
Nat Neurosci：科学家开发出创新性技术来揭示大脑细胞的“核心身份”

作者：writer 来源：本站

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/2122.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

2018年9月18日讯，人类大脑由1700亿个细胞组成，每一种细胞都会发挥一种特殊的功能，那么问题来了，是什么机制让细胞的功能变得不相同呢？很多生物学家都尝试将细胞进行逐一分离并对其进行深入研究来回答这个问题，通过对每个细胞进行RNA测序，研究人员就能够确定给定组织中哪些基因会发生表达，但能够将细胞从组织中分离出来的技术很难进行精细化地应用于人类大脑中脆弱且细胞的神经元细胞，而且在统计学上也存在一定的局限性。

近日，来自加利福尼亚大学的科学家们通过研究表明，他们能够将大脑组织样本粉碎，提取细胞的总RNA，并且观察细胞中基因的活性模式，以此就能够研究细胞的身份，相关研究结果刊登于国际杂志Nature Neuroscience上，文章中，研究人员对过去10年收集的来自840名人类供体中的7200多份神经典型性组织样本进行研究，分析了其中数以亿计的细胞的特性。

研究者Michael Oldham教授表示，对数以万计的单个细胞的研究往往会让人印象深刻，但这却不能与对完整组织样本中数十亿个细胞进行研究相媲美，人们常常低估了由大块组织所产生的组学数据信息，而利用这种方法研究人员就能够获得所有种类的数据来解决当前所面临的一系列生物学问题。

大块的组织样本中含有多种细胞类型，研究者假设，如果每一种类型的细胞都有着特殊的基因表达模式，而这些特性或许会在许多组织样本中突然间一致性地出现，换句话说，在特定的组织中，特定的细胞群应该以一种可预测的方式来驱动细胞中整体的基因表达。利用已经发表的数据集并建立细胞身份的标志物，研究人员就能在成千上万的转录组中发现主要类型细胞的特殊指纹，这些细胞类型包括神经元、少突神经胶质细胞、星形细胞和小胶质细胞。

研究人员能将其工作作为一种在线的资源，而该资源站点就能够帮助研究人员轻松识别大脑中不同细胞类型中所表达的基因特性以及这些细胞的位点；文章中研究人员所开发的新型技术也能够帮助他们预测哪些细胞和大脑区域是治疗特殊疾病的主要靶点，如今研究者已经能利用该技术来模拟增加阿尔兹海默病发病风险的基因表达。

研究者发现，两种与早发型阿尔兹海默病相关的基因：app和PSEN1或许会分别在神经元和少突神经胶质细胞中发生表达，而相比较而言，与晚发型阿尔兹海默病相关的基因：APOE和TREM2或许会在星形细胞和小神经胶质细胞中分别表达；相关研究结果或能为研究人员提供线索，即特殊细胞类型中关键的转录改变或许会成为诱发疾病发生不同表现的基础。

如今这种分析还能在除了人类大脑之外的组织中进行，比如在任何生物系统中、任何动物物种中、健康和疾病状态下等;除了分析基因表达外，研究人员所开发的新技术还能够阐明能够反映细胞特殊类型的蛋白质、脂质和表观遗传学标志物等;从本质上来讲，这种新技术还能够帮助科学家们理解为何不同的细胞类型会按照他们的方式来进行运作，而不需要费力地从组织中分离出细胞来进行研究。

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](https://www.iikx.com)转发