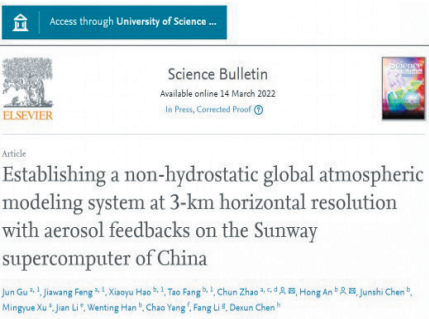


在新一代神威超算平台 中国科大填补多项大气数值模拟空白

本报讯 4月1日，中国科大地球与空间科学学院赵纯教授课题组与计算机科学与技术学院安虹教授课题组联合攻关，在新一代神威超级计算机上首次实现了长达7天的全球3公里空间分辨率大气物理-化学全耦合数值模拟试验。相关研究成果发表于 *Science Bulletin* 杂志上。

该项研究工作基于新一代中国国产神威超算平台，在大规模数据读写速度、运行时效率等多个方面填补了中外大气数值模拟的空白，全面展现了新一代中国国产超级计算机软硬件系统的可靠性、稳定性和可用性，以及在其上构建全球高分辨率大气模拟系统的重大应用前景，并最终将数值模拟试验的规模扩展到近4000万处理器核时，并行效率仍保持在76.2%，实现了全球3公里大气物理-化学耦合的高效数值模拟试验，达到了国际领先水平。

应对日益变暖的全球气候以及频繁的极端和高影响天气是21世纪科学界面临的重大挑战之一。近年来，频繁发生的极端和高影响天气以及空气污染事件，如暴雨、暴雪、沙



《Science Bulletin》期刊论文页面

尘暴等，给民众带来严重影响，甚至会造成不可估量的生命和财产损失。

大气数值模拟是研究和预测此类灾害性天气事件的关键手段，但目前仍存在着较大的预报偏差。因此，为了提高数值预报能力，模式需要具备精细的时空分辨率。此外，大气数值模式还需要包括许多复杂的物理和化学过程，而构建这样的大气数值模式

会带来模拟计算量的指数增长和极大规模的数据读写需求，使得包含大气成分演变过程的全球高分辨率大气数值模式至今仍然是难以突破的问题。

神威系列超级计算机是中国自主研发的超级计算机系统。新一代神威超级计算机上拥有的强大计算和系统通信能力，为重大应用领域的计算模型创新与实现提供了强大、灵活的系统软件支撑，使多尺度、高分辨率、长时间、高精度的超大规模模拟成为可能，特别是已展现出对多学科、多物理、多时空分辨率的耦合模拟能力。

据介绍，该研究初步揭示了全球高分辨率大气物理-化学耦合模拟能显著改善极端天气事件预报的准确性，展现出高空间分辨率和耦合化学反馈效应对数值天气和空气质量预报的重要意义，对预报极端和高影响天气以及大气污染事件具有重大应用前景。

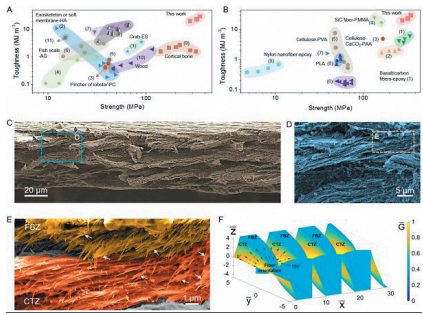
赵纯教授和安虹教授为论文共同通讯作者，硕士研究生顾俊、方涛，博士研究生冯家望、郝晓宇为共同第一作者。

(吴兰)

中国科大研制“龙虾壳”新型仿生材料

本报讯 日前，中国科大俞书宏院士团队首次提出非连续布利冈(Bouligand)结构的设想，并发展了一种程序化组装纳米纤维的方法，成功地创制出一种新型的轻质高强仿生非连续布利冈结构纳米复合材料，实现了非连续纤维桥连和布利冈构造诱导裂纹偏转的协同增韧。该成果为研制高性能结构材料提供了新的组装方法。相关论文发表在国际学术期刊《物质》。

布利冈结构由单向纳米纤维片层螺旋堆叠构成，在骨、鱼鳞、龙虾壳等多种生物材料中广泛存在，是一种典型的纤维增强结构，直接决定这些生物材料的卓越力学性能。然而，蕴藏在自然布利冈结构中的智慧仍未得到充分开发和运用，已实现的仿生布利冈结构与自然布利冈结构相比，无论在结构层级还是结构精度方面都相差甚远。



