

下调缺氧诱导因子-1α表达对肝癌细胞增殖和凋亡的影响

王理, 姚敏, 顾星, 时运, 邱历伟, 陆少林, 姚登福

王理, 姚敏, 顾星, 时运, 邱历伟, 陆少林, 姚登福, 南通大学附属医院临床医学研究中心 江苏省南通市 226001

王理, 博士后, 副教授, 主要从事临床医学及信息管理的研究。中国博士后科学基金资助项目, No. 2012M521108

国家国际科技合作专项基金资助项目, No. 2013DFA32150

作者贡献分布: 方法研究、数据整理及文章起草由王理完成; 临床资料与病例选择由姚敏完成; 顾星与时运参加完成部分研究工作; 统计分析由邱历伟完成; 设计、论文修改及审阅由姚登福与陆少林完成

通讯作者: 姚登福, 教授, 226001, 江苏省南通市西寺路20号, 南通大学附属医院临床医学研究中心, yaodf@ahnmc.com

电话: 0513-85052413 传真: 0513-85052297

收稿日期: 2013-04-23 修回日期: 2013-05-28

接受日期: 2013-09-09 在线出版日期: 2013-10-08

Down-regulation of hypoxia-inducible factor-1alpha expression inhibits cell proliferation and induces apoptosis in human hepatocellular carcinoma cell line HepG2

Li Wang, Min Yao, Xing Gu, Yun Shi, Li-Wei Qiu, Shao-Lin Lu, Deng-Fu Yao

Li Wang, Min Yao, Xing Gu, Yun Shi, Li-Wei Qiu, Shao-Lin Lu, Deng-Fu Yao, Research Center of Clinical Medicine, Affiliated Hospital of Nantong University, Nantong 226001, Jiangsu Province, China

Supported by: the Chinese Postdoctoral Science Foundation No. 2012M521108; and the International S and T Cooperation Program of China, No. 2013DFA32150

Correspondence to: Deng-Fu Yao, Professor, Research Center of Clinical Medicine, Affiliated Hospital of Nantong University, 20 Xisi Road, Nantong 226001, Jiangsu Province, China. yaodf@ahnmc.com

Received: 2013-04-23 Revised: 2013-05-28

Accepted: 2013-09-09 Published online: 2013-10-08

Abstract

AIM: To detect the expression of hypoxia inducible factor-1alpha (HIF-1α) in human hepatocellular carcinoma and to observe the effect of silencing HIF-1α gene on the proliferation and apoptosis of hepatocellular carcinoma HepG2 cells.

METHODS: Hepatocellular carcinoma tissue samples and matched tumor-adjacent tissue samples were collected to detect the expression and cellular distribution of HIF-1α by immuno-

histochemistry. HIF-1α-specific miRNAs were synthesized and screened. After HepG2 cells were transfected with a miRNA, the expression of HIF-1α mRNA and protein was determined by real time-PCR and Western blot, respectively. Cell cycle progression and apoptosis were quantitatively analyzed by flow cytometry and annexin V-FITC/PI double dyeing assay.

RESULTS: HIF-1α was distributed mainly in the cytoplasm and less in the nucleus, which was especially prominent around the central vein. The positive rate of HIF-1α expression was significantly lower in hepatocellular carcinoma than in tumor-adjacent tissue (80% vs 100%, $\chi^2 = 22.35$, $P < 0.001$). HIF-1α expression was correlated with tumor size and differentiation degree. After HepG2 cells were transfected with a miRNA, HIF-1α expression was down-regulated in a time-dependent manner, the apoptosis rate increased significantly ($P < 0.01$), and HepG2 cells were significantly arrested at G₁ phase (proportion of cells in G₁ phase: $61.49\% \pm 1.12\%$, $P < 0.01$). In the presence of doxorubicin, the apoptosis rate and the proportion of cells in G₁ phase were increased to $36.99\% \pm 0.88\%$ and $65.68\% \pm 0.91\%$, respectively.

CONCLUSION: Abnormal HIF-1α expression is associated with the development of hepatocellular carcinoma. Silencing HIF-1α gene efficiently inhibits the proliferation of hepatocellular carcinoma cells possibly by regulating cell cycle progression and apoptosis.

© 2013 Baishideng Publishing Group Co., Limited. All rights reserved.

Key Words: Hepatocellular carcinoma; HIF-1α; miRNA; Gene silencing; Proliferation inhibition

Wang L, Yao M, Gu X, Shi Y, Qiu LW, Lu SL, Yao DF. Down-regulation of hypoxia-inducible factor-1alpha expression inhibits cell proliferation and induces apoptosis in human hepatocellular carcinoma cell line HepG2. *Shijie Huaren Xiaohua Zazhi* 2013; 21(28): 2937-2944 URL: <http://www.wjgnet.com/1009-3079/21/2937.asp> DOI: <http://dx.doi.org/10.11569/wcjd.v21.i28.2937>

■背景资料

缺氧诱导因子-1α(hypoxia inducible factor-1alpha, HIF-1α)是介导生理性和病理性低氧反应的关键转录因子, 在缺氧环境中表达相对显著, 在转录水平调控细胞增殖, 调控血管新生“开关基因”, 与肿瘤的生长、转移和预后等密切相关。肝癌演变过程中, 正常脉管系统破坏, 共同导致局部缺氧, 激活HIF-1α, 从而增强血管新生, 促进癌细胞增殖及转移。

■同行评议者

姜春萌, 教授, 大连医科大学附属第二医院消化科; 庄林, 主任医师, 昆明市第三人民医院肝病科

■研发前沿

近年来对肿瘤血管新生的研究表明, 血管新生在肝癌的恶变、生长、转移等方面是至关重要的。VEGF是肿瘤诱导产生新生血管的主要的细胞因子之一, 而HIF-1 α 则在基因水平上直接调控VEGF表达, 是恶性肿瘤诱导新生血管形成的一个主要调控因子。目前对HIF-1 α 调控肝癌新生血管机制的分析是研究热点, 但如何利用这种机制来治疗肝癌尚缺乏深入研究。

