网络出版时间: 2022 - 04 - 01 11:08 网络出版地址: https://kns.cnki.net/kcms/detail/34.1065. R. 20220330. 1418.012. html

# miR-1285 通过 YAP 对慢性粒细胞白血病 K562 细胞增殖、凋亡的影响及其作用机制

张红霞 吴广胜

摘要 目的 探讨 miR-1285 通过转录共激活因子 Yes 相关 蛋白 1(YAP1) 对慢性粒细胞白血病 K562 细胞增殖、凋亡的 影响及其可能的作用机制。方法 构建 miR-1285 的质粒, 使 K562 细胞过表达 miR-1285 及敲低 miR-1285 ,分为 miR-1285 mimics mimics control miR-1285 inhibitor inhibitor control 四组; 采用 qRT-PCR 法定量分析四组中 miR-1285 的表 达量,验证转染效率,利用 CCK8、Annexin V-FITC 方法检测 四组 K562 细胞的凋亡、增殖情况; 使用 Western blot 检测 YAP 及其下游分子表皮生长因子受体(EGFR)等变化 检测 凋亡相关分子 BAX、Bcl-2 蛋白表达变化。结果 敲低 miR-1285 后,可促进 K562 细胞的增殖 抑制凋亡, YAP 的表达升 高,下游分子 EGFR 表达相应升高,凋亡相关分子 BAX 降 低 ,而 Bcl-2 表达升高; 而过表达 miR-1285 后 ,K562 细胞增 殖减弱 凋亡增加 XAP 表达降低 ,下游分子 P-EGFR 表达降 低 ,凋亡分子 BAX 表达升高 ,而 Bcl-2 表达降低。结论 miR-1285 可通过抑制 YAP 的表达从而抑制慢性粒细胞白血 病 K562 细胞的增殖、促进凋亡 ,有望成为治疗慢性粒细胞白 血病的靶向分子。

关键词 miR-1285; YAP; 增殖; 凋亡中图分类号 R 557.1

文献标志码 A 文章编号 1000 - 1492(2022) 04 - 0569 - 05 doi: 10.19405/j. cnki. issn1000 - 1492.2022.04.012

慢性粒细胞性白血病( chronic myeloid leukemi-a , CML) 是一种骨髓增生性肿瘤 酪氨酸激酶抑制剂( tyrosine kinase inhibitors , TKI) 作为 CML 治疗的临床一线用药 ,仍有许多患者对 TKIs 发生耐药<sup>[1]</sup>。 CML 与 Wnt、Notch、Hippo 等信号通路的失调相关<sup>[2]</sup>。转录共激活因子 Yes 相关蛋白 1( Yes-associated protein 1 , YAP1) 是 Hippo 信号通路中的癌基因 在肿瘤发生中起着重要的作用<sup>[3]</sup>。 YAP 参与了

2022 - 03 - 07 接收

基金项目: 石河子大学 2021 年兵团财政科技计划项目(编号: 2021CA002); 石河子大学 2021 年度自主资助支持校级科研项目(编号: ZZZC202186)

作者单位: 石河子大学医学院第一附属医院血液科 石河子 832000 作者简介: 张红霞 汝 副主任医师;

吴广胜 ,男 ,教授 ,主任医师 ,硕士生导师 ,责任作者 ,E-mail: hematology@126.com

癌症恶性行为的维持<sup>[4-6]</sup>,有研究<sup>[7]</sup>显示抑制 YAP 的表达,CML 细胞生长减慢增加药物的敏感性,另有研究<sup>[8]</sup>表明 YAP 的磷酸化水平与 CML 细胞生长成正比。

近年来微小 RNA( microRNA miRNA) 在调控基因表达、肿瘤发生及发展发挥了重要作用<sup>[9]</sup>。 miR-1285 ,也称为 miR-1285-1 ,miR-1285-3p ,位于 7q21-q22 中<sup>[10]</sup>。 miR-1285 在多种癌症中发挥抑癌作用<sup>[11]</sup> ,而在 CML 中的作用尚不清楚。 CML 中许多microRNA 处于失衡状态 ,多项研究<sup>[12]</sup>证明这些 mi-croRNA 在调节白血病细胞的增殖、侵袭和转移方面发挥了重要作用,但是否会作用于 YAP 这条通路尚无有力证据。因此该研究主要侧重于 miR-1285 通过靶向 YAP 对慢性粒细胞白血病 K562 细胞的增殖、凋亡以及对其作用机制的初步探讨。

