

· 实验研究 ·

miRNA-30/SMAD2 信号通路抑制非小细胞肺癌对厄洛替尼敏感性的机制

宁志强¹, 徐宝余², 陈超¹, 倪芳英¹, 束永前³, 陆海林¹

1. 江苏省苏州市吴江区第一人民医院肿瘤内科, 江苏苏州 215200;

2. 南京医科大学基础医学院人体解剖学实验室, 江苏南京 210029;

3. 南京医科大学第一附属医院肿瘤科, 江苏南京 210029

摘要: 目的 研究微小 RNA-30 (miR-30) 在人非小细胞肺癌 (NSCLC) 中的表达情况和对肺癌细胞增殖、迁移能力和厄洛替尼耐药性的影响。方法 30 例肺癌组织和癌旁组织标本由江苏省人民医院提供, 人 NSCLC 细胞株 PC9 和 PC9G 由南京医科大学病理与病生实验室提供。首先, 通过实时荧光定量 PCR (qRT-PCR) 量化 miR-30 在 30 对 NSCLC 组织和癌旁组织中的表达水平, 以及 miR-30 在肺癌细胞系 PC9 和 PC9G [酪氨酸激酶抑制剂 (TKI) 耐药株] 中的表达量, 并计算其表达差异; 在 PC9G 细胞中转染 miR-30 过表达试剂, PC9 细胞系转染 miR-30 抑制剂, 并各自设立阴性对照组; qRT-PCR 检测转染效率; 通过 CCK-8 试剂盒检测细胞增殖活性, 克隆形成试验、Transwell 侵袭试验、流式细胞仪测定 miR-30 对细胞生长、侵袭和凋亡等的影响; 荧光素酶报告基因检测和 Western blot 鉴别磷酸化细胞信号转导分子 (SMAD2) 是否 miR-30 的靶基因。结果 miR-30 在 NSCLC 组织中表达量明显低于癌旁组织 ($P < 0.05$), 在耐药株 PC9G 中, miR-30 表达量明显低于 PC9 细胞 ($P < 0.01$); 在 PC9G 细胞中过表达 miR-30 可以减少细胞增殖和迁移, 逆转细胞对厄洛替尼的耐药性。相反, 抑制 miR-30 在 PC9 细胞中的表达可显著增加 PC9 细胞的增殖和迁移能力, 并促使其产生对厄洛替尼的耐药性。结论 miR-30 在人 NSCLC 组织中呈低表达, 过表达 miR-30 可以抑制 PC9G 细胞的增殖迁移能力并逆转其对厄洛替尼的耐药性。此外, SMAD2 可能为新的 miR-30 靶基因, 在肺癌的发生发展中起着重要作用。

关键词: 肺癌, 非小细胞; 厄洛替尼; 微小核糖核酸; 耐药; PC9, PC9G; 磷酸化细胞信号转导分子

中图分类号: R 734.2 **文献标识码:** B **文章编号:** 1674-8182(2019)06-0830-05

Mechanism of miRNA-30/SMAD2 signal pathway inhibiting the sensitivity of non-small cell lung cancer to erlotinib

NING Zhi-qiang*, XU Bao-yu, CHEN Chao, NI Fang-ying, SHU Yong-qian, LU Hai-lin

* Department of Oncology, First People's Hospital of Wujiang District, Suzhou, Jiangsu 215200, China