摘要

目的: 观察肝癌缺氧诱导因子-1 α (hypoxia inducible factor-1alpha, HIF-1 α)表达及靶向其基因转录对肝癌细胞增殖的影响。

方法: 以自身配对法收集术后肝癌及癌周组织, 免疫组织化学染色法分析HIF-1 α 胞内表达及分布; 按照HIF-1 α 基因序列合成miRNA, 筛选干扰效率最佳者转染肝癌(HepG2)细胞, 以荧光定量-PCR和Western blot分别检测HIF-1 α 转录和蛋白表达; 并以miRNA转染联合阿霉素后, 流式细胞仪检测沉默细胞中HIF-1 α 对HepG2细胞增殖的影响。

结果: 肝癌及癌周组织HIF-1 α 表达呈棕黄色颗粒状, 位于胞浆和部分胞核, 呈均匀表达, 中央静脉周围明显; 其阳性率癌组织为80%, 低于癌旁100%表达($\chi^2 = 22.35, P < 0.001$); 与瘤体大小和分化程度相关; HepG2细胞经miRNA干扰后, HIF-1 α 在RNA和蛋白水平分别下降87%和56%, 发生细胞凋亡(22.46%±0.61%)和G₁期阻滞(61.49%±1.12%, $P < 0.01$); 加入阿霉素后细胞凋亡率和G₁期细胞分别增至36.99%±0.88%和65.68%±0.91%。

结论: HIF-1 α 过表达与肝癌密切相关, 以特异性miRNA靶向HIF-1 α , 可调控细胞周期, 通过加速凋亡的机制抑制癌细胞增殖。

© 2013年版权归百世登出版集团有限公司所有。

关键词: 肝癌; 缺氧诱导因子-1 α ; miRNA; 基因沉默; 增殖抑制

核心提示: 肝细胞性肝癌(hepatocellular carcinoma)血供丰富, 传统疗法易耐受, 预后极差。肝癌细胞增殖失控导致局部缺氧, 激活缺氧诱导因子-1 α (hypoxia-inducible factor-1 α , HIF-1 α), 进而增强血管新生、促进癌细胞增殖及转移, 抑制细胞凋亡和分化。本研究分析了肝癌及癌周组织HIF-1 α 表达, 并以miRNA或联合阿霉素在体外干扰细胞中HIF-1 α 表达, 观察肝癌细胞凋亡和增殖周期的变化, 发现肝癌组织内HIF-1 α 表达水平异常升高, 其表达增强与癌周围组织的增生活跃密切相关。沉默HIF-1 α 可逆转缺氧引起的HIF-1 α 升高, 控制癌细胞增殖, 可作为一种辅助策略应用于肝癌的治疗。

王理, 姚敏, 顾星, 时远, 邱历伟, 陆少林, 姚登福. 下调缺氧诱导因子-1 α 表达对肝癌细胞增殖和凋亡的影响. 世界华人消化杂志 2013; 21(28): 2937-2944 URL: <http://www.wjgnet.com>

[com/1009-3079/21/2937.asp](http://1009-3079/21/2937.asp) DOI: <http://dx.doi.org/10.11569/wcj.v21.i28.2937>

0 引言

肝细胞性肝癌(hepatocellular carcinoma, HCC)是一多基因、多阶段发生、血供丰富、传统疗法易耐受、预后极差、高度恶性的实体瘤^[1,2]。肝癌细胞增殖失控导致无效或畸形血供增加, 在慢性肝损伤、肝硬化、肝癌演变过程中, 正常脉管系统破坏, 共同导致局部缺氧^[3]。肝组织缺氧微环境, 激活缺氧诱导因子-1 α (hypoxia-inducible factor-1 α , HIF-1 α), 促使其进入细胞核内与HIF- β 异二聚体化, 结合于百余种下游靶基因, 发挥一系列细胞适应性调节, 从而增强血管新生、癌细胞增殖及转移、对放化疗耐受、抑制细胞凋亡和分化^[4,5]。HIF-1 α 是介导生理性和病理性低氧反应的关键转录因子, 在缺氧环境中表达相对显著, 在转录水平调控细胞增殖, 调控血管新生“开关基因”, 激活许多缺氧反应性基因表达, 与肿瘤的生长、转移和预后等密切相关^[6,7]。本文分析了肝癌及癌周组织HIF-1 α 表达, 并以miRNA在体外干扰肝癌细胞HIF-1 α 表达, 或联合阿霉素观察对肝癌细胞凋亡和增殖周期的变化, 以探讨干扰HIF-1 α 活化对肝癌细胞的增殖抑制作用与机制。

1 材料和方法

1.1 材料 35例肝癌组织取自南通大学附属医院2012-03/2012-12肝癌手术标本, 标本切下后经40 g/L甲醛溶液固定、取材、石蜡包埋保存, 均经病理学检查证实为肝细胞癌, 其中高分化8例、中分化22例、低分化5例; 男30例, 女5例; 年龄35-69岁, 平均51岁±9.19岁。癌灶直径为1.0-12.0 cm, 中位数4.65 cm±2.96 cm。肿瘤单发者28例, ≥2个者7例。所有病例均有完整随访资料, 按全国肝癌防治协作组制定的标准核实诊断。鼠抗人HIF-1 α 单克隆抗体(Abcam, 英国); 双荧光素酶报告基因、pGL3及pRL-TK(Promega, 美国); Annexin-V FITC凋亡检测试剂盒、FuGENE HD转染试剂(Roche, 德国); Premix Taq酶、DNA Marker、T4连接酶、Xho-I、Hind-III及SYBR Premix Ex Taq(TaKaRa, 日本); RevertAidTM第一链cDNA合成试剂盒(Fermentas, 立陶宛); pcDNATM6.2-GW/ EmGFPmiR载体、载体构建盒BLOCK-iTTM含EmGFP的Pol II miR RNAi表达

