
学会新期刊《CSIAM Transactions on Life Sciences》2026年第二期精选文章推荐（一）

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/40739.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！

学会新期刊《CSIAM Transactions on Life Sciences》2026年第二期精选文章推荐（一）。1、论文题目：

Cell-Cell Communication Inference and Analysis: Biological Mechanisms, Computational Approaches, and Future Opportunities. (2026). CSIAM Transactions on Life Sciences, 2(2), 214-258.

Xiangzheng Cheng, Haili Huang, Ye Su, Qing Nie, Xiufen Zou, Suoqin Jin

2、引用信息

Cell-Cell Communication Inference and Analysis: Biological Mechanisms, Computational Approaches, and Future Opportunities. (2026). CSIAM Transactions on Life Sciences, 2(2), 214-258.
<https://doi.org/10.4208/csiam-ls.SO-2025-0022>

3、文章介绍：

在多细胞生物体内，细胞并非孤立存在，而是通过精密的细胞通讯网络协调彼此的行为。从胚胎发育、组织稳态维持，到疾病的发生与进展，细胞通讯始终扮演着核心角色。近年来，单细胞与空间转录组技术的飞速发展，使我们能够以前所未有的分辨率解析不同细胞在组织中的基因表达状态。这不仅为系统性地研究细胞通讯提供了海量数据基础，也带来了新的机遇与挑战。从高维数据中精准解析哪些细胞在对话、通过什么信号交流以及这些交流又引发了怎样的生物学效应，将有助于揭示复杂生命活动的微环境机制、发现新的药物靶点，并推动精准诊疗迈向新阶段。

本文系统梳理了细胞通讯的生物学机制、计算建模策略以及未来发展方向，重点介绍了140余种用于从单细胞和空间转录组数据中推断细胞通讯的计算方法，突出展示了它们在建模策略和所解决生物学问题上的创新性。根据建模策略，现有方法主要分为五大类：（1）统计学方法，利用预先定义的通讯评分函数和统计检验，评估细胞间的通讯强度；（2）网络方法，借助图与网络分析的手段，推断和整合细胞间信号网络；（3）深度学习方法，采用图神经网络、注意力机制、变分自编码器等深度学习框架，学习并识别非线性通讯模式；（4）最优传输方法，将细胞通讯视为信号分子的运输问题，推断最可能的通讯路径；（5）矩阵/张量分解方法，通过分解技术，识别并解释多样本、多条件背景下的潜在通讯模式。针对每一类方法，本文进一步探讨了它们在处理空间组学、单细胞分辨率、细胞内信号转导、时间动态过程以及跨条件比较等生物学问题

时的建模多样性。最后，本文探讨了该领域当前面临的核心挑战与未来机遇，包括更完善的基准评估、更精准的深层建模、更全面的时空动态解析、融合细胞通讯的机理建模，以及人工智能与大模型驱动下的细胞通讯预测与干预等，为后续研究指明了新方向。此外，本文还开发了一个在线交互式平台（<https://cellchat.whu.edu.cn>），方便研究者高效地进行方法对比与选择。

