

As₂O₃ 处理前后 K562 细胞基因表达变化的基因芯片检测

冯春琼¹袁文丽¹袁凌¹袁宋艳斌¹袁石嵘¹袁清华¹袁秋野¹袁祝骥²袁文岭²渊第一军医大学分子生物学研究所袁广东³广州 510515曰广州军区总医院分子肿瘤学研究所袁广东³广州 510010冤

摘要 目的 应用基因芯片研究三氧化二砷 As_2O_3 处理前后 K562 细胞基因表达的变化 遥方法 提取 As_2O_3 处理前后 K562 细胞的总 RNA 转化为 mRNA 后再反转录为 cDNA 遥 cDNA 经限制性内切酶 Sau3AI 切割后与 DNA 片段分别用 Cy3 和 Cy5 标记 遥自制的包含 348 个基因片段的胎盘库芯片杂交 遥结果 杂交结果经扫描和软件分析 遥表现了 11 个差异表达的基因片段 遥其中有 3 个基因片段与细胞凋亡密切相关 遥结论 我们构建的胎盘库基因芯片可以成功地用于研究药物作用前后基因表达的变化 遥

关键词基因芯片·二氧化砷·S₂O₃·HEK293 细胞·凋亡

中图分类号 I785 文献标识码 A 文章编号 1000-2588(2002)09-0772-04

Analysis with DNA chips of the changes of gene expressions in K562 cells in response to As₂O₃ treatment

FENG Chun-qiong¹, MA Wen-li¹, LI Ling¹, SONG Yan-bin¹, SHI Rong¹, WU Qing-hua¹, GUO Qiu-ye¹, ZHU Ji¹, ZHENGWen-ling²

¹Institute of Molecular Biology, First Military Medical University, Guangzhou 510515, China; ²Institute of Molecular Oncology, Guangzhou General Hospital of Guangzhou Command, Guangzhou 500010, China

Abstract: Objective To investigate differential gene expression in apoptotic cells induced by As₂O₃, and identify novel apoptosis-related genes. Method Apoptosis of K562 cells cultured in RPMI 1640 medium supplemented with 10% calf serum was induced by As₂O₃. Total RNA of the apoptotic and normal cells were then extracted, purified and subjected to reverse transcription into first-strand cDNA, labeled with Cy3/Cy5. Placenta DNA microarrays containing 348 DNA fragments were used to analyze the changes in gene expressions in the cells treated with As₂O₃. Result Eleven differentially expressed genes were identified in the apoptotic cells in comparison with the normal cells, 3 of which were associated with apoptosis, while the others were related to cell growth and proliferation. Conclusion The placenta DNA microarrays we constructed may well apply to the analysis of the differentially expressed genes.

Key words: DNAchips; arsenictrioxide; K562cells; apoptosis

三氧化二砷(As₂O₃)是近来发现的临床治疗白血病的疗效较确切的药物之一。As₂O₃的作用机制人们进行了广泛研究，发现它在体外能抑制多种肿瘤细胞生长，诱导肿瘤细胞凋亡。¹⁻⁴ 细胞凋亡是一个由多基因参与的复杂的分子事件，涉及许多信号转导通路，如 H₂O₂ 信号通路、尧维甲酸受体信号通路和许多凋亡相关基因，如促凋亡基因 bax 家族、尧凋亡抑制基因 bcl-2 家族、尧细胞色素 C 和 caspase 酶家族基因等。基因芯片技术可以平行地同时分析大规模的基因表达信息，已成为分子生物学研究的有力工具之一。⁵⁻⁷ 在本实验中，我们通过应用本研究所自制的包含 348 个基因片段的胎盘库芯片，与用 As₂O₃ 处理前后的 K562 细胞经反转录后得到的 cDNA 片段杂交，来研究 As₂O₃ 作

用前后细胞基因表达的改变遥

1 材料与方法

1.1 材料

精制小牛血清和 RPMI 1640 培养基购自 Hy-clone 公司。As₂O₃ 购自 Sigma 公司。用 120mmol/L 的 NaOH 溶液配成 1 mmol/L 的贮备液。益贮存总 RNA 提取试剂和 PCR 产物纯化试剂盒购自上海博彩生物工程公司。mRNA 纯化试剂盒购自 Pharmacia 公司。逆转录酶 SuperScript 购自 Gibco 公司。E. coli 聚合酶链 Nase H₁-aq 酶及其他常用酶类购自 TaKaRa 公司。接头 IP-pGATCmCA-CACCAGCCAAACCCA (SIR) 5'-GGTTGGCTG-GTGTG 为 PCR 通用引物。院 TTTGGCTGGTGTG-GATC 均由上海生物工程公司合成。预杂交溶液院 25% 甲酰胺。SC 蛋白。1% SDS。清洗溶液。院 0.1% SDS。溶液。院 1% SDS。溶液。芋 1% IYS。SSC。Hybrid Hunter™ 胎盘库购自美国 Invitrogen 公

