病管控对代谢衰老有影响。相关数据为健康生活科普和主动健康管控对衰老与慢病的影响提供了真实世界的证据。

这项研究为深入认识人体发育与衰老的代谢规律、探索基于血液分子信息的健康风险分层及个体化健康管理提供了新的科学依据，同时利用一管血浆的代谢特征检测，把衰老速度变成了可量化临床指标，从而达到临床监测与干预的目的。 （江庆龄）

相关论文信息：https://doi.org/10.1126/scitranslmed.adz4815

开源模型 structRFM 提升 RNA 多任务预测性能

本报讯 中国科学技术大学教授周少华、特任研究员熊鹏团队发布了一款开源 RNA（核糖核酸）序列基础模型 structRFM，提高了模型在 RNA 结构预测与功能推断一系列下游任务中的性能，有望助力人工智能驱动的科学研究、生物学机制理解、药物发现等。近日，相关成果发表于《自然》。

RNA 是一种重要的生物大分子，存在于生物细胞以及部分病毒、类病毒中，其功能与序列、折叠结构密切相关。RNA 分子通过碱基配对形成二级结构，并进一步折叠为三维构象，这些结构影响着分子的生物学活性及与其他分子的相互作用。因此，理解序列、结构与功能之间的联系，是揭示 RNA 生物学机制的重要基础，也是药物发现的支撑要素。

随着测序技术的发展，研究者积累了海量的 RNA 序列数据。借鉴自然语言处理中的预训练方法，RNA 基础模型能够从这些数据中学习序列规律，提取可用于不同任务的通用特征，为结构预测和功能分析提供支持。

此次研究旨在将结构知识融入大规模序列学习，同时保持模型在不同结构与功能任务中的适应性和泛化能力。为研发 RNA 序列基础模型 structRFM，团队首先构建了约 2100 万条经计算注释的序列—二级结构配对数据；在此基础上，设计算法同时预训练学习序列上下文与结构依赖。预训练后的模型仅需输入序列，即可提取序列级、核苷酸级和核苷酸对级特征，用于多种结构与功能的推断任务，并在多项任务中达到国际前沿水平。



AI 制图

实验显示，structRFM 在零样本同源性分类中表现良好，并提高了二级结构预测性能；将其特征融入三级结构预测模型后，改善了三维结构及其对应二级结构的预测结果。在功能推断方面，模型支持剪接位点预测、内部核糖体进入位点识别和非编码 RNA 分类。此外，模型在新发布的 RNA 家族上保持了较好的二级结构预测表现，并通过分段策略扩展至长非编码 RNA 分类。消融实验进一步验证了结构信息的引入及掩码策略对模型性能提升的作用，为算法设计提供了实验支持。

研究人员介绍，目前实验室已开放完整配对数据、模型权重和源代码，为研究结果的复现和相关模型的开发提供了可复用资源。 （王敏）

相关论文信息：
https://doi.org/10.1038/s41586-026-11210-2

为基因编辑临床转化修好“监管护栏”

（上接第 8 版）

五是风险分级与协同治理并举。《条例》本身已确立风险分级思路，按操作复杂程度、影响可逆性、伦理风险等因素确定等级，高、中、低风险技术对应不同审批程序与限制期限。下一步可把分级标准做得更细更透明，让机构和企业对号入座、照单合规。同时以《条例》施行为契机，推动相关法律、行政法规与部门规章的衔接协调，形成监管合力。基因编辑是全球共同面对的治理命题，世界卫生组织的治理框架与主要国家的分级监管实践均可资借鉴；我国也应积极参与国际伦理准则与技术标准制定，在全球治理中贡献中国方案。

基因编辑临床转化承载着无数患者治愈的期盼，也考验着一个社会守护生命底线的能力。对前沿技术最大的爱护，是为它修好护栏。《条例》施行半年来，配套文件与备案、审批工作规范陆续落地，正是研究机构、医疗机构与企业对照《条例》自查整改、监管细则抓紧补位的关键阶段。护栏从来不是创新的绊脚石。护栏越结实，前沿技术走向病床的脚步就越让公众安心。把准入、审查、保护、披露、协同五个环节中的每一个环节都“拧紧”了，中国的基因编辑才能行稳致远，真正造福患者。

（作者系中南财经政法大学国际法学院副教授、涉外法治研究院国际生命健康法治研究中心主任。本文系国家社科基金一般项目“比较法视野下可遗传人类基因组编辑监管制度研究”〔批准号 25BFX037〕阶段性成果）