

---

# 研究揭示人类睾丸生殖细胞肿瘤分子特性与免疫微环境

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/25550.html>

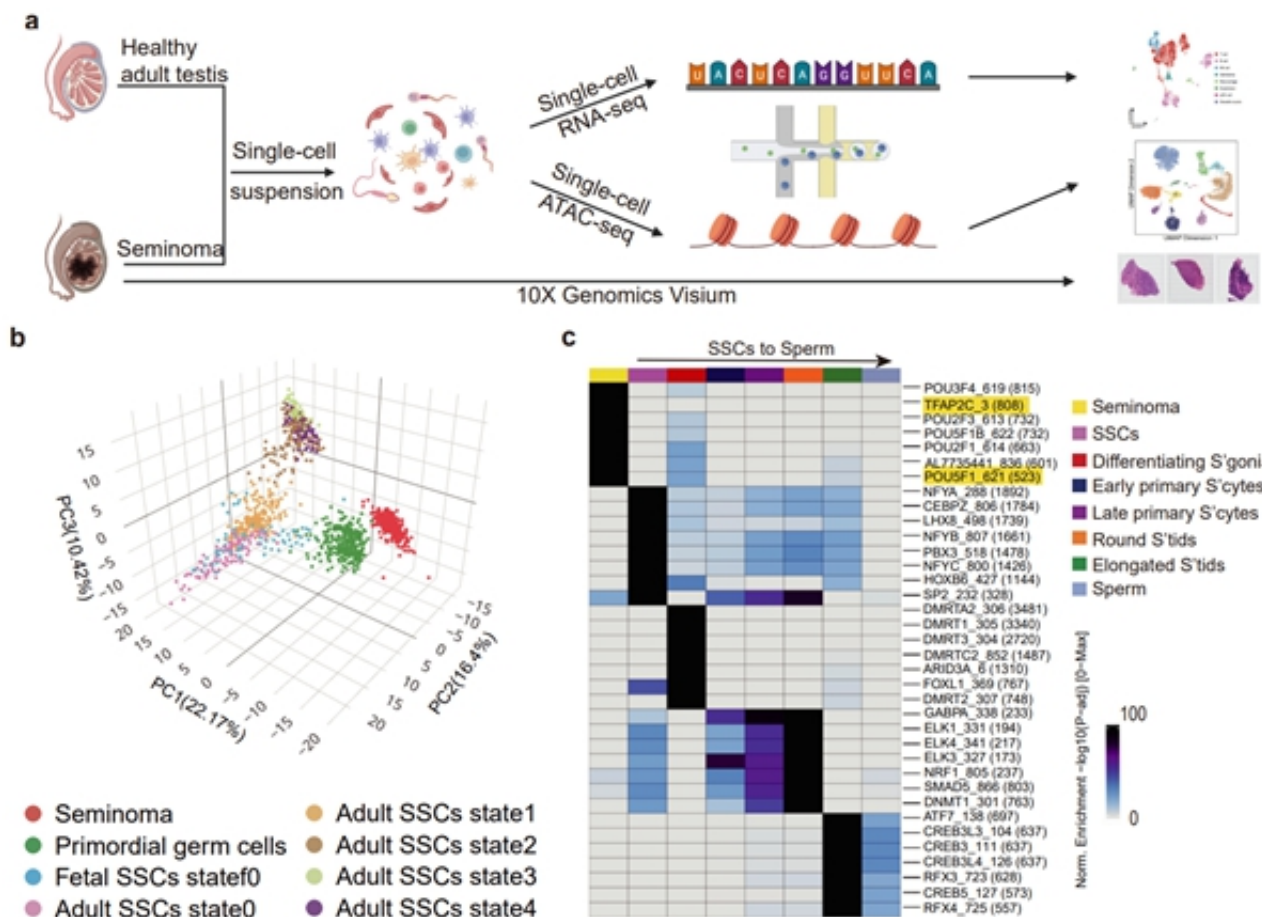
*本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！*

睾丸生殖细胞瘤（Testicular germ cell tumors, TGCTs）是14-44岁男性中最常见的恶性实体瘤之一，约占到所有睾丸肿瘤的95%。TGCTs根据不同来源可以分为精原细胞瘤（seminoma）和非精原细胞瘤，精原细胞瘤约占TGCTs的60%以上，是常见的类型。目前，已有研究认为seminoma是原始生殖细胞（PGC）向前精原细胞发育过程中出现异常而产生。原始生殖细胞是人类生殖细胞的唯一起源，在雄性中胚胎发育至13周左右时，原始生殖细胞进入有丝分裂抑制阶段，分化为前精原细胞。一些多能性相关基因如OCT4、NANOG、TFAP2C等的表达被抑制，在此后的生殖细胞中不再表达。而在seminoma中，TFAP2C等多能性基因作为seminoma的marker基因在成年睾丸中仍然高表达。然而，TFAP2C等在seminoma中的作用尚不清楚，对seminoma的分子特性及肿瘤微环境缺乏了解。

通过对肿瘤免疫微环境的分析，研究人员鉴定了15个免疫细胞亚型，发现seminoma的微环境处于免疫抑制的状态，且不同功能状态的免疫细胞的空间分布具有异质性。巨噬细胞主要富集在肿瘤的边缘部分，研究发现seminoma中的巨噬细胞高表达MMP9，该基因是胞外基质降解的主要参与者。同时在肿瘤中对MMP9起激活作用的CTSK在巨噬细胞中也显著富集。因此，研究人员推测或许seminoma中的巨噬细胞可以通过分泌MMP9和CTSK来促进生精小管的破裂，从而帮助肿瘤细胞向外侵袭。通过分析微环境中的细胞互作，研究发现肿瘤细胞主要通过分泌MIF (macrophage migration inhibitory factor) 作用于周围环境，促进肿瘤进展。

这项研究利用多组学测序技术，首次对seminoma进行系统分析，揭示seminoma肿瘤细胞的分子特性和肿瘤微环境，为seminoma的来源和探究靶向治疗提供了更加充足的数据支持，也为生殖细胞的发育提供了更多视角。

[论文链接](#)



多组学技术联合揭示seminoma分子特性和免疫微环境。

(a) 模式图 (b) PCA显示seminoma肿瘤细胞与PGC更相似 (c) TFAP2C结合motif显著富集在seminoma肿瘤细胞中

研究团队单位：动物研究所

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