载体(Invitrogen, 美国); DYEnamic ET Dye测序(Amersham Biosciences, 美国); Top10感受态细胞(百奥生物); 鼠抗人 β -actin一抗、HRP-羊抗鼠二抗、SDS-PAGE、彩色预染蛋白标准、PVDF膜、BCA蛋白、质粒抽提盒(碧云天生物技术有限公司)。

1.2 方法

1.2.1 肝总RNA制备与浓度分析: 称取肝组织50 mg, 置于无RNase的匀浆器中, 加入RNA快速制备试剂(TRIzol)1.0 mL匀浆2 min, 在匀浆液中加氯仿混匀冻存, 高速离心, 上清液中加入等量异丙醇混匀, 再离心并经预冷乙醇洗涤, 弃上清至室温5 min, 加入TE缓冲液置60 °C水浴10 min, 取出置于-85 °C冰箱保存备用。取RNA提取液置微量比色皿中, 于岛津UV-2201型紫外分光光度计上检测RNA吸光度 A_{260} , 并换算总RNA浓度(μ g/mg组织)。

1.2.2 免疫组织化学分析: 采用二步法免疫组织化学检测法, 按照操作说明进行。组织切片常规脱蜡及水化后, 以EDTA缓冲液冲洗后微波修复10 min。加入HIF-1 α 一抗, 室温孵育1 h, 磷酸盐缓冲液(PBS)洗涤3次后加入聚合体增强剂, 室温孵育20 min, PBS清洗切片3次后再加入二抗, 室温孵育30 min, PBS洗涤3次后经0.1%DAB显色5 min, 自来水充分冲洗、复染、脱水、透明、封片。实验以PBS代替一抗作阴性对照。阳性标准以已知表达HIF-1 α 的乳腺癌组织作阳性对照, 以组织中显示棕黄色颗粒为HIF-1 α 染色阳性。阳性细胞计数: 每份标本切片选取5个高倍镜视野($\times 400$)作阳性细胞计数, 按阳性细胞(清晰棕黄色染色)所占比例数分为: HIF-1 α 染色阴性(-), 阳性细胞数<10%; HIF-1 α 染色弱阳性(+), 10%-25%; HIF-1 α 染色中等阳性(++)+, 阳性细胞数在26%-50%; HIF-1 α 染色呈强阳性(+++), 阳性细胞数>50%。

1.2.3 细胞培养: 肝癌细胞株(HepG2, 南京凯基)常规复苏后, 以RPMI 1640完全培养液(含1%非必需氨基酸), 37 °C, 50 mL/L CO₂及100%湿度的条件下培养, 传代, 取对生长期细胞分析。设空白、阴性和干扰组, 检测细胞凋亡及周期时, 另加两组分别为阿霉素组(0.5 μ mol/L)和干扰联合阿霉素组(0.5 μ mol/L), 每组均设3个复孔。空白组常规培养; 阴性组添加阴性质粒和转染试剂培养; 干扰组加靶向HIF-1 α 载体和转染培养。于转染后24、48和72 h收集细胞。

1.2.3 miRNA设计: 人HIF-1 α mRNA序列(NM_001530), 用Invitrogen miRNA设计系统软件设计4对miRNA寡聚单链DNA。将4对oligo各自退火成双链, 然后用载体构建试剂盒BLOCK-iT™ Pol II miR RNAi Expression Vector Kit with EmGFP(Invitrogen公司)进行重组克隆, 将双链的miRNA oligo各自插入到miRNA表达载体pcDNA™6.2-GW/EmGFPmiR中, 构建miRNA质粒, 筛选干扰效率最佳一对序列为5'-TGCTGTAAAGCATCAGGTTCTTCTTGTCTGGCC ACTGACTGACAAGAAGGACT-GATGCTTTA-3'和5'-CCTGTAAGCA TCAGTC CTCT TGTCAAGTCAGTGGCCAAA-CAAGAAGGAACCTGATGCTTT AC-3', 其中加下划线部分为靶区序列, 其上下游为茎环结构。

1.2.4 细胞转染: FuGENE HD转染试剂转染HepG2细胞。转染前24 h每孔接种2 mL细胞悬液, 浓度为 1×10^5 /mL, 使转染时细胞密度达80%-90%。每孔加转染试剂和干扰载体, RPMI 1640完全培养补至100 μ L, 室温静置15 min, 以形成干扰载体与转染试剂稳定复合物。吸弃培养液, PBS洗两遍, 加入干扰载体与转染试剂稳定复合物, 加完全培养补至2 mL, 晃匀, 培养, 于转染后24、48和72 h取细胞备用。

1.2.5 干扰效率检测: 以QuickGene RNA culture cell试剂盒于核酸自动提取仪(Fujifilm, 日本)提取总RNA。利用第一链cDNA合成试剂盒(ReverAid™ First Strand cDNA Synthesis Kit)经RT-PCR生成相应的cDNA。以各组cDNA作为模板, 利用染料法进行Real-time PCR, 目标片段扩增引物HIF-1 α -F和HIF-1 α -R的序列为5'-CCACTGCCACCACTGATGAA-3'(nt 2254-2273)和5'-TTGGTGA GGCTGTCC-GACTT-3'(nt 2412-2431), 产物大小178 bp, 退火温度为60 °C, 延伸循环数为40。根据相对定量法计算目标片段的扩增比例, mRNA的相对变化量公式为: Ratio = $2^{-\Delta\Delta Ct}$ 。以GAPDH作为内参, 各样本重复3次。

1.2.6 Western blot分析: 制作10%分离胶, 蛋白40 μ g, 加上样缓冲液, 沸水浴后上样, 恒压80 V×35 min, 后100 V×60 min。结束后转膜, 封闭。取膜用TBS-T漂洗, 加鼠抗人HIF-1 α (1:500), 4 °C过夜, 漂洗, 加入HRP标记羊抗鼠IgG(1:1000)二抗, 孵育2 h, 漂洗、DAB显色并摄相。

