

• 基础研究 •

人鸟苷酸结合蛋白 5 基因启动子核心调控区域的鉴定及其转录活性分析

叶婷^{1,2}, 杨康^{1,2}, 王田甜³, 廖玉娇⁴, 杜文倩⁴, 黄敏⁴, 蒋佩文^{1,2}, 李敏惠², 杨平^{1,5}

1. 成都医学院基础医学院, 四川成都 610500; 2. 成都医学院科研实验中心, 四川成都 610500;

3. 成都医学院生物科学与技术学院, 四川成都 610500; 4. 成都医学院药学院,

四川成都 610500; 5. 成都医学院教务处, 四川成都 610500

摘要: 目的 构建人鸟苷酸结合蛋白 5 (guanylate binding protein 5, GBP5) 基因启动子不同长度截短片段的荧光素酶报告基因质粒, 通过分析启动子不同截短片段的转录活性, 确定其核心调控区域。方法 PCR 扩增 GBP5 基因启动子序列, 将启动子序列截短为 5 个不同长度的片段, 连接至载体 pGL3-basic, 构建重组质粒 pGL3-GBP5-11 / 21 / 31 / 41 / 51。将各重组质粒转染至 293FT 细胞, 检测荧光素酶活性; 利用 JASPAR 软件预测 GBP5 启动子区域的转录因子结合位点, 依据预测结果选取靶向核心调控区域的阴阳转录因子 1 (Yin-Yang transcription factor 1, YY1) 进行转录调控活性验证; PCR 扩增 YY1 的 CDS 序列, 构建过表达质粒 pIRES2-EGFP-YY1; 将 pIRES2-EGFP-YY1、pGL3-GBP5-21 (-1 623 ~ +47 bp) 质粒与内参质粒 pRL-CMV 共转染至 293FT 细胞, 检测荧光素酶活性, 分析转录因子 YY1 对 GBP5 启动子活性的调控作用。结果 菌落 PCR、双酶切鉴定证明人 GBP5 基因启动子报告基因质粒构建正确; JASPAR 软件预测 GBP5 启动子区域存在 STAT1、YY1、Foxp3 等多个转录因子结合位点; 双荧光素酶活性检测结果显示, pGL3-GBP5-21 (-1 623 ~ +47 bp) 启动子活性最高, 而 pGL3-GBP5-41 (-520 ~ +47 bp) 启动子活性明显降低, 提示 GBP5 启动子核心区域位于 5'UTR 上游 -1 623 ~ -520 bp 区域; 过表达 YY1 能明显激活 GBP5 启动子活性, 调控 GBP5 表达。结论 人 GBP5 基因启动子的核心调控区域位于 GBP5 启动子 5'UTR 上游 -1 623 ~ -520 bp 区域, 该区域存在转录因子 YY1 结合位点, YY1 过表达能显著影响 GBP5 启动子活性。

关键词: 鸟苷酸结合蛋白 5; 启动子; 荧光素酶报告基因; 阴阳转录因子 1

中图分类号: R34 文献标识码: A 文章编号: 1004-5503(2023)02-0138-07

Identification and transcriptional activity analysis of core regulatory region of human guanylate binding protein 5 gene promoter

YE Ting^{*}, YANG Kang, WANG Tian-tian, LIAO Yu-jiao, DU Wen-qian, HUANG Min,
JIANG Pei-wen, LI Min-hui, YANG Ping

^{*}School of Basic Medicine, Chengdu Medical College, Chengdu 610500, Sichuan Province, China

Corresponding author: YANG Ping, E-mail: 920192655@qq.com;

LI Min-hui, E-mail: liminhui@cmc.edu.cn

Abstract: Objective To construct luciferase reporter plasmids of truncated fragments of different lengths of human guanylate binding protein 5 (GBP5) gene promoter and analyze the transcriptional activity of each fragment to determine the core regulatory region. Methods GBP5 promoter sequence was amplified by PCR, truncated into five fragments of different lengths and connected to pGL3-basic plasmid. The constructed recombinant plasmids pGL3-GBP5-11 / 21 / 31 / 41 / 51 were transfected into 293FT cells and detected for luciferase activity. The binding sites of transcription factors in GBP5 promoter region were predicted by JASPAR software, and Yin-Yang transcription factor 1 (YY1) targeting the core regulatory region was selected and verified for the transcriptional regulatory activity. The CDS sequence of YY1 was amplified by

基金项目: 四川省科技厅项目(2022NSFSC0690, 23NSFSC1243); 四川省发育与再生重点实验室开放项目(SYS20-06); 国家级大学生创新创业项目(202213705004, 202213705001)。