Corresponding author: LU Hai-lin, E-mail: 18609656511@sohu.com

Abstract: Objective To investigate the expression of microRNA-30 (miR-30) in human non-small cell lung cancer (NSCLC) and its effect on proliferation, migration and erlotinib resistance of lung cancer cells. **Methods** Real-time fluorescence quantitative polymerase chain reaction (qRT-PCR) was used to quantify the expression level of miR-30 in 30 pairs of NSCLC tissues and adjacent tissues, and the expression level of miR-30 in lung cancer cell lines PC9 and PC9G (TKI resistant strains), and to calculate the difference of expression. The miR-30 overexpression reagents were transfected into PC9G cells, and inhibitors of miR-30 were transfected into PC9 cells. Negative control groups were set up respectively. The transfection efficiency was detected by qRT-PCR. CCK-8 kit was used to detect cell proliferation activity, clone formation test, Transwell invasion test and flow cytometry to determine the effects of miR-30 on cell growth, invasion and apoptosis. Luciferase reporter gene detection and Western blot confirmed that SMAD2 may be the target gene of miR-30. **Results** The expression of miR-30 in non-small cell lung cancer was significantly lower than that in adjacent tissues ($P < 0.05$). In PC9-resistant strain PC9G, the expression of miR-30 was significantly lower than that in PC9 cells ($P < 0.01$). Overexpression of miR-30 in PC9G cells could reduce cell proliferation and migration and reverse cell resistance to

erlotinib. Inhibiting the expression of miR-30 in PC9 cells can significantly increase the proliferation and migration ability of PC9 cells, and endow them with resistance to erlotinib. SMAD2 was the target gene of microRNA-30, which played an important role in the development of lung cancer. **Conclusion** Overexpression of miR-30 can inhibit the proliferation and migration of PC9G cells and reverse their resistance to erlotinib.

Key words: Lung cancer, non-small cell; Erlotinib; microRNA; Drug resistance; PC9, PC9G; SMAD2

Fund program: The Second batch of “Science and Education Promoting Health” Projects in Wujiang District (WWK201610); Hospital-level Issues of the First People’s Hospital of Wujiang District (201607)

近年来,以厄洛替尼为代表的酪氨酸激酶抑制剂(TKI)靶向治疗药物的出现可谓是肺癌治疗史上的里程碑,但不可避免的是依然会出现原发性和获得性的耐药现象。原发性耐药指的是患者本身除了拥有表皮生长因子受体(EGFR)敏感突变以外还存在着其他的EGFR突变或者通路异常。而对于EGFR-TKI的获得性耐药,目前已知的耐药机制有EGFR二次耐药突变(如T790M的出现)、EGFR下游信号分子活化、旁路激活和表型转化,还有某些细胞存活/凋亡相关基因的相互作用等。临幊上用TKI治疗EGFR突变的肺癌患者可获得较好的疗效,而获得性TKI耐药者则无效。肿瘤细胞对化疗药物产生抵抗性是化疗失败的主要原因,有资料90%的恶性肿瘤患者死于肿瘤耐药。随着研究的不断深入,越来越多的证据显示显示微小核糖核酸(miRNA, miR)可能会影响肺癌的进展以及对化疗的耐药性^[1-3]。

miRNA是一种小分子非编码RNA,长度约22个核苷酸,广泛存在于各种生物体中。它主要与靶信使RNA(mRNA)的3'端非编码区域结合,降解靶mRNA或抑制其翻译过程从而调控下游相关基因的表达。在肺癌组织中,一些miRNA水平升高,而一些下调。它们充当“致癌基因”或“肿瘤抑制基因”。本研究小组在miRNA方面做了大量工作,发现miRNA可以通过作用于下游靶基因来影响癌细胞对化疗药物的敏感性。例如,miRNA181b可以通过作用于bcl-2而调控胃癌及肺癌细胞对化疗药物的多药耐药现象^[4],miR-21可通过作用于第10号染色体缺失的磷酸酶和张力蛋白同源基因(PTEN)来调节肺癌细胞对顺铂的敏感性^[5],外周血miR-21表达水平亦可以作为非小细胞肺癌(NSCLC)患者个体化治疗的分子标志物^[6],miR-7及miR-31对维持非小细胞肺癌细胞的干细胞样活性及化疗抵抗起到一定作用,以上结果说明miRNA在调节肿瘤细胞对药物敏感性方面起着重要的作用。

