

·实验研究 Experimental research·

微小核糖核酸-7 调控表皮细胞生长因子受体对肝癌细胞增殖和转移的影响

杨 鹏，何 洋，李 成，王黎洲，蒋天鹏，许国辉，周 石

【摘要】目的 探讨微小核糖核酸(miR)-7 是否通过靶向调控表皮细胞生长因子受体(EGFR)对人肝癌细胞侵袭和增殖产生影响。**方法** 传代培养 HepG2 人肝癌细胞,脂质体转染 miR-7 后使其表达上调或下调。荧光定量聚合酶链反应检测转染效率。蛋白印迹法检测 miR-7 上调或下调后肝癌细胞 EGFR 表达变化。溴化噻唑蓝四氮唑(MTT)法检测 miR-7 上调或下调后肝癌细胞增殖能力。划痕试验检测 miR-7 上调或下调后肝癌细胞迁移能力。**结果** 脂质体转染 HepG2 人肝癌细胞可控制 miR-7 表达,miR-7 表达与肝癌细胞 EGFR 表达呈负相关。miR-7 表达上调时,肝癌细胞增殖和迁移变慢;反之,miR-7 表达下调时,肝癌细胞增殖和迁移变快。**结论** miR-7 靶向调节 EGFR 表达,其表达与肝癌细胞增殖和迁移呈负相关。miR-7 可能是未来肝癌治疗新策略的潜在靶点。

【关键词】 肝癌；微小核糖核酸-7；表皮细胞生长因子受体；增殖；迁移

中图分类号:R735.7 文献标志码:A 文章编号:1008-794X(2021)-01-0043-05

The effect of microRNA-7 regulating epidermal growth factor receptor on the proliferation and metastasis of hepatocellular carcinoma cells YANG Peng, HE Yang, LI Cheng, WANG Lizhou, JIANG Tianpeng, XU Guohui, ZHOU Shi. College of Medical Imaging, Guizhou Medical University, Guiyang, Guizhou Province 550004, China

Corresponding author: ZHOU Shi, E-mail: 156722229@qq.com

[Abstract] **Objective** To clarify the effect of microRNA-7 (miR-7) on the invasion and proliferation of human hepatocellular carcinoma (HCC) cells through targeting regulation of epidermal growth factor receptor (EGFR). **Methods** Human HepG2 HCC cells were subcultured and miR-7 expression was up-regulated or down-regulated after miR-7 was transfected with liposome. The transfection efficiency of miR-7 expression was detected by real-time fluorescent quantitative polymerase chain reaction (PCR) method. The expressions of EGFR protein in HCC cells that were up-regulated or down-regulated by miR-7 were tested by Western Blot. MTT assay was used to test the proliferation ability of HCC cells that were up-regulated or down-regulated by miR-7. The migration ability of HCC cells that were up-regulated or down-regulated by miR-7 was checked by scratch test. **Results** The expression of miR-7 could be controlled by transfection of HepG2 HCC cells with liposomes, and the expression of miR-7 was negatively correlated with the expression of EGFR protein in HCC cells. When the expression of miR-7 was up-regulated, the proliferation and migration of HCC cells slowed down; on the contrary, when the expression of miR-7 was down-regulated, the proliferation and migration of HCC cells increased up. **Conclusion** MiR-7 can affect the expression of EGFR protein through targeting regulation, and the expression of EGFR bears a negative correlation with the proliferation and migration of HCC cells. Therefore, miR-7 may become a potential target for new therapeutic strategies for HCC in the future. (J Intervent Radiol, 2021, 30: 43-47)

[Key words] hepatocellular carcinoma; microRNA-7; epidermal growth factor receptor; proliferation; migration

DOI:10.3969/j.issn.1008-794X.2021.01.011

基金项目:国家自然科学基金(81960328)、四川省科技计划项目(2018JY0128)

作者单位:550004 贵阳 贵州医科大学影像学院(杨 鹏、何 洋、李 成、王黎洲、蒋天鹏、周 石);四川省肿瘤医院介入科(许国辉)