1.2.7 Annexin V-FITC/PI法分析: 常规消化, 接种,

■相关报道
已有的研究表明, HIF-1 α 可调控VEGF和Ang-2, 影响血管生成; 而干扰HIF-1 α 后下调VEGF, Ang等, 显著抑制血管新生, 阻断肿瘤进展。最近研究显示斯钙素(STC-2)启动子序列含有2个HIF-1 α 的结合位点, HIF-1 α 介导STC-2过表达可上调cyclin D的表达, 推动细胞G₁/S期转变, HIF-1 α 下调后STC-2表达也随之下调。

■创新盘点

本研究发现在人肝细胞性肝癌组织中, HIF-1 α 癌周组织表达明显强于癌灶组织, 提示HIF-1 α 表达增强与癌周围组织的增生活跃密切相关。而通过miRNA或联合阿霉素沉默HIF-1 α , 可逆转缺氧引起的HIF-1 α 升高, 控制癌细胞增殖。

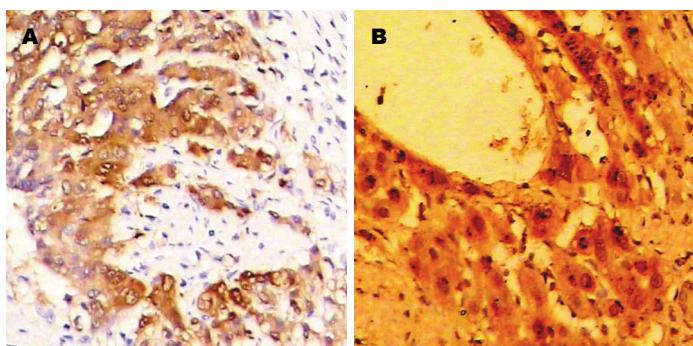


图1 肝癌及癌旁组织HIF-1 α 表达的免疫组织化学分析($\times 200$)。A: 肝癌; B: 癌旁。HIF-1 α : 缺氧诱导因子-1 α 。

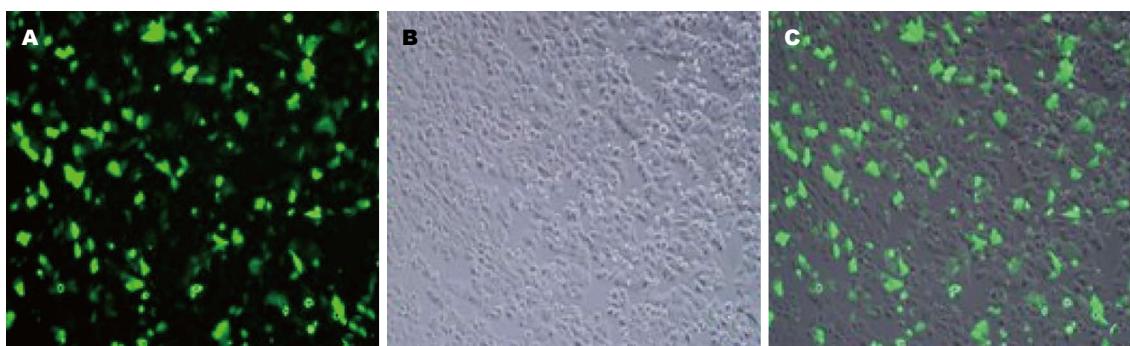


图2 HIF-1 α miRNA转染HepG2细胞荧光显微镜观察($\times 10$)。A: 荧光显微镜图; B: 同一视野普通光镜图; C: 融合图。HIF-1 α : 缺氧诱导因子-1 α 。

表1 肝癌及癌周组织总RNA及HIF-1 α 表达的分析 ($n = 35$)

分组	总RNA($\mu\text{g}/\text{mg}$) (mean \pm SD)	HIF-1 α (强度)				阳性n(%)
		-	+	++	+++	
癌灶	12.4 \pm 7.3	7	21	7	0	28(80.0)
癌旁	53.8 \pm 52.0 ^b	0	10	18	7	35(100) ^b

^b $P < 0.01$ vs 癌灶。HIF-1 α : 缺氧诱导因子-1 α 。

培养, 根据设计加入相应试剂。转染加阿霉素, 分别于48、72 h后, 收集细胞, 离心, 洗涤, 加入Annexin V-FLUOS/PI混合液, 重悬细胞, 避光, 流式细胞仪进行检测。

1.2.8 细胞周期: 常规消化细胞, 接种, 培养后弃培养基, 根据设计加入相应试剂, 转染后加阿霉素, 收集细胞, 固定, 洗涤, 加碘化丙啶混合液, 避光, 过300目筛网, 以488 nm波长为激发光检测, Macguit软件分析细胞周期。

统计学处理 数据以mean \pm SD表示, 样本均数间的比较采用方差分析, 两两比较采用 q 检验。用SPSS13.0统计软件包处理、分析数据。以 $P < 0.05$ 表示差异有统计学意义。

2 结果

2.1 肝癌组织HIF-1 α 表达与定位 免疫组织化学

显示肝癌及癌周组织HIF-1 α 阳性表达呈棕黄色, 颗粒状, 主要定位于胞浆中, 部分位于胞核。癌组织HIF-1 α 表达均匀, 坏死区周围及浸润边缘HIF-1 α 表达增多(图1A)。癌旁近肿瘤边缘被压扁的组织条索中及中央静脉周围HIF-1 α 表达明显(图1B)。肝癌HIF-1 α 呈阳性表达28例占总数80%(-)(++)+, 20%(7/35)未见表达; 癌周组织HIF-1 α 全数表达, 中等以上强度(++)-(++++)占71.4%(25/35), 癌周表达明显高于癌组织($\chi^2 = 22.35$, $P < 0.001$, 表1)。HIF-1 α 表达强度与分化程度负相关, 高分化<中分化<低分化($P < 0.05$), 与肿瘤数目、HBsAg感染间均未见明显相关。