据报道,miR-30在许多肿瘤如乳腺癌、胰腺癌、肺癌中异常表达,主要与肿瘤细胞的增殖和转移有关^[7-8],但miR-30在肺癌耐药方面的研究并不多。

Garofalo等^[9]研究发现,在NSCLC由EGFR和上皮间质转化因子(MET)受体介导的TKI抵抗的过程中,miR-30b、miR-30c、miR-221和miR-222的表达增加,诱导NSCLC对TKI的耐药性增加。说明miR-30与NSCLC患者对TKI的敏感性可能存在某种内在联系。本研究通过比较人NSCLC细胞株PC9和PC9G中miR-30表达量的差异,以及对肺癌细胞转染miR-30过表达试剂和抑制剂,检测其对厄洛替尼的敏感性以及凋亡相关蛋白和靶基因的变化,从而探索miR-30与肺癌厄洛替尼化疗耐药性的相关性及可能机制。

1 材料与方法

1.1 材料 30例肺癌组织标本和癌旁组织标本由江苏省人民医院提供。RPMI-1640培养基、胎牛血清(PBS,Gibco公司,美国),RNA抽提剂(TRIzol,Takara公司,日本)。miR-30模拟物、miR-30抑制剂和阴性对照试剂(美国伊维图根公司)。脂质体3000转染试剂(美国)。荧光素酶报告系统(PROMEGA,美国),PCR Kit(Vazyme,南京,中国)。

1.2 方法

1.2.1 细胞培养 PC9、PC9G细胞在含有10%FBS的RPMI-1640中培养。培养细胞在37℃、5%CO₂和相对饱和湿度下培养。

1.2.2 瞬时转染 首先,在转染前24 h将对数生长期的PC9、PC9G细胞按3×10⁵个/孔的密度接种于6孔板上,当细胞融合达到60%~70%后再进行细胞转染。按照Lipo3000转染试剂说明书的要求,将miR-30模拟物(200 nM)和阴性对照试剂(200 nM)转染入PC9G细胞(PC-9G/miR-30细胞、PC-9G/miR-NC细胞),miR-30抑制剂(200 nM)和阴性对照剂(200 nM)转染入PC9细胞(PC-9/miR-30-inhibitor细胞、PC-9/miR-NC-inhibitor细胞),转染后的细胞放在37℃和5%CO₂培养箱中继续孵育,进行下一步相关实验。

1.2.3 实时荧光定量聚合酶链式反应(qRT-PCR) 用TRIzol提取培养细胞的总RNA并纯化,逆转录为

cDNA 后再进行 qRT-PCR。PCR 试剂使用 AQQ SYBR Master Mix 试剂盒(Vazyme,南京,中国),采用 U6 作为内参,重复 3 次独立样本的 PCR 检测,通过比较 Ct 值的方法($2^{-\Delta\Delta Ct}$)相对定量计算 miR-30 的水平。以第 50 百分位值为界值将结果分为高和低 miR-30 表达量。

1.2.4 CCK-8 测定 细胞活力使用 CCK8 试剂盒进行细胞计数,用于评估细胞增殖活力以及存活率。在 96 孔板中每孔接种 2 000 个细胞,转染后培养 48 h,测定前每孔补充 CCK-8 试剂并进一步温育 1~2 h,在 450 nm 波长处读取吸光度值。

1.2.5 Transwell 侵袭实验 将转染的细胞(5×10^4)加到含有无血清 RPMI-1640 的上层孔中,在下层孔加入含 10% FBS 的 RPMI-1640。16~20 h 后,除去未侵入的细胞(顶部孔);侵入细胞(底部孔)固定后用 0.1% 结晶紫染色(多聚甲醛)。在 3 个随机选择的高倍视野中捕获显微照片。空气干燥后,将膜用 33% 乙酸(300 μ l/孔)在室温下处理 15 min,并将所得溶液转移至 96 孔板中。记录波长 570 nm 的吸光度值。

1.2.6 克隆形成实验 将各组细胞按每孔 1 000 个细胞数接种至 6 孔板,分布均匀,培养 10 d,当出现肉眼可见的明显菌落后停止培养,用 0.1% 结晶紫染色(多聚甲醛),洗净晾干,拍照记录。

