

· 临床研究 ·

糖尿病肾病患者血清 miR-192 的表达及其对转化生长因子 β 信号通路的影响

李洁 周平 胡秀梅 彭佑铭

【摘要】目的 检测糖尿病肾病(DN)患者血清中 microRNA(miR)-192 的表达,并探讨其在 DN 的作用机制。**方法** 应用实时荧光定量 PCR 检测肾活检确诊的 DN 组、糖尿病无肾损害组和健康人群血清中 miR-192 的表达,以 U6 小 RNA 为内参,计算其相对表达量。同时检测肾组织 miR-210 表达。探讨 miR-192 作为 DN 特异性血清学指标的可能性。用生物信息分析方法分析可受 miR-192 调节的靶基因,并在体外过表达或下调 miR-192 表达以进一步研究。用不同浓度转化生长因子 β 1(TGF- β 1)刺激肾小球系膜细胞,检测细胞和培养上清中 miR-192 含量。**结果** DN 患者血清 miR-192 表达量显著低于健康对照(0.41 ± 0.09 比 1.00 ± 0.00 , $P < 0.01$)。各组间 miR-210 表达差异无统计学意义。TGF- β 信号通路下游基因抗锌指 E 盒结合蛋白 1(ZEB-1)、胰岛素样生长因子 1(IGF-1)和 I 型胶原(Col I)可被 miR-192 调节。不同浓度 TGF- β 1 刺激均导致系膜细胞及培养上清 miR-192 含量显著下降。**结论** 血清中 miR-192 可能通过调节 TGF- β 通路参与 DN 的发病。miR-192 具有的特异性可能会成为 DN 潜在的诊断标志物。

【关键词】 糖尿病肾病; 微 RNA; 转化生长因子 β ; miR-192

Expression of serum microRNA-192 in the diabetic nephropathy patients and its impact on TGF- β signaling pathway LI Jie, ZHOU Ping, HU Xiu-mei, PENG You-ming. Department of Nephrology, the First Hospital of Zhuzhou City, Hunan Zhuzhou 412000, China

Corresponding author: PENG You-ming, Department of Nephrology, the Second Xiangya Hospital, Central South University, Changsha 410011, China, Email: pengym5577@yahoo.com.cn

[Abstract] **Objective** To detect the expression of serum microRNA (miR)-192 in diabetic nephropathy (DN) patients and investigate its effects on DN. **Methods** The serum levels of miR-192 and miR-210 in DN patients, diabetic patients without renal injury and healthy people were detected by real-time quantitative PCR. Down-stream target genes were predicted using TargetScan software and further confirmed by gain of function and loss of function studies *in vitro*. Mesangial cells were treated with different concentrations of TGF- β 1, then miR-192 expressions of cells and supernatant were examined as well. **Results** Serum miR-192 level significantly decreased in DN patients compared with healthy people (0.41 ± 0.09 vs 1.00 ± 0.00 , $P < 0.01$) and diabetic patients without renal injury, while the serum miR-210 levels were not significantly different among three groups. Bioinformatics analysis results showed that some target genes were involved in TGF- β signal pathway. ZBP1, IGF-1 and type I collagen (Col I) were chosen and confirmed by Western blotting, which were regulated by miR-192. TGF- β 1 decreased the expression of miR-192 in both cells and cell culture supernatants. **Conclusion** Serum miR-192 may promote the progress of DN by regulating TGF- β 1 signaling pathway and may be used as a potential biomarker in the diagnosis of DN depending on its certain specificity.