通信作者: 杨平, E-mail: 920192655@qq.com; 李敏惠, E-mail: liminhui@cmc.edu.cn

PCR to construct the overexpression plasmid pIRES2-EGFP-*YY1*, which was then co-transfected to 293FT cells with plasmids pGL3-*GBP5*-21 (-1 623 ~ +47 bp) and internal reference plasmid pRL-CMV, and detected for luciferase activity to analyze the regulation of transcription factor YY1 on *GBP5* promoter activity. **Results** Colony PCR and double enzyme digestion identification proved that the plasmid of human *GBP5* promoter reporter gene was correctly constructed; JASPAR software predicted that there were multiple transcription factor binding sites such as STAT1, YY1 and Foxp3 in *GBP5* promoter region. Double luciferase activity assay showed that pGL3-*GBP5*-21 (-1 623 ~ +47 bp) showed the highest promoter activity, while the promoter activity of pGL3-*GBP5*-41 (-520 ~ +47 bp) decreased significantly, suggesting that the core region of *GBP5* promoter was located at upstream -1 623 ~ -520 bp of 5'UTR; Overexpression of *YY1* significantly activated the *GBP5* promoter activity and regulated the expression of *GBP5*. **Conclusion** The core regulatory region of human *GBP5* promoter was located in upstream -1 623 ~ -520 bp of the 5'UTR, with a binding site of transcription factor YY1 existing in this region. Meanwhile, overexpression of *YY1* significantly effected the activity of *GBP5* promoter.

Keywords: Guanylate binding protein 5 (*GBP5*); Promoter; Luciferase reporter gene; Yin-Yang transcription factor 1 (*YY1*)

鸟苷酸结合蛋白(guanylate binding protein, GBP)是干扰素刺激基因(interferon stimulate gene, ISG)之一^[1]。人 GBP 家族有 7 个成员: GBP1 ~ 7, 具有多种生物学功能^[2]。研究显示, GBP5 在病原菌引起的炎症反应中起重要作用^[3]。感染后, 机体可通过调控 GBP5 的表达, 激活 Caspase-1 / 11 依赖的细胞炎性反应, 启动抗感染固有免疫应答^[4-6]。同时, GBP5 还具有广谱的抗病毒能力。甲型流感病毒感染宿主细胞后, 机体可通过激活转录因子 NF-κB 调控 *GBP5* 启动子活性, 诱导 GBP5 表达进而发挥其抗病毒生物学效应^[7]。基因的表达是一个涵盖 mRNA 转录、转录后修饰、蛋白质翻译等的复杂过程, 而转录因子的调控机制是其中重要环节。目前关于 *GBP5* 启动子核心区域的定位和相关转录因子的调控机制尚不清晰。基于此, 本研究通过构建人 *GBP5* 启动子荧光素酶报告基因质粒, 确定 *GBP5* 启动子核心区域, 筛选出可能调控其启动子活性的转录因子, 为进一步探究 GBP5 的生物学功能奠定理论基础。

1 材料与方法

1.1 细胞及质粒 人胚胎肾上皮细胞 293FT 购自美国 Invitrogen 公司; 质粒 pGL3-Basic、pGL3-Control 及海肾荧光素酶质粒 pRL-CMV 购自美国 Promega 公司; pIRES2-EGFP 质粒购自南京擎科生物公司。

1.2 主要试剂及仪器 胎牛血清、Opti-MEM 培养基、DMEM 基础培养基购自美国 Gibco 公司; 细胞基因组 DNA 提取试剂盒、琼脂糖凝胶回收试剂盒、无内毒素小剂量质粒 DNA 提取试剂盒、细胞总 RNA 提取试剂盒购自天根生化科技(北京)有限公司; Li-poD293 转染试剂购自美国 SignaGen 公司; *E. coli* DH5α、氨苄青霉素购自生工生物工程(上海)股份有限公司; PCR 反转录及扩增试剂盒、DL15000 和

DL2000 DNA marker、限制性内切酶 Hind III、BamH I 和 Xho I 以及 T4 DNA Ligase 购自日本 TaKaRa 公司; 双荧光素酶检测试剂盒购自美国 Promega 公司; 蛋白提取裂解液、蛋白酶抑制剂、BCA 蛋白定量试剂盒购自中国 Transgene 公司; 兔抗人 GBP5、GAPDH 单克隆抗体以及 HRP 标记的山羊抗兔 IgG 购自美国 CST 公司; PVDF 膜、ECL 显色液购自美国 Millipore 公司; Universal ProbeLibrary Set(Human Probes #1-#90)(Cat. No. 04683633001) 购自美国 Roche 公司; 全波长酶标仪(VICTOR-X) 购自美国 PerkinElmer 公司; 实时定量 PCR 仪(CFX96) 购自美国 Bio-Rad 公司。

1.3 生物信息学分析 通过 NCBI 数据库查询获得人 *GBP5*(ID: 115362) 基因组全长序列, 选取 *GBP5* 基因 5'UTR 区域上游 2 042 bp(-1 995 ~ +47 bp) 启动子序列, 利用在线网站 JASPAR (<http://jaspar.genereg.net/>) 对 *GBP5* 启动子区域转录因子结合位点进行预测分析。

