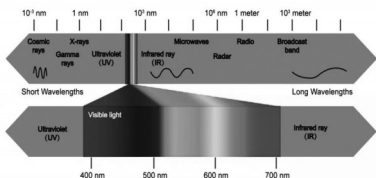


成果登《Cell》杂志 中国科大在实现哺乳动物裸眼红外图像 视觉上取得进展

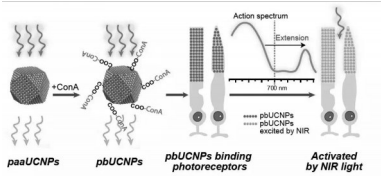


电磁波和可见光波谱

本报讯 中国科大生命科学与医学部薛天教授研究组与美国马萨诸塞州州立大学医学院韩纲教授研究组合作，结合视觉神经生物医学与创新纳米技术，首次实现动物裸眼红外光感知和红外图像视觉能力。该研究成果于02月28日（美东时间）在线发表于国际顶级期刊《Cell》上，并被《Cell》杂志选为本期唯一科普视频进行重点推广。

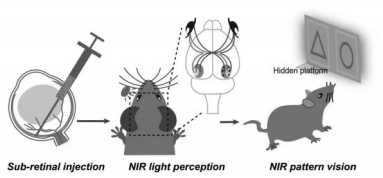
自然界中电磁波波谱范围很广，其中能被我们的眼睛感受的可见光只占电磁波谱里很小的一部分，哺乳动物无法看到大于700 nm的红外线，这是由感光蛋白所固有的物理化学特性所决定的。然而红外线广泛的存在于自然界中，对其的探测感知将帮助我们获取超过可见光谱范围的信息。为此人们发明了以光电转换和光电倍增技术为基础的红外夜视仪，但是其有一系列缺陷，比如通常比较笨重、需要靠有限的电池供电、可能被强光过曝、同可见光环境不兼容等。

为解决上述问题并发展裸眼无源红外视觉拓展技术，中国科大薛天教授研



创新的上转换纳米颗粒修饰技术
及其在视网膜的功能实现

究组同美国马萨诸塞州州立大学医学院韩纲教授研究组合作，尝试利用一种可吸收红外光发出可见光的上转换纳米材料，导入动物视网膜中以实现红外视觉感知。体外感光细胞单细胞光电生理记录证实这种纳米材料确实可以吸收红外光后激发小鼠视杆细胞电活动。为了缩短纳米颗粒与感光细胞的距离，从而提高红外敏感度，并使其能够长时间的留存在视网膜感光细胞层，研究人员发展了一种特异表面修饰方法，使其可以与感光细胞膜表面特异糖基分子紧密连接，从而牢牢地贴附在感光细胞感光外段的表面。研究人员通过多种神经视觉生理实验，从单细胞电生理记录，在体视网膜电图（ERG）和视觉诱发电位（VEP），到多层面的视觉行为学实验，证明了从外周感光细胞到大脑视觉中枢，视网膜下腔注射纳米颗粒的小鼠不仅获得感知红外线的能力，还可以分辨复杂的红外图像。值得指出的是，在获得红外视觉的同时，小鼠的可见光视觉没有受到影响。而且令人兴奋的是动物



从不同水平证明注射小鼠获得
红外图像视觉

可以同时看到可见光与红外光图像。同时研究人员发现pbUCNPs纳米材料具有良好的生物相容性。这些结果清晰地表明，此项技术有效的拓展了动物的视觉波谱范围，首次实现裸眼无源的红外图像视觉感知，突破了自然界赋予动物的视觉感知物理极限。

这项技术不仅能赋予我们超级视觉能力，通过开发具有不同吸收和发射光谱参数的纳米材料，还有可能辅助修复视觉感知波谱缺陷相关疾病，例如红色色盲。这种新型的可与感光细胞紧密结合的纳米修饰技术还可以被赋予更多的创新性功能，例如眼底药物的局部缓释，光控药物释放等。多种应用拓展已经在相关实验室展开。

我校博士生马玉乾、特聘教授鲍进及美国韩纲研究组张原玮博士为论文共同第一作者。我校薛天教授为首要通讯作者（Lead Contact），鲍进教授、韩纲教授为论文的共同通讯作者。