【Key words】 Diabetic nephropathy; MicroRNAs; Transforming growth factor- β ; miR-192

DOI: 10.3760/cma.j.issn.1001-7097.2012.05.008

作者单位:412000 湖南省株洲市第一医院肾病内科(李洁、胡秀梅、周平);中南大学湘雅二医院肾病内科(彭佑铭)

通信作者:彭佑铭,Email: pengym5577@yahoo.com.cn

糖尿病肾病(DN)是糖尿病重要的微血管并发症,病理表现为细胞外基质(ECM)在肾小球系膜及基底膜内过度积聚,导致肾小球纤维化。microRNA(miR)为19~25核苷酸的单链RNA,通过与mRNA3'UTR局部互补进行碱基配对,从而对基因表达发挥负性调控作用。miR在细胞增殖、凋亡及应激反应起重要作用,其功能的增强或减弱都将影响疾病的进程^[1-2]。miR-192在肾脏组织高表达,富集于肾皮质。DN纤维化肾小球中的miR-192表达水平显著低于无纤维化组织,miR-192表达下降与肾小管间质纤维化相关^[3]。同时,miR-192与Ago2(argonaute2)结合,在血清、血浆中稳定存在^[4]。本研究通过检测DN患者血清中miR-192的表达,探讨其作为预测DN病情的标志物的可能性,并分析其在DN中的可能作用机制。

对象与方法

1. 对象与标本采集: DN组为2008年至2010年在本院肾内科住院,临床诊断为DN并通过肾活检病理检查确诊的患者20例,男13例,女7例,年龄(45.2±4.7)岁,病程>7年,eGFR(70.2±10.7)ml/min,24 h尿蛋白量(5.3±3.1)g;病理均显示典型的K-W硬化性结节病灶,免疫荧光检测为免疫复合物阴性;排除并发原发性或其他继发性肾小球、肾小管病变。糖尿病无肾损害(DM)组30例,男15例,女15例,年龄(50.5±3.7)岁,确诊糖尿病≤1年,eGFR(87.9±5.6)ml/min,尿蛋白阴性。2组均为2型糖尿病患者,并接受降糖药物治疗,血糖控制满意。健康对照组30例,男16例,女14例,年龄(42.4±2.3)岁,为本院体检中心年龄大于40岁的健康人群。受试者抽取10 ml全血,1200×g离心分离血清,保存于-80℃冰箱待测。本研究经本院伦理委员会批准,且所有受试者均签署知情同意书。

2. 主要试剂:人肾系膜细胞系(HMC,本实验室保存),胎牛血清(杭州四季青),高糖DMEM培养基、F12培养基(美国Gibco),抗锌指E盒结合蛋白1(zinc finger E-box-binding protein 1,ZEB1)单克隆抗体(美国CST),抗I型胶原(Col I)多克隆抗体、抗胰岛素样生长因子1(IGF-1)多克隆抗体(英国Abcam),miR-192 mimics(miR-192模拟核酸)、抗miR-192及Scr(Scrmble,与人基因组非

同源序列)对照合成(上海吉玛),重组人转化生长因子(TGF)β1(美国R&D),Lipofectamine 2000(美国Invitrogen),辣根过氧化物酶(HRP)耦联的山羊抗鼠IgG(韩国KPL),TRI Reagent® BD(美国Invitrogen),氯仿、异丙醇、无水乙醇(国药集团化学试剂有限公司),Nuclease-Free水(美国Promega),TaqMan® MicroRNA反转录试剂盒、miR-192、miR-210和U6 TaqMan检测试剂盒、TaqMan 2×Universal PCR Master Mix II(无UNG)(美国Applied Biosystems)。

3. 常规实验室检查:采集晨尿行尿常规检查。晨空腹采集血液样本,全自动生化分析仪检测肾功能、血脂、血糖等生化指标。用简化MDRD公式计算肾小球滤过率eGFR [$\text{ml} \cdot \text{min}^{-1} \cdot (1.73 \text{ m}^2)^{-1}$] = $186 \times \text{Scr}(\text{mg/dl})^{-1.154} \times \text{年龄(岁)}^{-0.203} \times 0.742$ (女)。