1.4 目的基因序列的扩增 使用 Primer 5 软件设计引物, 引物序列见表 1, 引物由南京擎科生物科技有限公司合成。以提取的 293FT 细胞基因组 DNA 为模板, PCR 扩增获得不同长度的 *GBP5* 启动子片段和 *YY1* 基因序列, 用凝胶回收试剂盒纯化扩增产物。

1.5 人 *GBP5* 启动子序列重组质粒的构建 利用限制性内切酶 Hind III 和 Xho I 对 pGL3-basic 质粒和目的序列进行双酶切, 用 T4 连接酶将目的序列与质粒 DNA 按摩尔比 5 : 1 16 °C 连接过夜, 连接产物转化 *E. coli* DH5α, 涂布含 100 μg / mL 氨苄青霉素的 LB 琼脂平板, 37 °C 恒温培养箱倒置培养 16 h; 挑取单个阳性克隆进行菌落 PCR 鉴定。将鉴定正确的质粒转至含 100 μg / mL 氨苄青霉素的液体培养基中, 37 °C 摆菌 12 h; 用无内毒素质粒 DNA 提取试剂盒提取质粒, 并送至南京擎科生物科技有限公司测序。

表 1 GBP5 不同启动子片段 PCR 引物信息

Tab. 1 Primer sequences of different promoter fragments of GBP5 for PCR

| 引物 | 序列(5'→3') | 扩增片段大小(bp) | 酶切位点(斜体部分) |
|-----------|--------------------------------------|------------|------------|
| GBP5-11-L | <u>CCGCTCGAGTACTGAAACCTACTGCCAAG</u> | 2 042 | Xho I |
| GBP5-11-R | <u>CCCAGCTTAAGAGTGAAAGAACAAAGG</u> | | Hind III |
| GBP5-21-L | <u>CCGCTCGAGTTGGCTTCTATTCCCTACA</u> | 1 671 | Xho I |
| GBP5-21-R | <u>CCCAGCTTAAGAGTGAAAGAACAAAGG</u> | | Hind III |
| GBP5-31-L | <u>CCGCTCGAGTACCTCTTCTCCCGATTT</u> | 1 180 | Xho I |
| GBP5-31-R | <u>CCCAGCTTAAGAGTGAAAGAACAAAGG</u> | | Hind III |
| GBP5-41-L | <u>CCGCTCGAGCCAAGGACCGAGGAGTGCCA</u> | 567 | Xho I |
| GBP5-41-R | <u>CCCAGCTTAAGAGTGAAAGAACAAAGG</u> | | Hind III |
| GBP5-51-L | <u>CCGCTCGAGCCCTGTCAAAACAGACCA</u> | 166 | Xho I |
| GBP5-51-R | <u>CCCAGCTTAAGAGTGAAAGAACAAAGG</u> | | Hind III |
| YYI-L | <u>CCGCTCGAGATGCCCTCGGGCGACACCT</u> | 1 245 | Xho I |
| YYI-R | <u>CCCAGCTTCACTGGTTTTGGC</u> | | Hind III |

注:下划线部分为添加的保护碱基。

1.6 YY1过表达质粒的构建 用限制性内切酶 Hind III 和 Xho I 双酶切目的基因和 pIRES2-EGFP 质粒,用 T4 DNA 连接酶连接构建 YY1 过表达质粒 pIRES2-EGFP-YY1,方法同 1.5 项,经菌落 PCR 及双酶切鉴定后,提取质粒备用。

1.7 细胞转染 采用 LipoD293 试剂,具体方法参考试剂说明书进行。提前 18~24 h 将对数生长期的 293FT 细胞接种至 96 孔板中,2×10⁴个/孔,转染前 30~60 min 更换新鲜的完全培养基。每组设 3 个重复孔,按 10:1 的比例共转染各重组质粒和内参质粒 pRL-CMV,同时设阳性对照和阴性对照组,分别以相同的转染比例共转染包含 SV40 启动子和增强子序列的阳性对照质粒 pGL3-Control 和缺少真核启动子和增强子序列的阴性对照质粒 pGL3-Basic。

提前 18~24 h 将对数生长期的 293FT 细胞接种至 12 孔板中,3×10⁵个/孔,转染前 30~60 min 更换为新鲜的完全培养基,用 LipoD293 试剂将 YY1 过表达质粒转染至 293FT 细胞,设转染 pIRES2-EGFP 空载体质粒的对照组,48 h 后观察荧光表达情况。RT-qPCR 法检测过表达质粒转染后细胞中 YY1 mRNA 转录水平。使用 Roche 在线网站(roche.com)设计引物,引物序列见表 2,引物由南京擎科生物科技有限公司合成。采用 Taqman 探针法,进行 qPCR。反应条件为:95 °C 10 min;95 °C 10 s,60 °C 30 s,72 °C 10 s,共 40 个循环。以 GAPDH 的表达水平为标准进行相对定量,采用 2^{-ΔΔCq} 法分析 YY1 基因的表达倍数变化。

