



北京信息科学与技术国家研究中心

Beijing National Research Center for Information Science and Technology

简 报

办公室编印

2026 年 3 月刊

2026 年 3 月 31 日

本期导读

科研动态

- 信息国家研究中心新城通信光子器件群体牵头获 2026 年日内瓦国际发明展金奖
- 江瑞团队研究成果入选 2025 年度“中国生物信息学十大进展”
- 于涛课题组 MetricHMSR 工作被 CVPR 2026 接收：基于单目图像的度量人体与场景联合重建
- 信息国家研究中心学术工作委员会全体会议暨交叉创新群体建设项目论证评审会议举行

交流合作

- 北京信息科学与技术国家研究中心系列交叉论坛（第 110 期）举行
- 北京信息科学与技术国家研究中心系列交叉论坛（第 111 期）举行

重点成果介绍

- 张学工团队开发单细胞染色质可及性数据分析通用参考集

综合报道

- 信息国家研究中心举办三八妇女节水晶手串 DIY 活动

◆ 科研动态

信息国家研究中心新城通信光子器件群体牵头获 2026 年日内瓦国际发明展金奖

由清华大学信息国家研究中心新城通信光子器件群体与深圳旭宇光电公司、法国 ISEP 张迅教授及有研稀土新材料股份有限公司合作完成的“LumiSense: Human-Centric Full-Spectrum Adaptive Regulation Lighting System (LumiSense: 以人为本的自适应全光谱照明系统)”成果, 近日获得 2026 年日内瓦国际发明展金奖(本次最高奖励)。这款人工智能驱动的、全光谱自适应调节照明系统, 通过生物传感器定位用户、实时分析视觉焦点与眼部特征, 量化环境光舒适度, 确定最优照明参数, 并控制全光谱 LED(人眼自然适应范围的关键), 以实现个性化护眼, 服务于“以人为本”的健康照明。第一完成人、群体成员宋健教授在现场展示了成果。本项目成果涉及光健康领域, 也是“光载信息”未来产业“感通算显康”中的一个重要组成部分。

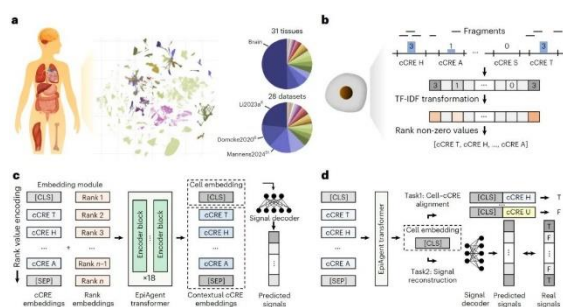
江瑞团队研究成果入选 2025 年度“中国生物信息学十大进展”

3 月 23 日, 《基因组蛋白质组与生物信息学报(英文)》(Genomics, Proteomics & Bioinformatics, 简称 GPB) 公布了 2025 年度“中国生物信息学十大进展”评选结果。清华大学信息国家研究中心/自动化系江瑞教授团队发表在《自然·方法》(Nature Methods) 期刊的论文《单细胞表观基因组基础模型—EpiAgent》(EpiAgent—foundation model for single-cell epigenomics) 入选。

单细胞表观基因组基础模型—EpiAgent

表观基因组是连接 DNA 序列与人体表型、解析致病机制的关键桥梁。清华大学信息国家研究中心/自动化系江瑞团队建立了国际上首个单细胞表观基因组基础模型 EpiAgent, 原创性地将单个细胞的百万调控元件压缩为“细胞语句”, 构建 14 亿参数的大模型统一解析复杂的基因调控规律。该模型通过独创的预训练任务, 在涵盖 500 万细胞、350 亿调控元件的自建超大规模人类染色质开放性图谱(Human-scATAC-Corpus) 上完成训练。

