

项目总结

DOI: 10.12211/2096-8280.2025-067

多方协同DNA安全信息存取：迈向DNA-硅基混合存储设施

刘家坤^{1,2}, 尤迪³, 鲜于运雷⁴, 曲强¹¹ 中国科学院深圳先进技术研究院, 广东 深圳 518055; ² 深圳大学医学部生物医学工程学院, 广东 深圳 518055;³ 华东理工大学生物工程学院, 上海 200237; ⁴ 浙江大学生物系统工程与食品科学学院, 浙江 杭州 310058)

摘要: 随着大数据时代的到来, 传统硅基存储面临密度低、能耗高、寿命短等瓶颈, DNA存储技术凭借其超高密度(理论上可达EB/g级)和千年级稳定性成为颠覆性解决方案。然而, 现有研究多聚焦单方场景, 多方协同下的安全存取、高效编解码及生物兼容性等关键问题亟待突破。在此背景下, 国家重点研发计划“合成生物学”重点专项支持了《多方协同合成基因信息安全存取方法研究》青年科学家项目。本项目提出了一种融合对称-非对称混合加密编码架构与工程菌株生物兼容性设计的DNA存储系统(MSP-DNA), 首次实现了多方协同场景下的数据动态管理与生物安全性增强。通过构建基于Merkle-DAG的增量存储模型, 系统将基因编辑操作降低90%以上; 开发的BO-DNA编码算法通过混沌映射优化大幅度抑制非特异性杂交误差, 存储密度达1.77 bit/nt。结合CRISPR-Cas和Argonaute核酸酶双认证检测平台, 系统实现0.1 fmol/L级灵敏度的信息检索。研究表明, 工程化放线菌底盘在极端环境下的数据稳定性得到显著提升, 安全加密方法可以有效抵抗多种密码学攻击, 并对DNA存储过程产生的数据错误有一定纠错能力。本研究为下一代生物-电子融合存储基础设施建设提供关键技术支撑, 助力破解“冷数据”长期存储与“热数据”实时访问的协同创新难题。

关键词: DNA存储; 多方安全协同; 混沌加密; Merkle-DAG模型; 生物兼容性编码; CRISPR-Cas和Argonaute核酸酶双认证

中图分类号: Q819 文献标志码: A

Multi-party collaborative secured DNA data storage and access: toward a hybrid DNA-silicon storage facility

LIU Jiakun^{1,2}, YOU Di³, XIAN YU Yunlei⁴, QU Qiang¹

¹Shenzhen Institutes of Advanced Technology, Chinese Academy of Sciences, Shenzhen 518055, Guangdong, China; ²School of Biomedical Engineering, Shenzhen University Medical School, Shenzhen 518055, Guangdong, China; ³School of Biotechnology, East China University of Science and Technology, Shanghai 200237, China; ⁴College of Biosystems Engineering and Food Science, Zhejiang University, Hangzhou 310058, Zhejiang, China)

Abstract: With the advent of the big data era, traditional silicon-based storage faces bottlenecks such as low density,

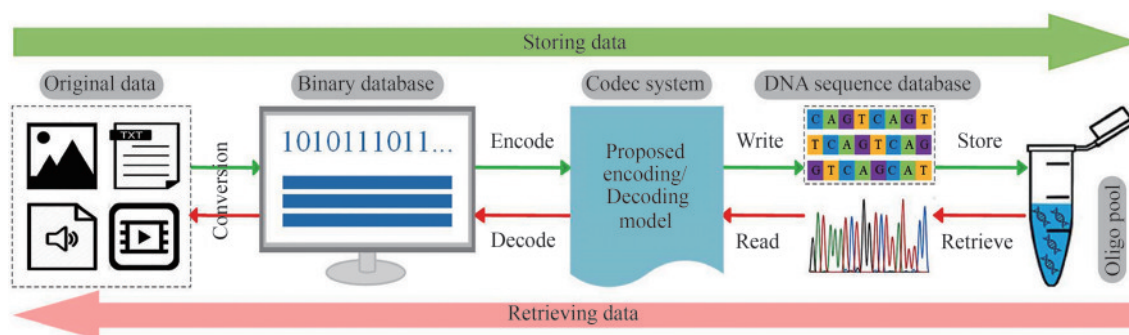
收稿日期: 2025-06-30 修回日期: 2025-09-03

基金项目: 国家重点研发计划“合成生物学”重点专项(2020YFA0909100)

引用本文: 刘家坤, 尤迪, 鲜于运雷, 曲强. 多方协同DNA安全信息存取: 迈向DNA-硅基混合存储设施[J]. 合成生物学, 2026, 7(2): 474-484

Citation: LIU Jiakun, YOU Di, XIAN YU Yunlei, QU Qiang. Multi-party collaborative secured DNA data storage and access: toward a hybrid DNA-silicon storage facility[J]. Synthetic Biology Journal, 2026, 7(2): 474-484