4. RNA抽提及反转录:用Trizol试剂抽提血清中总RNA。取500 μl血清中加入500 μl Trizol,震荡15 s充分混匀,室温放置5 min,加入250 μl氯仿,剧烈震荡15 s,室温静置5 min,15 000×g,4℃离心15 min。小心吸取上层水相转移至另一EP管中,加入等体积异丙醇,颠倒混匀沉淀RNA,12 000×g 4℃离心10 min,75%乙醇漂洗1次,干燥后溶解。采用TaqMan®反转录试剂盒中特异性的茎-环状引物,进行反转录。100 mmol dNTPs(含dITP)0.15 μl,MultiScribe® Reverse Transcriptase 1.00 μl(50 U/μl),10×Reverse Transcription Buffer 1.50 μl,RNase抑制剂0.19 μl(20 U/μl),RT primer 3 μl,总RNA100 ng,Nuclease-free水补至15 μl。反应条件:16℃30 min,42℃30 min,85℃5 min。

5. 实时荧光定量PCR检测:按说明书操作。采用TaqMan方法进行miR-192、miR-210和U6的实时定量检测。TaqMan 2×Universal PCR Master Mix II(无UNG)10 μl,TaqMan MicroRNA Assays 1 μl,反转录产物4 μl,Nuclease-free水补至20 μl。反应条件:95℃10 min,95℃15 s及60℃1 min,后2步共50个循环。PCR反应在StepOne™荧光定量PCR仪进行。

6. 下游靶基因验证:HMC用10%胎牛血清(DMEM-F12培养液100 U/ml青霉素和100 U/ml链霉素)常规培养,miR-192 mimics寡核苷酸、miR-192反义核酸及对照转染采用脂质体。转染前1 d消化细胞接种于6 cm培养皿,48 h后吸

弃培养基,1×PBS洗涤两次。加入2×Loading buffer 120 μl,用细胞刮刮下细胞,冰上裂解,测量浓度后100℃水浴变性10 min。上样30 μg,10%~15%SDS-PAGE电泳,转膜,封闭,依次加一抗、二抗,ECL显色试剂,X线片曝光、显影。

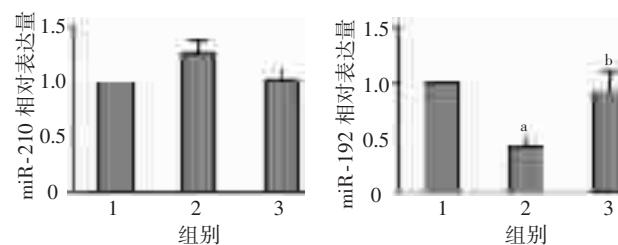
7. TGF-β1对HMC的miR-192表达影响:HMC常规培养,以 $5\times10^5/ml$ 细胞悬液接种六孔板,24 h更换无血清培养基分别加入5 μg/L、10 μg/L TGF-β1刺激,以0.1%BSA作对照。48 h后,分别抽提细胞培养上清和细胞总RNA,进行miR-192定量PCR检测。

8. 数据处理及统计学分析:首先计算3个平行反应的平均CT值。用比较CT值法。 ΔCT 目的基因=每个标本的目的基因CT值-此标本的内参基因U6的CT值。 $\Delta\Delta CT$ 目的基因=处理组 ΔCT 目的基因-对照组 ΔCT 目的基因。基因相对表达量采用 $2^{-\Delta\Delta CT}$ 方法计算^[5]。两个样本符合正态分布和方差齐,采用两个独立样本t检验, $\alpha=0.05$ 作为检验标准。应用SPSS 17.0软件进行统计。

结 果

1. 各组血清miR-210、miR-192表达量:定量PCR检测结果显示,DN组血清miR-192表达量(0.41 ± 0.09)显著低于健康对照组(1.00 ± 0.00)和DM组(0.91 ± 0.19),而DN组血清miR-210表达量(1.25 ± 0.12)与健康对照组(1.00 ± 0.00)和DM组(1.02 ± 0.10)差异无统计学意义,见图1。

2. miR-192下游靶基因分析:TargetScan是预测miRNA靶基因最常用和权威的在线软件,通过互补及结合序列保守性等原则进行数据库比对,对miRNA进行预测,其预测准确度高^[6]。在对miR-192靶基因预测后,与肾脏纤维化和DN相关的TGF-β信号通路基因为其潜在靶基因。我们选择了ZEB-1、IGF-1、Col I,用Western印迹进