通信作者:周 石 E-mail: 156722229@qq.com

肝细胞肝癌(HCC)是发生在肝内胆管或肝细胞内恶性肿瘤主要类型,其治疗方案包括手术切除、介入治疗、放化疗、生物治疗、靶向药物治疗等^[1]。目前很多研究表明诸多癌症发生和发展与微小核糖核酸(microRNA, miRNA, miR)在体内表达增多有一定联系^[2],甚至限定某种特定 miR 表达增多,可能与某种特定癌症有着单一对象联系^[3]。其中不同 miRNA 又大致分为两种,一种起类癌基因作用,另一类起抑癌基因作用^[4]。有研究发现 miR-7 在肝癌、结肠癌、乳腺癌、肺癌中表达均有所下降,因此起到抑癌基因作用^[5-6],但具体作用机制未完全明确。表皮细胞生长因子受体(EGFR)可在大多数肿瘤中过度表达和/或突变,与肿瘤细胞增殖、侵袭和转移、血管生成密切相关^[7]。近年临床研究证实 EGFR 存在于许多实体瘤体中,其表达与 miR-7 表达有一定关联^[8]。因此,本研究探讨 miR-7 是否通过靶向调控肝癌细胞中 EGFR,进而对肝癌细胞增殖和侵袭转移产生影响,为其治疗新策略提供潜在靶点。

1 材料与方法

1.1 细胞培养

将 HepG2 人肝癌细胞株(美国菌种保藏中心 ATCC)置于 10% 胎牛血清(FBS)并加入 100 mg/mL 链霉素、100 U/mL 青霉素的 Roswell Park 纪念研究所(RPMI)培养基,在 37°C、5%CO₂ 培养箱中培养,观察细胞生长为 80% 时进行细胞传代。

1.2 细胞转染和荧光定量聚合酶链反应检测

在线数据库([Http://www.xnicromia.org/micromia/home.do](http://www.xnicromia.org/micromia/home.do))查找相应资料,确定 EGFR 是否为 miR-7 目的基因;从 Ensembl 网站查找 EGFR 基因序列,再将找到的条件合适的基因序列复制到 Primer designing tool 网站设计合适引物,方便为下一步聚合酶链反应(PCR)实验做准备。将 HepG2 人肝癌细胞分为 miR-7 上调组和 miR-7 下调组,其中上调组又分为激动剂组(mimic)、激动剂阴性对照组(mimic negative)、空白对照组(mock);下调组又分为抑制剂组(inhibitor)、抑制剂阴性对照组(inhibitor negative)、空白对照组(mock)。

在 6 孔细胞培养板中接种适当数量 HepG2 人肝癌细胞,密度为 30%~50%。准备 mimic-Lipo2000 混合液:稀释制备 micro RNA mimic 50 μL,稀释制备 Lipo2000 250 μL,室温孵育 5 min;二者混匀,室温孵育 20 min。将混合液加入培养孔中,37°C、CO₂

培养箱中培养,48~72 h 后测序。进入 Ensembl 网站查找 miR-7 基因序列,条件合适的基因序列复制至 Primer designing tool 网站设计合适引物。引物序列见表 1。

表 1 引物序列表

名称	序列
β-肌动蛋白 (actin)	上游:5'-AGTGTGCCGACCTCTTGATT-3' 下游:5'-AGTGSTGCGGCTTCAGATG-3'
EGFR	上游:5'-TAGGATCCGGTGAAGACTGCTGCCAAAC-3' 下游:5'-CGTCTAGAGCTAGTAAGGTGTGAAATGCTG-3'

