



戈壁滩上的钍基熔盐实验堆园区

(图片来源:中国科学院上海应用物理研究所)

料——钍-232熔解在高温液态氟化盐中,形成流动的燃料熔盐。在堆芯发生核反应时,钍-232会吸收中子,最终转换为裂变材料——铀-233,并持续燃烧。实现钍-铀循环意味着能够将地球上储量丰富的钍资源有效利用起来,创造出一条全新、可持续的核燃料供应途径。

熔盐堆是以高温熔盐作为冷却剂的第四代先进核能系统,具有固有安全、无水冷却、常压工作和高温输出等优点,是国际公认最适配钍资源核能利用的堆型。这一技术路线不仅契合中国钍资源丰富的资源禀赋,更可构建多能互补的低碳复合能源系统,为中国能源安全提供全新解决方案。

在钍基熔盐堆特有的关键技术上,中国实现了全面突破,包括耐高温抗腐蚀的特殊合金材料制备、熔盐循环下的腐蚀控制技术、燃料在线分离与处理技术,以及主泵、换热器等关键装备的自主研制。目前,核心材料、装备、技术已实现从实验室研发到实验堆工程验证的重大跨越,整体国产化率超过90%,关键核心设备100%国产化,供应链自主可控。

此外,科研团队正围绕加钍后的关键科学问题开展系统研究。下一步,中国科学院上海应

用物理研究所将通过与能源领域领军企业深度合作,共建钍基熔盐堆产业链和供应链。以2035年建成百兆瓦级钍基熔盐堆示范工程并实现示范应用为目标,加速技术迭代与工程转化,为国家提供安全可靠的钍基能源发电新路径。

(综合:中国科学院上海应用物理研究所、《文汇报》、中国网、《光明日报》)

冷冻电镜抓拍到神经元之间“亲吻-收缩-逃逸”通信过程

中国科学技术大学毕国强联合多个中外研究团队,基于自主研发的毫秒级时间分辨冷冻电镜技术,捕捉到突触囊泡释放与快速回收的完整动态过程,并提出全新“亲吻-收缩-逃逸/融合”模型,解决了神经科学领域长达半个世纪的关键争议。这一成果揭示了大脑高效传递信息的“微观密码”,为相关脑疾病机理研究提供了新视角。2025年10月16日,相关研究成果发表于《Science》。

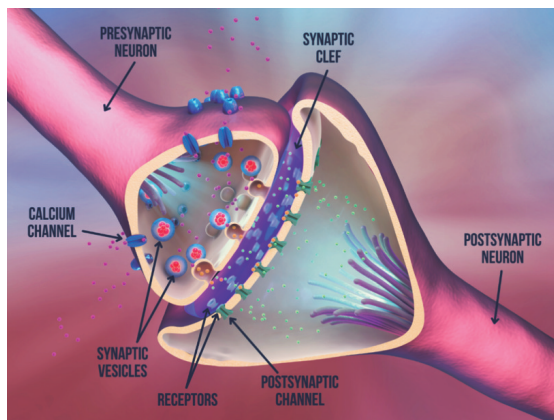
大脑功能的实现,依赖于数万亿个神经元之间高效、精准的突触传递,突触囊泡作为神经递质(绝大多数为小分子化合物,负责快速神经信号传递)的载体,其释放机制一直是神经科学领域的重要问题。自20世纪70年代以来,科学界围绕囊泡释放机制形成了“全融合”与“亲吻-逃逸”2种

对立模型,但由于囊泡释放过程发生在毫秒时间尺度、结构变化处于纳米空间尺度,传统技术难以捕捉其瞬时动态,导致神经科学研究长期陷入困局。

为攻克这一难题,科研团队开发出具有毫秒时间分辨的原位冷冻电镜技术,将光遗传学刺激与投入式快速冷冻方法结合,实现了对神经元突触传递过程的毫秒级“动态定格”。

在这项实验中,研究团队在神经元中表达光敏蛋白,通过激光精准激发动作电位,触发突触囊泡释放。此后,载有样品的电镜载网,在设定时间快速落入冷冻剂,将细胞瞬间固定。通过精确控制光照与冷冻的时间间隔,团队在4~300 ms之间释放样品,捕获了囊泡不同阶段的结构快照。

基于上千套高分辨率三维结构数据的系统分析,研究团队发现囊泡释放与快速回收可分为3阶段动态过程:囊泡与突触前膜形成纳米级融合孔(“亲吻”),随后迅速收缩为表面积减半的小囊泡(“收缩”),最终大部分囊泡以“逃逸”方式回收,少数发生“全融



神经突触递送囊泡的过程示意

(图片来源:拉瓦尔大学言语和听觉神经科学实验室)

