

钾离子的高效分离技术瓶颈,并在盐湖碳酸锂生产企业实现万吨级产业化应用。

沉锂母液回收是盐湖提锂的关键环节,事关经济效益与资源利用率。针对传统提锂技术对一价离子选择性差、分离效率低、酸碱消耗大和分离介质溶损严重等问题,科研团队首创绿色高效萃取分离提锂技术,通过自主设计合成新型锂特效萃取剂,系统性破解了传统萃取体系在环保性、安全性及成本控制上的瓶颈。

该创新萃取体系突破了“高碱度-高溶损”的恶性循环,显著降低萃取pH值至10,萃余液无需中和即达到中性,大幅降低萃取剂溶损降解与尾液处理成本,真正实现低成本高效萃取。产业线稳定运行1年多来,锂回收率始终保持在98%以上,富锂溶液中 Li^+ 浓度大于37 g/L, Na^+ 浓度小于1.0 g/L,萃余液中有机物含量则低于10 mg/L,使整体锂资源回收率提升15%以上,累计新增产值已超6亿元。

研究人员表示,与国内外同类技术相比,该碱性萃取提锂技术是当前唯一同时满足“经济可行、高效回收、清洁生产、产品高质”4大目标的解决方案,技术成

熟度与综合指标全面领先,为全球沉锂母液及同类碱性含锂资源的回收利用提供了全新的技术范式和产业化标杆。

该技术将为盐湖锂资源全流程高效回收与高值化利用提供国际领先的中国方案,可推广至全球范围内使用矿石法和卤水法生产碳酸锂的企业,中性或碱性含锂料液中锂资源分离提取企业及其他锂资源回收的相关企业,实现技术推广和产业增值,对支撑世界级盐湖产业基地建设具有重要战略意义。

近几年,青海省在锂资源可持续供给、元素分离提取、锂电材料精深加工等关键环节系统布局,着力突破盐湖资源高效开发利用“卡脖子”技术,历时数年攻关,在膜分离、吸附、萃取等领域取得重大突破。通过工艺耦合与设备优化形成多技术协同发展格局,构建起具有国际竞争力的技术体系,建成多个万吨级碳酸锂生产项目,使青海成为全国提锂成本最低的产业基地,牢牢掌控中国锂资源开发的战略主动权,成为全球锂资源版图中不可忽视的“中国力量”。

(综合:中国科学院青海盐湖研究所官网、央视网、人民网)



萃取提锂示范工程

(图片来源:中国科学院青海盐湖研究所官网)

中国天眼揭示快速射电暴双星起源关键证据

由中国科学院紫金山天文台牵头,联合国内外多家研究机构组成的研究团队,利用500 m口径球面射电望远镜中国天眼(FAST)取得重要突破——在国

际上首次捕捉到重复快速射电暴(fast radio bursts, FRB)的法拉第旋转量(rotation measure, RM)发生剧烈跃变并随后回落的详细演化过程。这一发现结果为“快速射电暴起源于双星系统”的假说提供了迄今为止最有力的观测证据。2026年1月16日,相关研究成果发表于《Science》。

FRB是来自遥远宇宙的射电爆发现象,其持续时间仅为数毫秒,却能释放相当于太阳1周辐射的能量。自2007年首次发现以来,其起源机制是天体物理领域的重大谜题。虽然理论推测部分重复FRB可能与处于双星系统中的致密天体(如中子星)有关,但此前一直缺乏直接观测证据。

为破解这一谜题,研究团队利用FAST的超高灵敏度,对FRB 20220529开展了长达2.2年的监测。在前1年半的常规监测中,反映传播路径上自由电子密度与磁场强度的关键参数RM始终在(-300~+300)弧度/ m^2 的范围内小幅波动。然而,在2023年12月,团队观测到该暴源的RM在短时间内急剧跃升至约2000弧度/ m^2 ,变化幅度高达此前标准差的20倍,随后在2周内单调下降并恢复至常态。这种剧烈、快速且持续数周的磁环境演化现象,在国际上尚属首次被观测到。