1.2.7 蛋白质免疫印迹(Western blot) 采用 Western blot 法收集总蛋白量,首先利用含有蛋白酶抑制剂的 RIPA 缓冲液中裂解总蛋白 30 min,冰上操作,并用 BCA 法测定总蛋白质量。然后通过 10% SDS-PAGE 胶分离等量的蛋白质,电泳后转膜,磷酸化细胞信号转导分子(SMAD2)抗体和磷酸甘油醛脱氢酶(GAPDH)在 4 ℃温育过夜。

1.2.8 荧光素酶报告基因测定 TargetScan 网站用来预测 miR-30 结合位点。通过 PCR 克隆 SMAD2 的 3' 端非编码区片段和预测的 miR-30 结合位点。SMAD2(UGUUUAC)的 3' 端非编码区中的互补片段突变为 UCAUAUC。用 SacI 和 Hind III 切割 PCR 产物,克隆后插入 pMIR-REPORTER 中,并通过 DNA 测序验证。然后将构建好的质粒与 miR-30 或 miR-NC 共转染到 24 孔板中的 PC9G 细胞中 24 h,然后用双荧光素酶报告基因测定系统进行荧光素酶测定。

1.2.9 细胞凋亡测定 用 AnnexinV 和碘化丙啶进行染色,流式细胞仪计数并评估细胞凋亡率。数据处理采用 FlowJo 软件。

1.3 统计学方法 每组数据来自 3 个独立重复实验,并用 GAPPAD PRISM5 处理。Spearman 秩和检验

评估 miR-30 水平与 SMAD2 水平在人肺癌中的相关性。组间比较采用 t 检验。采用 Kaplan-Meier 法和 Log-rank 检验评估 miR-30 水平与无病生存期(DFS)的相关性。 $P < 0.05$ 表示差异有统计学意义。

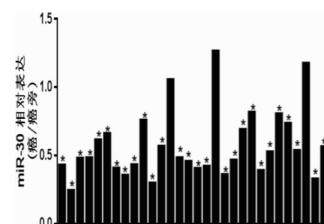
2 结 果

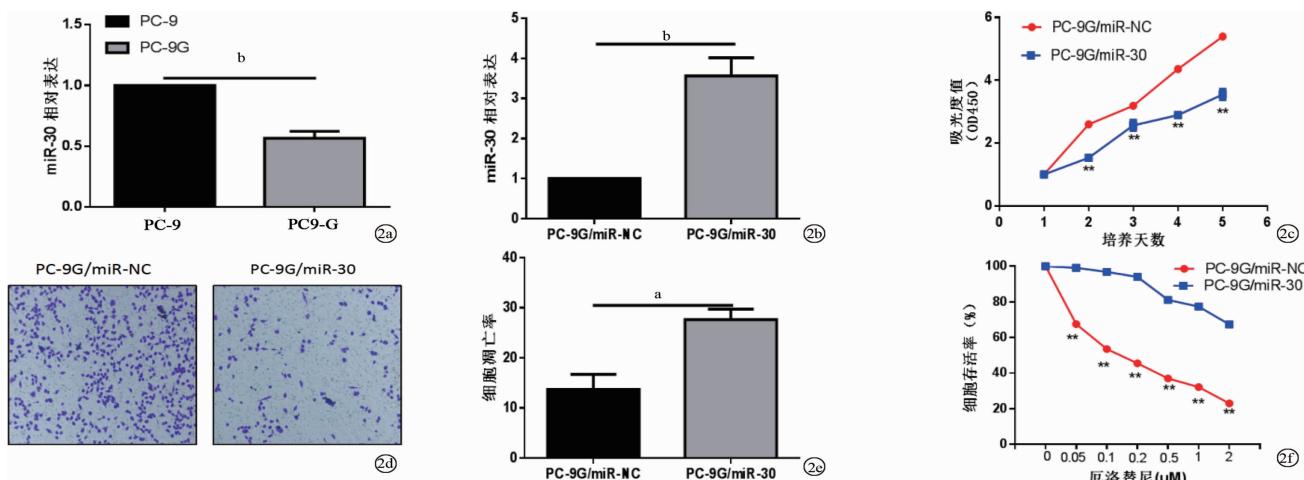
2.1 miR-30 在肺癌组织中表达明显下调 qRT-PCR 结果显示,与癌旁正常组织标本相比,miR-30 在肺癌组织中表达明显下调(图 1)。