high energy consumption, and short lifespan. DNA storage technology, leveraging its ultra-high density (theoretically reaching a magnitude of EB/g) and millennium-scale stability, has emerged as a revolutionary solution. Since 2012, scientists such as George Church and Sri Kosuri have started to use DNA as data storage media. To improve the use of DNA data storage, DNA Data Storage Alliances of industry and academic organizations have been established in many countries. As the writing and reading speed of data in DNA is far behind of that in computer, DNA data storage is more useful for cold data storage with large capacity but less frequent reading. With the development of DNA sequencing and synthesizing, maybe one day we could use DNA computer. As a result, controlling access to DNA data storage systems is critical. Traditional cybersecurity measures, such as passwords and two-factor authentication, may not be sufficient for protecting genetic information, but utilizing multi-factor authentication (MFA) to guarantee access control measures to be more robust. Organizations may mitigate the potential risk of unauthorized use of DNA storage systems by requesting multiple stages of authentication. However, existing research predominantly focuses on single-party scenarios with critical challenges like securing multi-party access, efficient encoding/decoding, and biocompatibility under collaborative frameworks unresolved. To address this issue, the National Key R&D Program of China's "Synthetic Biology" Key Special Project funded the Young Scientist Project "Research on Securing Multi-party Access Methods for Synthetic Genetic Information". This project proposes MSP-DNA—a DNA storage system integrating a symmetric-asymmetric hybrid encryption architecture with engineered strain biocompatibility design—pioneering the achievement of dynamic data management and enhanced biosafety through multi-party collaborative scenarios. By establishing a Merkle-DAG-based incremental storage model, the system can reduce gene editing operations by over 90%. The developed BO-DNA encoding algorithm significantly suppresses non-specific hybridization errors through chaotic mapping optimization, achieving a storage density of 1.77 bits per nucleotide (nt). Coupled with the CRISPR-Cas and Argonaute dual nuclease authentication platform, the system enables information retrieval at a sensitivity of 0.1 fmol/L. Results demonstrate substantially improved data stability with the engineered actinomycete chassis under extreme environments. The cryptographic approach effectively resists multiple attacks while exhibiting intrinsic error-correction capabilities against DNA storage artifacts. This research provides key technological foundations for next-generation bio-electronic hybrid storage infrastructures, addressing the co-innovation challenge of long-term "cold data" preservation and real-time "hot data" access as well.



Keywords: DNA storage; multi-party secure collaboration; chaotic encryption; Merkle-DAG model; biocompatible encoding; CRISPR-Cas/Argonaute dual nuclease authentication

数字数据的生产量呈指数级增长，超过了主流存储设备 [例如磁带或硬盘驱动器、光盘(例如蓝光)和固态存储(例如闪存)] 存储能力的增长，

因此越来越多数据不得被舍弃。为了保存更多数据，开发更高密度数据存储介质越来越迫切。尽管存在多种形式的分子级或原子级数据存储，

但DNA作为一种替代方案尤为引人注目。其优点如存储密度极高,可比当今最密集的存储介质高6个数量级^[1-3]。这种极高的密度也使得数据可以在分子中长期保存,同时降低静态存储能耗。

使用DNA进行数据存储的基本概念可以追溯到20世纪60年代中期,但直到1996年,乔·戴维斯的生物艺术作品“Microvenus”才首次通过实验展示了DNA数据存储的概念。戴维斯将一幅35位的古代日耳曼符文“女地球”(female earth)的图像编码在了DNA中^[4]。21世纪10年代初,Church^[5]和Goldman等^[6]独立重新审视了DNA数据存储的想法,成功存储了数百千字节的数据,并观察到在可预见的时间框架内,通过改进写入和读取技术,DNA数据存储变得可行。

DNA信息存储和传统硅基介质存储在实现路径上既相通又有很大不同。首先,在给定编解码方法指导下,将计算机识别的二进制信息转化为DNA序列信息,然后用DNA合成技术合成(写入)相应DNA序列。固相合成可以通过基于磷酸酯的化学合成在柱上(低通量)或阵列上(高通量)进行^[7-10]。此外还可用酶法合成长序列DNA^[11-13]。合成后,生成的DNA材料可以被克隆并存储在生物细胞内或在体外存储,例如冷冻在溶液中或冻干以粉末形式保存。需要读取的DNA数据可以从DNA库中选择性地检索出来。DNA数据库中的随机访问可以通过PCR扩增特定数据项的引物对来实现,这些数据项是在编码过程中生成的。最后,使用自动化测序仪器生成一组读取,这些读取对应于它们可以检测到的分子。最常见的测序方法是桑格测序(低通量)和合成测序仪器(高通量,例如Illumina)。近些年纳米孔测序[例如,来自牛津纳米孔技术公司(Oxford Nanopore Technologies, ONT)]发展较快,可用于实时长读长测序进行数据读取。

为了支持国内DNA数据存储研究和产业化发展,科技部“十四五科技规划”中,将DNA存储与量子计算、量子通信和神经芯片等并列为应加快布局的前沿技术之一,在合成生物学重点专项中设置DNA存储相关指南,且于2021年设立了“BT与IT融合”重点研发专项。《多方协同合成基因信息安全存取方法研究》青年科学家项目,于

2020年获得国家重点研发计划合成生物学重点专项资助,项目编号2020YFA0909100,由中国科学院深圳先进技术研究院牵头,联合华东理工大学、浙江大学等单位,旨在构建安全、高效、可扩展的DNA信息存储技术体系。本项目提出了一种融合对称-非对称混合加密编码架构与工程菌株生物兼容性设计的DNA存储系统(MSP-DNA),首次实现了多方协同场景下的数据动态管理与生物安全性增强。通过构建基于Merkle-DAG的增量存储模型,对比修改原始基因序列并重写数据,系统将基因编辑操作降低90%以上;开发的BO-DNA编码算法通过混沌映射优化大幅度抑制非特异性杂交误差,存储密度达1.77 bit/nt(比特/核苷酸),已接近DNA数据存储方法2 bit/nt的理论极限;结合CRISPR-Cas和Ago双认证微流控检测平台,系统实现0.1 fmol/L级灵敏度的信息检索。实验表明,工程化放线菌底盘在极端环境下的数据稳定性得到显著提升,安全加密方法可以有效抵抗多种密码学攻击,并对DNA存储过程产生的数据错误有一定纠错能力。本研究为下一代生物-电子融合存储基础设施建设提供关键技术支撑,助力破解“冷数据”(指非频繁访问的数据,比如备份和归档数据。存储性能要求相对低,要求大容量存储介质)长期存储与“热数据”(指频繁访问的数据,对存储性能要求高)实时访问的协同创新难题。

