

研究绘制猕猴意识产生关键区域图谱

本报讯 中国科学院脑科学与智能技术卓越创新中心(神经科学研究所)正高级工程师沈志明团队,联合华大生命科学研究院等国内外科研团队,揭示出猕猴与啮齿类动物屏状核的结构、细胞类型和分布存在显著差异,为灵长类意识的产生奠定了多模态信息整合的基础,为理解人类意识产生的进化机制提供了新思路。近日,相关研究成果发表于《细胞》。

“人类意识”被认为是科学前沿的未解难题之一,而屏状核是意识产生的关键区域。屏状核的形态细小狭长且不规则,隐藏于大脑深部。其是大脑内的联接中枢,与几乎所有大脑皮层的脑区都有直接联接,在多模态信息整合中可能起着关键作用,但已有研究非常少。



研究艺术效果图。 图片来源:研究团队供图

研究团队利用单细胞核 RNA 测序技术对猕猴屏状核区域细胞进行了转录组分类,并系统对比了周围脑区的细胞类型,发现猕猴绝大部分屏状核神经元与岛叶深层神经元更加类似,提示屏状核的主要功能可能与

长程投射调控大脑其他脑区相关。

空间转录组技术的分析结果显示,猕猴屏状核具有明显不同于周围脑区的特殊标记基因,可用于精准勾勒屏状核的物理边界。值得一提的是,猕猴的屏状核结构与啮齿类动物的屏状核明显不同,可能为理解意识的进化机制提供重要线索。

研究团队绘制了猕猴屏状核全脑介观联接图谱,发现屏状核内部不同部位神经元的皮层投射存在明显的偏好性,据此可将屏状核分为4个亚区。进一步研究发现,屏状核与除小脑外的所有皮层和皮层下脑区相连,是大脑中的联接中枢。此外,猕猴

屏状核内部存在广泛的前后轴联接,为屏状核单个神经元整合多模态信息提供了直接支持,而这被认为是意识产生的关键。

猕猴屏状核各细胞类型的精细空间分布特征则提供了更多信息。屏状核不同区域在兴奋性神经元的组成比例上存在明显差异,且同一个屏状核局部区域联接的皮层和皮层下核团经常具有类似功能。同时,研究团队将猕猴屏状核中富集的 GNB4 神经元与小鼠相应类型的神经元进行了精细比较,发现了猕猴特有的 GNB4 细胞类型,表明这是猕猴屏状核在演化过程中出现的特异细胞类型。(江庆龄)

相关论文信息:

<http://doi.org/10.1016/j.cell.2025.02.037>

抑制胃癌肿瘤生长有了新方向

本报讯 南通大学附属医院胃肠外科副主任医师支小飞与美国哥伦比亚大学团队合作,证明了胃癌细胞与感觉神经元之间存在功能性神经回路,并发现使用降钙素基因相关肽(CGRP)受体拮抗剂,可以使肿瘤细胞与神经之间断联,减缓胃癌小鼠的肿瘤生长。该研究为胃癌患者治疗提供了新方向。相关研究成果近日发表于《自然》。

胃是人体神经分布较为密集的器官之一,对于胃癌患者而言,术后病理检查发现存在神经浸润,往往是预后不佳的强烈信号。长久以来,由于不清楚神经在胃癌中究竟如何发挥作用,导致临床上始终难以开展针对胃癌神经浸润的有效靶向治疗。

“器官在发育过程中形成时,神经起着主导作用。已有研究表明,肿瘤细胞可以通过与神经系统相互作用,调节其生存和生长。”支小飞说,在不同器官中,肿瘤的神经分布存在特异性差异,他们在多个胃癌小鼠模型中,发现感觉神经元扩张最显著。逆行示踪技术等分析结果表明,在诸多神经元之中,高表达神经生长因子的胃癌细胞能够优先吸引 CGRP+ 感觉神经元。

利用 3D 共培养模型、钙成像技术

等,研究团队发现,CGRP 及其受体的互作在感觉神经元与胃癌细胞之间建立了功能性连接,并观察到两者之间存在类似突触的结构。从功能上讲,感觉神经元的化学遗传学激活促进了胃癌细胞的生长和转移。激活胃癌细胞后,感觉神经元也表现出快速的钙离子流动,并表达更多的 CGRP,胃癌细胞与感觉神经元之间存在双向电信号传递。这是首次发现大脑以外的肿瘤与神经系统之间存在类似突触的功能性连接。

通过进一步分析,团队研究发现,胃癌细胞与感觉神经元之间的相互作用回路在胃癌发展的过程中起到了关键的促进作用。激活感觉神经元或补充 CGRP 会诱导胃癌小鼠肿瘤生长和淋巴结转移、肝转移,导致生存率降低。而使用 CGRP 受体拮抗剂治疗胃癌小鼠,可以显著抑制肿瘤生长、延长生存期并防止肿瘤扩散。该研究为胃癌治疗领域带来了创新性解决方案——运用靶向神经元新技术,能够显著抑制胃癌进程,有望改善胃癌患者的治疗现状及预后。

(温才妃 范苏)

相关论文信息:

<https://doi.org/10.1038/s41586-025-08591-1>

本报讯 近日,中山大学孙逸仙纪念医院心血管外科教授黄楷团队创新开发了一个基于“生物衰老率”的新型血栓风险识别模型——VTE PhenoAgeAccel,为血栓高危人群超早期识别高危血栓提供了更精准的策略。相关成果发表于《美国血液病学杂志》。

“社会年龄”不能代表人类的真实年龄,也不能说明人类的真实生理状态,所以通常不能从“年龄”发现真实患病风险,尤其是易栓风险。近年来,研究表明,“生物年龄”加速才是影响血栓发生的重要因素。

在此基础上,黄楷团队联合国际生物数据库,创新开发了一个新型血栓风险识别模型。该模型是一项基于简单的血液学指标计算而来的生物衰老指标,包括器官和系统的血液标志物。基于模型,团队对人群进行了衰老定义,分为生物学更年轻、生物学更老的人群。在矫正多重混杂因素后,他们发现,与生物学更年轻的人群相比,生物学更老的人群血栓累积风险更高。换言之,加速衰老促进血栓的发生,即“未老先衰”的个体更容易出现静脉血栓。

团队进一步提出假设,生物衰老是否影响个体的静脉血栓栓塞症(VTE)遗传风险?他们首先构建了 VTE 的基因风险评分,随后进一步探索了生物衰老和遗传风险的协同作用。研究结果显示,生物衰老和遗传风险联合能增加 VTE 的风险评估。当个体同时面对生物老化和高基因风险时,二者在增加 VTE 风险上起到了“1 加 1 大于 2”的作用。此外,团队验证了恶性肿瘤、肥胖人群“加速衰老”更容易发生血栓。

“该研究不仅为血栓的早期诊断提供了新方法,也为衰老与疾病关系的研究开辟了新方向。”论文通讯作者黄楷表示。据悉,团队已成功将 VTE PhenoAgeAccel 模型转化为临床诊断工具,大幅提高了血栓诊断精准度。

(朱汉斌 黄睿)

相关论文信息:

<https://doi.org/10.1002/ajh.27605>

利用「生物年龄」筛查血栓风险