注:1:健康对照组;2:DN组;3:DM组;与健康对照组比较,^a $P < 0.01$;与DM组比较,^b $P < 0.05$

图1 各组血清miR-210和miR-192表达量

行验证,结果表明这些因子可受miR-192的调节,见图2。

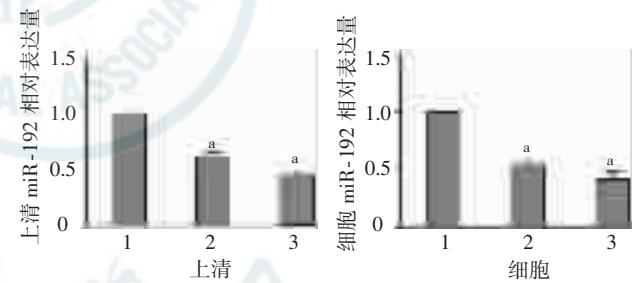
5. TGF-β对miR-192表达的影响:与0.1%



注:1:Scr对照;2:miR-192过表达;3:抑制miR-192;过表达miR-192可下调ZEB-1、IGF-1和Col I蛋白水平(miR-192过表达组);采用反义链抑制肾系膜细胞内源性miR-192水平,可显著增加ZEB-1、IGF-1和Col I蛋白水平

图2 可受miR-192调节的TGF-β下游基因表达(Western印迹)

BSA对照组(1.00 ± 0.00)比较,肾系膜细胞及培养上清中miR-192的含量都显著下降。 $5\text{ }\mu\text{g/L}$ TGF-β1浓度组培养上清和系膜细胞miR-192表达量分别下降为 0.61 ± 0.04 和 0.54 ± 0.05 (均 $P < 0.01$); $10\text{ }\mu\text{g/L}$ TGF-β1浓度组培养上清和系膜细胞miR-192表达量分别下降为 0.45 ± 0.05 和 0.42 ± 0.06 (均 $P < 0.01$),见图3。



注:1:BSA对照组;2: $5\text{ }\mu\text{g/L}$ TGF-β1组;3: $10\text{ }\mu\text{g/L}$ TGF-β1组;与BSA对照组比较,^a $P < 0.01$

图3 TGF-β1对miR-192表达的影响(qPCR)

讨 论

microRNA(miRNA)是一种不编码蛋白质的(21~25)nt大小的单链小分子RNA。成熟miRNA发挥序列特异性转录后调控作用,与靶基因完全互补结合时,直接靶向切割mRNA;当与靶基因不完全互补结合时,起调节基因表达的作用,阻遏基因的翻译。miRNA参与生命过程中一系列的重要进程,包括发育、造血、器官形成、细胞凋亡、细胞增殖和肿瘤发生、发展^[1]。miRNA在血液中非常稳定,其血液测试值能较好地反映患者体内含

量。Chen 等^[7]对肺癌、结肠癌和糖尿病患者的血清 miRNA 水平进行了分析, 确定这些疾病都有其特异性的血清 miRNA 表型, 可以作为诊断的血清标志物。

miR-192 在肾组织中高度富集, 其表达水平在 DN 患者肾活检标本中显著下降, 并通过调节 ZEB1 和 ZEB2 抑制 TGF-β 信号通路发挥作用^[3]。在 DN 小鼠模型中 miR-192 也能够影响 TGF-β 信号从而参与疾病进程^[8]。Sun 等^[9]报道低剂量紫杉醇通过调节 miR-192 基因启动子序列, 抑制 miR-192 介导的 TGF-β-Smad 通路的激活, 从而抑制慢性肾脏病的肾脏纤维化。本研究中, 我们发现 DN 组 miR-192 表达水平显著低于健康对照和 DM 组, 但 3 组间 miR-210 表达量差异无统计学意义。生物信息分析法预测靶基因分析发现, TGF-β 信号通路多个因子(ZEB1、IGF1 和 Col I) 为其潜在调节靶基因, 并在体外实验证实。Zhang 等^[10]报道, 在应激状态下 miRNA 可分泌至血液中, 通过血液到达效应细胞发挥作用。高糖刺激可以下调 miR-192 水平, 但不清楚是否与 TGF-β 通路有关。本研究中, 5 μg/L 和 10 μg/L 的 TGF-β 均可显著降低细胞内及培养上清的 miR-192 水平, 说明 miR-192 的表达和分泌受 TGF-β 调节, 此外, miR-192 在 IgA 肾病与健康人尿液中的含量没有明显变化^[11], 提示其具有潜在的 DN 血清标志物特异性。检测血液 DN 特异性 miRNA 并将其作为 DN 的生物学标志, 对于早期诊断和治疗 DN 可能有重要的意义。