1 项目概况与技术路线

项目围绕“安全存取-智能编码-稳定存储-高效读取”全链条,设置四个核心研究任务:

(1) 多方协同安全机制:研发混合型加密算法与增量信息管理模型,支持多用户环境下的数据安全共享与动态更新。

(2) 高密度编码技术:设计满足生物约束的增量编码模型,融合纠错与索引算法,提升存储密度与可靠性。

(3) 工程菌株设计:解析翻译后修饰调控机制,开发高稳定性放线菌底盘,实现胞内DNA信息的长期稳定存储。

(4) 纳米读取技术:构建基于纳米探针的

DNA 可视化读出技术，开发基于 CRISPR-Cas 和 Ago 的双认证策略，突破高通量、高灵敏度信息检索瓶颈。

根据以上四项任务，项目组开展的具体研究内容及其关联如图1所示。

项目依托深圳市高性能数据挖掘重点实验室、定量合成生物学全国重点实验室、生物反应器工程全国重点实验室等平台，组建了一支涵盖信息科学、合成生物学、纳米技术的跨学科团队，形成了“算法设计-生物验证-工程优化”的协同创新模式。

2 关键进展与创新成果

经过四年攻关，项目各个子任务均取得了系列显著进展。

2.1 多方协同安全机制

在安全存取技术设计和智能编码算法优化方面，曲强教授团队提出了一种名为 DCFE (DNA Chaos-Fountain Encoding) 的加密编码方法^[14-15]，该方法深度融合了混沌系统(图2)与DNA喷泉码的优势。在 DCFE 中，我们巧妙地运用了超混沌系统的加密原理，将其嵌入到喷泉码的编码流程之中，从而不仅确保了信息的安全性，还同时达成了高信息密度和卓越的纠错能力。这一设计使得 DCFE 能够灵活应对任意规模和类型的数据存储需求，为 DNA 存储领域带来了革命性的突破。在 DNA 喷泉码的编码实践中，我们设计了预编码、LT 编码以及 DNA 映射等多个关键环节。预编码阶段，我们利用先进的 LDPC 码技术为信息符号添加了纠错位，从而生成了中间符号。随后，在 LT 编码阶段，这些中间符号被进一步处理，生成了结果块。最后，在 DNA 映射阶段，我们将这些结果



图1 DNA 信息存储多方协同研究任务总体架构

Fig. 1 Roadmap for this study

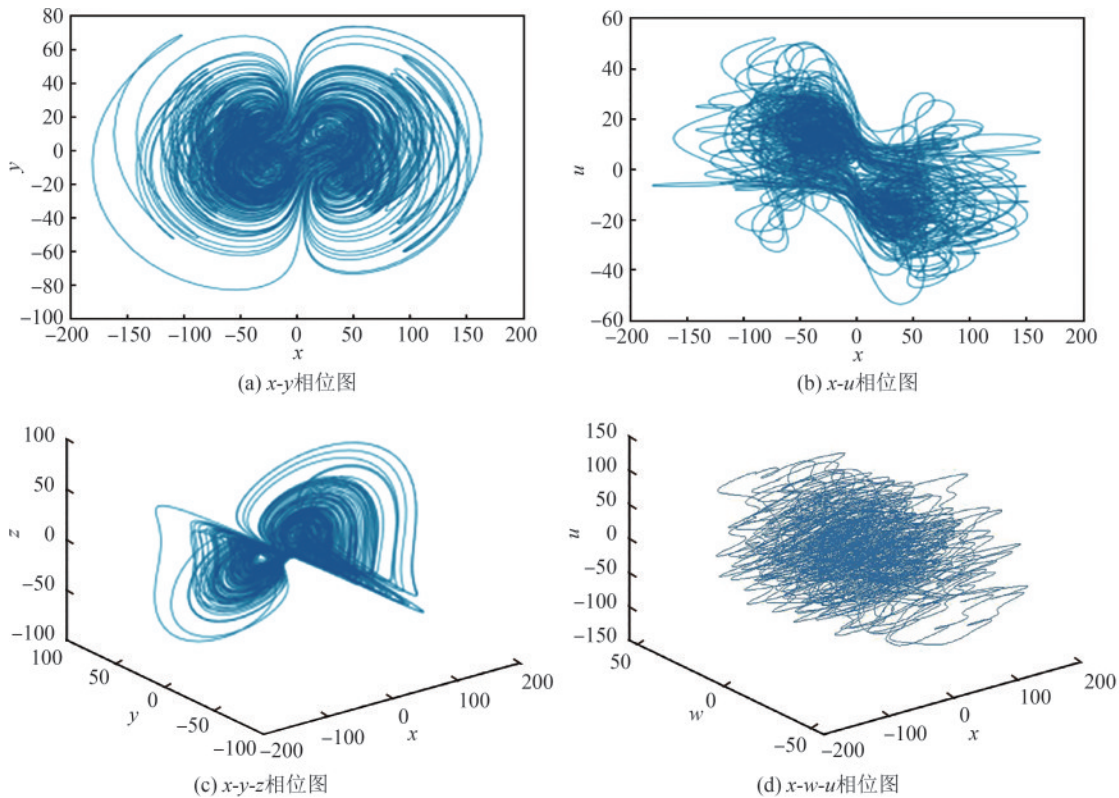


图2 各个平面混沌吸引子图^[15]

