

学术 SCIENCE

清华生命学院、医学院与郑州大学在《自然》合作发表人类早期胚胎染色质调控研究的论文

5月3日，清华大学生命学院颉伟研究组、医学院那洁研究组与郑州大学第一附属医院生殖医学中心孙莹璞研究组紧密合作，在《自然》期刊发表题为《人类早期胚胎染色质研究揭示基因组激活前后表观遗传转换规律》的研究论文，发现了人类早期胚胎发育过程中染色质变化与基因转录的密切关系。这一重要发现不仅有助于我们进一步理解人类胚胎发育过程中染色质调控机制，也为研究体外受精、试管婴儿等相关应用和胚胎发育相关疾病提供了理论基础。

为了探索人类早期胚胎染色质调控，清华大学颉伟组优化了现有的细胞染色质开放区域定位技术(ATAC-seq)，实现了在极少量细胞(20)水

平上进行开放染色质区域的检测。进而与郑州大学第一附属医院孙莹璞研究组紧密合作，揭示了人类早期胚胎发育过程中开放染色质的调控规律。最后通过与清华大学医学院那洁实验室合作进行小鼠胚胎相关实验，发现染色质调控规律在人和小鼠胚胎发育过程中同时存在保守性和物种特异性。

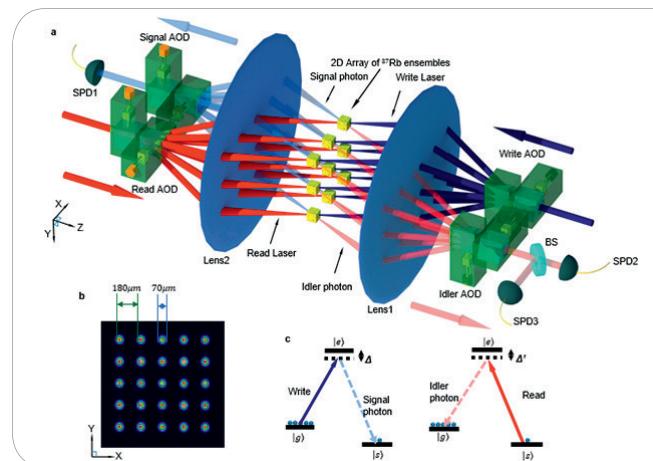
清华大学生命学院颉伟研究员、医学院那洁研究员和郑州大学第一附属医院的孙莹璞教授为本文通讯作者，清华大学生命学院联合博士生培养项目博士生吴婧怡、博士生刘伯峰、博士后林自立，医学院博士生王培哲，以及郑州大学第一附属医院生殖中心副主任徐家伟和姚桂东博士为本文共同第一作者。

清华交叉信息院段路明研究组首次实现25个量子接口间的量子纠缠

4月20日，清华大学交叉信息研究院段路明教授研究组在《科学》期刊子刊《科学·进展》上发表了题为《25个可独立操控的量子接口之间纠缠的实验实现》的研究论文。该项研究首次实现了25个量子接口之间的量子纠缠，相比于先前加州理工学院研究组保持的4个量子接口之间纠缠的世界纪录，在接口数量上提高了约6倍。清华大学交叉信息研究院博士研究生濮云飞为本文第一作者，段路明教授为通讯作者。

量子接口(Quantum interfaces)用于实现量子信息在光子和存储粒子(通常为原子)之间的相干转化，是连接量子存储器或量子计算单元与光量子通信通道间的重要界面。类似于广泛应用经典接口，量子接口是量子信息领域的基本元器件，实现量子接口之间的纠缠是构建量子网络和未来量子互联网的一个基本要求。

为了实现更多量子接口间的纠缠，构造更大



二维原子系综量子接口阵列之间产生和验证量子纠缠的实验装置图

的量子纠缠网络，段路明研究组研发了新颖的二维量子接口阵列，解决了相关技术问题，可以方便地实现多个量子接口间的纠缠。在25个量子接口之间，实验利用纠缠判据以高置信度证明至少存在22体以上的真实纠缠，刷新了量子接口纠缠数量的世界纪录。

