

制氢余热让海水多产一份淡水

利用丰富的海水资源电解制氢,一直是个极具前景的设想。然而,海水中的盐分往往会带来棘手的难题——直接电解不仅容易引发副反应、腐蚀电极,还会导致膜组件堵塞。

目前工业界多采用“先淡化、后电解”的折中方案。但这又引发了新的资源浪费:淡化和制氢2套系统相互独立,制氢所需的淡化水需要耗能制备;与此同时,现有的商业化碱性电解水装置在运行中,约有30%的电能会转化为80~90℃的低品位余热,为了防止设备过热,还得额外消耗电力和冷却水来散热。

能不能让电解槽产生的废热去承担海水淡化的工作,既供应制氢,又额外产出淡水?

中国科学院大连化学物理研究所邓德会、刘艳廷团队将这一设想变成了现实。2026年9月15日,相关研究发表于《Nature Energy》。

研究人员的核心思路,是将碱性水电解与负压低温蒸馏技术结合在一起。通过降低系统内部压力,海水的沸点被大幅拉低,在实验中仅需约44℃即可蒸馏。这

意味着,电解槽排出的低品位余热刚好足够用来驱动海水淡化。在这一过程中,水蒸气冷凝变成纯净淡水,盐分则被截留在浓缩海水中。

为了验证这套工艺的实战能力,团队先建成20 kW中试系统,产氢量达到3.8 Nm³/h,同时联产淡水1.2 kg/h。进一步放大至250 kW后,系统产氢量达到48 Nm³/h,氢气纯度达到99.9999%,并在满足制氢自身用水需求的同时联产淡水31.6 kg/h。Nm³表示气体在标准状态下的体积(标准立方米)。

2个系统分别开展了跨度100 d和40 d的稳定性测试,采用每天启停、稳态负荷运行4 h的方式。与仅采用淡水的传统碱性电解制氢相比,250 kW耦合系统的电能利用率提高14.4%。

(综合:《Nature Energy》、中国科学院大连化学物理研究所官网)

AI虚拟细胞可以帮人类试药吗?

生命现象看似复杂、随机,背后却隐藏着严密而深刻的秩序。这种生命的内在秩序究竟是什么?

长久以来,无数探索者以非凡的智慧、卓绝的努力和极大的耐心孜孜求索,推动生命科学取得了一系列伟大发现。今天,在人工智能时代,新一代科学家正在探索生命奥秘的新路径。

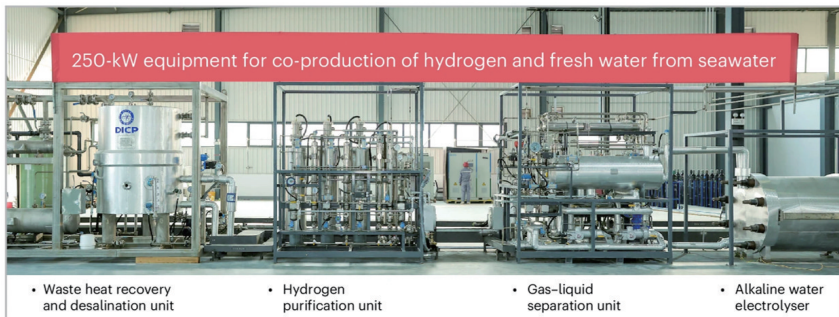
继在蛋白质结构预测等单类生物分子研究领域取得一系列突破后,人工智能正逐步拓展至细胞这一生命活动基本单元的研究。近两年来,虚拟细胞研究逐渐成为全球“AI+生物医药”领域研究与转化的前沿方向,并有望对生物医药、生物制造、农业生产等领域产生颠覆性影响。

然而,如何构建具有实际应用价值的虚拟细胞?什么样的数据才能支撑有效虚拟细胞模型的构建?又应如何科学评估虚拟细胞模型的性能?

