

解码大脑中的“社交地图”

本报讯 近日,中国科学院合肥物质科学研究院研究员李海团队发现,人类大脑在理解和判断复杂的社会等级关系时,会调用一套与日常认路、辨别方向时相同的神经系统,相当于大脑内部绘制了一张无形的“社交地图”为复杂的人际社会导航。这项发现揭示了大脑高效工作的神经基础。相关研究成果发表于《神经影像》。

在日常情境中,人们无需与每个人深入交往,就能通过抽象的符号标签,如头衔、职级、辈分,快速判断其社会地位。这些标签就像是心智的“快捷方式”,帮助人们高效理解人际关系。然而,大脑究竟是如何将这些符号“翻译”成一个内在的、结构化的关系网络,并以此指导人们作出判断



图片来源:视觉中国

和决策的?

为解决这一问题,李海团队设计并实施了一项为期3天的功能磁共振成像实验。实验中,参与者扮演“招聘经理”的角色,学习并记住一系列由不同面孔代表的“应聘者”在“能力”和“品德”两个维度上的社会等级。

随后,他们需要根据这些信息快速作出聘用决策。

研究结果提供了行为与神经层面的双重证据。行为层面,两个人的社会等级差距越大,受试者作出判断的速度越快,准确率越高。这表明,人们在进行社会判断时,依赖一张内在的“地图”,而非逐一回忆孤立的信息。神经层面,成像结果精准定位了这张“地图”的绘制者——大脑中负责空间记忆与导航的海马体-内嗅皮层系统。分析显示,海马体的核心功能是编码个体间的相对“社交距离”,而内嗅皮层则更进一步,以一种独特的六边形网格模式进行编码,为这张抽象地图提供了方向和结构,类似于物理地图上的坐标网格。

研究揭示了大脑高效工作的秘诀:它能通过“神经复用”机制,巧妙调用“空间导航系统”,将简单的语言标签“翻译”成一张内容丰富的内在社会地图,以支持复杂的社会推理与决策。这一发现为当前人工智能发展提供了全新思路,研究人员可以为人工智能构建一个专门的“认知地图”模块,让它也学会更高效的转化——将抽象的符号信息构建为结构化的内在模型。这种人工智能系统与人类认知模式的深度对齐,有望为高效的人机协作铺平道路,推动人工智能系统发展。

(王敏 刘锦)

相关论文信息:

<https://doi.org/10.1016/j.neuroimage.2025.121366>

科研人员为晚期胃癌患者提供新的靶向治疗思路

本报讯 近日,中山大学肿瘤防治中心教授徐瑞华领衔全国多中心研究团队,在《自然-医学》在线发表了靶向CLDN18.2的抗体偶联药物SHR-A1904(抗体偶联拓扑异构酶I抑制剂)治疗晚期胃癌/胃食管结合部腺癌的I期临床试验结果。

“这是全球首批正式发表的靶向CLDN18.2的拓扑异构酶I抑制剂类ADC临床研究。该研究虽处于早期阶段,但意义重大。”论文共同通讯作者徐瑞华表示。

胃癌是我国高发恶性肿瘤,多数患者确诊时已属晚期,治疗手段有限且预后不佳。尽管免疫治疗和靶向治疗为部分患者带来希望,但当前主要靶点适用人群较窄,临床急需覆盖更广泛人群的新型治疗靶点。

作为胃黏膜特异性表达的紧密连接蛋白,CLDN18.2是极具潜力的治疗靶点。此次I期临床研究在中国19个中心开展,纳入95例经治的CLDN18.2阳性晚期胃癌/胃食管结合部腺癌患者,其中69.5%的患者接受过至少两线治疗,代表了临床中最难治的人群。

“我们采用了三阶段设计,系统评

估了SHR-A1904的安全性、耐受性及抗肿瘤活性。”论文共同通讯作者、中山大学肿瘤防治中心教授邱妙珍表示,该研究首次验证了拓扑异构酶I抑制剂类ADC在CLDN18.2阳性胃癌中的临床价值,为紫杉类化疗失败或传统方案耐药的晚期胃癌患者提供了新的治疗思路。

研究结果显示,SHR-A1904安全性可控,未达到预设的最大耐受剂量。在疗效方面,6.0mg/kg和8.0mg/kg剂量组经确认的客观缓解率分别为24.2%和25.0%,中位无进展生存期分别达5.6个月和5.8个月。尤其在CLDN18.2中高表达患者中,客观缓解率和中位缓解持续时间表现更佳,为耐药患者带来长期获益希望。

基于现有数据,6.0mg/kg被确定为后续II/III期研究的推荐剂量。目前,团队已启动大规模III期临床试验,进一步评估SHR-A1904在二线治疗中的疗效,并探索与免疫治疗、化疗的联合方案,以期为患者带来更优的生存获益。

(朱汉斌 赵现廷)

相关论文信息:

<https://doi.org/10.1038/s41591-025-03781-w>

本报讯 中国科学院上海营养与健康研究所研究员钱友存研究组联合中国科学院分子细胞科学卓越创新中心研究员宋昕阳研究组,首次证实宿主能通过体内一种“智能识别器”蛋白,结合细菌特征性脂质标记实现对特定肠道细菌的选择性“身份识别”,同时揭示了一种主动塑造菌群的新范式,为开发“菌群-免疫”协同调控的下一代疗法开辟了新路径。近日,相关研究发表于《自然》。

人体肠道内栖息着数万亿微生物。它们不仅协助消化食物,也能通过释放各类分子与宿主“对话”,调控免疫细胞的发育与功能。那么,宿主能否在“茫茫菌海”中选择性识别并管理特定细菌呢?

研究团队发现一种名为APOL9的蛋白在正常小鼠肠道中显著高表达,且主要由肠上皮细胞产生。通过独创的结合流式细胞术与微生物组测序的APOL9-seq技术,研究团队意外发现,APOL9及其人类同源蛋白APOL2能特异性结合一类常见的拟杆菌目肠道细菌。机制研究表明,APOL9的识别能力依赖于细菌表面一种特殊的脂质分子神经酰胺-1-磷酸(Cer1P)。在体内,APOL9如同“扫描仪读取条形码”一样,识别Cer1P这一特殊“条形码”。

与传统抗菌蛋白不同,APOL9并不直接杀死目标细菌,而是诱导其释放外膜囊泡(OMVs)。OMVs内装载有细菌组分,可被宿主免疫系统捕获并用于增强免疫防御,最终维持肠道免疫稳态。

钱友存表示,这项研究刷新了人们当前对肠道菌群管理的认知。APOL9如同一位训练有素的“细菌外交官”,与Cer1P的特异性结合,提示宿主与微生物在长期共进化中形成了高度适配的分子“对话语言”。该研究未来有望催生一系列创新疗法,如设计诱导特定细菌释放OMVs的药物、开发携带特殊“脂质标签”的智能益生菌。团队将进一步探索人类APOL2蛋白的功能,以及如何通过调控这一通路增强肠道免疫屏障。

(江庆龄)

相关论文信息:

<https://doi.org/10.1038/s41586-025-08990-4>

科学家证实宿主可识别特定肠道菌群调控免疫