# 1 材料与方法

1.1 主要试剂 RNA 提取试剂盒、反转录试剂盒、SYBR Green 试剂盒(Thermo Fisher 公司),CCK8 检测试剂盒、细胞凋亡检测试剂盒(Abcam 公司),RI-PA 细胞裂液(BOSTER 公司),1%青链霉素、10% 胎牛血清(Gibco 公司),质粒(上海 Genepharma 公司)具体序列见表 1。

表1 质粒序列

 名称	序列
miR-1285 mimics	F: UCUGGGAACAAAGUGAGACCU
	R: GUCUCACUUUGUUGCCCAGAUU
mimics control	F: UUCUCCGAACGUGUCACGUTT
	R: ACGUGACGUUCGGAGAATT
miR-1285 inhibitor	AGGUCUCACUUUGUUGCCCAGA
inhibitor control	CAGUACUUUUGUGUAGUACAA

1.2 K562 细胞的制备 慢性粒细胞白血病 K562 细胞购于武汉普诺赛公司 ,使用含 1% 青链霉素 10% 胎牛血清的 DMEM 培养基培养 ,于 37% 含有 5%% CO<sub>2</sub> 的细胞培养箱中培养 ,每隔 24~h 进行更换培养基处理并 1:2 传代。选择对数期生长的细胞进行下一步实验细胞。质粒的转染使用 Lippo-

fectamine 3000 作为载体。

- 1.3 CCK-8 法检测 K562 细胞增殖情况 按  $5 \times 10^5$  /ml 密度将 K562 细胞种植在 24 孔板中并设置空白组 培养 12 h 后,每组设置 3 个对照组 将质粒与 K562 细胞共培养 48 h 与 72 h 后,每孔加入 25 µl CCK-8 试剂,避光 37 °C 条件中孵育 1.5 h,测定酶标仪在 450 nm 吸光度时的吸光度(A) 值,以此来计算细胞的增殖率。计算方法: 增殖率 = ( $A_{\text{实验组}}$   $A_{\text{空白组}}$ ) /( $A_{\text{对照4}}$   $A_{\text{空白4}}$ ) /( $A_{\text{DM4}}$   $A_{\text{CD4}}$ ) /( $A_{\text{CD4}}$   $A_{\text{CD4}}$
- 1.4 流式细胞仪检测 K562 细胞凋亡情况 按  $5 \times 10^5$  /ml 密度将 K562 细胞种植在 6 孔板中 按照 1.3 项处理后的 K562 细胞使用预冷的 PBS 冲洗干净后 加入胰酶消化后收集细胞 ,离心获得沉淀 ,使用 PBS 重悬细胞后分装 ,分别加入 PI 和 Annexin V-FITC 抗体后 ,设置对照组 避光情况下上机检测。
- 1.5 实时荧光定量 PCR 检测 K562 细胞中 miR-1285 的表达水平 按照 1.3 项处理后的 K562 细胞 ,TRIzol 法提取细胞中总 RNA ,调平后逆转录成 cDNA ,反应条件:  $37~\%~2~\min~42~\%~60~\min~70~\%~5~\min~4~\%~保存。将所得 cDNA 进行实时荧光定量 PCR ,所用 PCR 引物序列见表 <math>1$ 。扩增条件为:  $95~\%~10~\min~95~\%~15~s~60~\%~30~s~,循环次数 40~次。使用 <math>2^{-\Delta\Delta Ct}$ 计算公式得出 mRNA 的表达量。
- 1.6 Western blot 法测定蛋白表达量 按照 1.3 项处理后的 K562 细胞加入 RIPA 细胞裂解液 获取 K562 细胞中总蛋白样品 ,用 BCA 法检测上样蛋白浓度 调整蛋白浓度后使各组浓度一致,然后使用 SDS-聚丙烯酰胺凝胶电泳的方法分离蛋白并转移至 PVDF 膜,加入兔抗鼠单克隆抗体 YAP、P-EGFR、EGFR、BAX、Bel-2、GAPDH(稀释比 1:800) 于  $4^{\circ}$ C 条件下孵育 24 h 后,充分去除一抗并于常温条件下加入山羊抗兔二抗(稀释比 1:20000) 孵育 2 h,化学发光法检测各分子的蛋白表达情况,使用 Image J 软件处理灰度值并计算相对蛋白表达量。
- 1.7 统计学处理 使用 SPSS 21.0 进行统计分析,数据以均数  $\pm$  标准差 $(\bar{x} \pm s)$  表示。各组之间的差异用 t 检验进行比较,多组之间差异比较采用方差分析 P < 0.05 表示差异有统计学意义,所有实验至少独立进行 3 次。