收稿日期院002-03-08

基金项目院广州市重大科技攻关项目渊9Z02201冤广东省自然科学基金渊84092冤

作者简介院冯春琼湘972-女袁云南曲靖人袁995年毕业于华西医科大学
学硕教电话院20-61640114-89097E-mail:feng1215@fimmu.com

司袁经本研究所自行扩增制备胎盘库片段。遥
Pixsys5500芯片打印仪购自Cartesian公司，canArrayLite芯片扫描仪及其分析软件Quantarray购自GsiLumonics公司，袁玻片及芯片杂交盒购自Corning公司。

1.2 芯片探针的收集和制备

胎盘库经稀释涂板挑克隆定后，阳性克隆扩大培养，提取质粒并编号索引保存。遥PCR扩增质粒片段制备探针。袁共收集了348个不同的胎盘文库探针片段，大小在300~800bp之间。袁调整浓度为500ng/滋。遥以看家基因甘油醛-3-磷酸脱氢酶（GAPDH）为阳性对照，袁人类免疫缺陷病毒（HIV）基因片段为阴性对照。袁0%DMSO为空白对照。袁在Corning的玻片上，每个探针重复打印3个点，形成30×6的点阵。袁共1080个点。遥印后的玻片经UV交联，能量为90mJ/厘米²，干烤2h，遥避光放置备用。

1.3 细胞处理

K562细胞在含10%精制小牛血清、青霉素、链霉素各100U/ml的RPMI1640培养基中常规培养。遥以1伊0⁵/ml的浓度接种。袁在对数生长期加入As₂O₃，使其终浓度为4滋mol/L。袁对照组加入相同摩尔数的NaOH。遥常规培养4h后，袁离心收获细胞，袁BS洗2次。按照Trizol试剂盒的方法提取细胞的总RNA。袁用Pharmacia公司mRNA纯化试剂盒纯化后，袁再反转录为cDNA。

1.4 样品制备

cDNA用Sau3AI酶切后接上接头，袁之后用PCR通用引物扩增。遥CR产物经PCR产物纯化试剂盒纯化后，取出500ng，袁加100滋mol/L的Cy3/Cy5标记的引物。袁0滋mol/L的NaOH作用的对照组用Cy5标记；袁As₂O₃作用的处理组用Cy3标记。袁同样条件再行PCR扩增和纯化。袁将PCR产物终浓度调至200ng/滋。

1.5 杂交

标记后的样品95滋变性后加到经预杂交的芯片阵列表面，袁轻轻覆上盖玻片，袁放入杂交盒内，袁2益杂交18h。

1.6 检测与分析

杂交结束后，袁分别用溶液乙醇清洗芯片，袁气干燥。遥用ScanArrayLite芯片扫描仪扫描芯片，袁分析Cy5和Cy3两种荧光信号的强度和比值。袁以下2个条件作为判定基因差异表达的标准：①Cy5与Cy3信号之比>2.0或<0.5；②Cy5和Cy3之一的信号值必须>500.0。

2 结果

2.1 细胞的总RNA电泳图

从电泳图（图1）上可以看到明显的28S和18S带，袁并且28S的条带明显亮于18S带。袁RNA质量很好。

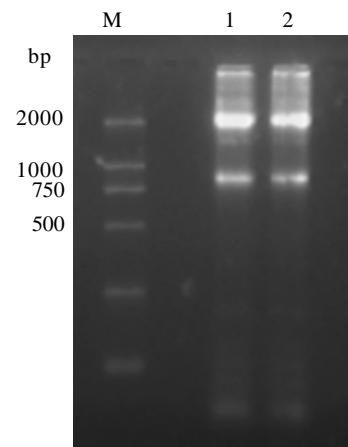


图1 NaOH和As₂O₃处理后的K562细胞总RNA电泳图

Fig.1 Gel electrophoresis of the total RNA extracted from cells treated with NaOH and As₂O₃