仿生布利冈结构类似物和部分工程纤维复合材料

研究人员基于所开发的有序组装纳米纤维

基元的程序化装置，以环境友好的硬硅钙石纳米纤维和海藻酸钠为原料，通过螺旋组装硬硅钙石纳米纤维于海藻酸钠基体中，并结合溶胶-凝胶-薄膜转变过程，成功制备了非连续布利冈结构纳米复合材料。实验表明，该材料展现了卓越的力学性能，优于许多鱼鳞片、层状骨、蟹螯等天然布利冈结构材料以及仿生布利冈结构类似物和部分工程纤维复合材料。进一步通过断面微结构分析与理论模拟发现，该材料表现出裂纹偏转和纤维桥连增韧机制。

这种仿生纳米复合材料具有广泛的应用前景，可作为高损伤容忍性能的骨修复材料等，对于今后开发新型纳米纤维复合材料、提升传统纤维增强复合材料的性能具有重要的指导意义。(合肥微尺度物质科学国家研究中心化学与材料科学学院)

中国科大大视场巡天望远镜 主焦相机研制取得进展

用国际领先的主焦光学设计，能够提供大视场、高精度和宽波段的巡天能力，性能先进。望远镜配备大面阵7.2亿像素拼接CCD探测器，具备强大的巡天能力，能够每3夜巡天整个北天球一遍。该望远镜的主焦相机是望远镜的关键部件之一，预算占整个望远镜的三分之一，也是目前国内首个、国际领先的大视场主焦相机。由中国科大核探测与核电子学国家重点实验室王坚研究员带领的相机研制团队，对主焦相机的主要关键技术进行了攻关，其科学成像探测器由9片CCD290-99芯片拼接而成，同时具有用于主动光学的曲率传感器和导

星传感器，是一个集“科学成像、波前探测，导星传感”的“三合一”功能强大的主焦相机。

大视场巡天望远镜项目是中国科大与中科院紫金山天文台通过“科教融合”联合共建的重要天文装置，建成后将成为北半球巡天能力最强的光学时域巡天望远镜，填补国内乃至整个北半球大规模深度时域巡天专用监测设备空白，对发展大规模时域巡天新方向，提升我国天文图像巡天的观测能力起到重要作用。预期将在时域天文、太阳系天体和近邻宇宙结构研究方面率先取得重大突破性成果。

(吴长锋)

中国科大在NSR 首次发表磁约束 聚变等离子体相关物理的综述

本报讯 近日，中国科大蔡辉山教授和中科院物理研究所李定教授在《国家科学评论》发表综述文章，基于他们十年来的研究成果，对高能粒子与撕裂模的相互作用，及其对等离子体稳定和约束性能的影响进行了综述。

聚变能是人类发展的需求，然而，如何维持长时间、稳态的燃烧磁约束等离子体仍然是一个世界难题。它与约束与输运、加热与驱动、磁流体不稳定性(其中撕裂模是最危险的磁流体不稳定性之一)、快粒子物理等关键性物理问题密切相关。因此，快粒子与撕裂模的相互作用是一个关键问题。快粒子与撕裂模不稳定性之间的相互作用对撕裂模不稳定性会产生影响，且对快粒子的损失和重新分布也会产生重要影响。

首先，快粒子对撕裂模的稳定性会有重要的影响。文中指出前人理论的不足，分析了通

行快粒子和捕获快粒子对撕裂模不稳定性判据的影响，并分析了其在非线性磁岛演化过程中的作用，从而揭示了快粒子影响撕裂模的物理机制，并提出未来聚变装置中利用快粒子控制撕裂模不稳定性可能性方法。同时，从实验和模拟两个方面对理论模型进行了验证。

另一方面，文中也对撕裂模对通行快粒子和捕获快粒子的约束和输运的影响做了综述。分析了撕裂模导致通行快粒子和捕获快粒子损失的不同机制，并且重点分析了快粒子与撕裂模的共振导致的撕裂模(包括新经典撕裂模)频率啁啾现象和相应的快粒子损失。同样的，也从实验和理论两个方面进行了验证。