## 2 结果

2.1 转染质粒后 **K562** 细胞内 **miR-1285 mRNA** 的 表达量 在转染后 48 h 检测细胞内 miR-1285 的表达量 ,与 mimics control 组比较 ,miR-1285 mimics 组

表达升高 ,与 inhibitor control 组比较 ,miR-I285 inhibitor 组表达下降(P < 0.05)。而 mimics control 组与 inhibitor control 组比较 ,差异无统计学意义(P > 0.05),见图 1。

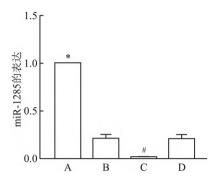


图 1 不同处理组 miR-1285 表达情况

A: mimics 组; B: mimics control 组; C: inhibitor 组; D: inhibitor control 组; 与 mimics control 组比较:  $^*$  P < 0.05; 与 inhibitor control 组比较:  $^*$  P < 0.05

2.2 过表达 miR-1285 后抑制 K562 细胞增殖 转染质粒 48 h,与 miR-1285 inhibitor 组比较 miR-1285 inhibitor 组、mimics control 组、mimics control 组、mimics control 组为可促进 K562 细胞增殖 (P < 0.05);而通过过表达 miR-1285 miR-1285 mimics 组较 mimics control 组增殖减弱 E 是有统计学意义 (P < 0.05)。在相同的 培养环境下 miR-1285 inhibitor 组细胞增殖明显高于 inhibitor control 组 (P < 0.05) ,见图 2 。

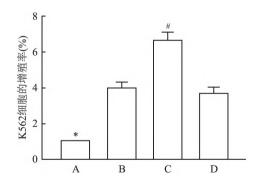
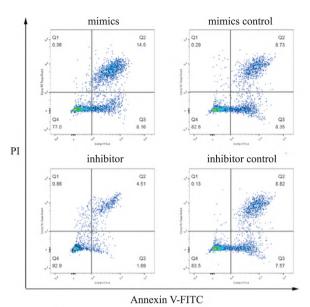


图 2 不同处理组 K562 细胞增殖情况

A: mimics 组; B: mimics control 组; C: inhibitor 组; D: inhibitor control 组; 与 mimics control 组比较:  $^*$  P < 0.05; 与 inhibitor control 组比较:  $^*P < 0.05$ 

2.3 过表达 miR-1285 后促进 K562 细胞凋亡 如图 3 所示 ,与 mimics control 组比较 ,miR-1285 mimics 组凋亡增加 ,差异有统计学意义(P < 0.05); 而与 inhibitor control 组比较 ,miR-1285 inhibitor 组的 凋亡比例降低 差异有统计学意义(P < 0.05); 通过

质粒转染的方法将 miR-1285 过表达后 ,与敲低组比较 ,K562 细胞的凋亡增加 ,差异有统计学意义( P < 0.05) 。



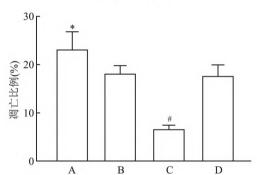


图 3 不同处理组 K562 细胞凋亡情况

A: mimics 组; B: mimics control 组; C: inhibitor 组; D: inhibitor control 组; 与 mimics control 组比较: \* P < 0.05; 与 inhibitor control 组比较: \*P < 0.05