1.8 双荧光素酶活性检测 将重组质粒和对照质粒(pGL3-Basic、pGL3-Control)分别与内参质粒 pRL-CMV 共转染至 293FT 细胞 72 h 后,检测荧光素酶活

性。用全波长酶标仪检测萤火虫萤光素酶(A_{560})和海肾萤光素酶(A_{465})活性,分析启动子不同截短片段的转录活性。

表 2 RT-qPCR 引物序列及探针号

Tab. 2 Primer sequences and probe numbers of RT-qPCR

| 基因 | 序列(5'→3') |
|-------------|-------------------------------------|
| YYI-L | TGGAGAGAACTCACCTCCTGA |
| YYI-R | TCTTTAATTTCTGGCTTCATTC |
| YYI probe | 79# |
| GAPDH-L | <u>CCGCTCGAGTTGGCTTCTATTCCCTACA</u> |
| GAPDH-R | <u>CCCAGCTTAAGAGTGAAAGAACAAAGG</u> |
| GAPDH probe | 9# |

1.9 GBP5 蛋白表达的检测 采用 Western blot 法。用 LipoD293 试剂进行 YY1 过表达质粒转染,提前将对数生长期的 293FT 细胞接种至 6 孔板中,6×10⁵个/孔,转染前 30~60 min 更换为新鲜的完全培养基,转染 48 h 后,提取细胞总蛋白,BCA 法定量蛋白质浓度。取等量(50 μg)蛋白,经 12% SDS-PAGE 分离后,转印至 0.45 μm PVDF 膜上,5% 脱脂奶粉室温封闭 2 h;加入兔抗人 GBP5、GAPDH 单克隆抗体(均 1:1 000 稀释),4 °C 孵育过夜;TBST 洗涤 3 次,加入 HRP 标记的山羊抗兔 IgG(1:1 000 稀释),室温孵育 2 h;ECL 试剂盒显色,化学发光仪曝光成像。使用 Image Lab 软件进行图像分析,以 GAPDH 为内参。

1.10 统计学分析 所有试验均独立重复 3 次,计量资料以均数 ± 标准差($\bar{x} \pm s$)表示,使用 GraphPad Prism 7 软件进行统计学分析,多组与对照组的比较采用 Dunnett 检验和 One-way ANOVA 检验,两组间比

较采用非配对 *t* 检验, 以 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

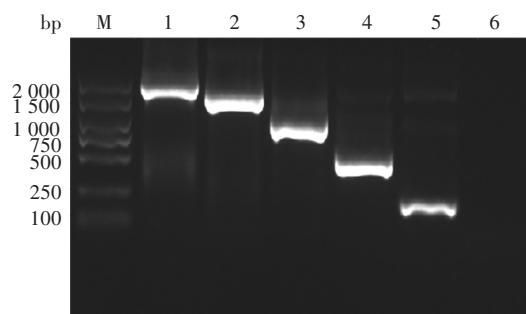
2 结果

2.1 *GBP5* 启动子区域转录因子结合位点预测分析 通过 NCBI 数据库查询获得人 *GBP5* (ID: 115362) 基因组全长序列, 选取 *GBP5* 基因 5'UTR 区域上游 2 042 bp (-1 995 ~ +47 bp) 启动子序列; JASPAR 在线软件预测结果显示, *GBP5* 启动子区域有多个转录因子结合位点, 其中 YY1、STAT1 和 FOXP3 的预测评分排序靠前(系统评分值均大于 5), 见表 3。

2.2 *GBP5* 启动子各截短片段重组质粒的鉴定 *GBP5* 启动子不同截短片段 PCR 产物经 1.5% 琼脂糖凝胶电泳分析, 分别可见 2 042、1 671、1 180、567 和 166 bp 的特异性条带, 大小与预期相符, 见图 1。双酶切重组质粒质粒 pGL3-*GBP5*-11、pGL3-*GBP5*-21、pGL3-*GBP5*-31、pGL3-*GBP5*-41、pGL3-*GBP5*-51 后, 经 1.5% 琼脂糖凝胶电泳分析, 各亚克隆片段大小正确, 见图 2。鉴定正确的质粒测序结果经 BLAST 比对, 插入片段与设计序列同源性达 100%。以上结果表明重组质粒构建正确。

2.3 *GBP5* 启动子活性双荧光素酶活性 结果显示, *GBP5* 启动子各质粒的荧光素酶活性均高于阴性对照组, 均具有启动子活性。相比阴性对照组, 质粒 pGL3-*GBP5*-21 启动子活性最高, 而 pGL3-*GBP5*-41 显著降低, 差异均有统计学意义(*t* 分别为 67.59 和 27.84, P 均 < 0.05), 见图 3。表明 *GBP5* 基因核心启动子区域为 5'UTR 上游 -1 623 ~ -520 bp, 当截短 *GBP5* 启动子 -1 061 ~ -520 bp 区域(转录因子 YY1 结合位点)后, 启动子活性明显降低, 提示在该区域的 YY1

