

科技新闻

·深度报道·

让深空通信提前“看见”信道变化

文/徐冠军



地月尺度双向激光通信示意

(图片来源:中国科学院空间应用工程与技术中心官网)

2026年8月31日,新华社报道了中国深空通信领域的重要进展。中国科学院空间应用工程与技术中心联合国内多家单位协同攻关,成功在超过40万km的地月距离上建立双向激光链路,首次在轨验证地月双向高速激光通信能力,初步实现上行1.25 Mbps、下行100 Mbps的通信速率。这意味着中国空间激光通信已经从近地轨道迈向地月空间。

把信息传到40万km之外并不容易。随着月球、火星乃至更远深空探测任务不断推进,通信

距离越来越远,航天器运动越来越复杂,天体遮挡、空间等离子体扰动、多普勒频移等因素都会改变通信链路状态。对于未来的深空通信而言,不仅要解决“能不能连上”“数据能不能传回来”的问题,还要尽可能提前知道:未来一段时间链路会变好还是变差?什么时候适合高速传输?什么时候应该调整通信参数?

这正是深空信道推演希望解决的问题。

深空通信是深空探测体系的重要基础,承担着遥测遥控信息、科学数据回传、航天器实时控制等核心任务。信道增益、相位、时延等深空信道状态信息,是判断

通信链路质量和制定数据传输策略的重要依据。所谓深空信道推演,就是利用已有观测信息和历史数据,分析信道随时间变化的规律,进而推断未来的链路状态,让通信系统具有一定的“预见能力”。

深空信道为何难以预测

此次地月激光通信试验直观展现了超远距离通信的困难。

与传统微波通信相比,激光通信带宽更大、传输速度更快,但也对链路状态提出了更高要求。在40万km尺度上,发射方向出现极小角度偏差,到达目标附近时就可能产生数公里的位置误差。卫星轨道变化、望远镜安装误差、大气折射以及激光传播时间等因素,都需要被准确计算和修正。

信号本身也会发生剧烈变化。随着传播距离增加,接收功率不断衰减,背景噪声的影响随之增大。对于射频深空通信而言,太阳活动和日冕等离子体还可能造成信号相位、时延和幅度波动;高速运动的航天器则会产生不断变化的多普勒效应。

更棘手的是,这些因素并不是彼此孤立的。空间环境扰动、航天器运动和传播距离变化可能相互耦合,使深空信道呈现明显的非线性和时变特征。

传统深空通信系统通常通过测量当前链路状态,再据此调整通信参数。然而,在天体遮挡、链路暂时中断或者观测信息不完整的情况下,地面站和航天器可能无法持续获得最新的信道状态信

杭州电子科技大学空间信息研究院,教授,《科技导报》青年编委

息。如果能够利用此前一段时间的观测数据推演未来状态,即使实时测量数据暂时缺失,也可以为后续通信策略提供参考。

深空通信因而正在从“测量当前信道”向“预测未来信道”拓展。

让人工智能寻找信道演化规律

深空信道推演并非一个全新的概念。

早期,美国国家航空航天局(NASA)利用深空网络(DSN)获得的观测数据,结合卡尔曼滤波等状态估计方法,对航天器状态及通信链路变化进行持续跟踪。

卡尔曼滤波可以理解作为一种不断“预测—校正”的方法:模型首先根据此前状态估计下一时刻可能出现的结果,再利用最新观测对预测进行修正,如此不断循环。

但它通常需要预先建立相对明确的状态模型,并对噪声统计特征作出假设。真实深空环境远比理想模型复杂。日冕等离子体扰动、航天器运动以及时变多普勒效应等因素相互作用时,信道变化可能表现出较强的非线性,使固定模型难以完整描述其复杂的变化规律。

人工智能的发展,为从大量历史数据中直接寻找深空信道演化规律提供了另一条路径。

例如,Tanneeru等利用“火星全球勘测者”(Mars Global Surveyor, MGS)约5600组电子密度剖面数据,构建双向长短期记忆网络(Bi-LSTM),预测火星电离层电子密度变化。在论文选取的太阳平静日测试中,模型预测的等离子体密度(单位:个/ m^3)的均

方根误差和平均绝对误差分别约为 0.67×10^9 和 0.56×10^9 ;在所选太阳耀斑扰动日测试中,2项误差分别下降至 0.31×10^9 和 0.27×10^9 ,表明该模型在不同空间天气条件下均具有较好的预测能力。

进一步地,Xu等还提出基于注意力增强门控循环单元网络的信道预测模型Att-GRU。其中,GRU利用“门控”结构决定哪些历史信息应该保留、哪些可以舍弃,从而减少预测误差在时间序列中的不断累积;注意力机制则进一步帮助模型判断,哪些历史状态与下一时刻的信道变化关系更加密切。

相关研究显示,与传统卡尔曼滤波方法相比,Att-GRU模型的信道预测均方误差可降低约80%。这说明对于具有复杂非线性变化特征的通信链路,数据驱动方法具有进一步提高推演精度的潜力。

从“被动适应”走向“提前决策”