取 TRIzol 裂解液(美国 Invitrogen 公司),按 1:0.2 比例加入氯仿,将混合后的 TRIzol 裂解液转移至离心管中,离心管中加入事先培养好的肝癌细胞,37°C 恒温水浴锅孵育 10 min,放入 4°C 离心机,10 000 r/min 离心 10 min。离心后取上层无色透明相,进行 RNA 沉淀。将无色透明相放入新 Eppendorf 管中,加入等体积异丙醇,37°C 恒温水浴锅孵育 10 min,随即放入 4°C 离心机,10 000 r/min 离心 10 min。弃上清,按 1:1.5 比例加入 TRIzol 裂解液和 75% 乙醇对蛋白进行清洗,放入 4°C 离心机,6 000 r/min 离心 5 min。采用紫外吸收法进行 RNA 质量检测,读取其在 260~280 nm 处吸收值。

1.3 蛋白印迹法检测 EGFR 表达

采用放射免疫沉淀测定(RIPA)裂解缓冲液(北京百泰克生物技术公司)从 HepG2 人肝癌细胞分离总蛋白。采用二辛可酸(BCA)测定试剂盒(美国 BioTek 公司)测定蛋白浓度。通过 10%十二烷基硫酸钠-聚丙烯酰胺(SDS-PAGE)(碧云天生物技术研究所)分级分离总蛋白(20 μg),转移至聚偏二氟乙烯(PVDF)膜(美国 Millipore 公司)。含 0.1%Tween 溶液的 Tris 缓冲 0.9%NaCl 溶液(TBST)和 10% 脱脂奶粉在室温下封闭 PVDF 膜 1 h,阻断非特异性位点。4°C 下将膜与小鼠抗人 EGFR 单克隆一抗(1:1 000,ab155944)和小鼠抗人 GADPH 单克隆一抗(1:1 000,ab9484,英国 Abcam 公司)孵育过夜。TBST 洗涤膜 3 次,并与山羊抗小鼠 IgG 辣根过氧化物酶偶联的二抗体(1:3 000,ab6789,英国 Abcam 公司)室温下再孵育 2 h。TBST 洗涤 3 次,采用增强的化学发光溶液(美国 Thermo Fisher 科技公司)使膜可视化。

1.4 溴化噻唑蓝四氮唑法实验

每组细胞转染 24 h 后,磷酸缓冲液(PBS)清洗一遍,选用胰酶消化细胞,进行细胞计数,按每 200 μL 含 200 个细胞计数铺 96 孔板,各组细胞铺 8 个复

孔,共 4 块 96 孔板,置于 37℃、CO₂ 培养箱中培养。设定 0 h、24 h、48 h、72 h 4 个时间点。在细胞 mRNA 或 siRNA 转染 48 h 后每孔加入溴化噻唑蓝四氮唑(MTT)溶液 20 μL,37℃孵育 4 h;弃上清,每孔加 150 μL 二甲基亚砜(DMSO)溶解(美国 Sigma-Aldrich 公司)10 min,采用酶联免疫吸附试验(ELISA)读数器(美国 BioTek 公司)检测 490 nm 处吸光度(OD),根据 OD 值计算细胞增殖率(细胞增殖率=每天细胞 MTT OD 值/0 d 细胞 MTT OD 值×100%)。

1.5 划痕试验

先用记号笔做好标志,每隔 0.5 cm 画一横线,每孔至少穿过 5 条线。HepG2 人细胞置于 CO₂ 饱和湿度培养箱中,定期更换培养液,37℃保温培养。将细胞接种在孔板中,待其生长至表面融合时,用无菌枪头在表层细胞上均匀划痕,随后用 PBS 轻柔洗涤。以 0 h、24 h、48 h 为时间点,观察不同时点细胞迁移情况,显微镜下观察并计数。

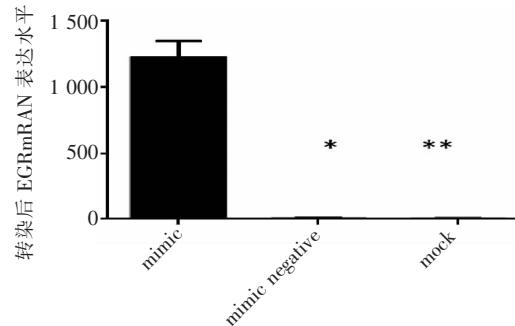
1.6 数据分析

采用 SPSS 19.0 软件对实验数据进行计算和分析,计量资料以均数±标准差($\bar{x}\pm s$)表示,计量资料及组间和组内比较用相关性分析检验,计数和等级资料分析用卡方检验和秩和检验。 $P<0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 细胞转染效率