2.2 HIF-1 α miRNA转染与鉴定 HIF-1 α miRNA干扰质粒转染HepG2细胞, 于转染后24 h镜下观察, 成功转染的HepG2细胞发绿色荧光, 转染效率达45%(图2)。

■应用要点

TAE或TACE是晚期不可手术肝癌患者的疗法, 可阻断肿瘤血供引起坏死、萎缩, 但因造成缺氧, 诱导HIF-1 α 、VEGF等过表达, 导致侧支循环建立, 癌细胞逃逸, 残余癌迅速膨胀, 终使治疗失败。联合HIF-1 α 沉默, 可逆转TAE致缺氧引起的HIF-1 α 、VEGF和增殖核抗原升高, 控制血管新生和癌细胞增殖, 抑制残余癌生长, 加强TAE疗效。且HIF-1 α 沉默, 可逆转放化疗耐受, 可作为一种辅助策略应用于肝癌的治疗, 有应用前景。

表 2 HIF-1 α 干扰后基因的Ct与 ΔCt 值变化与比较 ($n = 3$)

分组	24 h			48 h			72 h		
	Ct _{HIF-1α}	Ct _{GAPDH}	ΔCt	Ct _{HIF-1α}	Ct _{GAPDH}	ΔCt	Ct _{HIF-1α}	Ct _{GAPDH}	ΔCt
空白	19.20	14.70	4.50	16.30	13.20	3.10	16.80	13.60	3.20
	19.30	14.80	4.50	16.00	12.90	3.10	16.80	13.20	3.60
	19.50	14.80	4.70	16.20	12.70	3.50	17.00	13.40	3.60
阴性	17.90	13.50	4.40	16.60	13.50	3.10	18.80	15.20	3.60
	18.30	13.30	5.00	16.70	13.00	3.70	18.80	15.00	3.80
	18.10	13.40	4.70	16.50	13.30	3.20	19.20	15.40	3.80
干扰	18.90	13.60	5.30	18.50	13.80	4.70	23.10	16.80	6.30
	18.90	13.80	5.10	18.30	13.60	4.70	23.50	16.70	6.80
	18.90	14.00	4.90	18.00	13.60	4.40	23.20	17.10	6.10

$\Delta Ct = Ct(HIF-1\alpha) - Ct(GAPDH)$. HIF-1 α : 缺氧诱导因子-1 α .

表 3 miRNA干扰后HIF-1 α 基因相对定量与效率 ($n = 3$)

分组	24 h			48 h			72 h		
	$\Delta Ct_{均值}$	$\Delta \Delta Ct$	$2^{-\Delta \Delta Ct}$	$\Delta Ct_{均值}$	$\Delta \Delta Ct$	$2^{-\Delta \Delta Ct}$	$\Delta Ct_{均值}$	$\Delta \Delta Ct$	$2^{-\Delta \Delta Ct}$
空白	4.57	0.00	1.00	3.23	0.00	1.00	3.47	0.00	1.00
阴性	4.70	0.13	0.91	3.30	0.10	0.93	3.73	0.27	0.83
干扰	5.10	0.53 ^a	0.69	4.60	1.37	0.39 ^{ac}	6.40	2.93	0.13 ^{ace}

^a $P < 0.05$ vs 组内空白组; ^b $P < 0.05$ vs 24 h干扰组; ^c $P < 0.05$ vs 48 h干扰组. $\Delta \Delta Ct = \Delta Ct_{样本} - \Delta Ct_{空白}$, $2^{-\Delta \Delta Ct}$ 即为各组相对于空白组的干扰效率. HIF-1 α : 缺氧诱导因子-1 α .

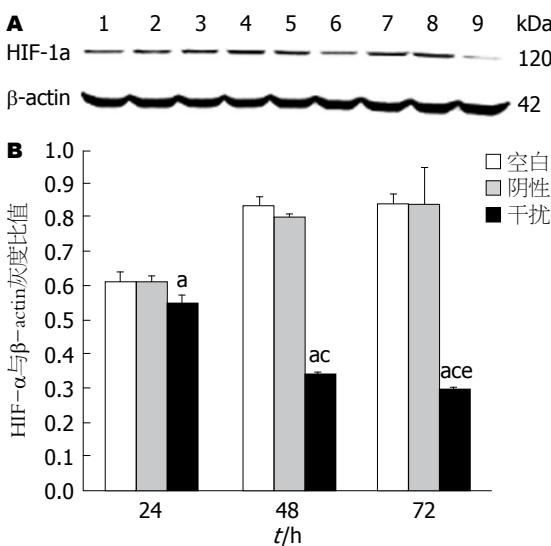


图 3 miRNA转染HepG2细胞HIF-1 α 蛋白表达. A: 24 h(1、2、3)、48 h(4、5、6)和72 h(7、8、9)的空白、阴性和干扰组; B: HIF-1 α 与 β -actin灰度扫描比值, ^a $P < 0.05$ vs 空白组; ^b $P < 0.05$ vs 24 h组; ^c $P < 0.05$ vs 48 h组. HIF-1 α : 缺氧诱导因子-1 α .

2.3 miRNA抑制HIF-1 α 基因转录 miRNA干扰HepG2细胞在转录水平上对HIF-1 α 表达抑制如表2. 与空白组相比, 转染HIF-1 α miRNA后24、

48和72 h, HepG2细胞中HIF-1 α mRNA表达量($2^{-\Delta \Delta Ct}$)分别减少为0.69, 0.39和0.13, 抑制率分别为31%, 61%和87%(P 值分别为0.007, 0.000和0.000); 且干扰效率依次递增($P < 0.001$). miRNA干扰后HIF-1 α 基因相对定量与效率如表3. 阴性组抑制率未见明显统计学差异. 阴性组抑制率分别为9%、7%和17%, 与空白组相比未见统计学明显差异(P 值分别为0.297, 0.356和0.060).

