

清华三项成果入选 “2017年度中国科学十大进展”

2月27日，科技部发布“2017年度中国科学十大进展”，清华大学共有3项成果入选，分别是：首次探测到双粲重子、利用量子相变确定性制备出多粒子纠缠态、酵母长染色体的精准定制合成。

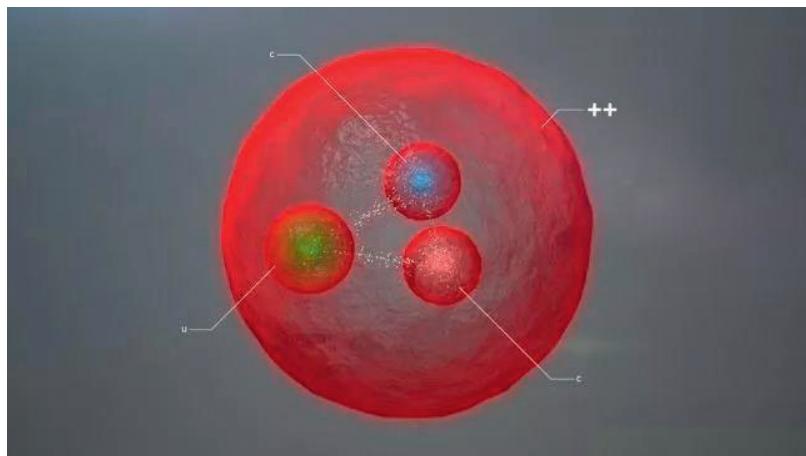
首次探测到双粲重子项目中，清华大学工程物理系高原宁、杨振伟、张黎明和朱相雷等组成的研究团队为发现新粒子做出重要贡献；

利用量子相变确定性制备出多粒子纠缠态由清华大学物理系尤力和郑盟锟研究组完成；

酵母长染色体的精准定制合成项目，原清华大学生命科学学院戴俊彪研究员为合作者之一。

首次探测到双粲重子

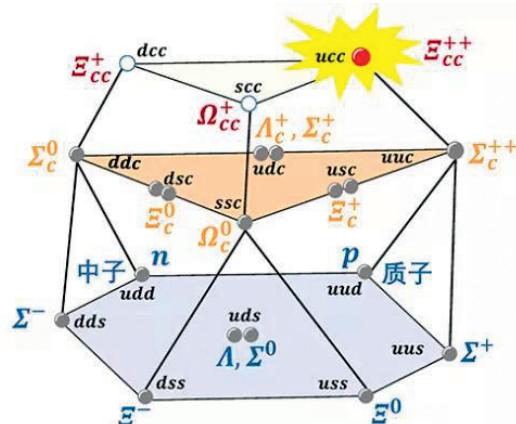
2017年7月6日，欧洲核子研究中心（CERN）大型强子对撞机（LHC）上的底夸克探测器（LHCb）实验组宣布发现双粲重子 Ξ_{cc}^{++} ，欧洲核子研究中心专门对该研究成果进行了新闻发布，清华大学工程物理系高原宁、杨振伟、张黎明和朱相雷等组成的研究团队在发现新粒子中做出重要贡献。相关研究进展发表在2017年9月11日《物理评论快报》（Physical Review Letters）。



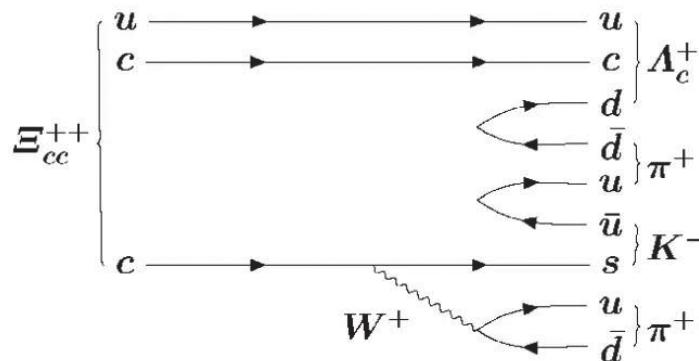
双粲重子 Ξ_{cc}^{++} 含有两个c夸克（中译为“粲夸克”）和一个u夸克（中译为“上夸克”），理论预期其内部结构迥异于普通重子，对其性质的细致研究将有助于人类深入理解物质的构成和强相互作用力的本质。实验上发现双粲重子 Ξ_{cc}^{++} 的质量大约是3621兆电子伏特，通过弱相互作用衰变为 A_c^+ 重子和三个轻介子 $K^- \pi^+ \pi^+$ 。