Fig. 2 Chaotic attractor graph of the plane^[15]

块转化为了DNA序列，即二进制信息被巧妙地映射为了DNA的四种碱基ACGT。在此过程中，我们还根据实际需求，筛选出了符合特定条件的DNA链，这不仅大大降低了解码的复杂度，还确保了编码结果的平均度值保持恒定。

为了进一步提升DCFE的稳定性和加密效果，我们引入了粒子群优化算法^[16]，对系统常数参数进行了全面而细致的优化。通过这一算法，我们成功找到了最佳的参数值，如图2所示，从而确保了混沌系统的稳定运行，并显著提升了加密的强度和安全性。这一创新性的研究不仅为DNA存储中的数据加密提供了新的思路和技术支撑，更为未来海量数据存储和信息安全领域的发展奠定了坚实的基础，有望在实际应用中发挥举足轻重的作用。

2.2 高密度编码技术

在存储密度方面，DNA数据存储的理论极限存储密度高达2 bit/nt，源于其分子级的信息编码能力。然而，实际应用中需引入冗余用于纠错、数据寻址和合成/测序保障，导致有效信息密度显

著低于该极限。当前国际主流编码方案普遍面临非特异性杂交（即非目标DNA序列间的错误结合）的挑战，这是引入冗余、降低有效密度的关键因素之一^[6, 14, 17-18]。其中，作为开创性方案的Church方法（2012）采用简单映射（如ASCII转碱基），信息密度约0.83 bit/nt。冗余高，纠错能力有限，易受非特异性杂交影响；DNA Fountain（2017）基于喷泉码原理，具有优异的容错性和随机访问能力，信息密度可达约1.41 bit/nt。虽大幅提升了密度和可靠性，但其编码结构仍可能在某些条件下引发非特异性杂交问题^[14]。在此背景下，研究组提出的BO-DNA编码算法通过创新性地引入混沌映射优化技术，有效抑制了非特异性杂交误差，实现最优数据编码存储（如图3所示）。该优化显著降低了为对抗此类错误所需的冗余度，从而实现了高达1.77 bit/nt的信息存储密度。这一数值已极为接近DNA存储的理论极限（2 bit/nt），代表了当前该领域编码效率的先进水平。

曲强研究组开发了有效DNA存储系统方法^[19]，专门用于医疗MRI数据归档，包含分段策

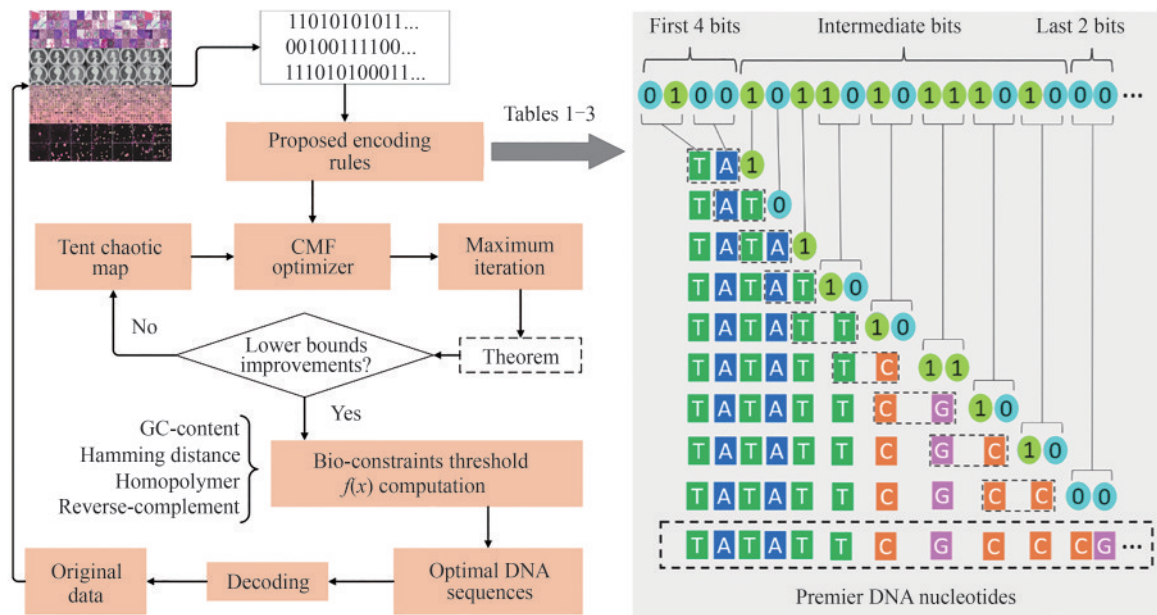


图3 生物优化编码模型BO-DNA工作原理示意图，即将数据编码为适用于存储的最优DNA序列^[14]

Fig. 3 Diagram of the biological refined coding model BO-DNA^[14]

略、四进制转码方法和索引技术，通过计算机模拟和生物学实验验证其有效性。相较于现有方法，研究组提出的系统方法表现出色，为医疗数据的实用DNA存储开辟了新途径，为医疗数据归档和检索的未来带来了广阔前景。