2.4 miRNA抑制HIF-1 α 蛋白表达 miRNA对HepG2细胞HIF-1 α 蛋白表达的抑制作用如图3. 与空白组比, 转染HIF-1 α miRNA干扰载体48、72 h后HepG2细胞中HIF-1 α 蛋白表达明显减少(图3A), HIF-1 α 与 β -actin灰度扫描比值显示HIF-1 α 表达量分别减少为空白组的0.85、0.41、0.35, 抑制率为15%、59%、65%(P 值分别为0.024、0.000和0.000); 且蛋白表达率依次递减($P < 0.05$). 阴性组与空白组间未见明显统计学差异(图3B).

2.5 miRNA联合阿霉素对癌细胞增殖的影响

2.5.1 细胞周期改变: miRNA转染HepG2细胞48和72 h后, HepG2细胞周期时相均发生改变(表

■同行评价

本文结果可靠, 科学结论较明确, 实验证据较充足, 具有一定指导意义.

表 4 miRNA转染HepG2细胞周期时相的影响(%)

分组		空白	阴性	miRNA	阿霉素	阿霉素+miRNA
48 h	G ₀ /G ₁	37.91 ± 2.05	40.12 ± 1.64 ^a	54.78 ± 1.64 ^a	57.48 ± 0.71 ^a	60.32 ± 1.20 ^{ade}
	S	46.48 ± 2.44	43.75 ± 2.10 ^a	28.43 ± 0.76 ^a	27.31 ± 1.32 ^a	24.24 ± 1.88 ^{ace}
	G ₂ /M	15.61 ± 0.72	16.13 ± 0.68	16.79 ± 1.93	15.21 ± 0.77	15.44 ± 1.13
72 h	G ₀ /G ₁	56.75 ± 1.13	57.43 ± 1.27 ^a	61.49 ± 1.12 ^a	61.95 ± 0.42 ^a	65.68 ± 0.91 ^{adf}
	S	26.14 ± 0.78	25.56 ± 1.21 ^a	22.40 ± 0.58 ^a	21.62 ± 1.19 ^a	19.47 ± 1.34 ^{ace}
	G ₂ /M	17.11 ± 0.36	17.01 ± 0.26	16.11 ± 1.41	16.43 ± 1.61	14.85 ± 2.07

^aP<0.05 vs 空白组, G₀/G₁期 $q_{48\text{h}} = 4.47$, $q_{72\text{h}} = 5.50$; ^dP<0.01 vs miRNA组, S期 $q_{48\text{h}} = 3.51$, $q_{72\text{h}} = 3.48$, ^cP<0.05 vs miRNA组, G₀/G₁期 $q_{48\text{h}} = 3.54$, ^eP<0.05, $q_{72\text{h}} = 4.50$; ^fP<0.01, S期 $q_{48\text{h}} = 2.24$, $q_{72\text{h}} = 2.48$; ^gP<0.05 vs 阿霉素组.

表 5 miRNA转染促进HepG2细胞凋亡

分组	48 h凋亡(%)	q值	P值	72 h凋亡(%)	q值	P值
空白	3.80 ± 0.12			8.01 ± 0.71		
阴性	4.84 ± 0.23	2.10	0.062	9.38 ± 0.44	1.34	0.081
miRNA	15.49 ± 0.99 ^a	23.65	0.000	22.46 ± 0.61 ^a	14.44	0.000
阿霉素	15.91 ± 0.37 ^a	24.50	0.000	27.52 ± 1.31 ^a	19.51	0.000
阿霉素+miRNA	27.33 ± 0.94 ^{abd}	47.40	0.000	36.99 ± 0.88 ^{abd}	28.98	0.000

^aP<0.05 vs 空白组; $q_{48\text{h}} = 23.75$, $q_{72\text{h}} = 21.10$, ^bP<0.01 vs miRNA组; $q_{48\text{h}} = 22.90$, $q_{72\text{h}} = 13.74$, ^dP<0.01 vs 阿霉素组.

4). 干扰组G₀/G₁期比例明显高于空白组和阴性组($P<0.000$), S期比例低于空白组和阴性组($P<0.000$). 转染后48 h, 联合阿霉素组较阿霉素组G₀/G₁期比例增高($q = 0.10$, $P = 0.045$), S期比例减低($q = 2.24$, $P = 0.049$); 转染后72 h, 联合阿霉素组较阿霉素组G₀/G₁期比例同样增高($q = 4.50$, $P = 0.001$), S期比例减低($q = 2.48$, $P = 0.033$); 阴性组与空白组间未见统计学明显差异. 而G₂/M期比例, 各组间均未见统计学明显差异. 2.5.2 促进肝癌细胞凋亡: miRNA转染HepG2细胞48和72 h后, HepG2细胞凋亡率均明显增加(表5); 转染后48 h干扰组凋亡率为15.49%±0.99%, 阿霉素组凋亡率为15.91%±0.37%, 两者未见显著统计学差异, 而两者联合组凋亡率达27.33%±0.94%, 显著高于单用阿霉素组($q = 22.90$, $P<0.001$); 72 h联合组凋亡率呈现同样改变($q = 13.74$, $P<0.001$); 阴性组与空白组间未见显著统计学差异.

3 讨论

肝癌组织内HIF-1 α 表达水平异常升高, 肝癌组织及其周围组织中HIF-1 α 阳性表达呈棕黄色, 颗粒状, 主要定位于胞浆中, 部分位于胞核. 肝癌发生发展的早期阶段, HIF-1 α 在转录和蛋白

水平上过表达, 癌前和癌变阶段在基因和蛋白表达上呈动态梯度增高^[8]. 在人HCC癌灶组织中, 肿瘤坏死区周围及肿瘤浸润边缘HIF-1 α 表达增多; 癌旁组织中靠近肿瘤边缘被压扁的肝组织条索中及中央静脉周围HIF-1 α 表达明显, 癌周组织表达明显强于癌灶组织^[9], 提示HIF-1 α 表达增强与癌周围组织的增生活跃密切相关.