2.2 miR-30 在 PC9G 细胞中的过表达抑制肿瘤侵袭性、逆转厄洛替尼的耐药性 为了模拟肺癌患者长期暴露于厄洛替尼的环境,笔者建立了一个体外模型:将 PC9 和 PC9G 细胞暴露于较低浓度的厄洛替尼,持续 24 周。结果显示,耐药 PC9G 细胞中 miR-30 的表达量明显比 PC9 细胞系低(图 2a)。因此,笔者在 PC9G 细胞中过表达 miR-30 作为实验组,转染 miR-NC 作为阴性对照组,发现过表达 miR-30 的 PC9G 细胞增殖减少(图 2b、2c)。miR-30 过表达显著降低了 PC9G 细胞的迁移能力,并促进了细胞凋亡,细胞存活率下降(图 2d~f)。

2.3 PC9 细胞中低表达 miR-30 显著促进细胞生长和迁移,并增强对厄洛替尼的耐药性 如上所述,PC9 细胞中 miR-30 表达量较高,用 miR-30 抑制剂转染 PC9 细胞评估细胞的生长情况。在 PC9 细胞系中沉默 miR-30 后,miR-30 水平降低,导致 PC9 细胞增殖增加(图 3a、3b)。促进肺癌细胞的迁移能力(图 3c),细胞凋亡减少,细胞存活率上升(图 3d、3e)。

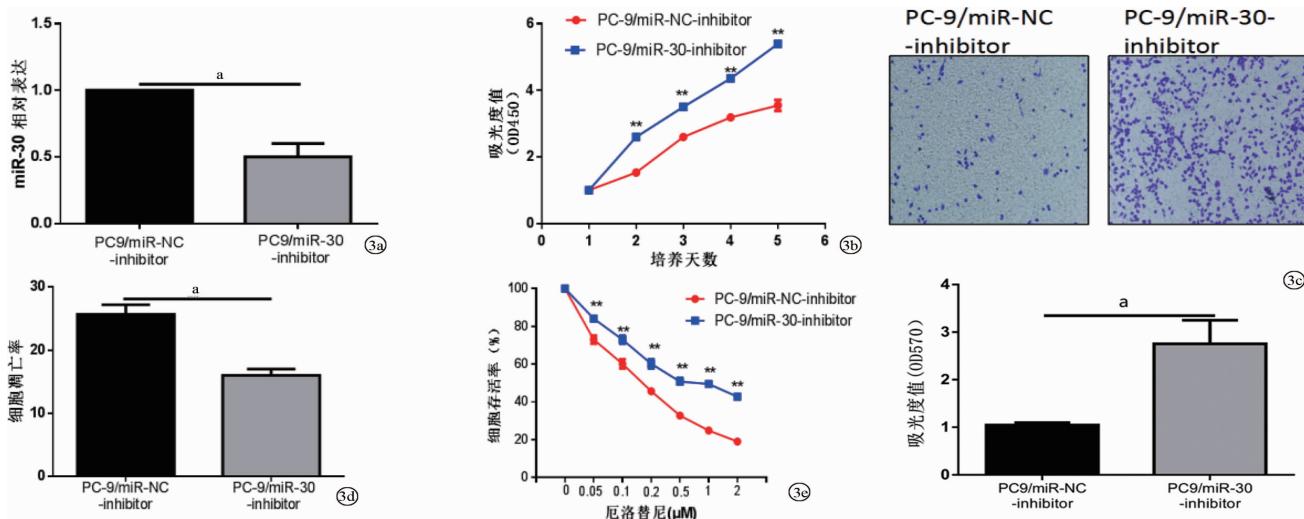
2.4 SMAD2 是 miR-30 的直接靶标 为了探讨 miR-30 在肺癌发生发展中的作用机制,笔者仔细搜索了数据库 TargetScan(www.targetscan.org),发现 SMAD2 基因 3' 端非编码区含有 miR-30 的结合位点,可能为 miR-30 的靶基因。SMAD2 在正常组织生长和分化中具有关键性作用。基于在 SMAD2 基因 3' 端的 miR-30 可能的结合位点,我们最初构建了两种含有荧光素酶报告基因的 SMAD2 质粒,即野生型和突变型 SMAD2 质粒,并与 miR-30 模拟物和抑制剂共转染