底夸克探测器是欧洲核子研究中心大型强子对撞机上的粒子物理实验装置之一，专门进行含有重夸克粒子的产生和衰变性质研究。底夸克探测器合作组由来自16个国家、72个单位的1185名成员组成，其中中国组由清华大学、华中师范大学、中国科学院大学和武汉大学的研究人员组成。近年来，中国组在强子性质和电荷宇称对称性破缺等方面的研究中成绩突出，双粲重子 Ξ_{cc}^{++} 粒子的发现无疑进一步提升了中国组在国际合作中的地位。

底夸克探测器国际合作组



根据夸克模型，由 u, d, s, c 夸克可以组成 20 个自旋为 1/2 的基态重子，图中位于最上层的是三个双粲重子

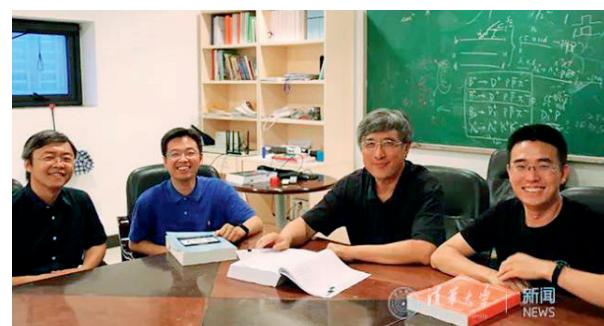


$\Xi_{cc}^{++} \rightarrow \Lambda_c^+ K^- \pi^+ \pi^-$ 衰变过程示意图

发言人、意大利国家核物理研究院（INFN）著名学者乔瓦尼·帕萨洛瓦（Giovanni Passaleva）教授评价说：“底夸克探测器的中国科学家对该粒子的发现做出了关键性贡献，这是他们长期不懈努力的成果。”

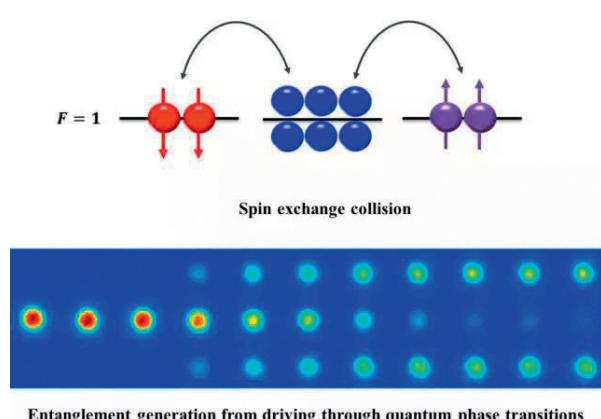
多年来，底夸克探测器中国组坚持理论和实验相结合，始终与国内的粒子物理理论家保持着密切的合作关系，国内理论家对双粲重子 Ξ_{cc}^{++} 的发现同样功不可没，获得了底夸克探测器国际合作组的尊重。“中国的理论家也提供了重要帮助，他们的关键建议引导该分析在正确的方向上取得了突破。”乔瓦尼·帕萨洛瓦教授说。