HIF-1 α 调控VEGF和Ang-2^[10,11]. 干扰HIF-1 α 后下调VEGF、Ang等, 显著抑制血管新生, 阻断肿瘤进展^[12]. 干扰HIF-1 α 后, 随时间延长, HepG2细胞凋亡率逐渐增加, 且G₁期细胞明显增多, S期细胞显著减少, 阻断细胞有丝分裂, 从而抑制细胞增殖. 斯钙素(STC-2)启动子序列含有2个HIF-1 α 的结合位点, HIF-1 α 介导STC-2过表达可上调cyclin D的表达, 推动细胞G₁/S期转变, HIF-1 α 下调后STC-2表达也随之下调^[13]. HIF-1 α 诱导髓样细胞因子、磷酸腺苷反应元件结合蛋白过表达, 降低Bax/Bcl-2比值, 抵抗凋亡; 干扰HIF-1 α 、bcl-2、bcl-xL下调, 抗凋亡能力减弱^[14].

HIF-1 α 可诱导癌细胞周围间质成纤维细胞发生自噬, 实体瘤内巨噬细胞大量浸润及局部缺氧, 缺氧促使巨噬细胞介导的T细胞功能抑制效应增强, 靶向干扰巨噬细胞中HIF-1 α , 明显抑制了移植瘤的生长^[15]. 丝氨酸/苏氨酸激酶

-15(STK-15)是细胞周期的重要调节因子、HIF-1 α 下游靶基因, 可编码一种中心体复制相关激酶, 并具高水平的酪氨酸激酶活性, 参与调节、G₂/M期转换等, 干扰HIF-1 α 后, STK-15明显减少^[16]。阻断HIF-1 α 活化, 可显著增强化疗敏感性, 抑制肿瘤生长。HIF-1 α 可上调多重耐药基因 $mdr1$, 下调Bax、caspase3表达, 抑制P53活性, 参与耐药形成; 干扰后可增强化疗药物诱导的凋亡, 逆转其化疗耐药^[17,18]。HIF-1下调后, 提高化疗敏感性, 抑制肿瘤形成^[19]。阿霉素联合干扰, 凋亡率明显比单组高, 表明沉默HIF-1 α 可显著提高化疗敏感性。

TAE或TACE是晚期不可手术肝癌患者的疗法, 可阻断肿瘤血供引起坏死、萎缩, 但因造成缺氧, 诱导HIF-1 α 、VEGF等过表达, 导致侧支循环建立, 癌细胞逃逸, 残余癌迅速膨胀, 终使治疗失败^[20]。联合HIF-1 α 沉默, 可逆转TAE致缺氧引起的HIF-1 α 、VEGF和增殖核抗原升高, 控制血管新生和癌细胞增殖, 抑制残余癌生长, 加强TAE疗效。且HIF-1 α 沉默, 可逆转放化疗耐受, 可作为一种辅助策略应用于肝癌的治疗, 具有应用前景^[21]。