快粒子与新经典撕裂模相互作用引起新经典撕裂模频率啁啾，并导致快粒子损失。

该文章不仅对过去的进展做了系统的综述，也提出一些待解决的问题。希望对该领域

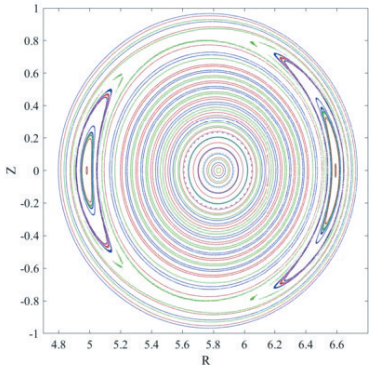


图 为托卡马克中磁岛位型。撕裂模会破坏磁拓扑结构，使得磁力线重新连接形成磁岛，导致等离子体破裂。

研究者以及对该领域感兴趣的科研人员提供帮助。

蔡辉山教授为本论文的第一作者兼通讯作者，李定教授为共同通讯作者。

(核科学技术学院)

中国科大发现细菌游动新模式

本报讯 3月29日，中国科大袁军华、张榕京课题组通过联合使用细菌三维追踪技术与鞭毛丝动态荧光观察技术，发现了铜绿假单胞菌的新游动模式。研究结果发表在《美国科学院院报》上。

细菌运动是其生存和感染宿主的关键。细菌通过游动模式之间的交替转换来探索环境。不同于周身多鞭毛的大肠杆菌，铜绿假单胞菌是一种典型的极性单鞭毛细菌，在可旋转鞭毛马达的驱动下，它在液体中实现游动模式切换：鞭毛逆时针旋转时推动胞体前进，鞭毛顺时针旋转时拖曳胞体后退。传统认为铜绿假单胞菌通过交替“前进—后退”的方式实现环境探索，中间或许间隔着短暂的停顿，因此对环境探索的效率不高。细菌经过亿万年的进化，会不会有更高效的方式来探索环境呢？

课题组借助基因编辑手段改进了其鞭毛丝荧光标记效率，在该细菌中实现了游动三维追踪及鞭毛丝动态行为的同步观测，发现了一种全新游动模式，即“wrap”模式。在这种状态下，胞体取向不稳定从而容易发生转向。因此，wrap态发生在由后退态切换到前进态的过程中，经统计其发生概率约40%。从而极大地提高了细菌探索环境的效率，另外通过对细菌趋化游动的随机动力学模拟亦确证了wrap态在提升细菌趋化水平上的效力。

在自然界中存在种类丰富的极性鞭毛细菌，课题组发现的游动新模式可能在极性鞭毛细菌中广泛存在。此处发现的由钩形鞘力学屈曲失稳来实现游动方向改变的物理机制，对设计人工微纳机器也有启发。博士生田茂瑾、武征宇是共同第一作者。(物理学院)

我校发现人类磷脂 翻转酶 ATP8B1 新型调控机理

本报讯 3月30日，我校生命科学与医学部周丛照教授和陈宇星教授课题组，利用单颗粒冷冻电镜技术解析了人类磷脂翻转酶ATP8B1-CDC50及其与生理底物磷脂酰丝氨酸复合物的三维结构，并借助一系列生化实验阐明了ATP8B1的底物特异性及其活性调控的分子机制。相关研究成果在线发表在《美国科学院院报》(PNAS)上。

脂质双分子层的不对称性是真核生物细胞膜的标志性特征，维系一系列细胞功能，如膜稳定性、细胞形状、细胞信号传导以及胆汁和胆固醇稳态等。人类ATP8B1是一种P4型ATP酶，主要定位于肝脏的胆管细胞和小管膜上，利用ATP水解产生的能量将磷脂从细胞外膜翻转到内膜，对维持肝肠等细胞膜稳态具有重要作用。ATP8B1的功能缺陷会导致严重的人类疾病相关，如I型进行性家族性肝内胆汁淤积症，严重时将发展成肝胆管癌等疾病。

研究者结合体外ATP水解活性以及基于荧光标记的脂质翻转活性检测，首次利用生化手段证明了磷脂酰丝氨酸是ATP8B1的真正生理底物。结构比对发现，无配基的ATP8B1处于天然的磷酸化状态，其氨基端和羧基端分别插入三个胞内结构域之间，处于自抑制状态。这一首次发现的全新构象，更新了我们对P4型ATP酶转运循环的认识。阐明了ATP8B1介导的胆酸盐循环过程中膜脂不对称性修复的分子机理，揭示了ATP8B1在底物和肝内胆酸盐共同作用下的“自抑制-抑制解除-酶活增强”的精细调控机制，同时还为胆汁淤积症等疾病的治疗干预和药物设计提供了结构基础。

周丛照、陈宇星和侯文韬为论文共同通讯作者，程梦婷和陈宇为共同第一作者。(生命科学与医学部)