西湖大学郭天南团队联合北京大学等机构,建立了一款名为ProteinTalks的虚拟细胞模型。该模型能够学习蛋白质在药物作用下的动态变化轨迹,进而预测药效并筛选候选药物。2026年9月9日,相关研究发表于《Nature》。

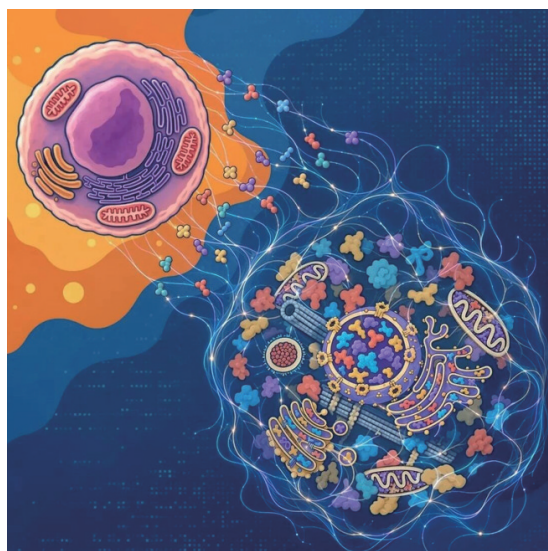
蛋白质是细胞功能的主要执行者,也是绝大多数药物的直接作用靶点。捕捉它们的动态变化,第一步在于合理的数据采集。研究团队先通过密集时间点测试识别出药物作用的不同阶段。结果显示,给药后6 h,药物作用机制相关通路最为突出;随后,细胞的代谢和周期开始发生显著改变;到了48 h,细胞死亡相关通路变得更为明显。

基于这一规律,团队最终选择在给药前(0 h)以及给药后6、



海水制氢和淡水联产250 kW设备

(图片来源:《Nature Energy》)



虚拟细胞模型可预测药效
(图片来源:作者团队)

24和48 h进行系统性测量。研究覆盖了18株乳腺癌细胞系、63种小分子药物以及59种药物组合,获得了蛋白质丰度测量值及配套的药效数据。这种纵向采样策略将原本孤立的静态“快照”串联成了动态轨迹,为模型提供了至关重要的动态信息。

数据备齐后,模型如何将微观的“蛋白质表达量的变化”与宏观的“药效”建立联系? ProteinTalks从给药前的蛋白质表达量的信息和药物靶点出发,利用神经微分方程推演蛋白质表达量随时间的连续变化。更为关键的是,研究人员将“蛋白质表达量变化预测”与“药效预测”放在一起进行联合训练,而不是拆分为2个互不相干的独立任务。这使得模型不仅能学会分子随时间演变的规律,也能深刻理解这些变化如何决定最终的药物效果(包括单药疗效和双药协同作用)。

团队利用4株三阴性乳腺癌细胞系和81种未参与模型训练

的抗癌化合物进行了独立测试。在研究设定的比较框架下,ProteinTalks凭借较少的参数和训练数据,取得了优于所选转录组对照模型的药效预测效果,展现了轻量化架构的优势。

除了预测药效,该模型还能评估蛋白质对预测结果的贡献度,为解释耐药机制提供线索。例如,团队据此识别出一种与抗微管

类药物疗效密切相关的蛋白AKR1C3。随后,他们在一种三阴性乳腺癌细胞BT20细胞系中通过实验降低了该蛋白的表达,结果发现BT20细胞系对化疗药物多西他赛的敏感性显著增强。这一结果为计算模型提出的假设提供了实验支持。

研究更进一步评估该模型临床转化的潜力。团队进一步分析了501名三阴性乳腺癌患者的回顾性数据,发现模型能够依据治疗前的蛋白质信息和治疗方案,将患者划分为总生存期、无复发生存期不同的亚组,不同亚组之间的预后确实有显著的差异。此外,利用3个患者来源肿瘤类器官的基线蛋白质组信息,团队从约3000种化合物中筛选出了一批潜力药物。在类器官实验中,部分候选药物展现出的

半数抑制浓度(IC₅₀)甚至低于临床标准治疗的化疗药物顺铂。

(综合:《Nature》、西湖大学官网、北京大学定量生物学中心官网)

“通才”AI辅助腹部CT诊断

腹部计算机断层扫描(CT)的阅片工作向来是一场“大海捞针”——肝脏、胰腺、胃肠道等众多器官交织在一起,细微的病变极易淹没在海量的影像细节中。过去,医学影像AI试图分担这一压力,但它们多是依赖海量人工标注数据“喂养”出来的“专科医生”,往往只擅长识别特定疾病。一旦要求它们跨越到更多器官,或是面对不同医院的数据时,不仅标注成本高昂,诊断性能也会大打折扣。

浙江大学医学院附属第一医院梁廷波团队联合阿里巴巴达摩院等机构,提出面向腹部CT诊断的“通才”人工智能模型——RADAR。2026年9月17日,相关研究发表于《Science》。

RADAR之所以能成为“通才”,秘诀在于它摒弃了传统的人工画框标注,转而直接从真实的“CT影像+临床报告”中自主学



增强全腹部CT未见病变
(图片来源:Getty Images)