

[文章编号] 1000-4718(2005)10-1905-04

RUNX3 基因 364 位点 C→T 突变与胃癌关系的研究

胡胜¹, 宋启斌¹, 柯玉华¹, 胡品津², 曾志荣²(¹湖北省肿瘤医院, 湖北 武汉 430079; ²中山大学附属第一医院, 广东 广州 510080)

[摘要] 目的:研究 *RUNX3* 基因 C364T 突变在我国胃癌高、低发区普通人群和胃癌患者中的分布, *H. pylori* 感染者胃粘膜的 *RUNX3* 基因 C364T 突变率, 探讨此突变与我国胃癌发生的关系。方法:采用 PCR - 限制性片段长度多态性(RFLP)分析法检测胃癌高发区 169 名普通人、86 例胃癌患者和胃癌低发区 192 名普通人和 92 例胃癌患者的 *RUNX3* 基因多态性。同时比较胃癌低发区普通人胃粘膜 *H. pylori* 阳性和阴性者的 *RUNX3* 突变率。结果:在胃癌高、低发区, 胃癌患者 *RUNX3* 基因 C364T 突变频率与普通人群无显著差异 ($\chi^2 = 0.57$ 和 0.16, $P > 0.05$)。与肿瘤类型也无明显关系。低发区 *H. pylori* 阳性者粘膜中, *RUNX3* 基因突变率也无显著增高。结论: *RUNX3* 基因 C364T 突变可能不是我国胃癌高、低发区胃癌的遗传易感因素。而且 *H. pylori* 感染导致胃癌形成可能不由 *RUNX3* 基因 C364T 突变参与。

[关键词] 基因, Runx3; 突变; 幽门螺杆菌; 胃肿瘤

[中图分类号] R363

[文献标识码] A

Relationship between *RUNX3* gene 364 locus C→T mutation and gastric cancer in Chinese

HU Sheng¹, SONG Qi-bin¹, KE Yu-hua¹, HU Pin-jin², ZENG Zhi-rong²(¹The Oncology Hospital of Hubei Province, Wuhan 430079, China; ²The First Affiliated Hospital of Sun Yat-sen University, Guangzhou 510080, China)

[ABSTRACT] AIM: To study the frequency difference of *RUNX3* gene 364 locus C→T mutation between normal people (controls) and gastric cancer (GC) patients, and mutation in gastric mucosa of subjects with *H. pylori* infection. METHODS: Genomic DNA was extracted from peripheral blood and gastric mucosal biopsy specimens of normal people and GC patients in lower or higher prevalence region. Gene mutation was analyzed by PCR - RFLP. RESULTS: The frequency of *RUNX3* T/T genotype was no significant difference between controls and GC in lower ($\chi^2 = 0.57$, $P > 0.05$) or higher prevalence region ($\chi^2 = 0.16$, $P > 0.05$). A higher mutation rate in mucosal tissue infected with *H. pylori* was not discovered. CONCLUSION: *RUNX3* gene C364T mutation may be not a genetic susceptibility to GC in Chinese. The mutation is impossibly involved in the pathway of *H. pylori* infection resulting in gastric carcinoma.

[KEY WORDS] Genes, Runx3; Mutation; *H. pylori*; Stomach neoplasms

哺乳动物存在 3 种 Runt 相关基因 *RUNX1*, *RUNX2* 和 *RUNX3*。人类 *RUNX3* 基因位于 1 号染色体(1p36.11 – p36.13), 其翻译蛋白为 415 氨基酸的 2 聚体^[1]。

Li 等^[2]发现, *RUNX3* 基因敲除小鼠(*RUNX3*^{-/-})胃壁 2 倍厚于野生型小鼠, 提示 *RUNX3* 基因敲除可刺激胃粘膜细胞增殖和凋亡; 而且这种增殖和凋亡过程不受转化生长因子(transforming growth factor, TGF)-β1 的抑制。Li 等进一步研究 *RUNX3* 基因与胃癌的关系表明, 人类胃癌细胞中 *RUNX3* 基因存在