此外，研究组提出面向DNA安全存储的信息增量管理方法^[20]，针对当前DNA存储领域信息编辑研究匮乏及多方信息编辑支持不足、效率低下且成本高昂的问题，提出面向多方编辑的混合型加密方法^[15]，并构建DNA增量存储模型^[20]，实现对DNA存储信息的安全、灵活编辑与管理。混合型加密方法满足多用户环境下的安全需求；DNA增量存储模型针对在当前DNA合成和测序技术限制下的信息编辑需求，分别构建不同的存储数据分区方案和索引编码方案，实现高效的索引链接和信息编辑方法，完成增量管理下数据的安全存取。相关成果发表于 *Computers in Biology and Medicine*、*Small Methods*、《集成技术》等期刊，申请发明专利30项，其中获授权发明专利3项，申请PCT国际专利14项。

2.3 工程菌株开发与优化

在工程菌株设计方面，尤迪教授团队主要完成工程菌群稳定性以及环境抗逆性相关的机制解析，

并建立基于翻译后修饰原理的性能优化策略。针对革兰氏阳性菌放线菌，解析蛋白质酰基化修饰调控细胞代谢，影响放线菌稳定性和环境抗逆性新机制。本项目研究发现，GntR家族调控因子DasR是一种新型c-di-AMP受体蛋白，并且对c-di-AMP合成发挥直接转录调节作用。c-di-AMP可变构激活DasR与其靶基因的结合能力，当细胞内c-di-AMP水平较高时，能够触发对初级GlcNAc代谢和DasR介导的次级代谢的连续响应。此外，高水平的c-di-AMP条件能够屏蔽GlcNAc对孢子发育和抗生素合成的不利影响，显著增强孢子分化以及红霉素的合成能力。由于c-di-AMP合成酶DisA也是DasR的调控靶标，其转录水平受到DasR的负调控，当细胞内c-di-AMP水平过高时，还可通过DasR介导的反馈调控回路维持c-di-AMP的内稳态，以避免c-di-AMP的过度累积。进一步研究以及进化分析显示，这种由c-di-AMP变构调节DasR主导的互作模式在放线菌属中尤其是链霉菌中高度保守，从而表明通过调节该细胞内的c-di-AMP水平，控制放线菌生长发育以及应对环境胁迫具有广泛的意义（图4）。

进一步研究发现，乙酰磷酸（AcP）是调控c-di-AMP水平的重要信号分子，通过催化两种不同的底物（DasR和DisA）的乙酰化修饰，调节细胞内c-di-AMP稳态。其中，AcP诱导的乙酰化主

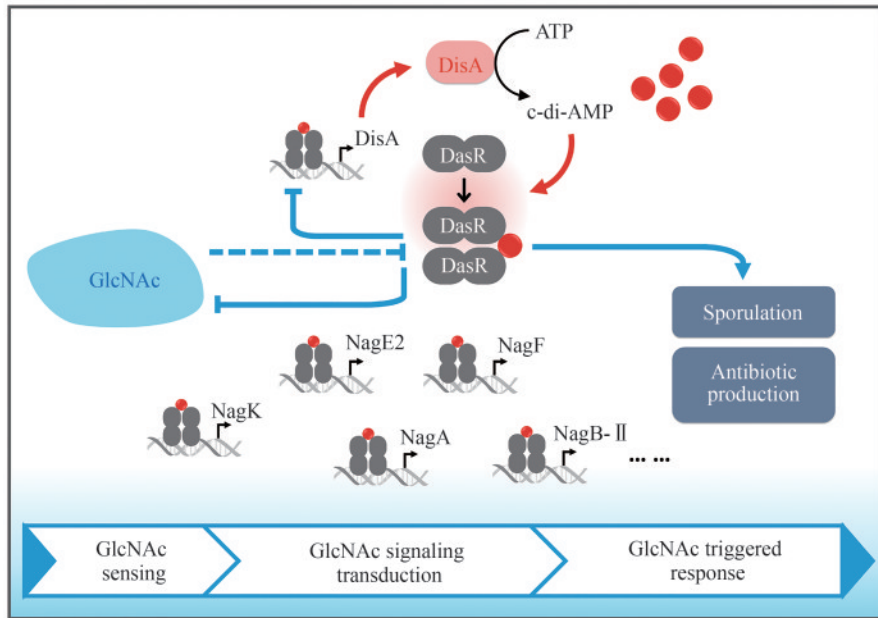
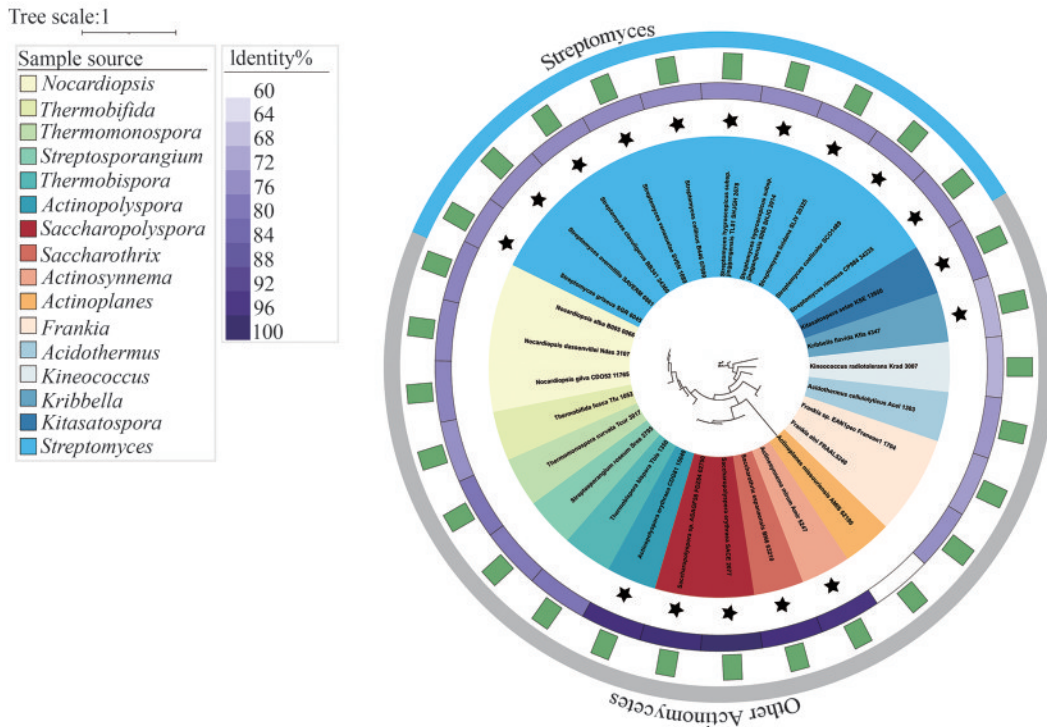