EpiAgent 不仅使大规模表观基因组数据整合分析成为可能, 更在肿瘤细胞中实现了内外源扰动响应与调控元件虚拟敲除的精准推演, 从而全面开启了表观



EpiAgent 预训练数据、词元化过程、模型架构及预训练任务



基因组虚拟细胞研究与应用的新范式。

推荐理由

首个单细胞表观基因组基础大模型，通过 14 亿参数的细胞压缩语言模型解决数据分析与建模难题，开创了表观基因组研究新范式。

于涛课题组 MetricHMSR 工作被 CVPR 2026 接收：基于单目图像的度量人体与场景联合重建

近日，清华大学信息国家研究中心灵境智能群体于涛副研究员课题组的研究成果《MetricHMSR: Metric Human Mesh and Scene Recovery from Monocular Images》被国际计算机视觉领域顶级会议 CVPR 2026 接收。该工作面向单目图像条件下人体与三维场景联合重建的关键问题，提出统一的度量级重建框架 MetricHMSR，可从单张图像中同时恢复人体姿态、体型、全局位置及场景几何，为物理一致的三维理解提供新方案。

近年来，人体三维重建与场景理解成为研究热点，度量级重建在物理智能（Physical AI）与具身智能（Embodied AI）等方向展现出重要潜力。然而，单目输入存在尺度歧义，且现有方法多依赖弱透视假设或多模块流程，难以兼顾局部姿态精度、全局位置恢复及人-景几何对齐，限制了结果的物理一致性与可交互性。

针对上述问题，团队提出 MetricHMSR 框架：一方面，通过引入边界相机光线图，将相机成像几何显式融入特征学习，增强对尺度与空间位置的感知；另一方面，设计 HumanMoE 结构，利用 Patch MoE 与 Global MoE 分层建模局部与全局信息，实现解耦表达。在此基础上，以人体为几何锚点，引导场景深度细化，通过人-景联合约束提升三维对齐精度，实现人体与场景的一体化度量重建。

该研究在不依赖复杂专用外接模块的前提下，实现了单目条件下人体与场景的统一度量重建，为从二维图像迈向物理真实、可计算、可交互的三维世界建模开辟了新的研究方向。清华大学自动化系硕士生宋宸韬、信息国家研究中心博士后张贺为该工作的共同第一作者，于涛副研究员、北京师范大学人工智能学院张鸿文副教授为通讯作者。

信息国家研究中心学术工作委员会全体会议暨交叉创新群体建设项目论证评审会议举行

3 月 11 日上午，信息国家研究中心第二届学术工作委员会 2025-2026 学年度第三次全体会议暨交叉创新群体建设项目论证评审会议在清华大学信息科学技术大楼 1 区 315 会议室举行。学术工作委员会主任胡事民院士，信息国家研究



中心主任戴琼海院士等学术工作委员会委员，以及信息国家研究中心相关交叉创新群体的负责人参加了会议，胡事民主持会议。

戴琼海致辞，介绍了交叉创新群体的建设历程、已经取得的重要成果以及首批群体第一期建设的结题评估情况，希望群体科研工作把握人工智能发展的历史机遇，抓住交叉创新的突破关键，在国家重大需求和重要社会应用中体现出清华信息的风采。



会议现场

信息国家研究中心副主任陶建华教授介绍了交叉创新群体的支持方案。

会议进行了智慧天网、光电智能技术、数基生命系统、灵境智能技术、具身智能技术和超感知与人机融合六个首批交叉创新群体的二期建设项目评审，以及自主科学智能技术和类脑智能技术两个交叉创新群体的新设论证评审。各群体将紧扣国家“十五五”战略规划，面向国家重大需求，围绕重大科学问题与核心关键技术，积极拓展交叉融合边界开展创新研究，力求形成更多示范性应用成果，赋能数字中国建设和新质生产力的发展。