M:Marker(DL2000);Lane1:NaOH-treated;Lane2:As₂O₃-treated

2.2 cDNA电泳图

2组细胞的cDNA行1.5%的琼脂糖凝胶电泳。袁从电泳图（图2）上可看到明显的拖尾（smear），袁并且大部分集中于2000bp以上，袁说明cDNA的完整性较好。

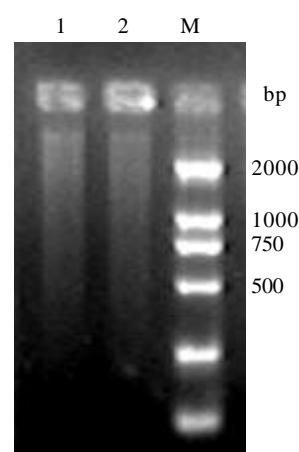


图2 NaOH和As₂O₃处理后的K562细胞cDNA电泳图

Fig.2 Integrity of cDNAs on gel electrophoresis after treatment with NaOH and As₂O₃

M:Marker(DL2000);Lane1:As₂O₃-treated;Lane2:NaOH-treated

2.3 芯片杂交结果和分析

NaOH和As₂O₃处理后的样品分别用Cy5和Cy3荧光素标记，袁杂交后经扫描仪扫描，袁结果如图3所示。遥图中第30行第1~12列是GAPDH阳性对照，袁13~24列是HIV阴性对照，袁5~36列是DMSO空白对照。遥再将Cy5和Cy3的扫描图像完全重叠，袁得到的杂交图中，袁红色点表示低表达，袁绿色点表示高表达。

色点表示表达水平无改变

上图经软件分析后得到芯片杂交的散点图。每个点的 Y 轴表示 Cy3 的杂交信号的相对强度，X 轴表示 Cy5 杂交信号的相对强度。直线表示 Cy5/Cy3 的比率为 1，表示无差异表达。远离该直线的点为差异表达，离得越远表示差异越大。落在 2 条虚线以外的点即为 Cy3/Cy5 的比率大于 2 或小于 0.5 的点。

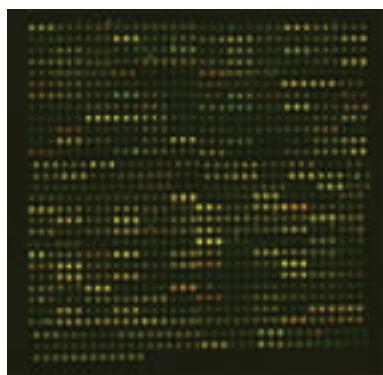


图 3 As_2O_3 处理前后细胞的杂交图

Fig.3 Hybridization of K562 cells before and after As_2O_3 treatment

The green spots represent the up-regulated genes, the red spots the down-regulated genes, and the yellow spots indicate equal expression of two groups.

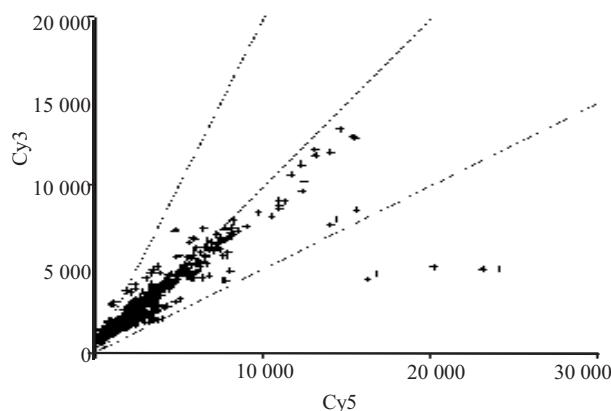


图 4 杂交信号的散点图

Fig.4 Plots of the hybridization signals on the chip

The spots located between the coordinate axis and the dotted lines are differentially expressed genes. Obviously the genes expressed significantly differently are down-regulated genes.