图4 c-di-AMP与DasR交互调控机制示意图^[21]

Fig. 4 Diagram of the cross-regulation of c-di-AMP and DasR^[21]

要通过干扰蛋白质的多聚体功能结构发挥调节作用：DisA的乙酰化抑制了催化c-di-AMP合成的活性，并且K66是影响其八聚体形成和酶活性的关键乙酰化位点；而DasR的乙酰化能够促进胞内c-di-AMP的合成，其主要原理是通过乙酰化修饰破坏了DasR的转录调控功能，解除了DasR对disA

的转录抑制，其中K78是行使该调控功能的关键乙酰化位点。由此表明，AcP可通过对DasR和DisA的乙酰化水平调控，直接/间接调节c-di-AMP的内稳态。进一步的研究还发现，乙酰化的DisA和DasR发生构象变化，在放线菌的形态分化中起着至关重要的作用，利用点突变模拟乙酰化/未乙酰

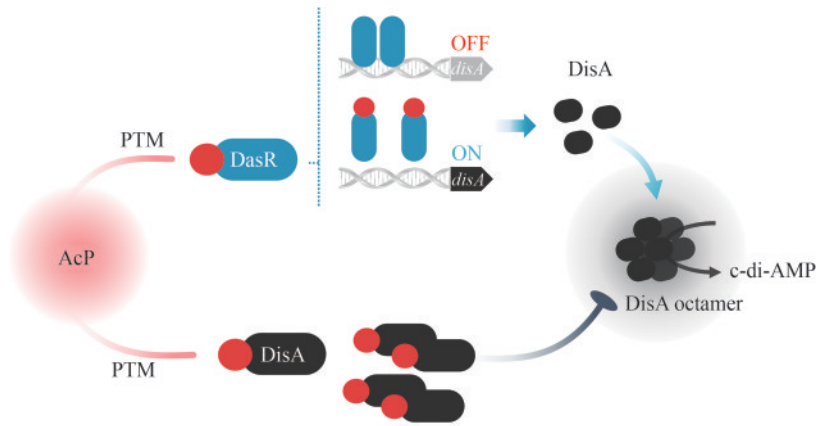


图5 AcP-依赖型乙酰化调控放线菌 c-di-AMP 内稳态的分子机制^[22]

Fig. 5 Molecular mechanism underlying AcP-dependent acetylation regulation on the homeostasis of c-di-AMP in actinomycetes^[22]

化的底物蛋白，构建相应的过表达菌株，结果表明，屏蔽乙酰化调控信号，有利于放线菌的孢子发育（图5）。以上研究均显示，基于酰基化修饰调控的原理和分子机制对于底盘微生物工程化设计方面的应用潜能。该部分成果受到科学网、《上海科技报》等关注和重点宣传报道。

此外，我们也对革兰氏阴性大肠杆菌底盘的稳定与抗逆性机制进行了研究，发现细胞内警报素 (p)ppGpp 的合成受到 cAMP-CRP 的直接调控，CRP 能够直接与 (p)ppGpp 合成酶 RelA 和 SpoT 编码基因的启动子区域结合，激活 RelA 和 SpoT 的转

录；此外，CRP 还能通过诱导 YfiQ-依赖型乙酰化，实现对 RelA 和 SpoT 翻译水平的正调控。进一步研究发现，YfiQ 催化核糖体蛋白 S1 的 K247 位点乙酰化是产生 CRP 非典型翻译调控的本质原因，该翻译调控模式同时也会引起 CRP 自身翻译水平的提高，形成自激活式双重正调控效应，促进碳源限制条件下 (p)ppGpp 的合成。当 (p)ppGpp 浓度过高时，又会通过与 cAMP 竞争结合 CRP 的方式，抑制该正反馈回路，以避免 (p)ppGpp 的过度累积。这种 cAMP-CRP 主导的调控 (p)ppGpp 合成双重自反馈机制（图6），及其响应碳源尤其是葡

