

新能源汽车续航新思路:给汽车配个“充电宝”?



中国电动汽车百人会副理事长张永伟日前向媒体介绍说,2024年,我国新能源汽车产销规模有望达到1300万辆,迎来产业发展重要里程碑。在此期间,中国市场、技术、平台等因素将发挥重要作用,引领全球汽车产业转型发展。但行业发展面临的挑战不容忽视,其中重要的一点就是接续完善的车能融合技术,怎样才能有效提高新能源汽车的运行效率。

就目前来看,市面上的新能源汽车主要是从固定充电桩上充电,但固定充电桩的数量比起加油站肯定少了许多,且充电时间较长,这无疑限制了新能源汽车的发展。尽管我国在充电基础设施建设上付出

很多努力,但当新能源汽车运行至途中或行驶在一些偏远地区时,如果遇到车辆断电的紧急情况,往往缺乏可用的充电设施,这使得人们对电动汽车的远程出行产生了忧虑。拥有一种便捷储能、即时供电的车载充电设备来延续汽车的运行时长,一直是人们关注的热点。近年来,汽车移动便携式充电宝为解决新能源汽车续航问题带来另一种思路。

汽车移动便携式充电宝是一个集储电、升压、充放电于一体的电池设备,以化学能的形式将外部电源输入的电能储存起来,当需要给车辆充电时化学能转化为电能输出,也就是人们熟知的充放电过程。以常见的锂

离子电池为例,其主要构造分为正极、隔膜、负极、有机电解液。正极,是锰酸锂或者钴酸锂等材料;隔膜,是一种高分子薄膜,锂离子可自由通过,而电子则不能;负极,主要为石墨以及类石墨碳;有机电解液,主要为溶解有六氟磷酸锂的碳酸酯类溶剂。

锂离子电池的反应可以看作是正极的锂离子脱出进入石墨,而放电时锂离子从石墨负极脱出回到正极。此外,由于同电位电压条件下无法充电,充电宝可通过升压系统提升放电电压至车辆所需电压,以此满足多次循环用电需求。

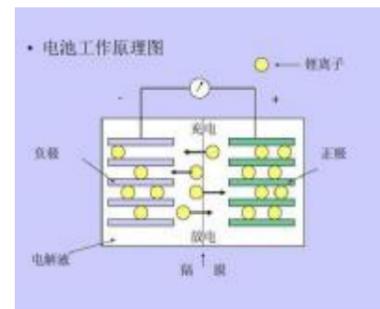
科研人员设计一款汽车充电宝的难点在于添加电池管理系统和逆变器。电池管理系统是一个实时系统,用于控制、保护和监控安装在电动汽车中的电池组安全运行所需的若干功能,如温度和电压水平。逆变器可以将直流电转变成定频定压或变频调压交流电,以满足汽车其他电气设备正常运转。

随着新能源汽车普及,国内外就汽车充电宝陆续开展了一系列研发工作。2021

年,英国一家名为 ZipCharge 的初创企业推出的汽车便携式充电宝大小就像一个手提箱,内部放置有一块锂离子电池,重量 22.7 公斤,净容量 4 千瓦时,充电功率 7.2 千瓦,可以在充电半小时后最大续航里程延长 30 公里。随后,我国远景科技公司推出全球首款绿色充电机器人,容量 70 千瓦时,充电功率 42 千瓦,充电两小时可使一辆新能源汽车行驶 600 公里。我国铁球电能公司推出的新能源汽车充电宝,相当一台打印机大小,重量 22 公斤左右,最大功率 5 千瓦,充电两小时可续航 70—100 公里。

目前,汽车充电宝尽管具有许多优势,但仍存在一些需要解决的问题,比如充电宝大多造价昂贵,普通车主难以负担,车辆出行当天温湿度环境,以及运输过程中碰撞都有可能引起短路。在环境可持续发展的背景下,期待车用充电宝面向市场,更加经济便捷,能够更好更安全地服务于社会。

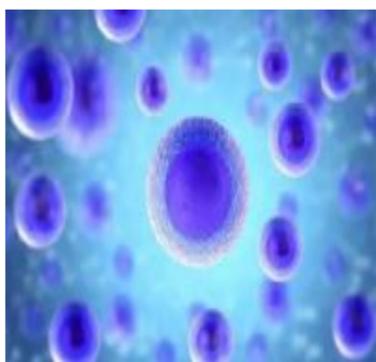
(第一作者系西北师范大学教授、博士生导师,第二作者系西北师范大学硕士研究生)



又一突破性成果!