“我们从年初开始全力以赴，保证了双粲重子 Ξ_{cc}^{++} 实验分析的每一个环节都扎实可靠。”底



底夸克探测器清华组部分成员。（左起：朱相雷，张黎明，高原宁，杨振伟）

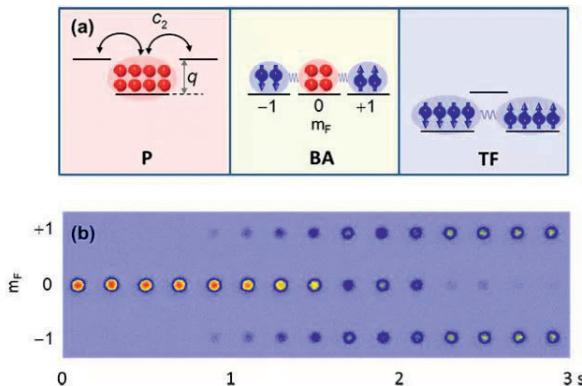
夸克探测器中国组负责人高原宁教授说：“发现双粲重子 Ξ_{cc}^{++} 仅仅是个开始，由两个甚至是三个重夸克组成的重子还有很多没有被发现，未来的研究依然非常地激动人心！”



利用量子相变确定性制备出多粒子纠缠态

2017 年 2 月 10 日，清华大学物理系尤力教授和郑盟锟副教授研究组在《科学》（*Science*）发文，报道了在国际上首次利用原子玻色爱因斯坦凝聚体（BEC）确定性地制备对精密测量具有重要意义的量子纠缠态。

量子纠缠是一种没有经典对应的特殊关联。它是实现量子计算和量子模拟的重要资源，也有助于实现超越经典干涉仪（如引力波探测的光学



图(a)自旋1的旋量BEC基态取决于单原子内态的二阶塞曼能移(q)和凝聚体中自旋交换相互作用强度(c_2)的相对大小,依次出现Polar(P)、Broken-axis symmetry(BA)、和Twin-Fock(TF)相。(b)实验观察到的不同自旋分量的原子吸收成像图,它给出了线性扫描 q 时BEC在各个内态上的分布随时间的变化

干涉仪LIGO)的测量精度极限。自上世纪90年代量子信息研究兴起以来,实现多粒子量子纠缠一直是实验量子物理研究的一大追求。量子纠缠态已经在核自旋、离子、光子和超导量子体系等物理系统中得到实现,但是这些系统中实现的纠缠态最多只包含十个左右的粒子或等同自由度的粒子。利用冷原子体系能够制备更大的纠缠态,可是以往的制备方式有很大的随机性。清华物理系的冷原子实验团队近来取得了重大进展,在国际上首次通过调控量子相变过程实现了大粒子数量子纠缠态的确定性制备。

实验上,该团队首先利用冷原子技术制备了温度约为100nK的超冷铷87原子的BEC。两个在($F=1, m_F=0$)内态的铷87原子可以发生自旋交换碰撞产生纠缠的($F=1, m_F=+1$)和($F=1, m_F=-1$)粒子对(见图(a))。铷87原

子旋量BEC的基态相图由单原子内态的二阶塞曼能移(q)(见左图)和自旋交换相互作用强度(c_2)的相对大小所决定。它具有三种相,即图中标识的P、BA和TF,分别对应于极化(Polar)相、轴对称破缺(Broken-axis symmetry)相、和双数(Twin-Fock)相,由两个量子相变点($q=\pm 2|c_2|$)分隔开。它们对应的原子内态布居分布如图所示。在P相和TF相中,二阶塞曼能($|q|$)起主导作用。其中,P相的基态对应于所有原子都处于能量较低的无磁态($F=1, m_F=0$),实验上很容易制备。而在TF相中,($F=1, m_F=0$)的能量较高,自旋交换相互作用使得原子趋于平均分布在磁矩相反的($F=1, m_F=+1$)和($F=1, m_F=-1$)上,这是一种高度纠缠的量子态,即所谓的双数态。根据量子绝热定理,从P相的基态出发,通过改变 q 将系统从P相绝热扫到TF相,基态原子凝聚体将演化为双数态,如图(b)所示。该团队的研究表明受到不同量子相中低能激发的不同纠缠结构的保护,即使实验中不能很好地维持绝热调控,也可以实现高度纠缠的量子态的制备。

