

## 评“肿瘤免疫微环境中免疫细胞间通讯景观探究”

邹 权

单细胞测序技术可同时获得组织在单细胞层面的细胞身份信息及基因表达数据。该技术特点为利用生物信息学手段系统预测细胞间信息交流网络提供了前所未有的机遇。因此，系统地推断组织及微环境中细胞之间信号通讯网络及功能机制迅速成为细胞生物学的热点。

目前，诸多针对肿瘤免疫微环境 (tumor immune microenvironment, TIME) 的单细胞测序研究，为肿瘤发生、转移及发展机制、肿瘤起源及肿瘤干细胞分化过程、治疗抵抗等多个方面提供了新的线索和见解。但此类研究主要关注肿瘤细胞与免疫细胞间的信号通讯，对免疫细胞间的信号交流研究相对较少。为此，该研究收集多种实体瘤的单细胞 RNA 测序数据，系统地解析了肿瘤组织的免疫微环境中各种免疫细胞间的通讯网络，结果发现肿瘤组织中免疫细胞间的交流更加频繁与密切，同时鉴定出多条与肿瘤免疫相关的特异性细胞间通讯关系，并从相关配体-受体互作参与的细胞内信号通路及下游的转录因子与肿瘤预后等多方面揭示肿瘤特异性细胞间通讯与肿瘤发展的关系。

总之，该研究构建了肿瘤免疫微环境中不同免疫细胞间的全局通讯景观，其研究结果不仅对于肿瘤发生发展机制的研究具有重要意义，还对肿瘤的诊疗以及药物研发同样具有巨大的临床价值。相信随着单细胞技术及肿瘤免疫微环境数据的进一步发展及积累，针对肿瘤免疫微环境中免疫细胞间信号转导网络的研究将进一步为肿瘤基础及临床研究提供理论依据与关键线索。

## 评“肝癌转移相关基因预后模型的建立与验证”

陈 伟

肝细胞肝癌 (hepatocellular carcinoma, HCC) 是一种具有高侵袭性和转移性的恶性肿瘤，其发病率和死亡率呈逐年增长趋势。转移是 HCC 的主要生物学特征之一，也是其预后不良的主要原因。基于转移相关基因构建 HCC 预后预测模型，对肝癌的临床诊疗具有指导作用。

该文基于 TCGA 和 HCMDB 数据库中的公共数据，通过分析 HCC 和正常样本中肿瘤转移基因的表达水平，鉴定出了 222 个差异表达的转移相关基因，功能富集分析表明这些差异基因主要参与了肿瘤细胞侵袭迁移相关的通路。在此基础上，采用 Cox 分析和 Lasso 回归分析，构建了包含转移相关基因 STC2、CDCA8、CTHRC1 和 HOXD9 的预后模型。独立预后分析结果表明，由预后模型得出的风险评分可作为 HCC 患者的独立预后因素；TCGA 数据集和 ICGC 外部验证集的分析结果，提示该转移相关基因预后模型可用于预测 HCC 患者的预后。

该研究通过对公共数据进行生物信息学分析，提出了基于转移基因的 HCC 预后模型，为 HCC 的临床诊疗提供了新思路。但 STC2、CDCA8、CTHRC1 和 HOXD9 在 HCC 中的作用尚需实验验证，以便协助 HCC 个体化治疗方案的制定。