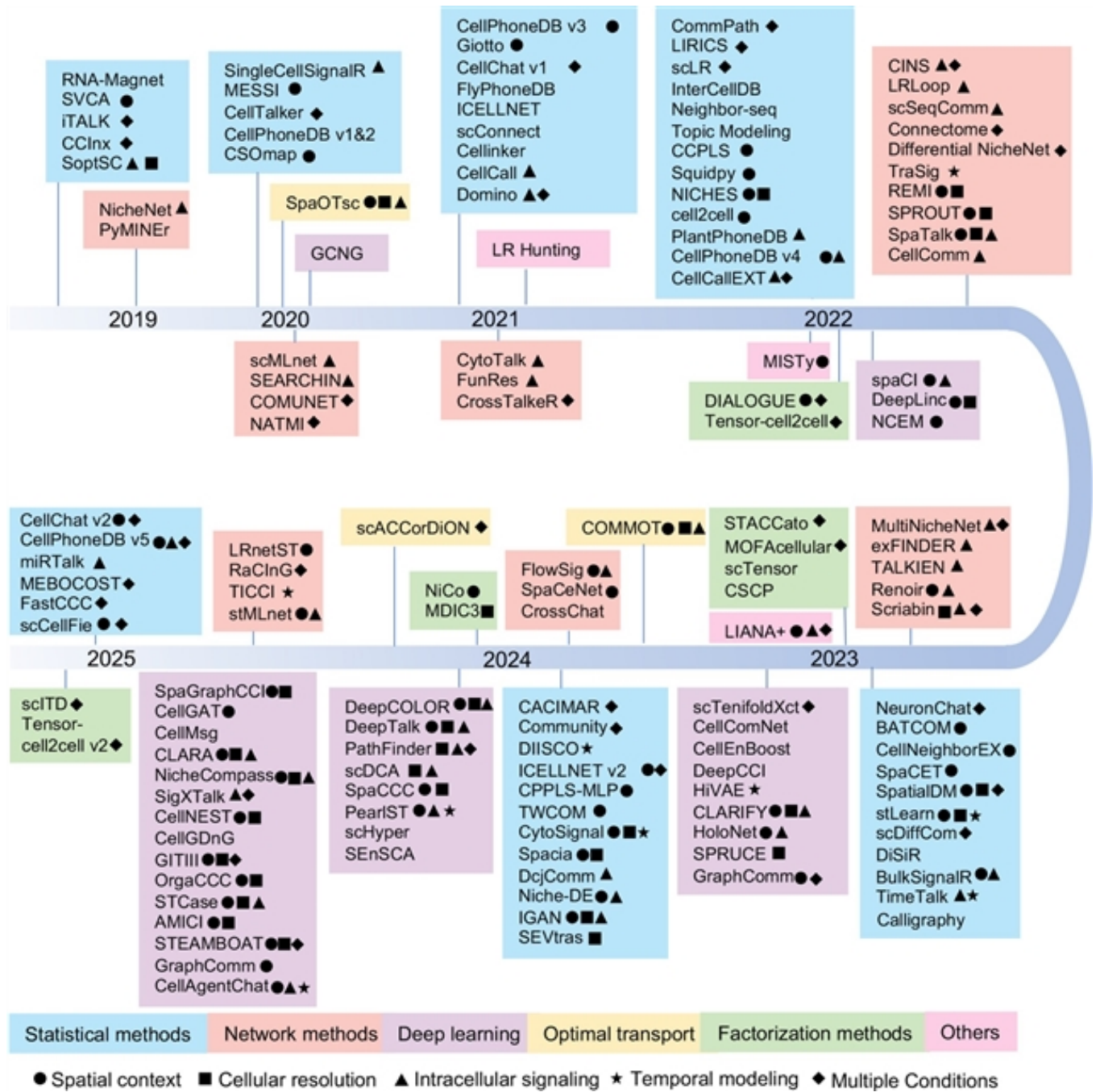


图1 细胞通讯推断方法的发展时间轴及其分类。

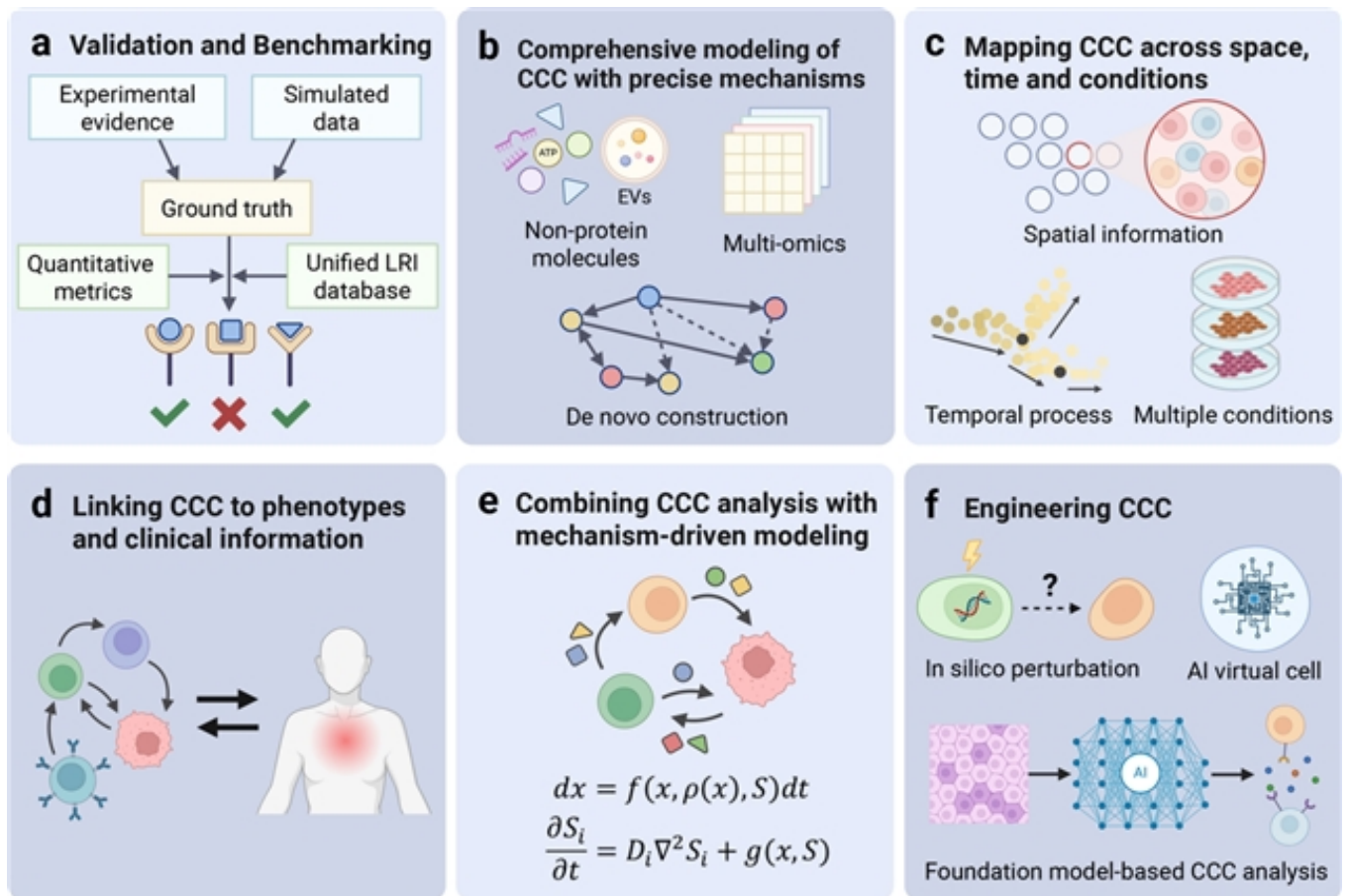


图 2 细胞通讯分析的挑战与机遇。(a) 预测结果的验证与基准评估；(b) 精细生物机制、多组学整合及从头推断的深度建模；(c) 时空动态与跨条件分析；(d) 细胞通讯与表型特征的关联分析；(e) 融合细胞通讯机制的机理建模；(f) 人工智能与大模型驱动下的细胞通讯预测及干预。

4、作者介绍：

聂青：加州大学尔湾分校数学系和发育与细胞生物学系杰出教授、加州大学校董会讲席教授，美国科学促进会（AAAS）、美国物理学会（APS）、工业与应用数学学会（SIAM）、美国数学学会（AMS）和国际计算生物学学会（ISCB）会士。担任由美国国家科学基金会与西蒙斯基金会共同资助的“多尺度细胞命运研究中心”主任，该中心是全美四个专注于复杂生物系统数学研究的国家级研究中心之一。研究聚焦于运用系统生物学与数据驱动方法，探索单细胞分析、多尺度建模、细胞可塑性、干细胞、胚胎发育及其在疾病研究中的应用等前沿领域，在 Nature, Nature Methods 等国际权威期刊上发表了 260 余篇研究论文。

邹秀芬：武汉大学数学与统计学院二级教授，武汉大学教学名师。长期从事数学与生物医学等交叉学科研究。近年来主持了国家自然科学基金重点项目、面上项目和科技部重大研究计划课题等科研项目，曾获教育部科学技术进步奖、湖北省自然科学奖等奖励。在生物医学数据分析的人工智能方法、复杂疾病的多尺度建模理论与方法、以及复杂网络的优化控制等方面取得了一系列研究成果，相关成果发表于 PNAS, Nucleic Acids Research, PLOS Computational Biology, SIAM J Appl Math 等国际权威期刊。