荧光定量 PCR 证实,miR-7 经脂质体转染后在 HepG2 细胞内转染成功,EGFR mRNA 表达与 miR-7 呈负相关。mimic 组、mimic negative 组、mock 组 EGFR mRNA 表达量分别为 1213 ± 0.97 、 0.36 ± 0.12 、 0.58 ± 0.3 ; mimic 组与 mimic negative 组、mock 组相比,差异均有统计学意义($P<0.05$)。inhibitor 组、



* 与 mimic 组相比, $P<0.05$; ** 与 mimic 组相比, $P<0.01$;

inhibitor negative 组、mock 组 EGFR mRNA 表达量分别为 1.8 ± 0.56 、 0.44 ± 0.32 、 4.03 ± 0.76 ; inhibitor 组与 inhibitor negative 组、mock 组相比,差异均有统计学意义($P<0.05$),见图 1。

2.2 EGFR 表达

蛋白印迹法观察显示,miR-7 表达同样与 EGFR 表达呈负相关。在上调组,EGFR 在 mimic 组表达下调,mimic negative 组和 mock 组次之,在下调组,EGFR 在 inhibitor 组表达上调,mimic negative 组和 mock 组次之;mimic 组、mimic negative 组、mock 组 EGFR 平均光密度值表达量分别为 0.43 ± 0.03 、 0.28 ± 0.26 、 0.21 ± 0.04 ,mimic 组与 mimic negative 组、mock 组相比,差异均有统计学意义($P<0.05$);inhibitor 组、inhibitor negative 组、mock 组 EGFR 表达量分别为 0.21 ± 0.05 、 0.32 ± 0.02 、 0.19 ± 0.03 ,inhibitor 组与 inhibitor negative 组、mock 组相比,差异均有统计学意义($P<0.05$),见图 2。

2.3 miR-7 对肝癌细胞生长的影响

MTT 试验结果显示,在高表达组,随着 miR-7 表达上调,肝癌细胞增殖速度明显减慢;在低表达组,随着 miR-7 表达下调,肝癌细胞增殖速度明显增快,见表 2、图 3。

2.4 miR-7 对肝癌细胞侵袭速度的影响

划痕试验结果显示,在高表达组, mock 组划痕速度最快,随后依次为 mimic negative 组、mimic 组;在低表达组,inhibitor 组划痕速度最快,随后依次为 inhibitor negative 组、mock 组,见图 4。

3 讨论

肝癌具体发病机制有诸多可能,目前认为最根本发病机制当属原癌基因与抑癌基因关系失衡^[9-11]。有研究证实 miRNA 与原发性肝癌发展有着十分密切联系^[12]。EGFR、血管内皮生长因子受体