4 参考文献

- 1 Yao DF, Jiang H, Yao M, Li YM, Gu WJ, Shen YC, Qiu LW, Wu W, Wu XH, Sai WL. Quantitative analysis of hepatic hypoxia-inducible factor-1alpha and its abnormal gene expression during the formation of hepatocellular carcinoma. *Hepatobiliary Pancreat Dis Int* 2009; 8: 407-413 [PMID: 19666411]
- 2 Raza SA, Clifford GM, Franceschi S. Worldwide variation in the relative importance of hepatitis B and hepatitis C viruses in hepatocellular carcinoma: a systematic review. *Br J Cancer* 2007; 96: 1127-1134 [PMID: 17406349 DOI: 10.1038/sj.bjc.6603649]
- 3 van Malenstein H, Verslype C, Windmolders P, van Eijnsden R, Nevens F, van Pelt J. Characterization of a cell culture model for clinically aggressive hepatocellular carcinoma induced by chronic hypoxia. *Cancer Lett* 2012; 315: 178-188 [PMID: 22088439 DOI: 10.1016/j.canlet.2011.09.039]
- 4 Xiang ZL, Zeng ZC, Fan J, Tang ZY, He J, Zeng HY, Chang JY. The expression of HIF-1 α in primary hepatocellular carcinoma and its correlation with radiotherapy response and clinical outcome. *Mol Biol Rep* 2012; 39: 2021-2029 [PMID: 21647551 DOI: 10.1007/s11033-011-0949-1]
- 5 Jiao M, Nan KJ. Activation of PI3 kinase/Akt/HIF-1 α pathway contributes to hypoxia-induced epithelial-mesenchymal transition and chemoresistance in hepatocellular carcinoma. *Int J Oncol* 2012; 40: 461-468 [PMID: 21922131]
- 6 Semenza GL. Oxygen sensing, homeostasis, and disease. *N Engl J Med* 2011; 365: 537-547 [PMID: 21830968 DOI: 10.1056/NEJMra1011165]
- 7 姚登福, 邱历伟, 吴玮, 姚宁华, 李姗姗, 卞银珠. 血管内皮生长因子动态表达及干预对肝细胞癌变的影响. *中华医学杂志* 2010; 90: 3014-3018
- 8 Li S, Yao D, Wang L, Wu W, Qiu L, Yao M, Yao N, Zhang H, Yu D, Ni Q. Expression characteristics of hypoxia-inducible factor-1 α and its clinical values in diagnosis and prognosis of hepatocellular carcinoma. *Hepat Mon* 2011; 11: 821-828 [PMID: 22224081]
- 9 Huang C, Ding G, Gu C, Zhou J, Kuang M, Ji Y, He Y, Kondo T, Fan J. Decreased selenium-binding protein 1 enhances glutathione peroxidase 1 activity and downregulates HIF-1 α to promote hepatocellular carcinoma invasiveness. *Clin Cancer Res* 2012; 18: 3042-3053 [PMID: 22512980 DOI: 10.1158/1078-0432.CCR-12-0183]
- 10 Sebastian J, Kieran D, Breen B, King MA, Netteland DF, Joyce D, Fitzpatrick SF, Taylor CT, Prehn JH. Angiogenin protects motoneurons against hypoxic injury. *Cell Death Differ* 2009; 16: 1238-1247 [PMID: 19444281 DOI: 10.1038/cdd.2009.52]
- 11 Simon MP, Tournaire R, Pouyssegur J. The angiopoietin-2 gene of endothelial cells is up-regulated in hypoxia by a HIF binding site located in its first intron and by the central factors GATA-2 and Ets-1. *J Cell Physiol* 2008; 217: 809-818 [PMID: 18720385 DOI: 10.1002/jcp.21558]
- 12 Kim TH, Hur EG, Kang SJ, Kim JA, Thapa D, Lee YM, Ku SK, Jung Y, Kwak MK. NRF2 blockade suppresses colon tumor angiogenesis by inhibiting hypoxia-induced activation of HIF-1 α . *Cancer Res* 2011; 71: 2260-2275 [PMID: 21278237 DOI: 10.1158/0008-5472.CAN-10-3007]
- 13 Chiche J, Rouleau M, Gounon P, Brahimi-Horn MC, Pouysségur J, Mazure NM. Hypoxic enlarged mitochondria protect cancer cells from apoptotic stimuli. *J Cell Physiol* 2010; 222: 648-657 [PMID: 19957303]
- 14 Torii S, Goto Y, Ishizawa T, Hoshi H, Goryo K, Yasumoto K, Fukumura H, Sogawa K. Pro-apoptotic activity of inhibitory PAS domain protein (IPAS), a negative regulator of HIF-1, through binding to pro-survival Bcl-2 family proteins. *Cell Death Differ* 2011; 18: 1711-1725 [PMID: 21546903 DOI: 10.1038/cdd.2011.47]
- 15 Thomas S, Harding MA, Smith SC, Overdevest JB, Nitz MD, Frierson HF, Tomlins SA, Kristiansen G, Theodorescu D. CD24 is an effector of HIF-1-driven primary tumor growth and metastasis. *Cancer Res* 2012; 72: 5600-5612 [PMID: 22926560 DOI: 10.1158/0008-5472.CAN-11-3666]
- 16 Klein A, Flügel D, Kietzmann T. Transcriptional regulation of serine/threonine kinase-15 (STK15) expression by hypoxia and HIF-1. *Mol Biol Cell* 2008; 19: 3667-3675 [PMID: 18562694 DOI: 10.1091/mbc.E08-01-0042]
- 17 Lau CK, Yang ZF, Ho DW, Ng MN, Yeoh GC, Poon RT, Fan ST. An Akt/hypoxia-inducible factor-1 α /platelet-derived growth factor-BB autocrine loop mediates hypoxia-induced chemoresistance in liver cancer cells and tumorigenic hepatic progenitor cells. *Clin Cancer Res* 2009; 15: 3462-3471 [PMID: 19447872 DOI: 10.1158/1078-0432.CCR-08-2127]
- 18 Brökers N, Le-Huu S, Vogel S, Hagos Y, Katschinski DM, Kleinschmidt M. Increased chemoresistance induced by inhibition of HIF-prolyl-hydroxylase domain enzymes. *Cancer Sci* 2010; 101: 129-136 [PMID: 19817749 DOI: 10.1111/j.1349-7006.2009.01367.x]
- 19 Kasuya K, Tsuchida A, Nagakawa Y, Suzuki M, Abe Y, Itoi T, Serizawa H, Nagao T, Shimazu M,

- 20 Aoki T. Hypoxia-inducible factor-1 α expression and gemcitabine chemotherapy for pancreatic cancer. *Oncol Rep* 2011; 26: 1399-1406 [PMID: 21922147]
- Chen C, Wang J, Liu R, Qian S. RNA interference of hypoxia-inducible factor-1 alpha improves the effects of transcatheter arterial embolization in rat liver tumors. *Tumour Biol* 2012; 33: 1095-1103 [PMID: 22407533 DOI: 10.1007/s13277-012-0349-8]
- 21 Sun X, Jiang H, Jiang X, Tan H, Meng Q, Sun B, Xu R, Krissansen GW. Antisense hypoxia-inducible factor-1alpha augments transcatheter arterial embolization in the treatment of hepatocellular carcinomas in rats. *Hum Gene Ther* 2009; 20: 314-324 [PMID: 19327024 DOI: 10.1089/hum.2008.164]

编辑 田滢 电编 鲁亚静



ISSN 1009-3079 (print) ISSN 2219-2859 (online) DOI: 10.11569 2013年版权归Baishideng所有

• 消息 •

《世界华人消化杂志》参考文献要求

本刊讯 本刊采用“顺序编码制”的著录方法,即以文中出现顺序用阿拉伯数字编号排序。提倡对国内同行近年已发表的相关研究论文给予充分的反映,并在文内引用处右上角加方括号注明角码。文中如列作者姓名,则需在“Pang等”的右上角注角码号;若正文中仅引用某文献中的论述,则在该论述的句末右上角注码号。如马连生^[1]报告……,潘伯荣等^[2-5]认为……;PCR方法敏感性高^[6-7]。文献序号作正文叙述时,用与正文同号的数字并排,如本实验方法见文献[8]。所引参考文献必须以近2-3年SCIE, PubMed,《中国科技论文统计源期刊》和《中文核心期刊要目总览》收录的学术类期刊为准,通常应只引用与其观点或数据密切相关的国内外期刊中的最新文献,包括世界华人消化杂志(<http://www.wjgnet.com/1009-3079/index.jsp>)和World Journal of Gastroenterology(<http://www.wjgnet.com/1007-9327/index.jsp>)。期刊:序号,作者(列出全体作者),文题,刊名,年,卷,起页-止页, PMID编号;书籍:序号,作者(列出全部),书名,卷次,版次,出版社,年,起页-止页。