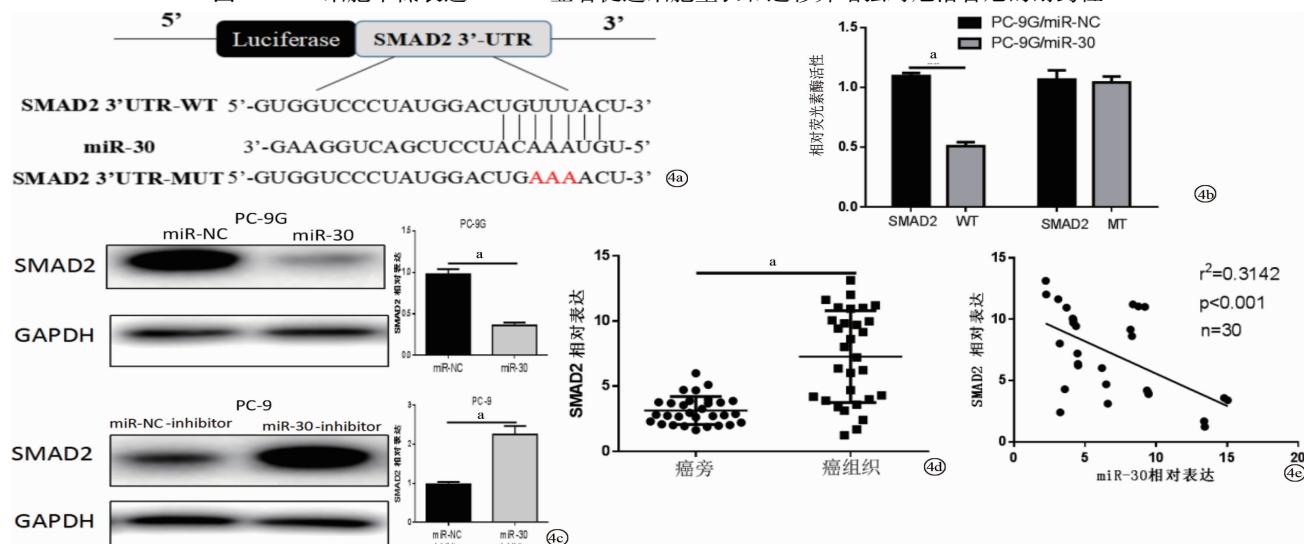
注:2a:miR-30 在 PC9、PC9G 细胞中的表达量;2b:qT-PCR 量化转染 miR-30 模拟物后 PC9G 细胞中的 miR-30 量;2c:CCK8 测定用 miR-30 或 miR-NC 转染后 PC9G 细胞的增殖活力;2d:实验组和对照组细胞进行 Transwell 试验($\times 100$);2e:对实验组和对照组细胞进行细胞凋亡测定;2f:通过 CCK-8 测定 PC9G/miR-NC 和 PC9G/miR-30 细胞存活率;a 和 b 分别表示 $P < 0.05$ 和 $P < 0.01$ 。

