



力促我国微波遥感科研闯入世界前列

“不停奔跑”的金亚秋院士，争当行业领跑者

金亚秋，1946年9月生于上海市。中国科学院院士、发展中国家科学院院士、国际宇航科学院院士、IEEE(电气和电子工程师协会)终身会士。复旦大学信息科学与工程学院教授、电磁波信息科学教育部重点实验室创始主任、国家重点基础研究项目首席科学家。2015年获IEEE GRSS杰出成就奖，2016年获上海市科技功臣奖，2017年获首届全国创新争先奖。



爱国情：

要为祖国切切实实作贡献

回顾回国后的30多年，金亚秋感慨道，当今中国的空间遥感科技在世界上已有举足轻重的地位。在国际学术舞台上，出现了许多中国青年科学家的身影。“几十年来，我们承担了多项国家重要的科研项目、有了很好的基础，也培养造就了大量青年人才。”如今，他的许多学生已成为多个国家重要机构、大学与研究机构的科研骨干。在他看来，中国的科研工作者，已经具备领跑的物质条件，接下去，关键就看自己的努力。

遥感技术与人工智能相结合，是金亚秋及他的学生们的最新研究方向。

金亚秋介绍：“我们在多模式遥感的条件下，能够获得微波雷达内含的非视觉的目标特征信息。人生来有光学视觉的眼睛，可以看照片，但是人看不见微波，微波图像与光学照片不同，但凭眼睛看，看不出多少内容。我们希望通过我们的工作，对于微波遥感目标图像，我们也能够形成一个信息图像。我们希望通过人工智能的发展，能够在微波遥感的大数据当中获得大量内在的、物理的、量化的、精细的、准确的特征信息。”“微波视觉”是我们首次在世界上提出的一个新概念，我们现在主持承担了“微波视觉”的国家级重点项目，是我们面临的一个新的挑战任务，这个将是我们实验室今后的最重要的任务。”

由中央电视台于1988年前后制作的一部讴歌我国科技工作者的大型电视系列专题片《共和国之恋》中，有这么两句歌词：“晨曦中你拔地而起，我就在你的形象里；当世界向你微笑，我就在你的泪光里……”那年，正值金亚秋回国。至今，他特别赞同和喜欢，觉得这首歌表达了几代中国科技工作者的心声。他说：“爱国，就是要与为祖国切切实实作贡献联系在一起，如果我们整个民族都认同和弘扬这样一种精神和观

点，我们就一定能实现伟大的强国梦。”

科研观：

早九晚五从来不是科研人员的时间表

冬日的波士顿，麻省理工学院校园。已至深夜，月光照着积雪，不远处的实验室灯光闪烁。这时，只听得小路的雪地上咔嚓咔嚓的脚步声，一个30多岁的中国人踏雪而来。每天，他都要在这个时候从实验室经过这条小路返回宿舍，因为他几乎全部的时间，都在实验室中求学与科研。这是上世纪80年代初，金亚秋在美国留学时记忆最深的一幕。

即便“功成名就”，金亚秋都难忘当年的这幕场景：“求学的时光是非常神圣的，在异国他乡求学，使命使然。”他常常提及麻省理工学院的实验室夜晚不灭的灯光，“一所大学是不是世界一流大学，或许可以看看周末与假期时，有多少实验室的灯仍然是亮着的。”他又说过：“早九晚五从来不是科研人员的时间表。”

卫星遥感是金亚秋的研究领域。普通人可能对遥感所知不多。“遥”是指在远距离的平台(如卫星、飞机等)上，“感”是指该平台上的遥感仪器(如雷达辐射计等)“观测探测的信息感知”。雷达辐射计获得的电磁波散射和热辐射的观测数据与图像，可以反演重构观测目标的物理特性、种类、变化状态的定量和定性的信息感知。如大气温度湿度、降雨、海面风场、土壤湿度、植被生长、积雪厚度等。

改革开放前，中国人在遥感科技领域十分薄弱。金亚秋带领他的团队推动了卫星微波遥感的基础研究，并应用在中国微波遥感事业发展中。他在复杂自然环境目标电磁散射、辐射传输、计算电磁与空间微波遥感信息感知的研究，使得我国微波遥感的基础研究达到世界该领域科学研究的前列。随着中国遥感科学技术的发展，在风云气象卫星、海洋卫星、“嫦娥”探月工程、目标识别等一系列中国走向科技强国标志性成果的背后，

都有着金亚秋团队的贡献。

“中国的科技发展就是一直在奔跑，从最初的追赶，到后来不少领域实现领跑，我们还要在更多领域实现领跑！”——这是金亚秋科研实践的历程及梦想。

这个奔跑者、追跑者、平跑者，甚至是将来的领跑者，曾走过一条怎样的人生道路呢？

成长路：

从学画、当工人到留洋后回国任教

孩提时代的金亚秋，偶然从同学的哥哥口中听到了华人荣获诺贝尔物理学奖的大新闻，悄然萌生了长大成为一名中国科学家的美好梦想。上世纪50年代的上海，条件艰苦，资源匮乏。

金亚秋还有一个爱好：画画。他曾在中国福利会少年宫绘画组课余学画近7年，这段经历给了他丰富的文化修养和艺术历练。中国许多大科学家均文理双修，不仅是自然科学大师，而且亦是诗人、书法家。金亚秋身上也具备这一特质。