（生命科学学院 科研部 新闻中心）

在高维量子密钥分发研究中

中国科大开拓新的解决思路

本报讯 近日，我校郭光灿院士团队在高维量子密码领域研究中取得新进展：团队韩正甫教授研究组利用量子态的不同自由度之间的映射方法，设计并实验验证了一种保真度和稳定性极佳的高维量子密钥分发方案。研究成果于2月27日发表在《应用物理审查》上。

高维量子密钥分发利用高维量子态编码，可以在单个量子态上加载多于1比特的经典信息，从而有效提高安全密钥生成率；同时，高维量子密钥分发可以容忍更高的系统误码率，因此具有更

强的抗噪能力。与BB84协议等常用的二维量子态编解码技术相比，实现光子轨道角动量等高维量子态的高保真、高速率编解码的难度显著提升。因此，现有的高维量子密钥分发技术仍停留在原理验证阶段。制约该技术实用化发展的核心问题是高维量子态的制备、传输和测量。

量子密码组陈巍、银振强等人基于光子的偏振-轨道角动量不可分离态，提出了偏振和轨道角动量双自由度之间的态映射方法和实现方案，进而实现了对高维量子态的高精度制备和测量。该方

案在操控光子偏振态的同时，可以通过映射装置同时高精度的操控光子的轨道角动量量子态，从而实现高保真度的信息加载和提取。与现有技术相比，该方案的最大优势在于编解码过程不需要进行光子态的干涉操控，因而具有很低的本底误码率和极佳的稳定性。

该研究工作为解决高维量子密钥分发的态制备和态测量两大难题开拓了一条有效的解决思路，为高维量子密钥分发技术的实用化起到了积极的推动作用。

论文的第一作者是中科院量子信息重点实验室博士后王纺翔，通讯作者是陈巍副教授和银振强教授。

（中科院量子信息重点实验室 中科院量子信息和量子科技创新研究院 科研部）

中国科大首次演示用集体 测量减少测量对热力学演化的反作用影响

本报讯 3月1日，我校郭光灿院士团队在量子测量研究中取得新进展，该研究团队李传锋、项国勇研究组与德国马克斯·普朗克研究所Mart í Perarnau-Llobet博士合作，在光子系统中首次实验演示使用集体测量减少热力学中量子投影测量的反作用问题。相关研究成果于在线发表在国际权威期刊《科学·进展》上。

在热力学中，人们为了探求一个物理系统在演化过程中的能量涨落，分别对演化前和演化后物理系统的能量做一次测量，然后用两次测量的结果来计算能量的涨落——这就是传统热力学的两次投影测量方法。但是当我们要对量子热力学系统做一个能量涨落的分析时，这种传统方法是行不通的，因为量子投影测量会完全破坏一个体系的量子叠加性，所以测得的能量涨落是不包含量子体系的量子叠加信息的。这种由于测量而造成对系统演化的影响而无法准确估计能量涨落的限制，在热力学中被称为反作用力。本工作的理论合作者Mart í Perarnau-Llobet博士在2017年的一篇理论工作 [Phys. Rev. Lett.118, 070601

(2017)] 中指出，在不违背量子热力学的基本涨落理论（fluctuation theorems）的前提下，我们无法设计出一个测量方案完全避免反作用，但我们可以通过集体测量的方式来减少反作用的程度-----假如我们有两份相同拷贝的量子态，我们对这个整体做一个特定的广义量子测量,就可以提取量子态中部分初始叠加性的信息；也就是说，通过集体测量，我们能减少投影测量所带来的反作用。

项国勇等人及其合作者为了在实验中减少量子测量的反作用，设计出了适用于线性光学系统的集体测量方案，来有效的模拟一个量子热力学过程。该体系利用了光子的多自由度特性，将两个量子态编码到单个光子的偏振和路径态上，并通过对偏振和路径的集体测量，从而提取出了初始量子态的叠加信息，预测了具有初始相干性的量子态在特定演化下的行为，预测出了在此演化过程中，能量的具体转化方式。该研究组同时做了一组对照实验，模拟了传统热力学中的两次投影测量方法，同样得到了一组能量转化方式的预测。实验结果如图所示，红色与蓝色代表了实验预测的