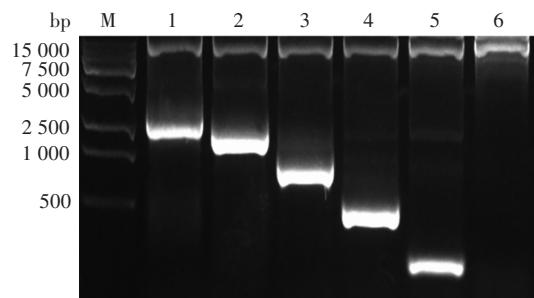
结合位点可能会显著影响 *GBP5* 启动子的活性。



M: DNA marker DL2000; 1 ~ 5: 分别为 2 042、1 671、1 180、567 和 166 bp 的截短片段; 6: 阴性对照。

图 1 *GBP5* 启动子截短片段 PCR 产物电泳图

Fig. 1 Electrophoretic profile of PCR products of *GBP5* promoter truncated fragments



M: DNA marker DL15000; 1 ~ 5: 分别为质粒 pGL3-*GBP5*-11、pGL3-*GBP5*-21、pGL3-*GBP5*-31、pGL3-*GBP5*-41 和 pGL3-*GBP5*-51 双酶切产物; 6: 质粒 pGL3-basic。

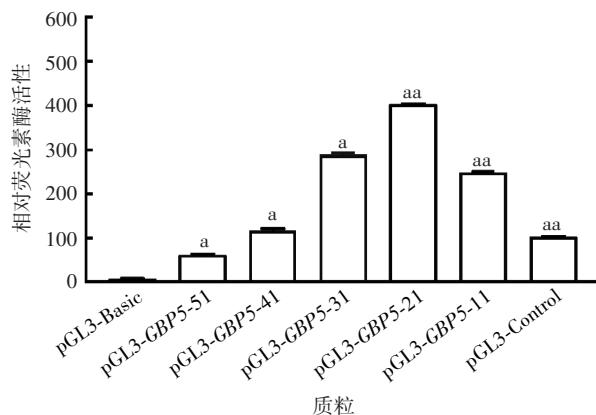
图 2 *GBP5* 启动子各片段重组质粒的双酶切(Hind III / Xho I)鉴定

Fig. 2 Restriction map of recombinant plasmids of *GBP5* promoter fragments (Hind III / Xho I)

表 3 JASPAR 软件转录因子预测结果

Tab. 3 Prediction result of transcription factor by JASPAR

| 编号 | 转录因子 | 评分 | 起始位点 | 终止位点 | 预测序列 |
|----------|-------|-----------|-------|-------|-----------------|
| MA0137.2 | STAT1 | 7.467 05 | 191 | 205 | CTCTTCTAGTAACAA |
| MA0137.3 | STAT1 | 9.108 17 | 193 | 203 | CTTCTAGTAAC |
| MA0095.1 | YY1 | 6.224 86 | 423 | 428 | TCCATA |
| MA0095.1 | YY1 | 7.219 34 | 701 | 706 | GCCATT |
| MA0095.1 | YY1 | 7.027 48 | 752 | 757 | ACCATG |
| MA0095.2 | YY1 | 6.322 34 | 811 | 822 | CAGGATGGTCTA |
| MA0095.1 | YY1 | 7.219 34 | 1 353 | 1 358 | GCCATG |
| MA0095.1 | YY1 | 7.219 34 | 1 398 | 1 403 | GCCATG |
| MA0095.1 | YY1 | 6.399 62 | 1 464 | 1 469 | CCCATC |
| MA0095.1 | YY1 | 6.224 86 | 1 468 | 1 473 | TCCATG |
| MA0850.1 | FOXP3 | 8.977 18 | 1 620 | 1 626 | GTAAATA |
| MA0850.1 | FOXP3 | 8.977 18 | 1 780 | 1 786 | GTAAATA |
| MA0850.1 | FOXP3 | 11.300 40 | 1 858 | 1 864 | GTAAACAA |



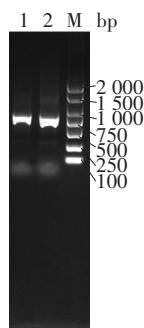
注:与阴性对照组相比,a表示 $P < 0.05$;aa表示 $P < 0.01$ 。

图3 GBP5启动子双荧光素酶活性检测

Fig. 3 Double luciferase activity assay of GBP5 promoter

2.4 转录因子YY1对GBP5启动子活性的影响

2.4.1 YY1过表达质粒的鉴定 PCR扩增产物经1.5%琼脂糖凝胶电泳分析,可见1 245 bp的特异性条带,大小与预期相符,见图4。质粒pIRES2-EGFP-YY1的双酶切产物经1%琼脂糖凝胶电泳分析,可见1 245 bp的目的基因片段和5 260 bp的载体片段,大小均与预期相符,见图5。