对杂交结果的分析发现 K562 细胞经 As_2O_3 作用后有 3 个差异表达基因：H19 基因、细胞角蛋白 8 基因和 K8 基因；反式高尔基体网状结构的糖蛋白基因 GN 基因与细胞的凋亡密切相关；还有一些差异表达基因：乳酸脱氢酶 A 和 B 基因、丙酮酸脱氢酶基因、RNA 解旋酶基因、真核细胞转录起始因子 3 基因等与细胞的生长代谢和增殖有关。

3 讨论

实验中应用了自制的包含 348 个基因片段的胎盘库芯片。在打印前再从质粒中扩增出所需片段，并调整浓度为 500ng/μl 用于芯片打印。胎盘是人类胚胎期个体发育必需的重要器官。它产生多种调节肽生长因子和细胞因子等，通过复杂的调控作用保证胎盘和胎儿正常的生长发育。因此对于胎盘文库而言，它包含了较完整的人类基因信息，可以避免一些特定组织器官文库某些相关基因表达丰富，而有些基因表达很低或不表达的现象。因此，应用胎盘库芯片与 As_2O_3 处理前后的 K562 细胞 cDNA 杂交，能更全面地发现药物处理前后细胞基因表达的变化。

在样品标记上没有采用 Schena 等的逆转录标记方法，而是应用了本实验室马文丽、郑文岭等创建的 RD-PCR 技术。通过在 cDNA 酶切片段的两端接上通用接头，依据接头序列设计引物，再用此引物扩增 cDNA 片段。这样就可以通过一对引物扩增 cDNA 得到大量的片段。将这些片段用 Cy3/Cy5 标记，就可以非常方便地得到大量的标记了的探针片段，并大大减少 mRNA 的用量，增加杂交的信号强度。

虽然我们在样品的制备标记中采用了 PCR 技术，可能会使 2 组不同处理样品间的差异基因因 PCR 扩增而被掩盖。一些低丰度表达的基因可能因此无法检测，降低了此方法的灵敏度。但由于我们应用的是 cDNA 的酶切片段，每一个基因都被切成大小约为 256bp 的片段。所以每一个基因都有几个被扩增的机会。这些酶切片段也许有的易扩增一些，有的难扩增一些。但对整个 cDNA 而言，只要所提取细胞 mRNA 降解少，反转录得到的 cDNA 完整性较好，每一个基因应该都有能代表该基因的片段存在。各个片段间扩增的差异也能被掩盖。目前普遍采用的随机引物介导的 cDNA 单链合成标记 Cy3/Cy5 的方法，造成的随机性偏差更大，而且杂交信号较弱。资料另文发表。而 Schena 等创建的从 mRNA 开始经逆转录标记的方法，所需的 mRNA 用量较大，标记效率也没有显著提高。我们在实验中发现了 11 个差异表达的基因片段。发现它们都与细胞的生长增殖和肿瘤的形成和抑制有关，证明了 RD-PCR 方法标记样品的可行性和有效性。

芯片杂交检测后发现 K562 细胞经 As_2O_3 处理后 H19 基因表达下调。H19 基因是一胚胎期特异基因，与胚胎发育和肿瘤发生密切相关。一般出生后 H19

基因不表达或表达很低但在一些情况下肿瘤细胞中也可以检出高水平的H19 mRNA。在膀胱癌和乳腺癌中H19基因的高表达与肿瘤的发生和侵袭密切相关。我们在实验中发现K562细胞经As₂O₃作用后细胞生长明显受抑制并诱导K562细胞凋亡。从而推测H19基因表达下调是K562细胞经As₂O₃作用后细胞增殖及恶性程度降低的结果。

表达上调的基因有人细胞角蛋白8基因(ckeytokeratin8)、CK8反式高尔基体网状结构的糖蛋白(ckans-Golgi network glycoprotein, TGN)基因等。目前共发现19种。除CK19外其余角蛋白都配对出现在不同类型的上皮细胞中。如CK8+CK18出现在简单上皮中。单层上皮的标志角蛋白是CK基因表达异常会干扰上皮细胞正常分化过程。CK成对表达的脱节可能是细胞恶性转变的早期信号。在von Hippel-Lindau疾病导致的肾细胞单纯性囊肿并非典型囊肿和实体瘤细胞中表达细胞角蛋白CK8及CK19。而细胞的凋亡标志成分p53片段化DNA和bcl-2等则表达很低。我们在实验中发现CK8表达而未发现CK18的表达。推测这是恶性肿瘤细胞的一个特征。而CK8的表达上调推测是细胞凋亡时的基因变化之一。

反式高尔基体网状结构是高尔基体对分泌蛋白、膜嵌蛋白、溶酶体蛋白等进行分拣运输的主要场所。冷休克诱导小鼠腹腔巨嗜细胞凋亡的研究显示细胞凋亡时参与细胞物质转运和交换的细胞器如溶酶体、高尔基体等的数量增多。是细胞凋亡的特征性变化。我们实验中也观察到As₂O₃诱导K562细胞凋亡后反式高尔基体网状结构的糖蛋白表达增高。证实了高尔基体基因的表达异常与As₂O₃诱导的细胞凋亡有关。