# 2.4 凋亡相关分子 BAX、Bcl-2 的蛋白表达

Western blot 结果显示 ,与 mimics control 组比较 , mimics 组 BAX 升高 ,而 Bcl-2 降低 ,差异有统计学意义(P < 0.05); 而与 inhibitor control 组比较 ,miR-1285 inhibitor 组的 BAX 表达降低 ,而 Bcl-2 表达升高 ,差异有统计学意义(P < 0.05)。见图 4。

# 2.5 YAP 及 EGFR 下游相关分子的蛋白表达 Western blot 结果显示 过表达 miR-1285 后,YAP 的表达下降,而敲低 miR-1285 会使 YAP 的表达上升; 与 mimics control 组比较,miR-1285 mimics 组的 YAP、P-EGFR 表达量下降,差异有统计学意义(P < 0.05)。与 inhibitor control 组比较,miR-1285 inhibitor 组的 YAP、P-EGFR 表达量升高,差异有统计学意

义(P < 0.05)。各组之间 EGFR 未见明显变化 ,见 图 5。

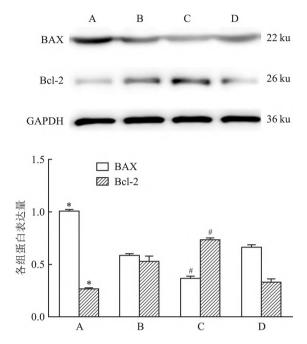
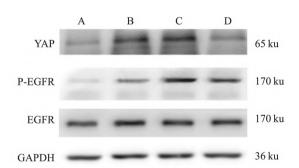


图 4 不同处理组 K562 凋亡相关蛋白 BAX、Bcl-2 表达情况

A: mimics 组; B: mimics control 组; C: inhibitor 组; D: inhibitor control 组; 与 mimics control 组比较:  $^*$  P < 0.05; 与 inhibitor control 组比较:  $^*$  P < 0.05



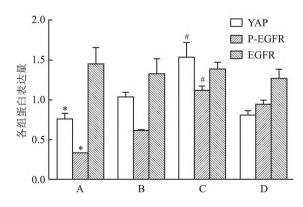


图 5 不同处理组 K562 细胞中 YAP、EGFR、P-EGFR 的表达情况

A: mimics 组; B: mimics control 组; C: inhibitor 组; D: inhibitor control 组; 与 mimics control 组比较:  $^*$  P < 0.05; 与 inhibitor control 组比较:  $^*$  P < 0.05

# 3 讨论

近年来关于 microRNA 的研究逐渐增多,其中在抑制肿瘤方面有较多发现。有研究[13] 显示在 CML 中使用 YAP 抑制剂维替泊芬可抑制其凋亡,促进增殖。本研究显示使用 miR-1285 质粒后,使 miR-1285 表达增加时, K562 细胞增殖减弱,而凋亡增加; 相同条件下使 miR-1285 下调后, K562 细胞出现增殖明显而抑制凋亡。这与 Huang et al [14] 在胰腺癌中发现 miR-1285 过表达后其抑制恶性生物学行为,可能是抑制了 YAP 的表达; 而使 miR-1285 降低时,可得到相反的结果。

通过过表达或敲低 miR-1285 ,可以观察到 K562 细胞中 miR-1285 表达升高及降低 ,与对照组相比 ,差异有统计学意义 ,证明可有效建立细胞模型。当过表达 miR-1285 后 ,与 inhibitor 组相比 ,K562 细胞凋亡增加 ,而使 miR-1285 表达降低时 ,细胞凋亡降低 ,可能是由于过表达 miR-1285 后可抑制 YAP 的表达从而使 K562 细胞增殖减弱 ,进而凋亡增加 ,当使 miR-1285 表达降低后对 YAP 的抑制作用减弱 ,YAP 表达增加 ,促进 K562 细胞的增殖 ,抑制凋亡。这与相关研究<sup>[13]</sup> 结果一致。CCK-8 法检测结果显示 ,过表达 miR-1285 后 ,K562 细胞增殖减弱 ,而敲低 miR-1285 后 ,可促进 miR-1285 的增殖 ,增殖结果与流式结果相一致;其原因也与上述一致 ,可能是由于抑制或促进 YAP 的表达进而影响了 K562 细胞的增殖。