◆ 交流合作

北京信息科学与技术国家研究中心系列交叉论坛（第110期）举行

3月5日晚，北京信息科学与技术国家研究中心系列交叉论坛（第110期）通过线上会议和直播的形式举行，本次论坛邀请了中国工程院院士、东北大学学术委员会主任柴天佑作题为“基于新一代信息技术的工业智能系统”的报告。论坛由清华大学信息学院院长、信息国家研究中心主任戴琼海院士和信息学院副院长任天令教授共同主持。信息国家研究中心党政联席会成员、群体负责人以及校内外师生等330余人通过腾讯会议在线参加论坛，累计约42万人次通过上直播、新浪、百度、视频号等直播平台在线观看。



柴天佑作报告

报告中，柴天佑梳理了工业自动化与信息化系统在三次工业革命中的核心作用，明确了新型工业化对工业智能系统的迫切需求，同时剖析了当前工业企业自动化与信息化系统的现状及主要问题。重点分析了工业人工智能、工业互联网等

新一代信息技术在工业智能化进程中的赋能作用，界定了工业智能系统的内涵，指出了实现工业智能系统面临的各类挑战难题。通过展示新一代信息技术与工业自动化、信息化系统深度融合协同的应用案例，结合复杂工业生产实践，表明新一代信息技术为破解工业智能系统发展难题提供了新路径。最后，报告围绕工业智能系统的研发思路与方法提出明确建议，为推动工业智能化转型、助力新型工业化建设提供了重要参考。

问答环节，柴天佑就工业智能系统的落地面向对象、推广方式及成本可接受性如何，以及工业具身智能关键特点、差异性挑战等问题进行充分解读。

北京信息科学与技术国家研究中心系列交叉论坛（第 111 期）举行

3月19日晚，北京信息科学与技术国家研究中心系列交叉论坛（第111期）通过线上会议和直播的形式举行，本次论坛邀请了浙江大学教授鲍虎军作题为“三维空间的智能构建与绘制”的报告。论坛由清华大学信息学院院长、信息国家研究中心主任戴琼海院士和信息学院副院长任天令教授共同主持。信息国家研究中心党政联席会成员、群体负责人以及校内外师生等110余人通过腾讯会议在线参加论坛，累计约30万人次通过上直播、新浪、百度、视频号等直播平台在线观看。



鲍虎军作报告

近年来，人工智能技术迎来爆发式发展，其依托神经网络实现复杂对象表达与学习的巨大潜力得到充分印证。强大端到端推理能力将多模态内容生成推向全新高度，有效推动计算机视觉、计算机图形学与人工智能的深度融合，为交互三维图形技术的跨越式发展注入变革性动力。报告重点聚焦三维场景智能重建生成与实时全局神经绘制两大核心领域，展现了其在技术探索上的重要进展，充分挖掘神经网络的全局连续参数化表达优势，成功破解图形系统在三维建模与仿真计算中的关键难题，实现了AI原生建模仿真技术的重要突破。此次技术突破意义深远，不仅能够为用户提供高度沉浸的感知体验与灵活操控，满足多场景交互需求，还能为具身智能的演化持续提供高质量训练数据，破解当前具身智能发展中的数据瓶颈。同时，该成果也为人机物三元空间的交互融合，以及高效能软硬件系统的研发提供了切实可行的解决方案，为相关领域的产业化发展奠定了坚实基础。

问答环节，鲍虎军就单目视频中能否优化出光照无关的人体表面纹理信息，

且人体运动、衣服动态建模、渲染优化三者中哪个更具挑战性；多模态重建能否利用不同设备拍摄的同一场景多视角图像进行重建等问题进行充分解读。

◆ 重点成果介绍

张学工团队开发单细胞染色质可及性数据分析通用参考集

单细胞转座酶可及性染色质测序 (scATAC-seq) 技术的飞速发展在为单细胞水平研究基因调控机制的提供了全新契机。然而，现有 scATAC-seq 的分析流程往往依赖于伪批量 (pseudo-bulk) 峰调用 (peak calling) 策略，这不仅在一定程度上削弱了分析结果的单细胞分辨率，还极易掩盖罕见细胞类型的独特染色质特征，限制了对细胞异质性的精细刻画。