图 2 miR-30 在 PC9G 细胞中的过表达抑制肿瘤侵袭性、逆转厄洛替尼的耐药性。



注:3a:qT-PCR 量化转染 miR-30 抑制剂后 PC9 细胞中的 miR-30 表达量;3b:用 CCK8 法测定 PCR9 细胞经 miR30 抑制剂或 miR-NC 转染后的增殖活性;3c:对实验组和对照组细胞进行 Transwell 测定($\times 100$);3d:对实验组和对照组细胞进行细胞凋亡测定;3e:通过 CCK-8 测定 PC9G/miR-NC 和 PC9G/miR-30 细胞存活率。a 表示 $P < 0.01$ 。

图 3 PC9 细胞中低表达 miR-30 显著促进细胞生长和迁移并增强对厄洛替尼的耐药性



注:4a:构建基于 miR-30 预测人 SMAD2 3'-UTR 结合位点的质粒;4b:荧光素酶报告系统在 PC9G 细胞系上验证进行测定;4c:Western blot 法测定 SMAD2 基因在细胞中的蛋白表达量;4d:qRT-PCR 计算人肺癌和瘤旁组织标本中 SMAD2 的表达量;4e:确定 SMAD2 量和 miR-30 水平的相关性;数据为 3 次重复实验的 $\bar{x} \pm s$ 。a 表示 $P < 0.01$ 。

图 4 SMAD2 是 miR-30 的直接靶标

PC9G 细胞。结果表明,在野生型 SMAD2 组中,与 miR-30 模拟物共转染的细胞的荧光素酶活性明显降低,而与 miR-30 抑制剂共同转染的细胞的荧光素酶活性显著增加。而在突变组中,荧光素酶活性没有变化(图 4a,b)。

蛋白质免疫印迹实验证明在 miR-30 过表达处理的 PC9G 细胞中 SMAD2 蛋白量减少,而在 miR-30 沉默的 PC9 细胞后蛋白量增加(图 4c)。此外,对人类肺癌标本和癌旁正常组织中 SMAD2 基因的表达量的评估显示,癌组织中的 SMAD2 表达明显上调(图 4d)。Spearman 等级相关性评估结果表明,在人肺癌标本中 SMAD2 含量和 miR-30 水平呈负相关($r = -0.5605$)(图 4e)。

3 讨 论

miRNA 是近年来分子生物学和表观遗传学研究的热点,其在人类肿瘤中的异常表达可能通过参与多种肿瘤相关信号通路,在促进癌症或抑制癌症中发挥重要作用^[10]。NSCLC 的发生涉及遗传和表观遗传改变,本研究探讨了 miR-30 在肺癌中的作用以及潜在的分子机制。

近年来,越来越多的研究表明 miR-30 在多种癌症中发挥肿瘤抑制因子的作用^[11]。如上所述,miR-30 在肺癌样本中呈低表达,在耐药组 PC9G 细胞中的表达量相比 PC9 细胞更低。在 PC9G 细胞中过表达 miR-30,导致 PC9G 细胞的生长和迁移减少,同时诱导细胞凋亡;相反,PC9 细胞中抑制 miR-30,则显著促进细胞生长和迁移,并抑制 PC9 细胞的凋亡。本研究首次揭示 miR-30 在肺癌化疗敏感性中的作用,这些发现可能有助于开发肺癌的新型治疗策略。

Smad 蛋白早期被发现是转化生长因子 β (TGF- β) 信号通路中的下游蛋白,它可以通过结合两种跨膜受体 TGF- β 受体 I 型和 II 型从而被调控^[12-13]。TGF- β 受体信号通路参与各种生物学过程,并且在各种肿瘤发生过程中发挥着复杂的作用^[14]。在本篇文章中,SMAD2 基因被证实为新的 miR-30 靶标。首先,荧光素酶报告基因测定表明 miR-30 直接识别 SMAD2 mRNA 的 3' 端非编码区。另外,在稳定的 miR-30 过表达后,SMAD2 水平显著降低。最后,SMAD2 和 miR-30 在临床标本中呈负相关。总之,这些发现表明 SMAD2 是新的 miR-30 靶标。