当然，金亚秋最终的人生轨迹并没有成为一名画家。1965年9月，金亚秋以优异的成绩考入北京大学地球物理系。然而，金亚秋上大学的时代，正值我国经历一段特殊时期。1970年，北大毕业的他，却被分配到广西一个偏远山区的化肥厂当工人。8年时间，金亚秋仍然坚持学习，始终没有放弃学习数学、物理和外语。

科学的春天终于到来。1978年，中国科学院面向全国招收首批研究生，金亚秋选择了微波遥感专业，并在考试中名列前茅，被中科院选拔为首批100名公派出国留学的研究生。他大学时的班主任知道后，特意赶到科学院鼎力推荐：“金亚秋是个人才，放到哪都能起作用！”

1988年1月，金亚秋义无反顾地举家归国，并来到复旦大学电子工程系，着手创建电磁信息科学实验室。现在，他领导的团队在卫星遥感与目标识别任务、“嫦娥”登月下一期任务等，都继续发挥着重要作用。文/张炯强 摄/陶磊

孙宁/蓝斐合作团队在《发育细胞》发文

先天性心脏病是新生儿最常见的出生缺陷，发病率高达0.4%~1%，也是婴幼儿死亡的主要原因之一。心脏发育受到很多基因的逐级精密调控，这些基因的突变与先天性心脏病的发生密切相关。

转录因子MESP1在发育早期瞬时表达，调控心脏前体细胞(cardiac progenitor)等的产生，但其激活早期心脏发育基因的机制仍待研究。已有报道在先天性心脏病病人中，发现了MESP1多个位点的单等位基因突变(single-allele mutation)，表观遗传因子PRC1(Polycomb repressive complex 1)复合体、黏连蛋白(cohesin)复合体的多个组分也报道存在先天性心脏病致病突变，而这些组分在心脏发育中的具体作用机制还不清楚。

11月21日，复旦大学基础医学院孙宁实验室和复旦大学生物医学研究院(IBM)蓝斐实验室在《发育细胞》(Developmental Cell)在线发表论文Essential role of MESP1-RING1A complex in cardiac differentiation，发现转录因子MESP1结合表观因子RING1A在心脏发育中共同发挥重要作用。

本研究首次发现MESP1可与PRC1核心蛋白RING1A相互作用，协同结合并激活人类心脏早期发育相关基因表达，如中胚层形成相关基因WNT5A、NCAM1、LEF1、ZEB2、MEIS1、MEIS2、PDGFRA、GATA6，与心脏谱系基因MYOCD和MEF2C；并发现RING1A在人类心肌细胞体外分化和小鼠心脏发育过程中发挥重要作用：RING1A缺失会导致人类心肌体外分化效率、收缩蛋白表达、钙处理能力等的下降；Ring1A敲除小鼠此前只报道过中轴骨发育异常，本研究发现Ring1A敲除小鼠出现与MESP1突变病人类似的先天性心脏病表型，如主动脉骑跨、室间隔缺损、肺动脉狭窄、致密化心室壁变薄等。

孙宁教授和蓝斐研究员为论文共同通讯作者。复旦大学基础医学院梁倩倩青年副研究员、生物医学研究院王司清博士和基础医学院博士生周心妍为共同第一作者。研究还得到了广东省人民医院的朱平教授、纪念斯隆-凯特琳癌症中心的徐一驰博士等合作者的大力支持。

来源：生物医学研究院

赵兴明团队开发宏基因组组装错误识别与矫正算法

宏基因组测序技术已经广泛应用于微生物的研究当中，如何利用测序短序列重构出质量可靠的微生物基因组，对于理解微生物群落和下游功能分析至关重要。尽管近些年来组装算法取得了很大进展，但是由于宏基因组数据的固有复杂性，错误在宏基因组组装结果中仍然普遍存在，包括由于同一基因组内的重复序列或不同基因组之间共享的保守序列引起的基因组内或者基因组间拼接错误。现有评估宏基因组组装质量的方法大都依赖参考基因组，仅适用于真实环境中已知的一小部分微生物，这显然不适用于微生物多样性中大量的未知物种。因此，亟需针对基因组组装结果开发不依赖参考基因组的质量评估以及错误矫正方法。

复旦大学类脑智能科学与技术研究院赵兴明教授团队提出了一种无参的宏基因组组装错误识别以及校正工具metaMIC，能够精确定位组装重叠群(contig)上

可能的错误区域。11月4日，该研究成果以metaMIC: Reference-free Misassembly Identification and Correction of de novo metagenomic assemblies为题，发表在Genome Biology期刊。

复旦大学类脑智能科学与技术研究院生物医学AI团队的博士生赖森莹是本研究的第一作者，赵兴明教授、Luis Pedro Coelho青年研究员以及华中科技大学的陈卫华教授为本论文的共同通讯作者。近年来，该团队在微生物领域进行了不断探索，围绕宏基因组组装、物种识别到下游分析已开展了一系列工作，相关工作包括宏基因组分箱算法SemiBin(Nature Communications, 2022)、全球微生物基因目录GMGC(Nature, 2021)，建立了GMrepo(Nucleic Acids Research, 2019, 2020)，mMGE(Nucleic Acids Research, 2021)和mBodyMap(Nucleic Acids Research, 2022)等数据库。

来源：类脑智能与科学技术研究院