目前,该实验平台能在每40秒内确定性地制备一个约10000个原子组成的双数态,从非纠缠的 $m_F=0$ 初态到 $m_F=\pm 1$ 双数态的凝聚体转换效率高达 $96\pm 2\%$ 。通过对量子测量结果和多粒子纠缠判据,可以以超过68.3%的置信度确证他们产生的双数态含有近千个原子(910)的纠缠。不论是在量子噪声的压缩系数上或者是在多粒子量子相干性上,他们所制备的纠缠态均处于国际领先水平。该工作首次展示了量子相变可以作为制备多体量子纠缠态的有效手段。

酵母长染色体的精准定制合成

能否在实验室构造具有生命特性的细胞一直是生命研究领域一个重要挑战,也体现了人类对生命起源的不懈探索。天津大学元英进、清华大学戴俊彪、深圳华大基因杨焕明等团队与合作者成功设计构建了4条酿酒酵母长染色体。2017年

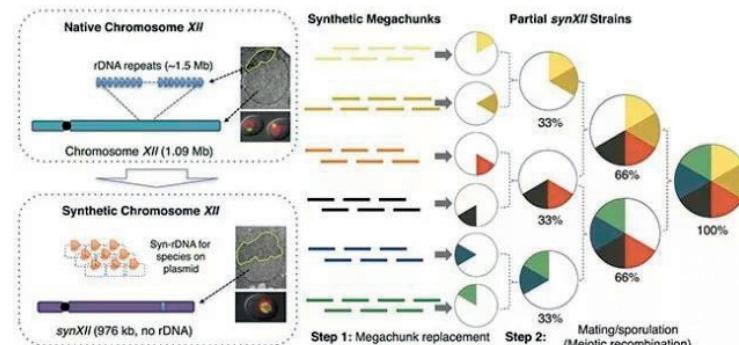
3月10日,《科学》(Science)杂志以酿酒酵母合成染色体作为主题和封面,同期刊出了戴俊彪研究组合作参与,由美国纽约大学主要完成的六号染色体、华大基因和英国爱丁堡大学共同完成的二号染色体、天津大学主要完成的五号染色体,以及法国巴斯德研究所主要完成的合成染色体3D

结构等系列研究工作。

戴俊彪研究组成功实现了酿酒酵母(*Saccharomyces cerevisiae*)十二号染色体的人工设计与合成。人工酿酒酵母的十二号染色体是目前世界上发现的最长真核线性染色体，全长为976067个碱基。

研究组基于原始碱基序列设计出新的碱基序列，并通过自主开发的分层组装和后续改造方案最终获得可在酿酒酵母体内正常发挥功能的合成十二号染色体(synXII)，并对十二号染色体上编码核糖体RNA的DNA序列(rDNA)开展了一系列工程化改造。

十二号染色体的合成不仅表明我们能设计并构建获得含有百万级碱基的合成染色体，实现对高度重复的编码核糖体RNA基因簇进行编辑与操控，奠定了未来对其他超大、结构超复杂的基因组进行设计与编写的基础，同时也证明了酵母基因组中编码核糖体RNA区域及其他序列均具有惊人的灵活度与可塑性。



对酿酒酵染色体进行合成改造

链接

“中国科学十大进展”遴选活动由科技部高技术研究发展中心举办，截至2018年已举办13届。研究进展由《中国基础科学》《科技导报》《中国科学院院刊》《中国科学基金》和《科学通报》五家编辑部推荐，由两院院士、973计划顾问组和咨询组专家、973计划项目首席科学家、国家重点实验室主任等专家学者经过初选和终选两轮投票选出。

入选“2017年度中国科学十大进展”

的成果分别为：实现星地千公里级量子纠缠和密钥分发及隐形传态、将病毒直接转化为活疫苗及治疗性药物、首次探测到双粲重子、实验发现三重简并费米子、实现氢气的低温制备和存储、研发出基于共格纳米析出强化的新一代超高强钢、利用量子相变确定性制备出多粒子纠缠态、中国发现新型古人类化石、酵母长染色体的精准定制合成、研制出可实现自由状态脑成像的微型显微成像系统。