清华化工系张强课题组在高安全复合锂金属负极的研究上取得重要进展

4月18日，清华大学化工系张强教授课题组在能源领域知名期刊《焦耳》上发表了论文《用于金属锂电池的珊瑚状碳纤维基复合锂金属负极》，报道了课题组在高安全高容量的复合锂金属负极领域的研究方面取得的重要进展。该研究被《焦耳》选为本期封面文章，并刊登了封面图片。

张强教授研究团队针对金属锂电池对于复合电极的迫切需求，提出一种珊瑚状碳纤维熔融灌锂的复合锂金属负极。相比常规金属锂负极，该复合锂金属负极能够承受极端的面电流密度和面容量循环，表现出高安全性特征。该工作的导电骨架镀

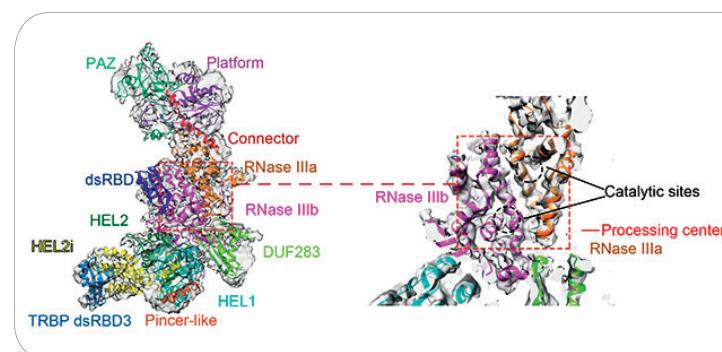
银灌锂方法可普适于任何基于导电骨架的复合金属锂负极设计与制备，其镀银层可实现高效的预置金属锂复合，并实现无枝晶、无“死锂”的循环容貌，进而获得在锂硫电池等全电池体系中优异的电化学性能，提升了储能系统的安全性。

该研究的通讯作者是清华大学化工系长聘教授张强和助理研究员程新兵。作者顺序依次是博士生张睿、陈翔、沈馨，硕士生张学强，本科生陈筱薷，助理研究员程新兵，硕士生闫崇，博士生赵辰孜和张强教授。

生命学院王宏伟等揭示人源 Dicer 蛋白与 Dicer-pre-miRNA 复合体的三维结构

4月26日，清华大学生命学院、清华-北大生命科学联合中心、北京市结构生物学高精尖创新中心王宏伟教授研究组在《细胞》期刊发表了题为《人源核酸内切酶 Dicer 蛋白与 Dicer-pre-miRNA 复合体的冷冻电镜结构》的研究论文，首次揭示了人源核酸内切酶 Dicer 蛋白的全长高分辨率结构，同时还报道了人源核酸内切酶 Dicer 蛋白结合一种小 RNA 前体 pre-let-7 底物的两种不同结构状态。王宏伟研究组成员、清华大学生命学院博士后刘忠民、王家，2015 级博士生程航、柯鑫为共同第一作者，王宏伟教授为本文的通讯作者。

王宏伟研究组采用从哺乳动物 293F 细胞系中共表达蛋白复合体，克服多方面技术难题，获得了人源 Dicer 及其辅因子蛋白 TRBP 复合体（TRB 是一种 RNA 结合蛋白）的高分辨率三维结构（4.4 埃）（如图），首次解析了人源核酸内切酶 Dicer 蛋白的高分辨率整体结构，看到了核酸内切酶 Dicer 蛋白中各结构域的精确三维分布及结构域之间的空间关系。



冷冻电镜解析获得的人源 Dicer-TRBP 复合体高分辨率结构及其结构域分布

为了更进一步了解人源核酸内切酶 Dicer 蛋白是怎样精确加工微小 RNA 前体的过程，研究组通过体外重组的方法获得了人源 Dicer-TRBP 复合体与一种微小 RNA 的前体 pre-let-7 所形成的三元复合体，并解析了该复合体的两种三维结构状态。一种是 pre-let-7 的茎部呈完全互补结构，另一种是 pre-let-7 的茎部呈部分解离的状态。深入的研究表明，人源 Dicer 蛋白与 TRBP 形成的复合体与 pre-let-7 结合可以促进该 RNA 向茎部完全配对的双链螺旋结构转换，确保其茎部在被 Dicer 蛋白切割前的构象均一性，从而保证微小 RNA 产物的精确长度。