针对上述问题，清华大学信息国家研究中心/自动化系张学工团队在 Nature Communications 期刊上发表了题为 “A generic reference defined by consensus peaks for single-cell ATAC-seq data analysis” 的研究论文。

该研究系统构建了通用染色质可及性参考集 cPeak，填补了传统单细胞分析中缺乏统一特征参考的空白，不仅在细胞精准注释和罕见细胞类型识别上展现出超越现有方法的卓越性能，还揭示了不同性质的染色质潜在可及区域在细胞分化与肿瘤进展中的动态变化规律。该成果为 scATAC-seq 数据分析提供了如同转录组分析中参考基因组般的统一特征坐标体系，极大地提升了跨数据集分析的精度和可靠性，并为构建染色质可及性细胞图谱、开发基于染色质可及性的基础大模型奠定了重要技术基础。

研究团队通过分析证实，基因组上潜在的染色质可及性区域在不同条件下表现出相对保守的区域和高度一致的“形状”特征，提示这些区域可能是基因组的一种固有属性。基于这一观察，研究团队提出为染色质可及性数据构建一个类似于转录组分析中“参考基因组”的标准化特征集合。为此，研究团队系统整合了涵盖多种人体组织器官的 624 个高质量 bulk ATAC-seq 公共数据集，定义了约 140 万个高置信度的共识峰 (consensus Peak, cPeak)。基于潜在染色质可及区域位置与其 DNA 序列特征相关的假设，团队进一步开发了卷积神经网络 (CNN) 深度学习模型，额外预测约 28 万个全新的 cPeak。系统评估表明，cPeak 在不同组织器官、测序平台上表现出极高的形状一致性和优异的真实数据覆盖率；同时，基因组注释结果也清晰地揭示了 cPeak 与关键基因调控元件的紧密关联。

研究团队在多种不同数据集上系统比较 cPeak 与主流分析流程在单细胞聚



文章发表在 Nature Communications

类与注释任务中的表现。实验结果表明，在不同降维方法、不同特征数量与多种评价指标下，cPeak 均稳定取得最优或接近最优的性能。这证明了 cPeak 可作为通用特征集合，为 scATAC-seq 数据分析提供稳健基础。

经典的 pseudo-bulk peak calling 方法常因细胞丰度较低而过滤掉罕见亚群的特异性峰。相比之下，cPeak 的构建融合了广泛的组织类型，不被单一数据集中的细胞频率所主导，从而有效保留了区分低丰度细胞群体的关键信息。因此，cPeak 展现出了对罕见细胞类型极高的鉴别敏感度。在人类外周血单核细胞数据分析中，cPeak 成功且精准地鉴定出占比均不足 1% 多种罕见细胞亚群。是在针对 pDC 细胞的深度挖掘中，cPeak 不仅鉴定出了数量远超传统 pseudo-bulk peak 和其他特征集的差异可及性区域，更是精准捕获到了 pDC 细胞标志基因启动子区域极具特异性的染色质可及信号，充分体现了 cPeak 在解析罕见细胞类型方面的优势。

研究发现，cPeak 的内在的“形状”特征还蕴含调控机制信息。研究团队依据峰边缘长度与定位模式，将 cPeak 划分为精确定位 (well-positioned)、不对称定位 (asymmetrically-positioned) 和弱定位 (weakly-positioned) 三种调控模式。其中，团队发现 well-positioned cPeak 的形成与先锋因子的结合以及侧翼核小体的精确定位密切相关。