我们在实验中发现了11个差异表达的基因。其中有3个基因与细胞凋亡密切相关。与以往研究差异表达的方法相比，D-PCR、differential display-PCR技术假阳性较高。减杂交技术差异基因的富集效率不高。而cDNA的代表性差异分析(DNA-RDA)技术操作繁琐、耗时费力。相比之下，我们仅仅经过简单的几次杂交实验就发现了11个差异表达基因。显然，基因芯片技术用于差异基因的筛选操作更简单、更快速、效率更高。而且基因芯片包含的探针片段越多，杂交后得到的高质量的信息也就越多。基因芯片检测和筛选差异基因的优势就更明显。这一工作我们正在进行中。

致谢：院胎盘库探针收集工作是分子生物学实验室全体同仁共同努力完成的。衷心感谢他们为此付出了辛勤的劳动。同时也感谢分子生物学实验室刘智刚、丽娟、李教秀、李伯良、吴长璇等同志对本实验的大力协助。

参考文献院

- 1. 咨询 Charles P, Caryn NK, Guo FF, et al. Arsenic induces apoptosis of multidrug-resistant human myeloid leukemia cells that express Bcr-Abl or overexpress MDR, MRP, Bcl-2, or Bcl-X. *Blood*, 2000, 95(3):1014-22.
- 2. 咨询 Roboz GJ, Dias S, Lam G, et al. Arsenic trioxide induces dose-and time-dependent apoptosis of endothelium and may exert an anti-leukemic effect via inhibition of angiogenesis. *Blood*, 2000, 96(4):1525-30.
- 3. 咨询 Anthony RV, Limesand SW, Jeckel KM. Transcriptional regulation in the placenta during normal and compromised fetal growth. *Biochem Soc Trans*, 2001, 29(2):42-8.
- 4. 咨询 Schena M, Shalon D, Davis RW, et al. Quantitative monitoring of gene expression patterns with a complementary DNA microarray. *Science*, 1995, 270(20):467-70.
- 5. 咨询 马文丽, 郑文岭, James FB, 等. 限制性显示(D-PCR)一种新的差异显示技术. 咨询见: 孙志贤, 主编. 全军生物化学与分子生物学研究进展. 咨询北京: 军事医学科学出版社, 1998. 99-113. Ma WL, Zheng WL, James FB, et al. Restriction display: a kind of new technology of differential display. In: Sun ZX, ed. Progress in biochemistry and molecular biology of army. 咨询 Beijing: Military Medical Science Press, 1998. 99-113.
- 6. 咨询 Wilkin F, Paquette J, Ledru E, et al. H19 sense and antisense transcripts modify insulin-like growth factor-II mRNA levels. *Eur J Biochem*, 2000, 267(13):4020-7.
- 7. 咨询 Banet G, Bibi O, Matouk I, et al. Characterization of human and mH19 sense and antisense transgenes modify insulin-like growth factor-II mRNA levels use H19 regulatory sequences. *Mol Biol Rep*, 2000, 27(3):157-65.
- 8. 咨询 Adriaenssens E, Dumont L, Lottin S, et al. H19 overexpression in breast adenocarcinoma stromal cells is associated with tumor values and steroid receptor status but independent of p53 and Ki-67 expression. *Am J Pathol*, 1998, 153(5):1597-607.
- 9. 咨询 Sherwood ER, Berg LA, Mitchell NJ, et al. Differential cytokeratin expression in normal, hyperplastic and malignant epithelial cells from human prostate. *J Urol*, 1990, 143(1):167-71.
- 10. 咨询 Paraf F, Chauveau D, Chretien Y, et al. Renal lesions in von Hippel-Lindau disease: immunohistochemical expression of nephron differentiation molecules, adhesion molecules and apoptosis proteins. *Histopathology*, 2000, 36(5):457-65.
- 11. 咨询 陈汝, 乔东访. 冷休克诱导小鼠腹腔巨嗜细胞凋亡的电镜观察. *海南医学院学报*, 1997, 3(2):49-52.
- 12. Chen R, Qiao DF. Electron-microscopic observation of cold shock induced apoptosis of macrophagocytes in the abdominal cavity of mice. *J Hainan Med Col*, 1997, 32(4):49-52.