明显的非整倍性和杂合丢失(loss of hemizygous, LOH), 而且 LOH 与肿瘤的分期存在联系。15 种胃癌细胞系中 7(47%) 种几乎不存在 *RUNX3* 表达, 而临床标本则高达 60%。*RUNX3* 的下调在肿瘤早期阶段(肠上皮化生)即存在, 提示 *RUNX3* 具有肿瘤抑制作用。

Li 等^[2]还发现, *RUNX3* 基因 364 位点 C→T 的突变可导致进化保守的 Runt 区域半胱氨酸代替精氨酸(R122C), *RUNX3* 结构改变使其肿瘤抑制作用消失。但此突变是否为单核苷酸多态性, 是否与幽门螺杆

[收稿日期] 2004-02-26

[修回日期] 2004-05-12

E-mail: ehusmn@163.com

菌(*H. pylori*)感染有关尚不清楚,因此本研究拟探讨RUNX3基因364位点C→T的突变与我国胃癌发生的关系。

材料和方法

1 研究对象

1.1 普通人群 胃癌低发区广东省(胃癌死亡率为男性=7.9/1×10⁵,女性=3.5/1×10⁵^[3])普通人群192名,均为随机选取的中山大学医学院广东籍学生,其中男73人,女119人,平均年龄(21.30±1.42)岁(19~24岁)。胃癌高发区陕西省(胃癌死亡率为男性=23.6/1×10⁵,女性=12.8/1×10⁵^[3])普通人群169名,为随机选取的西安交通大学医学院陕西籍学生,其中男61名,女108名,平均年龄(21.80±1.95)岁(19~24岁)。两地区普通人群之间和胃癌患者之间的年龄($P>0.05$)、性别无明显差异($P>0.05$),均为汉族。普通人群系无胃病史、无系统性红斑狼疮、糖尿病、类风湿性关节炎、炎症性肠病病史,排除胃癌家族史。

255名广东籍学生(包括第1部分的对照人群192名),其中男132人,女123人,平均年龄(21.4±1.5)岁(19~24岁),进行*H. pylori*抗体测定,然后随机选取117名(*H. pylori*阳性47名、*H. pylori*阴性70名)学生进行胃镜检查。胃镜取胃粘膜组织如下:胃窦、胃体各2块供RUNX3基因突变检测。

1.2 胃癌患者 胃癌低发区92例胃癌患者,男51例,女41例,平均年龄(56.1±14.2)岁(31~87岁)。为中山大学附属第一医院于2001年6月至2002年4月住院或门诊的胃癌患者。

胃癌高发区86例胃癌患者,男55例,女31例,平均年龄(60.8±10.2)岁(30~75岁)。为西安交通大学附属第一、第二医院、第四军医大学附属西京医院于2001年7月至2002年5月住院或门诊的胃癌患者。两地区胃癌患者之间的年龄($P>0.05$)、性别无明显差异($P>0.05$),均为汉族。胃癌的诊断均经内镜检查或/和手术后病理证实,贲门癌、不典型增生、转移癌、粘膜相关淋巴组织(mucosa-associated lymphoid tissue, MALT)淋巴瘤和平滑肌瘤除外。胃癌的病理分型依据Lauren^[4]标准,肠型胃癌:主要为高分化管状腺癌和乳头状腺癌,形态似大肠癌,组织化学染色AB(A、B antigen)抗原(+);弥漫型胃癌:癌细胞分化较低,不呈腺管或仅有腺样趋势,呈浸润性生长。

2 RUNX3基因多态性的检测

2.1 基因组DNA的提取 取静脉血1mL,采用6 mol/L的碘化钠(NaI)200μL,氯仿:异戊醇(400μL)提取100μL外周抗凝血白细胞基因组DNA。胃粘膜DNA使用Trizol(Invitrogen, Lifetech)+乙醇提取(按产品说明书操作,略有改动, www.lifetech.com)。