人工智能大模型预测蛋白质结构速度再次提高数百倍!

曾心月



生物细胞里有三种大分子:DNA、RNA 和蛋白质。DNA 和 RNA 记录了生物的遗传信息,但真正在细胞里面执行功能的是蛋白质。人体内约有 10 万种以上的蛋白质,每种蛋白质都有自己特定的功能,但它们都是由 20 种氨基酸按不同比例组合而成,各种氨基酸在蛋白质里折叠成特定的三维结构,正是这个三维结构决定了每种蛋白质的功能。

因此,对蛋白质的三维结构的解析,对于深入理解蛋白质功能、人体生理现象、内在机制、疾病归因和药物研发等都起着关键性的作用。这就是为什么几十年来,科学家千方百计地想搞清楚各种蛋白质的三维结构的原因。

乍看之下,大部分蛋白质都像一团杂乱无章挤在一起的原子,但仔细看看则会发现其实它们都是按照一定层次组织起来的复

杂结构。在最底层,一些氨基酸通过肽键结合在一起,组成一些多肽链,多肽链内部的氨基酸序列,被称为蛋白质的一级结构。然后,不同的多肽链又通过氢键连接,折叠成简单的形状,如螺旋状或环状等,这种结构被称为蛋白质的二级结构。

接下来,在更大的层面上,螺旋或环又进一步折叠成一个三维空间内紧凑的结构,被称为蛋白质的三级结构。所有蛋白质都有三级结构,三级结构跟蛋白质的稳定性关系最大,如果三级结构被破坏,蛋白质就会失去部分或全部功能。部分蛋白质还有四级结构,传统实验室观测蛋白质结构的方法主要有三种,即核磁共振、X 射线晶体学、冷冻电镜,但这些方法往往依赖昂贵的设备,还要反复试错,搞清楚每种蛋白质的三维结构都需要花费数年时间。人体内约有 10 万种以上的蛋白质,被科学家解析

过三维结构的少之又少,为了对大量未知的蛋白质展开研究,必须发明全新的方法,比如,在搞清楚蛋白质的一级结构之后,就利用人工智能对它的二级、三级、四级结构进行预测。

2018 年,人工智能正式参与蛋白质三维结构的预测,在其中大显身手,它速度极快,能用几天甚至仅仅几分钟就预测出以前要花费数十年才能得到的具有置信度的蛋白质结构,极大地促进了生物化学、细胞生物学、遗传发育、神经生物学、微生物学、病理药理等领域的发展。

2023 年 10 月 9 日,国际顶级学术期刊《自然》旗下子刊《机器智能》发表了百度飞

桨螺旋桨联合百图生科研发的“文心生物”计算大模型的一项成果,提出了全球首个开源、提供在线服务、无需 MSA 输入的蛋白质结构预测大模型 HelixFold-Single。这是百度在生物计算领域的又一突破性成果,打破了 AlphaFold2 等主流模型依赖 MSA 检索的速度瓶颈,创新了新的人工智能训练方案,将蛋白质结构预测速度平均提高数百倍,实现了秒级别的预测。以门蛋白 7et2_H (蛋白长度 697) 为例,用 AlphaFold2 预测其结构需要 1280 秒 (超过 21 分钟),而 HelixFold-Single 只需要 11 秒,速度提高了 115 倍。

人工智能大模型技术正驱动生物计算领域的高速发展,可以帮助生命科学领域的研究人员更便捷、更高效地工作,进行更多开拓性的研究,例如探索针对特定癌症、病毒类感染疾病的治疗方法,开发新的抗生素、靶向药,或者研发更高效率的工业酶等,为人类健康与产业发展贡献源源不断的价值。

参考文献:[1]<https://www.nature.com/articles/s42256-023-00721-6>

(来源:科普中国-星空计划)