综上所述,本研究结果证实了 miR-30 可以通过靶向负性调控 SMAD2 来抑制肺癌细胞生长,应用于对厄洛替尼耐药的肺癌患者,可能为肺癌的个体化治疗提供一个新的策略。然而,大多数临床样本没有经

历 EGFR 突变评估,因此,在这些患者身上观察到的反应是否能归因于 EGFR 突变尚不确定。另一方面,miR-30 还可能存在其他的 miR-30 靶点,这些也可能影响肺癌的进展。因此,需要进一步的研究来确定 miR-30 调控的其他靶点和信号途径。

参考文献

- [1] Siegel RL, Miller KD, Jemal A. Cancer statistics, 2018 [J]. CA Cancer J Clin, 2018, 68(1): 7-30.
- [2] Yang FM, Ning ZQ, Ma L, et al. Exosomal miRNAs and miRNA dysregulation in cancer-associated fibroblasts [J]. Mol Cancer, 2017, 16:148.
- [3] 顾燊,邵欣宇,邹晓平. microRNA-10b 与胰腺癌吉西他滨耐药的相关性及机制研究 [J]. 南京医科大学学报(自然科学版), 2017, 37(7):830-835.
- [4] Zhu W, Shan X, Wang TS, et al. MiR-181b modulates multidrug resistance by targeting BCL2 in human cancer cell lines [J]. Int J Cancer, 2010, 127(11):2520-2529.
- [5] Gao W, Lu X, Liu LX, et al. MiRNA-21: a biomarker predictive for platinum-based adjuvant chemotherapy response in patients with non-small cell lung cancer [J]. Cancer Biol Ther, 2012, 13(5):330-340.
- [6] Wei J, Gao W, Zhu CJ, et al. Identification of plasma microRNA-21 as a biomarker for early detection and chemosensitivity of non-small cell lung cancer [J]. Chin J Cancer, 2011, 30(6):407-414.
- [7] Tsukasa K, Ding Q, Miyazaki Y, et al. MiR-30 family promotes migratory and invasive abilities in CD133⁺ pancreatic cancer stem-like cells [J]. Human Cell, 2016, 29(3):130-137.
- [8] Ouzounova M, Vuong T, Ancey PB, et al. MicroRNA miR-30 family regulates non-attachment growth of breast cancer cells [J]. BMC Genomics, 2013, 14(1):139.
- [9] Garofalo M, Romano G, Di Leva G, et al. EGFR and MET receptor tyrosine kinase altered microRNA expression induces tumorigenesis and gefitinib resistance in lung cancers [J]. Nat Med, 2011, 18(1):74-82.
- [10] Yang FM, Wei K, Qin ZQ, et al. MiR-598 suppresses invasion and migration by negative regulation of derlin-1 and epithelial-mesenchymal transition in non-small cell lung cancer [J]. Cell Physiol Biochem, 2018, 47(1):245-256.
- [11] 王鹤,刘志利,德伟,等. microRNA-335 对人非小细胞肺癌细胞迁移、侵袭及增殖能力的影响 [J]. 南京医科大学学报(自然科学版), 2012, 32(6):795-799.
- [12] Brown KA, Pietenpol JA, Moses HL. A tale of two proteins: Differential roles and regulation of Smad2 and Smad3 in TGF- β signaling [J]. J Cell Biochem, 2007, 101(1):9-33.
- [13] Yoshida K, Murata M, Yamaguchi T, et al. TGF- β /Smad signaling during hepatic fibro-carcinogenesis (Review) [J]. Int J Oncol, 2014, 45(4):1363-1371.
- [14] Sun R, Luo Y, Li J, et al. Ammonium chloride inhibits autophagy of hepatocellular carcinoma cells through SMAD2 signaling [J]. Tumour Biol, 2015, 36(2):1173-1177.