2.2 PCR扩增 PCR反应条件为:94℃预变性10 min, 94℃变性30 s, 65℃退火30 s, 72℃延伸30 s×5个循环;94℃变性30 s, 60℃退火30 s, 72℃延伸30 s×30个循环;94℃变性30 s, 55℃退火30 s, 72℃延伸30 s×5个循环, 72℃引伸7 min。引物序列P₁(GenBank登录号NM_004350,位点288~307)5'-cagggtggggattgggga-3', P₂(位点464~483)5'-caat-gctgaaatggggagge-3',扩增产物为196 bp。反应体系50μL,含1.5 U Taq酶(TaKaRa)、10 mmol/L Tris-HCl, 50 μmol/L KCl, 1.5 mmol/L MgCl₂, 200 μmol/L的dATP、dTTP、dGTP、dCTP以及引物80 ng。

2.3 限制性内切酶消化RUNX3扩增片段 RUNX3 364位点存在Nsbl(识别序列为TGC▼GCA,位于362~367序列)酶切位点,将扩增产物用苯酚、氯仿和异戊醇(25:24:1)纯化,然后在20μL反应体系中用Nsbl 30℃消化3 h。RUNX3T/T基因型不能被Nsbl酶切,而C/C型能被切为110 bp和86 bp两片段,C/T基因型则为196 bp、110 bp和86 bp3种产物。

RUNX3基因的酶切产物以3.0%琼脂糖凝胶电泳,为100 V 25 min,然后0.5 mg/L溴乙锭染色,在紫外灯下观察结果,如图1。

3 *H. pylori*抗体测定

使用酶联免疫吸附法(enzyme-linked immunosorbent assay, ELISA)检测*H. pylori* IgG抗体^[3],所有标本均检测双份,并使用内参照。在450 nm的酶标仪上读取吸光度值(absorbency value, A),依据A值作出标准曲线,在标准曲线上读取对应的*H. pylori* IgG浓度值。*H. pylori* IgG>20 kU/L为阳性。检测步骤按BioChek公司说明书进行。

4 统计学处理

计量资料以 $\bar{x}\pm s$ 表示,计数资料的比较和基因型Hardy-Weinberg平衡采用 χ^2 检验和精确概率法。

各组人群率的标准化依据2000年人口普查数据,其中男性为51.63%;女性为48.37%^[5]。均数的比较采用t检验或ANOVA。风险因素OR值及95%的可信区间采用Logistic回归分析,数据处理采用SPSS 10.0统计软件(SSPS Inc.)。

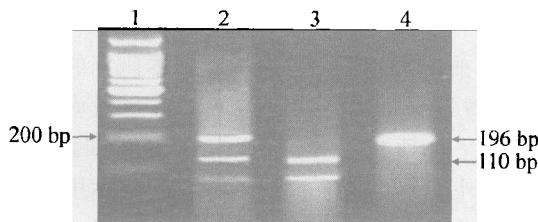


Fig 1 *RUNX3* gene polymorphism. Lane 1: a standard DNA ladder; Lane 2: C/T genotype; Lane 3: C/C genotype; Lane 4: T/T genotype.

图 1 *RUNX3* 各基因型的电泳结果

结 果

1 胃癌高、低发区胃癌和普通人群 *RUNX3* 各基因型频率分布及比较

在胃癌低发区, *RUNX3* 基因 364 位点 T/T 基因型频率(性别配对)在普通人群和胃癌患者之间无显著差异。同样在胃癌高发区, 普通人群和胃癌患者

的 T/T 基因型频率也是相似的。胃癌高、低发区之间, 普通人群的 T/T 基因型频率也无明显差异(表 1)。

2 不同病理类型与 *RUNX3* 基因 364 位点 C→T 的突变的关系

低发区肠型胃癌占 82.6% (76/92), 高发区肠型胃癌占 70.9% (61/86), 比较无明显差异($\chi^2 = 0.7, P = 0.4$)。低发区和高发区肠型胃癌患者中, *RUNX3* 基因 T/T 基因型频率与普通人群一致(图 2), $\chi^2 = 0.94$ 和 0.70, 均 $P > 0.05$ 。提示在胃癌高、低发区, 即使按病理分型, *RUNX3* 基因多态性也与胃癌发生无关。