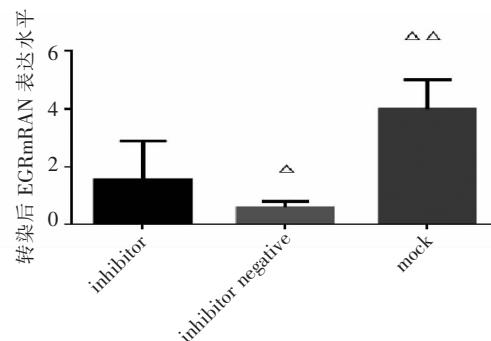
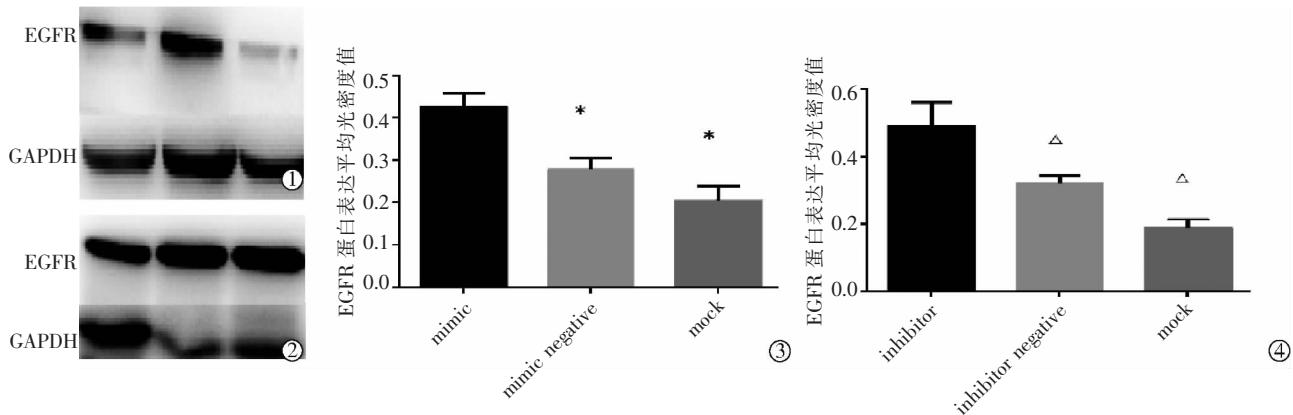


图 1 EGFR mRNA 在上调各组和下调各组转染情况



①EGFR 在 miR-7 上调组中表达(自左至右分别为 mimic 组、mimic negative 组、mock 组);②在 miR-7 下调组中表达(自左至右分别为 inhibitor 组、inhibitor negative 组、mock 组);③EGFR 在上调各组蛋白印迹检测结果;④在下调各组蛋白印迹检测结果

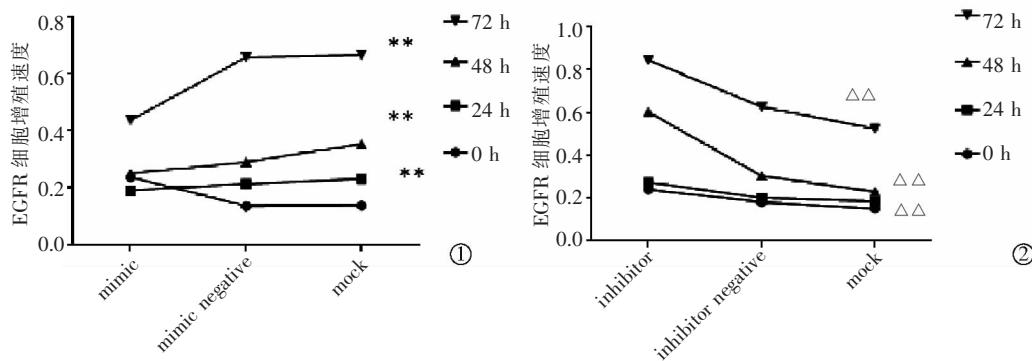
* 与 mimic 组相比, $P < 0.05$; △与 inhibitor 组相比, $P < 0.05$

图 2 EGFR 在 miR-7 中表达和蛋白印迹检测结果

表 2 不同组间肝癌细胞增殖速度

组别	0 h	24 h	48 h	72 h
高表达组				$\bar{x} \pm s$
mimic	0.145±0.376	0.180±0.342	0.227±0.384	0.434±0.394
mimic negative	0.133±0.235**	0.207±0.784**	0.267±0.483**	0.665±0.482**
mock	0.135±0.456**	0.208±0.383**	0.302±0.732**	0.665±0.722**
低表达组				
inhibitor	0.243±0.566	0.277±0.382	0.604±0.783	0.845±0.345
inhibitor negative	0.184±0.320△△	0.204±0.872△△	0.306±0.982△△	0.628±0.837△△
mock	0.154±0.273△△	0.187±0.823△△	0.233±0.739△△	0.526±0.642△△