1,2:目的基因扩增产物;M:DNA marker DL2000。

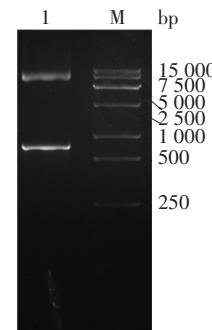
图4 YY1的CDS序列PCR产物电泳图

Fig. 4 Electrophoretic profile of PCR product of YY1 CDS sequence

2.4.2 YY1过表达质粒的鉴定 RT-qPCR结果显示,与对照组相比,质粒pIRES2-EGFP-YY1转染组细胞YY1基因mRNA转录水平升高约20 000倍,差异有统计学意义($t = 69.39, df = 2, P < 0.001$),表明质粒成功转染293FT细胞并过表达目的基因。倒置荧光显微镜下观察可见明显荧光表达,见图6。表明YY1瞬时过表达质粒构建成功。

2.4.3 YY1过表达质粒对GBP5启动子活性及其蛋白表达的影响 双荧光素酶活性分析结果显示,与pGL3-GBP5-21组比较,过表达YY1可显著激活GBP5启动子活性,差异有统计学意义($t = 19.95, df = 2, P < 0.001$),见图7。

$P < 0.001$),见图7。Western blot分析显示,过表达YY1可上调GBP5蛋白表达水平,见图8。表明YY1是调控GBP5表达的潜在转录因子。



1:pIRES2-EGFP-YY1质粒双酶切产物;M:DNA marker DL15000。

图5 质粒pIRES2-EGFP-YY1的双酶切(Hind III / Xho I)鉴定

Fig. 5 Restriction map of plasmid pIRES2 - EGFP - YY1 (Hind III / Xho I)

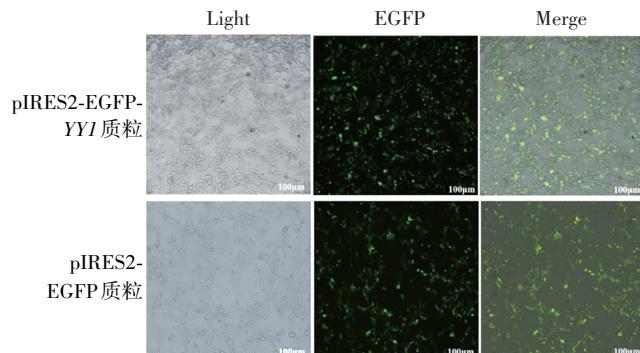
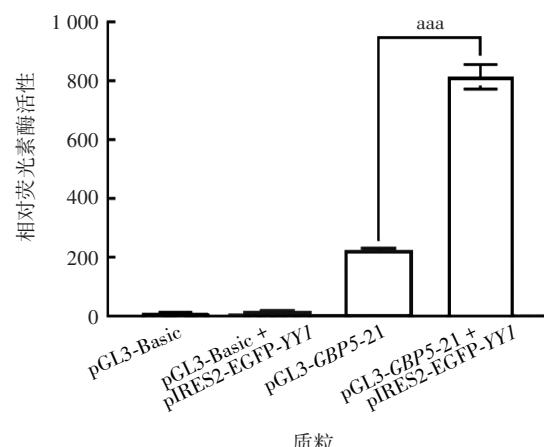


图6 质粒pIRES2-EGFP-YY1与pIRES2-EGFP分别转染293FT细胞48 h的荧光显微镜观察(标尺:100 μm)

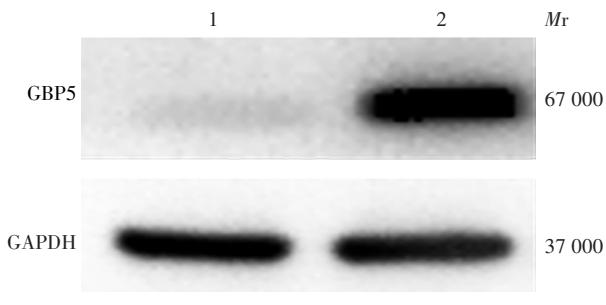
Fig. 6 Fluorescence microscopy of plasmids pIRES2-EGFP-YY1 and pIRES2 - EGFP 48 h after transfection to 293FT cells respectively (Scale bar: 100 μm)



注:aaa表示 $P < 0.001$ 。

图7 双荧光素酶活性分析过表达YY1对GBP5启动子活性的影响

Fig. 7 Effect of YY1 overexpression on GBP5 promoter activity analyzed by double luciferase activity



1:质粒 pIRES2-EGFP;2:质粒 pIRES2-EGFP-YY1。

图 8 Western blot 分析质粒 pIRES2 - EGFP - YY1 转染 293FT 细胞 48 h GBP5 蛋白表达水平

Fig. 8 Western blotting of GBP5 protein expression 48 h after pIRES2-EGFP-YY1 transfection to 293FT cells