深空信道推演真正的价值,并非只是更加准确地预测曲线,而在于改变未来深空通信系统的工作方式。

传统通信系统更多是在发现链路发生变化后,再调整功率、编码方式或者传输速率。这是一种典型的“观测—响应”模式。

有了信道推演能力,系统则可以进一步转向“预测—决策”。

例如,如果预测未来一段时间链路质量较好,地面系统可以提前调度天线和通信资源,把高清图像、大规模科学观测数据安排在这一通信窗口集中回传;如

果预测即将进入弱信号或强扰动阶段,则可以降低数据速率、提高纠错编码强度,或者提前传输更重要的数据。

对于距离地球越来越遥远的探测器,这种能力更加重要。

地球与月球之间的单程通信时延约为1.3 s,而地球与火星之间的单程通信时延会随着两颗行星相对位置变化达到数分钟甚至20多分钟。探测器距离越远,单纯依靠地面人员实时判断和发送指令就越困难。

未来,深空探测器可以把信道推演结果作为自主决策系统的一项输入,根据预计的链路状态,自主选择传输速率、编码方式、发射功率甚至任务执行顺序,提升系统的自主决策能力。

预测得准还要预测得可靠

不过,让人工智能参与深空通信决策,也会带来新的问题。

相比互联网、移动通信等应用,真正的深空探测任务数量有限,能够获得的实测通信数据十分宝贵。这意味着人工智能模型面临一个天然困境:训练数据不足。

如果训练样本集中在少数航天器、少数轨道或者相对稳定的空间环境中,模型可能非常熟悉已经经历过的情况,却无法准确处理此前没有出现过的太阳活动或异常信道状态。

这就是人工智能模型常见的泛化问题。

而对于深空探测而言,错误预测的代价可能远高于普通通信系统。一旦模型高估链路质量,系统可能选择过高的数据传输速

率,造成重要科学数据无法完整回传;如果错误判断通信窗口或资源配置条件,还可能影响航天器后续任务安排。

因此,未来深空信道推演不能只追求“预测得更准”,还需要回答另外2个问题:模型什么时候值得信任?当它遇到没有见过的情况时,能否及时意识到自己

的预测可能不可靠?

这意味着物理模型与人工智能的结合可能成为重要发展方向。一方面利用人工智能从复杂数据中发现传统模型难以描述的规律;另一方面利用轨道动力学、电磁传播和空间环境模型等物理知识,对人工智能预测结果进行约束和校验。

破解RNA结构预测的“结”中之困

——人工智能赋能RNA假结设计

文/Anthony M. Mustoe¹, Junzhe Gu²

RNA分子在生物学中发挥着极其多样的作用:既可作为编码蛋白质合成指令的信使,也可作为响应配体的调控开关以控制基因表达,还能催化各类生化反应。这些功能的实现,通常取决于每种RNA分子所采用的特定折叠构象或折叠系综,涵盖其二级结构及更高阶的三维(3D)结构。从序列出发准确预测RNA结构,有望加速阐明RNA的作用机制,并推动合成RNA药物与器件的理性设计。在2026年第6814期《Science》上,Townley等人针对旨在实现这一目标的最先进深度学习方法,开展了一项重

要评估。该研究及其他近期发表和未发表成果均表明,尽管该领域正取得令人振奋的进展,但实现稳健的RNA结构预测仍面临重大瓶颈。

以AlphaFold为代表的蛋白质结构预测深度学习模型,已彻底变革了蛋白质结构生物学,但在RNA预测方面仍表现欠佳。为何RNA问题更为棘手?首先,RNA序列仅由4种化学性质相似的核苷酸组成,与构成蛋白质的20种氨基酸相比,其序列字母表提供的信息丰度较低。其次,给定的RNA序列通常可折叠成多种能量近乎相等的构象,这使得难以精准锁定具有生物学相关性的真实折叠状态。再次,蛋白质结构预测方法高度依赖从跨物种全面序列比对中提取的进化共变异信息;然而,大多数RNA的已知同源物较少,导致序列比对提

供的信息量有限。最后,也是最为关键的一点,通过实验测定的RNA结构在数量与多样性上,均比蛋白质结构少数个数量级,严重限制了可用于模型训练的数据规模。

在过去2022—2025年的4年间,学界开发了多种深度学习方法以应对上述挑战。Townley等试图测试这些模型在从头(de novo)RNA设计中的实际表现,即在缺乏天然序列模板的前提下,设计能够折叠成目标结构的RNA分子。作者通过征集“假结”(pseudoknots)的设计方案,进一步提升了测试难度。假结是一类包含相互锁定碱基配对区域的特殊RNA基序。由于其拓扑结构复杂且折叠规则尚未完全阐明,假结成为最难预测的RNA基序之一,且超出了大多数传统设计算法的能力范畴。鉴于假结是功能性RNA中反复出现的核心特征——包括构成核酶的催化中心及配体传感器的特异性结合口袋——实现对假结的精准预测与设计,对于深入理解并工程化改造RNA生物学机制至关重要。

Townley等发现,最新一代的深度学习(人工智能,AI)系统,能够为57种不同测试的假结架构中的55种,成功设计出可正确折叠的序列。这一表现与经验丰富的人类研究者相当,后者也针对同一组假结结构提交了设计方案。值得注意的是,部分成功设计的假结展现出文献中未曾报道过的全新架构,这不仅凸显了该设计挑战的极高难度,也暗示现有结构数据库可能仅涵盖了潜在

1. 美国得克萨斯州休斯敦,贝勒医学院生物化学与分子药理学系,治疗创新中心

2. 美国得克萨斯州休斯敦,贝勒医学院分子与人类遗传学系