金锁钦：武汉大学数学与统计学院教授，国家级青年人才。2016年博士毕业于武汉大学，师从邹秀芬教授，随后赴美国加州大学尔湾分校从事博士后研究，合作导师为聂青教授。主要从事数学、人工智能与生物医学交叉研究，在单细胞与空间组学数据的数学建模和智能挖掘、发展数学的理论与方法以解决生物医学前沿科学问题等方面开展了系列研究。研究成果发表于Nature Communications、Cell Genomics、Nature Neuroscience、Nature Protocols、SIAM J Appl Math等国际权威期刊，其中单篇论文引用达7000余次，并获2024年国际基础科学大会前沿科学奖。

5、期刊简介：

《CSIAM Transactions on Life Sciences》（CSIAM-LS）是由中国工业与应用数学学会（CSIAM）继旗舰期刊《CSIAM Transactions on Applied Mathematics》后推出的一本新期刊。CSIAM-LS是一本创新性的跨学科期刊，聚焦数学与生命科学的交叉领域，覆盖生物学和医学的数学理论、模型和算法，包括计算系统生物学、生物信息学、生物医学工程、群体动力学、计算神经科学等。CSIAM-LS由中国科学院院士、武汉大学校长张平文担任主编，上海交通大学数学科学学院讲席教授楼元担任总编辑。

期刊官网：<https://global-sci.com/csiam-ls/index>

《CSIAM Transactions on Life Sciences》欢迎大家积极投稿。投稿网站：https://ef.msp.org/submit_new.php?j=ciam_ls

来源：CSIAM Transactions on Life Sciences

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