团队深入探究了这类特异性峰在复杂细胞状态转换中的关键作用。例如，在人类胎儿视网膜发育数据分析中，well-positioned cPeak 的比例在细胞谱系的过渡期显著上升，而在发育后期则出现回落；在人类细胞图谱层面，胚胎细胞的 well-positioned cPeak 比例也普遍高于成体细胞，提示其在早期分化与发育过程中发挥重要作用；在妇科恶性肿瘤（子宫内膜癌与卵巢癌）数据中，基于 cPeak 特征的数据分析清晰区分了不同 CNV 状态的肿瘤子克隆。随着肿瘤进展，well-positioned cPeak 比例呈现非单调变化：早期至中期显著上升，而在晚期略有下降。该规律在独立肝细胞癌数据集中得到验证，表明 well-positioned cPeak 的动态变化可能成为追踪肿瘤演化的重要信号。

cPeak 为 scATAC-seq 数据提供了统一、稳定且具生物学解释性的特征集合，显著简化分析流程，同时保留单细胞分辨率。研究结果表明，不同细胞类型虽在表型上高度异质，但在潜在染色质可及性层面共享一套基础特征结构。正如转录组研究依赖标准化基因注释体系，cPeak 有望为表观组学建立统一特征字典，成为染色质可及性建模与跨数据集整合的重要底层基座，为未来多组学整合与表观组学大模型提供关键支撑。

清华大学自动化系博士生孟秋辰与硕士生吴鑫泽为该论文的共同第一作者；清华大学信息国家研究中心/自动化系张学工教授与清华大学信息国家研究中心魏磊助理研究员为本文的共同通讯作者。该研究得到了国家自然科学基金、科技部重点研发计划、清华-福州数据技术研究院的支持。

◆ 综合报道

信息国家研究中心举办三八妇女节水晶手串 DIY 活动

为庆祝第 116 个“三八”国际妇女节，丰富信息国家研究中心教职工的精神文化生活，提升艺术修养与生活情趣，3 月 6 日中午，信息国家研究中心在信息科学技术大楼举办了一场别开生面的水晶手串 DIY 主题活动。活动吸引了 40 余名女教职工参与，来自各群体的女教职工们欢聚一堂，在晶莹剔透的水晶世界里，共同度过了一段静谧而美好的午间时光。



活动合影

活动特邀资深珠宝鉴赏老师现场授课。老师首先为大家揭开了水晶世界的神秘面纱，从水晶的形成原理讲起，详细介绍了紫水晶、黄水晶、粉晶、发晶等常见水晶品种的特性与寓意。她深入浅出地讲解了水晶的真伪鉴别小技巧，以及日常佩戴中的保养禁忌，让大家在感受水晶之美的同时，也学到了实用的养护知识。

理论知识讲解结束后，活动进入了最令人期待的手串制作环节。老师现场演示了弹力线的穿引技巧、打结的牢固手法以及珠串搭配的审美原则。在老师的悉心指导下，平日里手握文件、敲击键盘的纤纤玉手，此刻纷纷化身心灵手巧的“匠人”。大家兴致勃勃地挑选心仪的珠石，或根据色谱精心排列，或依照功效自由组合。活动现场气氛热烈，欢声笑语不断，大家时而低头专注穿引，时而相互交流配色心得，五彩的丝线在指尖穿梭，晶莹的珠子在盘中碰撞出悦耳的轻响。

经过 1 个多小时的精心制作，一件件独一无二、独具匠心的水晶手串陆续诞生。有的清新淡雅，有的华丽璀璨，每一串都承载着制作者对美的理解和对生活的热爱。在随后的成果展示环节，大家纷纷戴上自己的作品，合影留念，脸上洋溢着满满的成就感和喜悦之情。

报：清华大学党政领导、信息国家研究中心建设运行管理委员会成员、信息国家研究中心学术委员会成员、信息学院党政联席会成员、信息国家研究中心党政联席会成员

送：相关院系、部处负责人

发：信息国家研究中心各部门负责人

编辑：李琳

审核：王钰言

签发：陈文华

联系电话：62792099

E-mail: bnrlist@tsinghua.edu.cn