



游戏与创新

张炯强

《黑神话:悟空》无疑是近期最热门的话题之一。玩家沉浸于魔幻世界,大呼过瘾;我们也为具有中华文化特色的文创产品走向世界喝彩。而更让人兴奋的则是,这款游戏显现的科技创新水平。

精美的图形和流畅的动画,栩栩如生的造型,一次次惊心动魄的厮杀……游戏的背后是诸多高科技创新的结晶,如3D技术、区块链、大数据算力、人工智能、虚拟现实、5G、云计算等等,几乎涵盖当下最前沿的互联网及AI技术领域。

在电子游戏的发展历程中,创新一直是

推动行业进步的重要动力。从最初的暴力打怪过关、简单像素游戏到如今的沉浸式3D世界、互动方式,科技创新是其生存的灵魂。它反过来也拓展了人类的思维空间,衍生出“元宇宙”之类的全新科创领域。

据说,游戏创新一个很重要的内容是物理引擎的革新。现在很多游戏因为物理引擎出色,使得玩家的每一个动作都能够得到真实的反馈,犹如身临其境。还有一个创新就是非线性剧情,玩家在不同的时间点作出的选择会导致完全不同的故事发展和结局。如此,电子游戏已经不是以前那个过关斩将

的宣泄工具了,它更能激发人的个性和创造性,甚至,每个玩家都能成为一个“创新者”。

由此,从另一个方面来说,游戏产业代表了一个国家的高科技及创新水平。

从创新社会建设大局出发,我们的教育机构不妨尝试设立游戏开发这个专业,可以有效培养学生的创新思维和解决问题的能力。而且,游戏开发是一个高度跨学科的领域,它涵盖了计算机、艺术设计、心理学等多个学科的知识,让学生在在实践中体验到不同学科之间的紧密合作与相互交融,从而进一步促进创新精神的发展。

同济团队

开发机器学习方法 解析生物大分子 凝聚体全基因组图谱

生物大分子凝聚体在细胞功能中扮演着至关重要的角色,它们通过聚集蛋白质或核酸分子,形成较为稳定的独立区域。与染色质相关的生物大分子凝聚体,是近年细胞生物学研究的一个热点。众多研究已经揭示,这些凝聚体与染色质的活动——如基因转录和表观遗传修饰——有着密切的联系。尽管如此,对于生物大分子凝聚体在全基因组尺度的定位图谱,包括基因组上各种凝聚体的种类和具体位点,目前尚缺乏系统性的研究和解析。

近日,同济大学生命科学与技术学院张勇课题组与临港实验室朱光亚课题组合作在《自然·通讯》上发表文章,开发了预测染色质关联生物大分子凝聚体全基因组图谱的机器学习方法 CondSigDetector。

这种名为 CondSigDetector 的新方法,旨在探测生物大分子凝聚体的全基因组定位图谱。这一方法利用了生物大分子凝聚体的核心特性——通常由多种蛋白质通过协同作用形成。CondSigDetector 分两个步骤执行:首先,通过整合特定细胞类型中的染色质相关蛋白的 ChIP-seq 数据,构建主题模型来识别这些蛋白在基因组上的特异性共定位模式。随后,利用公共数据库中的数据,结合这些蛋白的凝聚体物理化学性质,评估这些共定位模式组成凝聚体的潜能。具有高凝聚潜力的共定位模式被识别为 CondSigs (Condensate-like chromatin-associated protein co-occupancy Signatures)。这些 CondSigs 不仅提供了组成凝聚体的蛋白信息,还指明了这些凝聚体在基因组中的具体位点。在对小鼠胚胎干细胞和人类 K562 细胞进行了大规模预测后,张勇课题组与朱光亚课题组合作,对两个新发现的 CondSig 进行了详细鉴定。这些研究验证了这些凝聚体在细胞内的具体组成和定位,进一步证实了 CondSigDetector 方法的有效性和实用性。本报记者 张炯强

华理团队

利用 AI 预测 小样本数据下 抗耐药菌聚合物结构

人工智能在生物医药和生物材料设计中的赋能作用至关重要,通过先进的模型、算法和数据分析,能深入解析药物分子的构效关系,优化候选药物结构。但聚合物不确定的序列和复杂的分子组成使其难以全面表征结构,且生物活性聚合物的样本量小,难以构建大数据模型进行精准预测。因此,如何基于人工智能实现小样本数据下聚合物结构预测是领域核心挑战。

近日,华东理工大学信息学院唐漾教授与材料学院刘润辉教授等在人工智能和抗耐药菌多肽模拟聚合物方面进行跨领域合作研究。首次在基于人工智能实现小样本多肽模拟聚合物活性预测和逆向设计中取得关键突破,仅依赖小样本 (<100) 结构与活性数据实现在庞大聚合物空间 (>1060) 中精准预测聚合物抗菌活性,并通过逆向设计发现大量具有突出广谱抗耐药菌活性和高选择性的优选聚合物结构,为抗耐药菌多肽模拟聚合物研究提供了新思路。该成果以“人工智能辅助抗耐药菌宿主防御肽模拟聚合物的多肽逆向设计”为题发表在《自然·通讯》上。

该研究以 β -多肽聚合物为模型,通过构建面向聚合物的多模态信息(文本序列、图形、描述符)表征构架以提取完整、全面的多尺度聚合物信息训练预测模型,实现小样本聚合物数据下对海量聚合物结构的精准抗菌性能预测。最后对其中一个优选聚合物 DM0.8iPen0.2 开展合成与抗耐药菌研究,结果表明人工智能模型预测抗菌活性与实验数据高度一致,验证了人工智能对多肽模拟聚合物活性的精准预测。本报记者 张炯强