3 讨 论

GBP5 作为病原体感染激活的相关效应分子,在机体免疫应答中发挥重要的生物学作用^[8]。研究报道,在弗朗西斯菌感染机体前期,GBP5 通过调控黑色素瘤缺乏因子 2 (absent in melanoma 2, AIM2) 炎性小体的组装,增强宿主对病原菌的抵抗能力^[9]。GBP5 是干扰素诱导巨噬细胞活化的标志物之一^[10],同时激活表达的 GBP5 也可参与调控干扰素通路、促进 ISG 的表达,从而抑制病毒的复制^[11]。

GBP5 基因启动子功能和特性的确定对进一步深入研究 GBP5 的生物学功能具有重要意义。启动子作为基因表达的“开关”,具有调控基因表达时间及强度的功能,而转录因子则是控制“开关”的把手,调控启动子活性。YY1 属于 GLI-Kruppel 锌指蛋白家族,是一种多功能转录因子,具有双重转录活性,参与调控多种基因的转录表达^[12-15]。由于所处环境和结合蛋白因子的不同,YY1 在调节基因表达时既可作为抑制因子,也可作为激活因子^[16-19]。已有研究发现,表皮生长因子受体(epidermal growth factor receptor, EGFR)介导 Src-p38 MAPK-YY1 信号通路的活化,诱导胶质瘤细胞中 GBP1 的表达,促进胶质瘤细胞生长^[20]。目前有关 YY1 结合 GBP5 启动子调控 GBP5 表达的生物学活性尚未见报道。本研究通过构建 GBP5 启动子不同截短片段的荧光素酶报告基因重组质粒,发现 GBP5 核心启动子区域位于 5'UTR 上游 -1 623 ~ -520 bp,同时过表达 YY1 后,重组质粒荧光素酶活性明显增强,表明 YY1 能影响 GBP5 的启动子活性,提示 YY1 是调控 GBP5 表达的潜在转录因子。本研究为深入阐明 GBP5 基因的表达调控机制奠定了基础,也为明确 GBP5 的生物学功能提供了实

验依据,后续将进一步探究 YY1 调控 GBP5 表达的相关信号通路。

参 考 文 献

- [1] TRETINA K, PARK E S, MAMINSKA A, et al. Interferon-induced guanylate-binding proteins: Guardians of host defense in health and disease [J]. *J Exp Med*, 2019, 216 (3): 482-500.
- [2] TRIPAL P, BAUER M, NASCHBERGER E, et al. Unique features of different members of the human guanylate-binding protein family [J]. *J Interferon Cytokine Res*, 2007, 27 (1): 44-52.
- [3] PILLA-MOFFETT D, BARBER M F, TAYLOR G A, et al. Interferon-inducible GTPases in host resistance, inflammation and disease [J]. *J Mol Biol*, 2016, 428 (17): 3495-3513.
- [4] RUPPER A C, CARDELLI J A. Induction of guanylate binding protein 5 by gamma interferon increases susceptibility to *Salmonella enterica* serovar *Typhimurium*-induced pyroptosis in RAW 264.7 cells [J]. *Infect Immun*, 2008, 76 (6): 2304-2315.
- [5] MATTA S K, PATTEN K, WANG Q, et al. NADPH oxidase and guanylate binding protein 5 restrict survival of avirulent type III strains of *Toxoplasma gondii* in naive macrophages [J]. *mBio*, 2018, 9 (4): e01393-18. DOI: 10.1128/mBio.01393-18.
- [6] CERQUEIRA D M, GOMES M T R, SILVA A L N, et al. Guanylate-binding protein 5 licenses caspase-11 for Gasdermin-D mediated host resistance to *Brucella abortus* infection [J]. *PLoS Pathog*, 2018, 14 (12): e1007519. DOI: 10.1371/journal.ppat.1007519.
- [7] FENG J, CAO Z, WANG L, et al. Inducible GBP5 mediates the antiviral response via interferon-related pathways during influenza A virus infection [J]. *J Innate Immun*, 2017, 9 (4): 419-435.
- [8] KIM B H, SHENOY A R, KUMAR P, et al. A family of IFN-gamma-inducible 65-kD GTPases protects against bacterial infection [J]. *Science*, 2011, 332 (6030): 717-721.
- [9] MEUNIER E, WALLET P, DREIER R F, et al. Guanylate-binding proteins promote activation of the AIM2 inflammasome during infection with *Francisella novicida* [J]. *Nat Immunol*, 2015, 16 (5): 476-484.
- [10] FUJIWARA Y, HIZUKURI Y, YAMASHIRO K, et al. Guanylate-binding protein 5 is a marker of interferon-gamma-induced classically activated macrophages [J]. *Clin Transl Immunol*, 2016, 5 (11): e111. DOI: 10.1038/cti.2016.59
- [11] HAQUE M, SIEGEL R J, FOX D A, et al. Interferon-stimulated GTPases in autoimmune and inflammatory diseases: promising role for the guanylate-binding protein (GBP) family [J]. *Rheumatology (Oxford)*, 2021, 60 (2): 494-506.

