

# 陆林：补觉无法弥补熬夜的“伤”

● 本报记者 张思玮

3月21日是世界睡眠日，今年的主题是“良好睡眠，健康同行”。

“睡眠是一种高度保守的生命现象，与生物进化、物种繁衍和个体生存发展等密切相关，睡眠脑功能在正常生命活动及重大疾病发生中都发挥重要作用。”近日，在2022世界睡眠日新闻发布会上，中国科学院院士、北京大学第六医院院长陆林在接受《医学科学报》采访时表示，随着社会快速发展导致精神压力增加，睡眠一觉醒障碍发生率逐年升高。

## 不容忽视的“慢性杀手”

睡眠一觉醒障碍与很多精神疾病，如焦虑障碍、抑郁障碍、精神分裂症密切相关，它还可以导致脑信息处理异常，比如注意力不集中、记忆力下降、决策异常等。此外，它还与常见慢性疾病如高血压、心肌梗死、痴呆、肥胖、免疫功能失调有重要关系。

“可以说，睡眠一觉醒障碍已经成为现代社会不容忽视的‘慢性杀手’。”陆林说。

据了解，最常见的两种睡眠障碍类型为失眠障碍和睡眠呼吸障碍。在我国60岁以上的老年人群中，睡眠障碍的发生率约为35.9%，我国青少年睡眠障碍发生率为26%。

国际相关机构统计显示，睡眠问

题可造成美国、英国、加拿大、德国和日本五个国家每年6800亿美元的经济损失，2019—2020年澳大利亚因睡眠问题造成的医疗费用为354亿美元，其中睡眠呼吸障碍约131亿美元、失眠障碍约133亿美元、不宁腿综合征约90亿美元。

陆林提供的一项调查数据显示，在疫情前后针对成年人的随访中，失眠发生率从25.4%增加到32.2%。通过对5万余名居民进行线上调查发现，在新冠肺炎疫情期间，我国大众的心理问题普遍较为突出，其中失眠的发生率高达29.2%。

## 与诸多疾病息息相关

采访中，陆林表示，人处于睡眠时，能有效清除脑内代谢产物，有助于稳态调节。如果缺觉，补觉不能弥补熬夜带来的代谢损伤。

陆林团队还首次从微生物—肠—脑轴角度揭示了睡眠剥夺导致认知受损的机制，发现急性睡眠剥夺所致的肠道菌群紊乱通过诱发中枢神经炎症，进而导致认知受损的发生。但随着睡眠恢复，这种影响具有不同程度的可逆性，这为日后防治睡眠不足导致的认知障碍提供了理论基础。

研究还显示，人在清醒状态下，神经元中DNA损伤的积聚会增加睡眠

陆林在做报告。

中国医师协会供图



压力，在睡眠期间，细胞内能有效地进行DNA修复。

此前，多项研究证实睡眠障碍与时长同2型糖尿病、心血管疾病、精神疾病等慢性疾病的发生、发展都有重要关系。

一项来自美国加州大学的研究者通过对300万名孕妇进行为期6年的观察后发现，孕期睡眠障碍会显著增加早产的风险，其中孕妇伴失眠障碍出现早产的风险提高30%，伴睡眠呼吸障碍早产风险提高50%。

为此，《自然》杂志专门发表评论，呼吁全社会关注孕妇这一特殊人群的睡眠问题，并建议研发更多适用于孕妇等特殊人群的睡眠干预手段。

陆林团队还发现，睡眠中食物相关词语的暴露可显著增加清醒后对暴露食物的偏爱及选择，而在清醒状态下进行同样的操作则对食物的偏爱与选择无影响。这提示睡眠过程中靶向记忆激活可以改变个体的决策，为在睡眠无意识状态下干预人类的决策行为提供新的科学依据。

此外，还有研究显示，睡眠与环境温度、光线都会有一定关系。

## 应作为一门独立学科

早在2013年，《自然》杂志便发表文章提出，为了研究睡眠的本质，亟须开展一个多学科共同参与的“人类睡眠计划”，以最行之有效的方式改善人们的健康状况，提高生命质量。

但是，目前我国从事睡眠诊疗的医务工作者多是呼吸科、口腔科、耳鼻喉科、精神科等学科的医生，并无睡眠医学专业背景，对睡眠疾病的识别存在一定的偏向性。

同时，陆林还建议通过各种手段提升全民睡眠健康素养，加快安全有效药物的研发，充分利用人工智能设备助力睡眠健康管理等，共同遏制睡眠障碍增长的趋势。

“更为重要的是，应将睡眠医学作为一门独立的学科体系，这才是保障睡眠医学蓬勃发展的必要途径，通过搭建规范化、标准化、整合多维度指标的睡眠相关数据库及研究平台，并建立集预测、诊疗和康复的多模态单共病一体化的信息挖掘方法，开创睡眠医学研究的新模式促进睡眠医学与多学科交叉。”陆林期望。

# 研究人员解析肿瘤转移灶免疫细胞特征

**本报讯** 北京大学教授张泽民、研究员任仙文联合首都医科大学附属北京世纪坛医院教授彭吉润，基于结直肠癌肝转移临床患者肿瘤转移灶，对免疫细胞特征进行了深入刻画。近日，相关研究发表于《癌细胞》。

“目前，肿瘤微环境特征与癌症免疫疗法已经建立起密切联系，然而不同肿瘤之间微环境的异同及其影响因素仍在早期探索阶段。”张泽民告诉记者，这些问题在单一癌种单一器官类型中难以回答，而该团队研究的结直肠癌肝转移标本能为此提供思路。

由于临床样本的稀缺性和取样的复杂性，课题组历时5年，收集了超过17例结直肠癌患者的100余例配对临床样本，并进行单细胞转录组测序实验。同时，研究者对实验室已建立的原发肝癌和原发结直肠癌患者的单细胞转录的数据进行回顾性分析，并与该研究中新产生的结直肠癌肝转移数据进行系统比较。

基于珍贵的临床数据，结合实验室开创的特殊生物信息学分析方法PhenoA ligner，研究者首次对肿瘤转移灶中免疫细胞表型进行归类，揭示了肿瘤内在因素与器官类型因素对肿瘤转

移灶浸润的免疫细胞的影响。

研究者首先揭示了免疫细胞表型的不同影响因素。其中，肥大细胞的表型主要受肿瘤内在特征影响，而树突状细胞与自然杀伤细胞则主要受器官类型微环境的影响，其他细胞类型则受多种因素影响。

研究者对单细胞数据所揭示的多种细胞亚型进行解析。对于T细胞亚型，该团队之前的研究工作所强调的肿瘤中富集的耗竭性T细胞、I型辅助性T细胞以及调节性T细胞均主要受肿瘤本身的影响，该影响进一步被报道

通过T细胞受体进行关联。对于髓系细胞亚群，团队之前所强调的高表达SPP1(骨桥蛋白)的巨噬细胞也主要受肿瘤内在因素影响。同时，该研究揭示了该类细胞的促转移表型，强调了针对该类细胞设计药物靶点的重要性。此外，研究者在肿瘤转移灶发现两种状态的树突状细胞，分别受肿瘤本身和器官类型的影响较大，揭示了不同树突状细胞在肿瘤中的不同作用。(崔雪芹)

相关论文信息：

<https://doi.org/10.1016/j.ccell.2022.02.013>