对凋亡相关分子 BAX 与 Bcl-2 进行测定 ,结果显示 mimics 组 BAX 表达量升高 ,且明显高于其余三组 差异有统计学意义; 当抑制 miR-1285 后 ,BAX 的表达量较对照组下降 ,明显低于 mimics 组; 而与之对应的促增殖因子 Bcl-2 在 mimics 组中表达明显低于三组 ,而在 inhibitor 组中 Bcl-2 表达高于其余三组 ,差异均有统计学意义; 说明 miR-1286 可通过一系列信号通路作用于 K562 细胞的线粒体通路从而影响增殖与凋亡 ,过表达 miR-1285 后 ,细胞增殖能力减弱 ,可能是因为抑制了 Bcl-2 而促进 BAX 的表达 .通过线粒体通路来影响细胞增殖情况。而敲低 miR-1285 后 ,这种抑制作用减弱 ,对线粒体凋亡通路影响较小 ,因此促进细胞增殖。然而这种是通过何种机制来发挥作用的不得而知。

有研究[15] 显示 miR-1285 可通过 YAP 信号通路可调控卵巢癌的增殖、侵袭及转移。而另有一项研究[7] 证明 YAP 抑制剂可作用于 K562 细胞介导

Hippo 信号通路抑制增殖、促进凋亡。 miRNA 在 CML 中的研究较少,但 YAP 对 CML 的作用已有大 量研究[16] 证实 ,因此笔者猜想 miR-1285 是否也能 作用于 YAP 进而影响 K562 细胞的生物学行为,对 增殖、凋亡有何影响。本研究结果显示使 miR-1285 过表达后可抑制 YAP 的表达 通过对下游分子检测 P-EGFR 表达也下降,而非磷酸化的 EGFR 未见明 显变化; 当使 miR-1285 敲低后,这种抑制作用会减 弱 相比对照组 YAP 的表达升高,下游分子 P-EGFR 的表达随之升高,而相应的非磷酸化 EGFR 表达不 变 发生这种情况的原因可能是由于 miR-1285 作用 于 YAP 使表达降低 进而抑制对下游分子的激活作 用 使下游分子呈现出非磷酸化 ,而使 miR-1285 表 达降低后,这种抑制作用会降低,影响其他分子对 YAP 的抑制作用,使 YAP 表达升高,再通过一系列 信号通路影响 K562 细胞的线粒体凋亡通路 ,抑制 BAX 的表达 使 Bcl-2 的表达升高 促进增殖 抑制 凋亡。

综上所述,YAP的表达异常参与了多种肿瘤细胞及血液系统疾病的生物学行为进程,与疾病的预后和转归均密切相关。miR-1285又可以通过作用于YAP使YAP表达异常在CML细胞的增殖、凋亡方面发挥了重要作用。为后期研究microRNA在CML的作用机制提供思路,为后期靶向治疗提供新方向,可设计针对于CML的microRNA,为该病后期治疗提供一种新的靶向药物。

## 参考文献

- [1] Braun T P , Eide C A , Druker B J. Response and resistance to BCR-ABL1-targeted therapies [J]. Cancer Cell , 2020 , 37 (4): 530 42.
- [2] 曹真睿 陈晓鹏 胡 晶. 经典 Wnt 途径在慢性髓系白血病中的研究进展[J]. 中国实验血液学杂志 2020,28(1):350-3.
- [3] Moya I M , Halder G. Hippo-YAP/TAZ signalling in organ regeneration and regenerative medicine [J]. Nat Rev Mol Cell Biol , 2019 ,20(4): 211 26.
- [4] Huang C , Yuan W , Lai C , et al. EphA2-to-YAP pathway drives gastric cancer growth and therapy resistance [J]. Int J Cancer , 2020 , 146(7): 1937 49.
- [5] 邢孔芸,陈玉蓉,李 庆,等. YAP 基因对 HPV 感染宫颈癌 细胞  $TGF-\alpha$  及 EGFR 表达的调节作用 [J]. 安徽医科大学学 报 2020 55(11):1735-40.
- [6] 程如玉,韩 瑞,王尚华,等. YAP E-eadherin 和 Vimentin 在口腔鳞癌中的表达及临床意义[J]. 安徽医科大学学报 2018, 53(12):1964-7.
- [7] Li H, Huang Z, Gao M, et al. Inhibition of YAP suppresses CML cell proliferation and enhances efficacy of imatinib in vitro and in