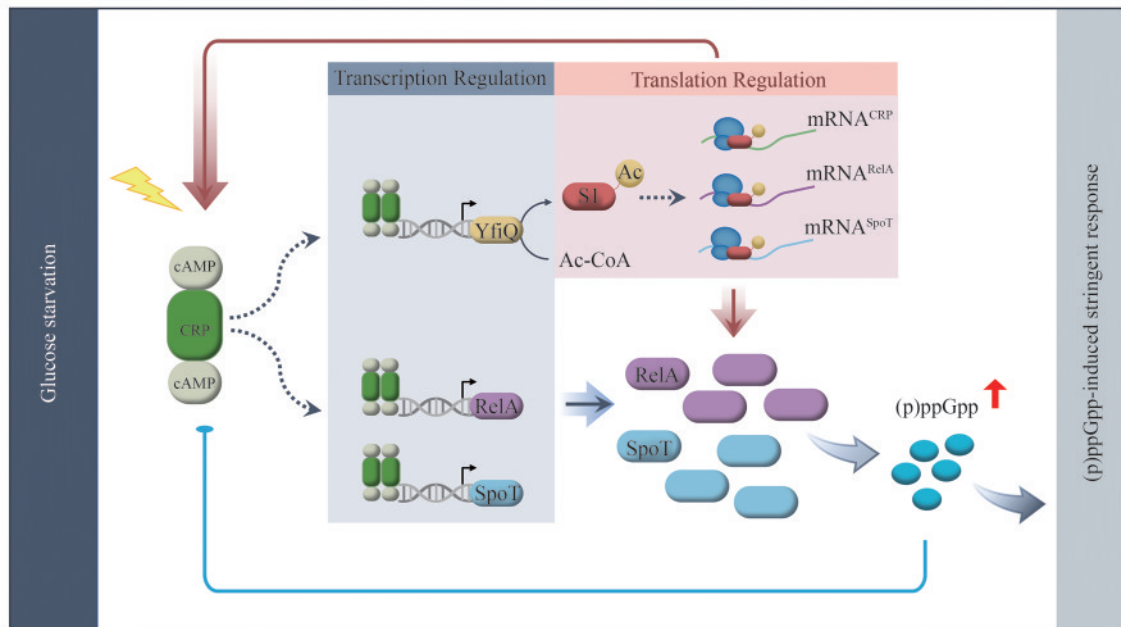


图6 cAMP-CRP 调控 (p)ppGpp 合成的双重自反馈分子机制^[21]

Fig. 6 Dual feedback molecular mechanism underlying cAMP-CRP regulation on the synthesis of (p)ppGpp^[21]

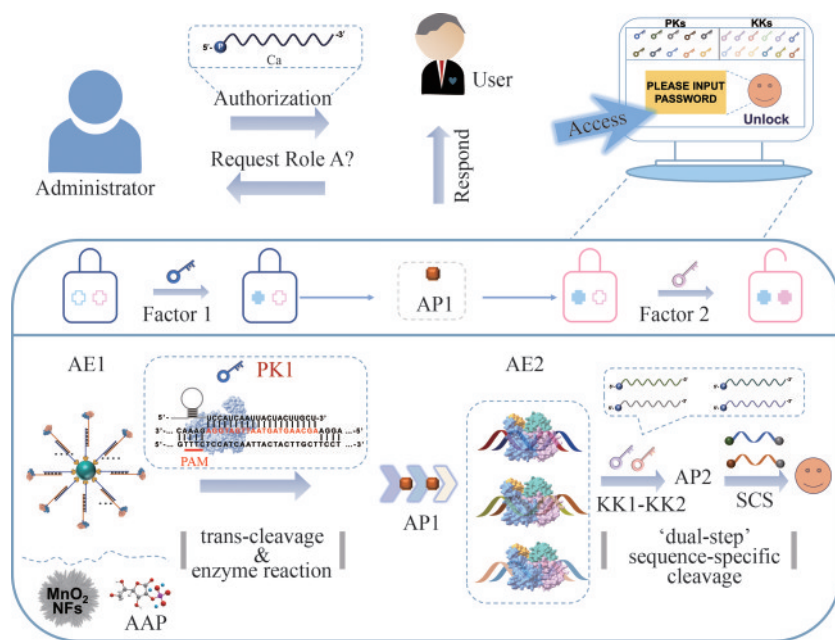


图8 CRISPR和*PfAgo*两种核酸酶驱动的双因素和双认证策略^[24]

Fig. 8 Two-factor and dual-authentication strategies driven by CRISPR-Cas12a and *PfAgo*^[24]

问控制的安全性，为构建安全可靠的DNA存储模型提供了工具。

3 社会经济效益与人才培养

截至2024年12月，项目组累计发表SCI论文31篇（IF>10论文12篇），申请专利29项（授权11项），参与制定国际标准1项，技术指标达到国际领先水平。与华为、华大基因等企业合作举办技术沙龙6场，推动DNA存储在医疗影像归档等场景的示范应用。团队培养博士8名、硕士16名，3人获“竺可桢奖学金”等荣誉，1人入选“全球高被引科学家”，2人获得省部级人才称号，申报2项国家级人才项目，形成具有国际影响力的青年科研梯队。

4 展望与意义

本项目建立的MSP-DNA体系突破了传统DNA存储的单方操作限制，通过信息技术与合成生物学的深度交叉创新，从信息学的角度为多方协同DNA安全存储提供技术支撑，为EB级数据安

全存储提供了可扩展解决方案。未来团队将聚焦两大方向：一是推动DNA-硅基混合存储系统落地，结合MSP-DNA，通过生物酶标记等方法在生物学层面实现多方安全访问，从而破解“冷热数据”分层管理难题；二是探索生物-电子接口技术，助力“DNA互联网”新基建，通过DNA-硅基混合架构开发，推动生物存储技术向实用化迈进。