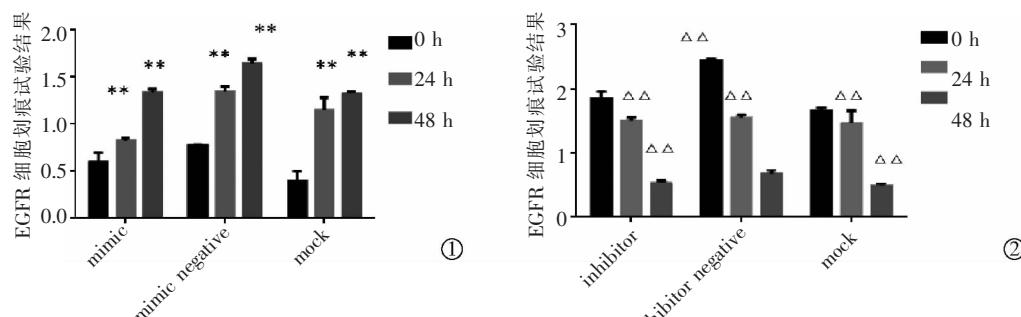
** 与 mimic 组相比, $P < 0.01$; △△与 inhibitor 组相比, $P < 0.01$



①高表达组;②低表达组

** 与 mimic 组相比, $P < 0.01$; △△与 inhibitor 组相比, $P < 0.01$

图 3 肝癌细胞在不同组间增殖速度



①高表达组;②低表达组

** 与 mimic 组相比, $P < 0.01$; △△与 inhibitor 组相比, $P < 0.01$

图 4 肝癌细胞在不同组中的侵袭速度

(VEGFR)、肝细胞生长因子受体、成纤维细胞生长因子受体等,尤其是 VEGFR,是目前公认的最有效的肝癌靶向药物^[13]。基于以上研究,本研究选择 EGFR 作为目的基因,通过相关调节因素 miRNA,观察是否能控制 EGFR 表达,进而从侧面印证 EGFR 可能作为肝癌治疗的一有意义靶点。

miRNA 家族中 miR-7,主要充当抑癌基因的作用。有研究显示,其具有控制肿瘤细胞生长、转移及抑制细胞分化的作用^[14]。miR-7 同时还与体内多条信号转导通路相关,通过参与不同通路过程对体内不同生物活动和内环境稳态进行调节^[15]。miR-7 可在包括肝癌、卵巢癌、胃癌、肺癌、乳腺癌、膀胱癌、胶质瘤、肠癌等多种肿瘤发展过程中起到关键作用^[15]。有研究显示,miR-7 可通过抑制 EGFR 表达抑制乳腺癌细胞增殖和迁徙^[16]。本研究发现 miR-7 在 HepG2 细胞转染成功后,荧光定量 PCR 检测显示 EGFR mRNA 表达量与 miR-7 呈负相关,蛋白印迹检测也证实 miR-7 表达与 EGFR 表达呈负相关,说明 EGFR 极有可能是原发性肝癌的关键基因之一;与之前报道^[16]不同的是,验证了 miR-7 同样可通过调控 EGFR 抑制肝癌细胞增殖和迁移。

近期有研究发现 miR-7 可改变黏着斑激酶磷酸化及基质金属蛋白酶表达,从而介导肝癌细胞浸润和转移^[17]。本研究通过 MTT 试验和划痕实验发现,miR-7 高表达 mimic 组中肝癌细胞增殖和转移速度明显低于阴性和空白对照组,miR-7 低表达 inhibitor 组中肝癌细胞增殖和转移速度明显高于阴性和空白对照组;表明肝癌细胞中 EGFR 表达对于细胞增殖和迁徙均有一定的调控作用,且受到内源性 miR-7 影响。

本研究结论认为,miR-7 可通过直接靶向调节 EGFR 蛋白表达,进而对肝癌细胞增殖和侵袭转移产生负相关调节影响,可能是未来肝癌治疗新策略的潜在靶点。

[参考文献]