末态概率分布与实际演化的概率分布的保真度。实验结果表明，不管是针对不同的量子态，还是不同的演化过程，由传统方法得到的热力学过程的预测结果与体系本身的演化行为相去甚远，而用集体测量得到的结果更为接近事实演化。

审稿人对该工作给予了高度评价，写道：“The present work is an excellent contribution in my view. I found the results appealing and the manuscript very well written（在我看来，该工作是一个卓越的贡献。我发现结果很有吸引力，而且稿件写得非常好）”“The work is interesting, important, and novel（这个工作是有意思、重要而且新颖的）”。该工作对集体测量以及量子热力学的研究具有重要意义。

文章第一作者是中科院量子信息重点实验室博士生吴康达，通讯作者是实验室项国勇教授和马克斯普朗克研究所的Mart í Perarnau-Llobet博士。

（中科院量子信息重点实验室、中科院量子信息和量子科技创新研究院、科研部）

本报讯 中国科大合肥微尺度物质科学国家研究中心罗毅教授团队叶树集研究员小组在生物膜界面蛋白质错误折叠及振动能量转移超快动力学研究两方面取得新进展。该小组揭示了与二型糖尿病相关的胰岛淀粉样多肽（hIAPP）在生物膜上错误折叠过程的结构演变机制，以及界面蛋白质与水分子间的共振能量传递途径，研究成果分别发表在《美国化学会志》、《自然·通讯》上。

细胞膜界面蛋白质的错误折叠与二型糖尿病等神经退行性疾病的的发生和发展密切相关。错误折叠涉及 β -折叠等各种纤维化中间体的生成。目前人们对界面蛋白质错误折叠及其破坏膜结构机理的了解甚少，且存在多种争议，包括 β -折叠多聚体是否最后转变成纤维结构、折叠初期构象是 α -螺旋还是并排 β -发夹结构、 β -折叠多聚体是在溶液还是在膜界面上形成等等。研究者根据界面敏感的和频光谱谱学特征，发现界面蛋白质指纹区酰胺II信号可以有效区分界面蛋白质 β -发夹样单体与 β -折叠多聚体等错误折叠中间体结构。

此外，理解生物膜上蛋白质的能量转移过程对揭示界面蛋白质分子间相互作用以及蛋白质工作机制非常关键。研究者利用振动态选择激发和频光谱探测的飞秒时间分辨测量系统，通过选择激发酰胺键C=O基团，然后探测其瞬态结构变化，成功测出水环境下蛋白质酰胺键C=O振动驰豫时间。（合肥微尺度物质科学国家研究中心 科研部）

许超教授课题组 与合作者在 《eLife》发文

本报讯 近日，中国科大许超教授课题组与波兰华沙大学Jakub Drozak实验室合作，解析了SETD3与 β -actin多肽的高分辨率复合物晶体结构，并结合酶活实验揭示了肌动蛋白（Actin）第73位组氨酸（His73）的N3位甲基化的作用机制，相关成果以“Structural insights into SETD3-mediated histidine methylation on β -actin”2月20日在线发表于《eLife》杂志。

细胞骨架主要有微管、微丝和中间纤维三种成分，其中微丝在细胞形态维持、细胞的运动、细胞内物质运输等细胞内重要生命活动中发挥作用。微丝主要由Actin通过聚合形成，Actin高度保守，是一类可以结合并水解ATP的蛋白质， β -Actin蛋白质第73位组氨酸甲基化于五十多年前就被发现在绝大多数真核细胞中广泛存在，并通过Actin水解ATP后延迟释放ADP，来调控微丝聚合及功能。

SETD3是SET结构域超家族成员，其过表达与癌症的恶化密切相关，在以往报导中被认为可以作为赖氨酸甲基化酶而发挥功能。本研究鉴定出SETD3与 β -actin小肽的相互作用。该结构的解析，为将来靶向SETD3的小分子设计提供了结构基础。

本文第一作者为该课题组博士生郭琼、特任副研究员廖善晖及Jakub Drozak课题组的Sebastian Kwiatkowski，许超、Jakub Drozak及廖善晖为共同通讯作者。

（生命科学学院 微尺度国家研究中心 科研部）

在生物膜界面蛋白质错误折叠及超快动力学研究领域
中国科大取得新进展