上海交大团队识别出三百一十四种非挥发性代谢物

苦涩甘鲜 乌龙茶风味的秘密被揭开



乌龙茶滋味感官评价备样

中国人爱品茶,其中的苦、涩、甘、鲜层次丰富,回味无穷。这些复杂丰富的风味是如何形成的?人们常常体会到的“口感”究竟取决于什么?近日,上海交通大学食品风味感知创新团队对乌龙茶的风味开展了一系列综合研究,揭示了乌龙茶独特风味特征背后的科学秘密。

乌龙茶是我国传统茶叶之一,其发酵程度介于绿茶和红茶之间,因产地和烘焙工艺不同而产生各具特色的丰富口感,受到国人欢迎。项目负责人冯笑笑博士介绍,团队从143种乌龙茶中选出25款来自南福建、北福建以及中国台湾地区的代表性乌龙茶,通过滋味表型分类,将这些茶分为水仙—肉桂—冻顶、高山和铁观音等三大类来探寻它们截然不同的风味魅力。

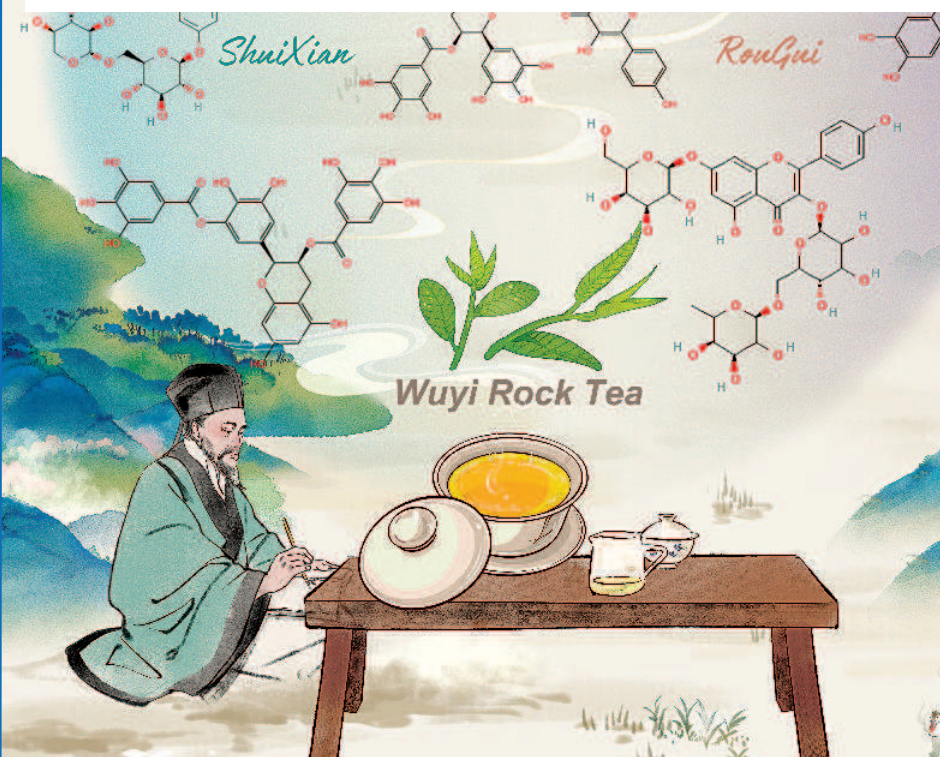
呈现乌龙茶滋味的化合物主要来源于能够溶解于高温水中的非挥发性代谢物。从这些茶中,研究团队识别出了314种非挥发性代谢物,其中87种和77种代谢物分别被筛选出作为影响地域和烘焙程度的关键差异滋味代谢物,包括儿茶素、茶黄素、类黄酮和氨基酸等。有趣的是,随着烘焙程度的加深,表没食子酸(EGC)、表儿茶素(EC)、表儿茶素没食子酸酯(ECG)和表没食子酸没食子酸酯(EGCG)等化合物含量减少,苦味和涩味显著降低。同时,儿茶素(C)的含量上升,鲜味、甜味和回甘增强。“这一发现生动地描绘了乌龙茶从苦涩到甘甜的蜕变过程,仿佛在说:‘喝我

吧,我更美味!’”

这也为茶叶品质优化和加工技术完善提供了新的视角。

进一步以两款“明星茶”——水仙乌龙和肉桂乌龙开展感官特征和代谢差异的研究,团队通过定量描述分析,发现肉桂乌龙在苦、浓、涩的味觉上表现得更为强烈,而水仙茶则以其更强的咸味和鲜味,带来了清新而温和的感觉。通过非靶向代谢组学的分析,研究人员从这两款武夷岩茶中识别出了151种化合物,其中66种被认定为关键差异代谢物,能够帮助大家理解这场“味觉比赛”的背后机制——肉桂茶中的大多数儿茶素和类黄酮类化合物含量丰富,而水仙茶则富含表没食子-3,3'-二聚没食子酸酯、表没食子-3,5-二聚没食子酸酯、没食子-3,5-二-0-没食子酸酯、异牡荆素和茶黄素I等成分。研究还发现,儿茶素、山奈酚、槲皮素和杨梅素的衍生物与苦味和麻感呈正相关,酸味则与没食子酸、奎宁酸等有机酸密切相关,而氨基酸则被认为可能是咸味和鲜味的幕后推手。

这项研究让我们看到了味觉属性与特定代谢物之间的奇妙联系,也在茶香的品鉴中揭开了自然与科学的面纱。本报记者 易蓉



本版图片由采访对象提供