3 *H. pylori* 感染与 *RUNX3* 基因 364 位点 C→T 的突变的关系

在 *H. pylori* 感染者的胃窦和胃体粘膜, 其 *RUNX3* 基因 364 位点 C→T 的突变率(T 等位基因频率)并未明显增加(图 3)。

表 1 *RUNX3* 基因多态性在胃癌高、低发区的普通人群和胃癌患者的分布

Tab 1 Comparison between *RUNX3* genotypic frequencies in controls and gastric cancer cases in low-prevalence region and high-prevalence region

Loci	Genotype	Genotype frequency of controls and patients in two regions			
		L - controls (n = 192)	L - patients (n = 92)	H - controls (n = 169)	H - patients (n = 86)
<i>RUNX3</i>	C/C	184	86	161	82
	C/T	6	4	7	3
	T/T	2(1.0%)	2(2.2%)	1(0.6%)	1(1.2%)
Sex - adjusted	T/T	1.0%	2.4% [#]	0.7% [*]	1.3% [△]

L: lower prevalence region; H: higher prevalence region. [#] L - controls vs L - patients, $\chi^2 = 0.57, P > 0.05$; ^{*} H - controls vs H - patients, $\chi^2 = 0.16, P > 0.05$; [△] L - controls vs H - controls, $\chi^2 = 0.23, P > 0.05$.

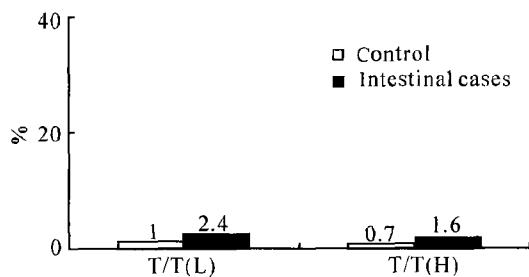


Fig 2 The frequency of *RUNX3* T allele in intestinal gastric cancer and controls in high and low prevalence regions.

图 2 肠型胃癌患者 *RUNX3* 基因型 T 等位基因频率分布

讨 论

多病毒增强结合蛋白 2 (polyomavirus enhancer binding protein 2, PEBP2) 是 TGF-β 超家族的重要靶因子, 在哺乳动物的生长发育中具有决定性意义。

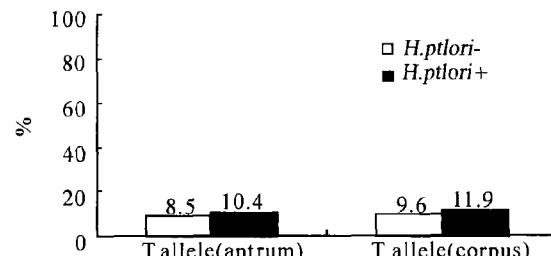


Fig 3 A comparison of *RUNX3* T allele between with *H. pylori* and without *H. pylori* infection in gastric antrum or corpus.