合”。这个中间收缩过程是一个关键,为神经突触实现高效、高保真信号传递奠定了结构基础。

这一研究更新了传统认知:囊泡释放并非简单的全融合或亲吻-逃逸,而是包含一个关键的中间收缩阶段。这一“亲吻-收缩-逃逸”机制,不仅统一了争议半个世纪的2种模型,同时揭示了神经突触高效与高保真传递的结构基础,也为深入理解神经信号传递、突触可塑性以及相关脑疾病的机理提供了新视角。同时,时间分辨冷冻电镜技术的研发,为剖析细胞内其他快速生命过程,如病毒入侵、细胞分泌等提供了新的方法平台。

(综合:《Science》、中国科学技术大学官网、中国科学院官网、《中国科学报》)

AI+酶工程 8 h可回收近 99% 聚氨酯塑料

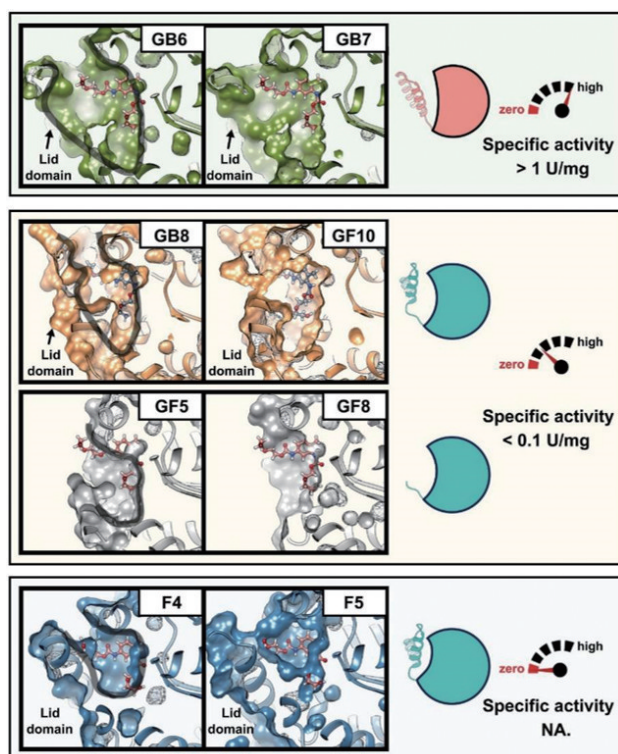
北京化工大学吴边团队与中国科学院微生物研究所崔颖璐团队合作,借助人工智能驱动的生物酶资源挖掘策略,成功发现了一种新型脲酶 AbPURase。该酶具有优异的有机溶剂耐受性,在高浓度醇解反应介质中仍能保持极高催化活性与稳定性,与工业聚氨酯醇解工艺高度兼容。该成果首次实现了在工业条件下聚氨酯的规模化生物解聚,为聚氨酯塑料的绿色循环利用提供了高效、可持续的新路径。2025年10月30日,相关研究成果发表于《Science》。

聚氨酯塑料作为一种高分子聚合物,被广泛应用于汽车制造、

绝缘材料、矿山机械及建筑工程等领域。理论上,可通过水解等化学方法将其解聚,回收原始单体实现循环利用,但这类材料具有高度交联的三维网络结构,导致其解聚过程条件苛刻,严重制约了其闭环再生的产业化进程。为实现聚氨酯的生物酶解,关键在于开发能够高效水解氨基甲酸酯键的脲酶。

基于此,研究人员开发了基于图神经网络的酶挖掘工具 GRASE (GNN-based Recommendation of Active and Stable Enzymes)。该工具通过估算蛋白质序列与结构之间的似然性,预测蛋白质稳定性;并利用图神经网络提取催化口袋中氨基酸的局部微环境与整体结构信息,通过在高维空间中计算不同催化口袋特征向量之间的余弦相似度以度量其功能相似性,从而实现从酶底物特异性与反应偏好性的精细推断。

研究人员利用 GRASE 工具,从宏基因组数据中成功挖掘到多个具有氨基甲酸酯降解活性的酶,其中来源于脂环酸芽孢杆菌属的 AbPURase 酶表现出全方位的优异特性。该酶具有一个 V 形活性口袋,该结构由一个紧密的



不同酶活性位点口袋的局部结构差异凸显了

盖结构在催化性能中的关键作用

(图片来源:《Science》)

疏水核心及多个脯氨酸残基所稳定的盖结构域构成。这一独特的结构不仅有助于酶与底物的结合,还有效阻隔了有机溶剂分子向活性中心的渗透,从而保障了 AbPURase 在高浓度有机溶剂中结构和功能的完整性。

得益于其独特的天然结构特性,AbPURase 酶在工业醇解工艺中的高浓度二乙二醇环境中,活性已达报道脲酶的 465 倍,显示出卓越的催化效率和极强的有机溶剂耐受性。在模拟工业化反应条件的千克级商业聚醚型聚氨酯泡沫降解实验中,AbPURase 在 8 h 内实现了 98.6% 的底物转化率,降解单体 TDA 及醇解剂 DEG 的回收率分别高达 94.7% 和 98.5%。此外,AbPURase 还表现出优异的操作稳定性,可在多轮