- [1] 杨登科, 黄智, 张帅, 等. miR-23b 直接靶向 IL-11 抑制 SMMC-7721 细胞增殖研究[J]. 介入放射学杂志, 2019, 28: 358-366.
- [2] Li B, Liu L, Li X, et al. miR-503 suppresses metastasis of hepatocellular carcinoma cell by targeting PRMT1[J]. Biochem Biophys Res Commun, 2015, 464: 982-987.
- [3] Li J, Fang L, Yu W, et al. MicroRNA -125b suppresses the migration and invasion of hepatocellular carcinoma cells by targeting transcriptional coactivator with PDZ-binding motif[J]. Oncol Lett, 2015, 9: 1971-1975.
- [4] Zheng C, Li J, Wang Q, et al. MicroRNA -195 functions as a tumor suppressor by inhibiting CBX4 in hepatocellular carcinoma [J]. Oncol Rep, 2015, 33: 1115-1122.
- [5] Hansen TB, Kjems J, Damgaard CK. Circular RNA and miR -7 in cancer[J]. Cancer Res, 2013, 73: 5609-5612.
- [6] Wang F, Qiang Y, Zhu L, et al. MicroRNA-7 downregulates the oncogene VDAC1 to influence hepatocellular carcinoma proliferation and metastasis[J]. Tumour Biol, 2016, 37: 10235-10246.
- [7] Normanno N, De Luca A, Bianco C, et al. Epidermal growth factor receptor(EGFR) signaling in cancer[J]. Gene, 2006, 366: 2-16.
- [8] Caratelli S, Arriga R, Sconocchia T, et al. In vitro elimination of epidermal growth factor receptor-overexpressing cancer cells by CD32A-chimeric receptor T cells in combination with cetuximab or panitumumab[J]. Int J Cancer, 2020, 146: 236-247.
- [9] 赵静怡. 癌症与非编码 RNA(microRNA 与 lncRNA)关系网络的构建和分析[D]. 苏州: 苏州大学, 2017.
- [10] Song Y, He S, Zhuang J, et al. MicroRNA-601 serves as a potential tumor suppressor in hepatocellular carcinoma by directly targeting PIK3R3[J]. Mol Med Rep, 2019, 19: 2431-2439.
- [11] Yegin Z, Aydin O, Koc H, et al. Expression profiles of proto-oncogene TWIST1 and tumor metastasis suppressor gene LASS2 in bladder cancer[J]. Cell Mol Biol, 2018, 64: 66-73.
- [12] Karakatsanis A, Papaconstantinou I, Gazouli M, et al. Expression of microRNAs, miR-21, miR-31, miR-122, miR-145, miR-146a, miR-200c, miR-221, miR-222, and miR-223 in patients with hepatocellular carcinoma or intrahepatic cholangiocarcinoma and its prognostic significance[J]. Mol Carcinog, 2013, 52: 297-303.
- [13] Choi KJ, Baik IH, Ye SK, et al. Molecular targeted therapy for hepatocellular carcinoma: present status and future directions[J]. Biol Pharm Bull, 2015, 38: 986-991.
- [14] Xie J, Chen M, Zhou J, et al. miR-7 inhibits the invasion and metastasis of gastric cancer cells by suppressing epidermal growth factor receptor expression[J]. Oncol Rep, 2014, 31: 1715-1722.
- [15] Giles KM, Barker A, Zhang PM, et al. MicroRNA regulation of growth factor receptor signaling in human cancer cells[J]. Methods Mol Biol, 2011, 676: 147-163.
- [16] Cui YX, Bradbury R, Flaminio V, et al. MicroRNA-7 suppresses the homing and migration potential of human endothelial cells to highly metastatic human breast cancer cells[J]. Br J Cancer, 2017, 117: 89-101.
- [17] Liu L, Yang X, Li NF, et al. Circ_0015756 promotes proliferation, invasion and migration by microRNA-7-dependent inhibition of FAK in hepatocellular carcinoma[J]. Cell Cycle, 2019, 18: 2939-2953.

(收稿日期:2020-02-08)

(本文编辑:秋实)