致谢：本论文得到邓子新院士、刘陈立研究员、戴俊彪研究员、姜青山研究员、张立新教授、叶邦策教授、蒋兴宇教授等指导，在此一并表示感谢。

参 考 文 献

- [1] RUTTEN M G T A, VAANDRAGER F W, ELEMANS J A A W, et al. Encoding information into polymers[J]. Nature Reviews Chemistry, 2018, 2(11): 365-381.
- [2] ZHIRNOV V, ZADEGAN R M, SANDHU G S, et al. Nucleic acid memory[J]. Nature Materials, 2016, 15(4): 366-370.
- [3] ORGANICK L, ANG S D, CHEN Y J, et al. Random access in large-scale DNA data storage[J]. Nature Biotechnology, 2018, 36(3): 242-248.
- [4] DAVIS J. Microvenus[J]. Art Journal, 1996, 55(1): 70-74.
- [5] CHURCH G M, GAO Y, KOSURI S. Next-generation digital information storage in DNA[J]. Science, 2012, 337(6102):

- 1628.
- [6] GOLDMAN N, BERTONE P, CHEN S Y, et al. Towards practical, high-capacity, low-maintenance information storage in synthesized DNA[J]. *Nature*, 2013, 494(7435): 77-80.
- [7] ECKSTEIN F. Oligonucleotides and analogues: a practical approach[M]. Oxford: Oxford University Press, 1991.
- [8] RAYNER S, BRIGNAC S, BUMEISTER R, et al. MerMade: an oligodeoxyribonucleotide synthesizer for high throughput oligonucleotide production in dual 96-well plates[J]. *Genome Research*, 1998, 8(7): 741-747.
- [9] CHENG J, CHEN H, KAO Y S, et al. High throughput parallel synthesis of oligonucleotides with 1536 channel synthesizer[J]. *Nucleic Acids Research*, 2002, 30(18): e93.
- [10] RICHMOND K E, LI M H, RODESCH M J, et al. Amplification and assembly of chip-eluted DNA (AACED): a method for high-throughput gene synthesis[J]. *Nucleic Acids Research*, 2004, 32(17): 5011-5018.
- [11] LEE H H, KALHOR R, GOELA N, et al. Terminator-free template-independent enzymatic DNA synthesis for digital information storage[J]. *Nature Communications*, 2019, 10: 2383.
- [12] CHANG L M S, BOLLUM F J, GALLO R C. Molecular biology of terminal transferase[J]. *Critical Reviews in Biochemistry*, 1986, 21(1): 27-52.
- [13] MOTEA E A, BERDIS A J. Terminal deoxynucleotidyl transferase: the story of a misguided DNA polymerase[J]. *Biochimica et Biophysica Acta*, 2010, 1804(5): 1151-1166.
- [14] RASOOL A, HONG J W, JIANG Q S, et al. BO-DNA: biologically optimized encoding model for a highly-reliable DNA data storage[J]. *Computers in Biology and Medicine*, 2023, 165: 107404.
- [15] 袁涛, 曲强, 姜青山. 基于混沌系统和喷泉码的DNA加密编码方法[J]. *集成技术*, 2024, 13(3): 4-24.
- YUAN T, QU Q, JIANG Q S. An encrypted DNA encoding method based on chaotic system and fountain code[J]. *Journal of Integration Technology*, 2024, 13(3): 4-24.
- [16] ABBASI F, MUZAMMAL M, QU Q, et al. SNCA: semi-supervised node classification for evolving large attributed graphs[J]. *Big Data Mining and Analytics*, 2024, 7(3): 794-808.
- [17] RASOOL A, HONG J W, HONG Z L, et al. An effective DNA-based file storage system for practical archiving and retrieval of medical MRI data[J]. *Small Methods*, 2024, 8(10): 2301585.
- [18] RASOOL A, QU Q, WANG Y, et al. Bio-constrained codes with neural network for density-based DNA data storage[J]. *Mathematics*, 2022, 10(5): 845.
- [19] LI M, WU J S, DAI J B, et al. A self-contained and self-explanatory DNA storage system[J]. *Scientific Reports*, 2021, 11: 18063.
- [20] 袁涛, 曲强. 面向DNA安全存储的信息增量管理方法[J]. *集成技术*, 2025, 14(3): 38-50.
- YUAN T, QU Q. An incremental information management method for secure DNA storage[J]. *Journal of Integration Technology*, 2025, 14(3): 38-50.
- [21] FU Y, ZHAO L C, SHEN J L, et al. A network of acetyl phosphate-dependent modification modulates c-di-AMP homeostasis in *Actinobacteria*[J]. *mBio*, 2024, 15(8): e0141124.
- [22] YOU D, ZHAO L C, FU Y, et al. Allosteric regulation by c-di-AMP modulates a complete *N*-acetylglucosamine signaling cascade in *Saccharopolyspora erythraea*[J]. *Nature Communications*, 2024, 15(1): 3825.
- [23] FU R J, HOU J J, WANG Z X, et al. DNA molecular computation using the CRISPR-mediated reaction and surface growth of gold nanoparticles[J]. *ACS Nano*, 2024, 18(22): 14754-14763.
- [24] FU R J, HOU J J, WANG Z X, et al. A CRISPR-Cas and argonaute-driven two-factor authentication strategy for information security[J]. *ACS Nano*, 2025, 19(4): 4983-4992.



通讯作者: 曲强(1985—),男,研究员,博士生导师。主要研究方向为区块链、数据库系统与数据智能系统。



第一作者: 刘家坤(1987—),男,副研究员。主要研究方向为CRISPR使能技术开发和人工合成细胞等。

广告索引:天津大学合成生物技术全国重点实验室(后彩一)/北京擎科生物科技股份有限公司(后彩二)/上海蓝晶微生物科技有限公司(后彩三)/安徽华恒生物科技股份有限公司(后彩四)/诚志生命科技有限公司(封三)