发生这一现象是什么原因呢?科研团队通过详细分析指出,这一现象的核心物理机制是:一团来自快速射电暴起源天体附近的致密磁化等离子体云,在数周内恰好穿过了地球与暴源之间的观测视线。这一过程与太阳系



强星冕物质抛射可能引发快速射电暴

(图片来源:地球网)

内太阳活动引发的日冕物质抛射极为相似——恒星通过剧烈活动抛射出携带磁场的等离子体云,当这些物质穿过观测视线时,便会引发法拉第旋转量的显著变化。

进一步的模型比对与物理分析表明,假设重复快速射电暴 FRB 20220529 起源于一颗孤立的中子星,现有理论无法解释如此大幅且快速的磁环境突变;而如果其处于双星系统中,来自伴星的剧烈活动(如强星冕物质抛射)或双星轨道的特殊几何结构,就能自然且合理地解释为什么法拉第旋转量出现了急剧飙升又回落的现象。这一发现为快速射电暴起源于双星系统提供了强有力的证据。

(综合:《Science》、中国科学院紫金山天文台官网、中国科学院官网、央视网新闻网)

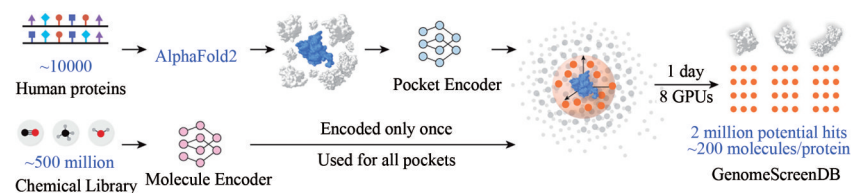
药物筛选平台首次实现人类基因组级靶点全覆盖

在人类可成药基因组中,仍有相当大一部分尚未被小分子治疗药物靶向。随着 AlphaFold 等

蛋白结构预测技术的突破,全基因组药物发现正逐渐成为现实。然而,现有的虚拟筛选工具远不能满足这一需求。无论是传统的分子对接方法,还是近年来发展的深度学习方法,其计算成本都过于高昂,难以覆盖基因组尺度的靶点筛选。

清华大学智能产业研究院兰艳艳团队联合生命学院、化学系团队创新研发人工智能(AI)驱动的超高通量药物虚拟筛选平台 DrugCLIP,筛选速度对比传统方法实现了百万倍提升,同时在预测准确率上也取得显著突破。2026年1月9日,相关研究成果发表于《Science》。

DrugCLIP 是一种用于快速、精准虚拟筛选的对比学习框架。



DrugCLIP 技术实现了基于 5 亿化合物库的全基因组虚拟筛选,在 8 台 GPU 上仅用 1 d 就完成了对约 10000 个 AlphaFold 预测的人类蛋白质结构的筛选

(图片来源:《Science》)

该方法将蛋白结合口袋与小分子编码到共享的潜在表示空间中,训练过程同时利用了大规模合成数据以及实验解析的蛋白-配体复合物结构。借助类似现代搜索引擎的稠密检索(dense retrieval)技术,可以高效地使用蛋白靶点查询超大规模化合物库。

结果表明,在 DUD-E 和 LIT-PCBA 2 个广泛使用的虚拟筛选基准数据集上,DrugCLIP 在速度与准确性方面均优于传统分子对接方法以及当前最先进的深度学习模型。该方法在不同化学骨架、不同蛋白家族之间同样表现出良好的泛化能力,并且对结构扰动具有较强鲁棒性。在实验验证中,DrugCLIP 成功识别出 5-羟色胺 2A 受体(5HT2AR)和去甲肾上腺素转运体(NET)的高效配体,这 2 个靶点在精神类疾病中具有关键作用。其中,2 种 5HT2AR 激动剂的半数有效浓度(EC₅₀)均低于 100 nmol/L;2 种 NET 抑制剂则通过冷冻电镜结构解析获得了结构验证。

为提升对 AlphaFold 预测结构的适用性,研究团队进一步开发了 GenPack——一种生成式口袋精修模块,用以提高结合口袋识别的精度。研究团队将 DrugCLIP 应用于一次全基因组虚拟筛