- [12] Cancer Discovery Editorial Staff. YY1 facilitates enhancer-promoter contacts to promote gene expression [J]. *Cancer Discov*, 2018, 8 (2): 135.
- [13] YANG P, LI J, PENG C, et al. TCONS_00012883 promotes proliferation and metastasis via DDX3 / YY1 / MMP1 / PI3K-AKT axis in colorectal cancer [J]. *Clin Transl Med*, 2020, 10 (6): e211. DOI: 10.1002 / ctm.2.211.
- [14] VERHEUL T C J, VAN HIJFTE L, PERENTHALER E, et al. The why of YY1: Mechanisms of transcriptional regulation by Yin Yang 1 [J]. *Front Cell Dev Biol*, 2020, 8: 592164.
- [15] KHACHIGIAN L M. The Yin and Yang of YY1 in tumor growth and suppression [J]. *Int J Cancer*, 2018, 143 (3): 460-465.
- [16] ZHANG X C, LIANG H F, LUO X D, et al. YY1 promotes IL-6 expression in LPS-stimulated BV2 microglial cells by interacting with p65 to promote transcriptional activation of IL-6 [J]. *Biochem Biophys Res Commun*, 2018, 502 (2): 269-275.
- [17] WU S, WANG H, LI Y, et al. Transcription factor YY1 promotes cell proliferation by directly activating the pentose phosphate pathway [J]. *Cancer Res*, 2018, 78 (16): 4549-4562.
- [18] WATERS M R, GUPTA A S, MOCKENHAUPT K, et al. RelB acts as a molecular switch driving chronic inflammation in glioblastoma multiforme [J]. *Oncogenesis*, 2019, 8 (6): 37.
- [19] MORALES-MARTINEZ M, VALENCIA-HIPOLITO A, VEGA G G, et al. Regulation of Krüppel-Like Factor 4 (KLF4) expression through the transcription factor Yin-Yang 1 (YY1) in non-Hodgkin B-cell lymphoma [J]. *Oncotarget*, 2019, 10 (22): 2173-2188.
- [20] LAN Q, WANG A, CHENG Y, et al. Guanylate binding protein-1 mediates EGFRvIII and promotes glioblastoma growth in vivo but not in vitro [J]. *Oncotarget*, 2016, 7 (9): 9680-9691.

收稿日期:2022-06-11 编辑:王佳凤

(上接第132页)

- [17] GAO Q, BAO L, MAO H, et al. Development of an inactivated vaccine candidate for SARS-CoV-2 [J]. *Science*, 2020, 369 (6499): 77-81.
- [18] WANG H, ZHANG Y, HUANG B, et al. Development of an inactivated vaccine candidate, BBIBP-CorV, with potent protection against SARS-CoV-2 [J]. *Cell*, 2020, 182 (3): 713-721.
- [19] LI H Y, WANG Z Y, PEI X F. Laboratory diagnosis of virus infection [M]. Beijing: People's medical publishing house, 2015: 54-56. (in Chinese)
李洪源, 王志玉, 裴晓方. 病毒学检验 [M]. 北京: 人民卫生出版社, 2015: 54-56.
- [20] AWADASSEID A, WU Y, TANAKA Y, et al. Current advances in the development of SARS-CoV-2 vaccines [J]. *Int J Biol Sci*, 2021, 17 (1): 8-19.
- [21] ZHANG J, HE Q, AN C, et al. Boosting with heterologous vaccines effectively improves protective immune responses of the inactivated SARS-CoV-2 vaccine [J]. *Emerg Microbes Infect*, 2021, 10 (1): 1598-1608.

- [22] LI J X, ZHU F C. Inactivated SARS-CoV-2 vaccine (BBV152)-induced protection against symptomatic COVID-19 [J]. *Lancet*, 2021, 398 (10317): 2134-2135.
- [23] DELRUE I, VERZELE D, MADDER A, et al. Inactivated virus vaccines from chemistry to prophylaxis: merits, risks and challenges [J]. *Expert Rev Vaccin*, 2012, 11 (6): 695-719.
- [24] KOZLOVSKAYA L I, PINIAEVA A N, IGNATYEV G M, et al. Long-term humoral immunogenicity, safety and protective efficacy of inactivated vaccine against COVID-19 (CoviVac) in pre-clinical studies [J]. *Emerg Microbes Infect*, 2021, 10 (1): 1790-1806.
- [25] OFFERSGAARD A, DUARTE HERNANDEZ C R, PIHL A F, et al. SARS-CoV-2 production in a scalable high cell density bioreactor [J]. *Vaccines (Basel)*, 2021, 9 (7): 706.

收稿日期:2022-07-16 编辑:何巍