参 考 文 献

- [1] Bartel DP. MicroRNAs: genomics, biogenesis, mechanism, and function. *Cell*, 2004, 116: 281-297.
- [2] Saal S, Harvey SJ. MicroRNAs and the kidney: coming of age. *Curr Opin Nephrol Hypertens*, 2009, 18: 317-323.
- [3] Krupa A, Jenkins R, Luo DD, et al. Loss of MicroRNA-192 promotes fibrogenesis in diabetic nephropathy. *J Am Soc Nephrol*, 2010, 21: 438-447.
- [4] Arroyo JD, Chevillet JR, Kroh EM, et al. Argonaute2 complexes carry a population of circulating microRNAs independent of vesicles in human plasma. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2011, 108: 5003-5008.
- [5] Varkonyi-Gasic E, Hellens RP. Quantitative stem-loop RT-PCR for detection of microRNAs. *Methods Mol Biol*, 2011, 744: 145-157.
- [6] Friedman RC, Farh KK, Burge CB, et al. Most mammalian mRNAs are conserved targets of microRNAs. *Genome Res*, 2009, 19: 92-105.
- [7] Chen X, Ba Y, Ma L, et al. Characterization of microRNAs in serum: a novel class of biomarkers for diagnosis of cancer and other diseases. *Cell Res*, 2008, 18: 997-1006.
- [8] Kato M, Zhang J, Wang M, et al. MicroRNA-192 in diabetic kidney glomeruli and its function in TGF-beta-induced collagen expression via inhibition of E-box repressors. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2007, 104: 3432-3437.
- [9] Sun L, Zhang DS, Liu FY, et al. Low-dose paclitaxel ameliorates fibrosis in the remnant kidney model by down-regulating miR-192. *J Pathol*, 2011, 225: 364-377.
- [10] Zhang Y, Liu D, Chen X, et al. Secreted monocytic miR-150 enhances targeted endothelial cell migration. *Mol Cell*, 2010, 39: 133-144.
- [11] Wang G, Kwan BC, Lai FM, et al. Expression of microRNAs in the urinary sediment of patients with IgA nephropathy. *Dis Markers*, 2010, 28: 79-86.

(收稿日期:2011-08-04)

(本文编辑:李耀荣)

· 读者·作者·编者 ·

科技论文应注意使用法定计量单位

计量单位实行国务院 1984 年 2 月颁布的《中华人民共和国法定计量单位》, 并以单位符号表示, 具体使用参照中华医学会编辑出版部编辑的《法定计量单位在医学上的应用》一书。血压计量单位使用毫米汞柱(mm Hg), 但在文中首次使用时应注明 mm Hg 与 kPa 的换算系数(1 mm Hg=0.133 kPa)。人体的血药浓度测定, 同人体其他检测值一样, 分母用 L, 不用 ml 或 dl。单位符号可以与非物理量的单位(如:人、台、次等)的汉字构成组合形式的单位, 如:次/min。单位符号中表示相除的斜线不能多于 1 条, 如 ng/kg/min, 应采用 $\text{ng} \cdot \text{kg}^{-1} \cdot \text{min}^{-1}$ 的形式。参量及其公差均需附单位。当参量与其公差的单位相同时, 单位可以只写一次, 即加圆括号将数值组合, 置共同的单位符号于全部数值之后。例如:“75 ng/L±18 ng/L”可以写作“(75±18) ng/L”。正文中时间的表达, 凡前面带有具体数据者应采用 d、h、min、s, 而不用天、小时、分钟、秒。

本刊编辑部