图 3 胃窦和胃体粘膜 *RUNX3* 基因 373C→T 的突变率的比较(%)

PEBP2 含有 α、β 两个亚单位, α 亚单位与 DNA 结合, β 亚单位促进 α 亚单位与 DNA 的亲和力。α 亚单位的进化保守区域与果蝇 *Runt* 基因产物具有同源性, 故 PEBP2 亦称为 *Runt* 区域翻译因子 (runt domain transcription factor)^[3]。*RUNX3* 基因是 3 个 *Runt* 相关

基因之一。

Li 等最近研究 *RUNX3* 的肿瘤抑制作用发现, 肿瘤细胞对裸鼠的致癌作用与 *RUNX3* 的表达呈负相关, 进一步研究发现, 来源于 *p53^{-/-}* 小鼠腺胃的 *RUNX3^{-/-}* 正常上皮细胞可在裸鼠体内诱导形成肿瘤, 而 *RUNX3^{+/+}* 上皮细胞则不能。因此作者认为 *RUNX3* 的功能与人类胃癌的发展存在因果关系^[2], Balmain 亦称 *RUNX3* 为新时代的肿瘤抑制基因, 可引导未来肿瘤化疗药物(尤其是抑制甲基化的药物)的开发^[6]。

RUNX3 基因进化保守序列 364 位点 C→T 突变会导致翻译的蛋白质 122 位置的精氨酸被半胱氨酸取代(R122C)。在胃癌细胞系 MKN28, 表达 *RUNX3* 基因半胱氨酸(R122C)的细胞比其原代细胞增殖迅速, 而表达未突变 *RUNX3* 蛋白的细胞则比原代细胞生长缓慢。在胃癌组织标本, 也存在极少的 364 位点 C→T 突变, 而配对的组织却没有。这些结果提示, *RUNX3* 基因 364 位点的突变可明显影响 *RUNX3* 蛋白的肿瘤抑制作用^[2,6]。

胃癌发生的病因主要有环境因素和饮食习惯, 如吸烟、腌制食物、外源和胃内的化学致癌物、幽门螺杆菌(*H. pylori*)感染, 但遗传因素也占重要位置^[7]。

然而, 本研究发现, *RUNX3* 基因的突变与我国胃癌低、高发区的正常人胃癌发生无关, 而且也与胃癌高发区的形成无关, 提示 *RUNX3* 基因突变不是我国正常人的遗传易感因素。同时发现, *H. pylori* 感染也不会促进 *RUNX3* 基因的明显突变, 提示 *H. pylori* 感

染参与胃癌的发生可能不是通过 *RUNX3* 基因突变的通路, 目前国内外尚未见报道。但本研究的研究对象为年青学生, 将结论扩展至所有年龄段尚待进一步研究。而且在无 *RUNX3* 表达胃癌细胞系中, *RUNX3* 外显子 1 存在完全的甲基化, 提示甲基化可使 *RUNX3* 表达下降^[8], 因此不排除 *H. pylori* 感染可由非突变通路影响 *RUNX3* 的肿瘤抑制作用。

[参 考 文 献]

- [1] Bae SC, Takahashi E, Zhang YW, et al. Cloning, mapping and expression of PEBP2αC, a third gene encoding the mammalian Runt domain[J]. Gene, 1995, 159(2): 245–248.
- [2] Li QL, Ito K, Sakakura C, et al. Causal relationship between the loss of *RUNX3* expression and gastric cancer[J]. Cell, 2002, 109(1): 113–124.
- [3] Zeng ZR, Hu PJ, Hu S, et al. The association of interleukin-1β gene polymorphism and gastric cancers in high and low prevalence regions in China[J]. Gut, 2003, 52(12): 1684–1689.
- [4] Meireles SI, Cristo EB, Carvalho AF, et al. Molecular classifiers for gastric cancer and nonmalignant diseases of the gastric mucosa[J]. Cancer Res, 2004, 64(4): 1255–1265.
- [5] www.stats.gov.cn/tjgb/rkpcgb/index.htm
- [6] Balmain A. Cancer: new-age tumour suppressors[J]. Nature, 2002, 417(6886): 235–237.
- [7] Hohenberger P, Gretschel S. Gastric cancer[J]. Lancet, 2003, 362(9380): 305–315.
- [8] Guo WH, Weng LQ, Ito K, et al. Inhibition of growth of mouse gastric cancer cells by *Runx3*, a novel tumor suppressor [J]. Oncogene, 2002, 21(54): 8351–8355.