- vivo[J]. J Exp Clin Cancer Res , 2016 , 35(1): 134.
- [8] Moriyama K, Hori T. BCR-ABL induces tyrosine phosphorylation of YAP leading to expression of Survivin and Cyclin D1 in chronic myeloid leukemia cells [J]. Int J Hematol, 2019, 110(5): 591 -8.
- [9] Lu T X , Rothenberg M E. MicroRNA [J]. J Allergy Clin Immunol , 2018 , 141(4): 1202 -7.
- [10] Hu X H, Dai J, Shang H L, et al. miR-1285-3p is a potential prognostic marker in human osteosarcoma and functions as a tumor suppressor by targeting YAP1 [J]. Cancer Biomark, 2019, 25 (1): 1-10.
- [11] Gao X , Wang Y , Zhao H , et al. Plasma miR-324-3p and miR-1285 as diagnostic and prognostic biomarkers for early stage lung squamous cell carcinoma[J]. Oncotarget , 2016 , 7 (37): 59664 -75.
- [12] Alves R , Gonçalves A C , Jorge J , et al. MicroRNA signature re-

- fine response prediction in CML [J]. Sci Rep , 2019 , 9 ( 1) : 9666.
- [13] 卢洪飞,张敏鸿,杨建琼,等. YAP 抑制剂对慢性粒细胞白血病 K562 细胞增殖,凋亡的影响[J]. 中国老年学杂志,2021,41(1):144-7.
- [14] Huang H, Xiong G, Shen P, et al. MicroRNA-1285 inhibits malignant biological behaviors of human pancreatic cancer cells by negative regulation of YAP1 [J]. Neoplasma, 2017, 64(3): 358-66.
- [15] Zhang Y , Ruan F. LncRNA LEF1-AS1 promotes ovarian cancer development through interacting with miR-1285-3p [J]. Cancer Manag Res , 2020 , 12: 687 - 94.
- [16] Marsola A, Simões BP, Palma LC, et al. Expression of Hippo signaling pathway and Aurora kinase genes in chronic myeloid leukemia [J]. Med Oncol, 2018, 35(3): 26.

# Study of miR-1285 on the proliferation, apoptosis and mechanism of chronic myeloid leukemia K562 cells through YAP

Zhang Hongxia, Wu Guangsheng

( Dept of Hematology , The First Affiliated Hospital of Shihezi University Medical College , Shihezi 832000)

Abstract Objective To study the miR-1285 through Yes-associated protein 1 (YAP1) on the proliferation , apoptosis and mechanism of chronic myelogenous leukemia K562 cells. *Methods* The plasmid of miR-1285 was constructed to make K562 cells overexpress miR-1285 and knock down miR-1285. They were divided into four groups: miR-1285 mimics, mimics control, miR-1285 inhibitor, and inhibitor control; qRT-PCR was used to quantitatively analyze the expression of miR-1285 of these four groups. The expression level of miR-1285 in the group was used to verify the transfection efficiency. The apoptosis and proliferation of the four groups were detected by CCK-8 and Annexin V-FITC; the changes of YAP and its downstream molecule epidermal growth factor receptor (EGFR) were detected by Western blot, and apoptosis related molecules BAX, Bcl-2 protein expression was detected. Results After knock down miR-1285, it can promote the proliferation of K562 cells and inhibit apoptosis. The expression of YAP increased , the expression of downstream molecule EGFR increased correspondingly , the expression of apoptosis-related molecule BAX decreased, and the expression of Bcl-2 increased; After expressing miR-1285, K562 cell proliferation decreased , apoptosis increased , YAP expression decreased , downstream molecule P-EGFR expression decreased, apoptosis molecule BAX expression increased, and Bcl-2 expression decreased. Conclusion 1285 can inhibit the proliferation and promote apoptosis of K562 cells of chronic myelogenous leukemia by inhibiting the expression of YAP. It is expected to become a targeted molecule for the treatment of chronic myelogenous leukemia.

**Key words** miR-1285; YAP; proliferation; apoptosis