

循环 microRNA 在结直肠癌临床应用的研究进展

潘雅斯 余保平

摘要 循环微小 RNA(microRNA, miRNA, miR)是指一类通过细胞破裂或微囊泡分泌等进入循环系统的长约 19~25 个核苷酸序列的内源性非编码 RNA,已被证实参与包括结直肠癌在内的多种肿瘤细胞的生物学过程。miRNAs 在结直肠癌患者循环血中异常表达,并可在血清中的稳定存在,有望成为其诊断及预后判断及治疗检测的新生生物标志物,本文主要将血清或血浆 miRNAs 在结直肠癌临床应用的研究进展做一综述。

关键词 结直肠癌 循环 microRNA 诊断 预后

中图分类号 R4

文献标识码 A

DOI 10.11969/j.issn.1673-548X.2018.10.002

结直肠癌(colorectal cancer, CRC)是人类最常见的发生率高、病死率高的恶性肿瘤之一,转移性结直肠癌患者的低生存率更突出了早期诊断、早期治疗的必要性。微小 RNA(microRNA, miRNA, miR)是一类内源性非编码 RNA,参与包括 CRC 等肿瘤细胞增殖、分化、迁移、新生血管生成、细胞凋亡等生物学过程,肿瘤来源的 miRNA 可通过破裂细胞或小囊泡体、细胞微泡进而释放入血,其对 CRC 发病机制、诊断、预后判断及治疗等都有十分重要的意义^[1,2]。

一、循环 miRNA 分子概述

miRNA 是一类长约 19~25 个碱基对的内源性非编码 RNA,于 1993 年在秀丽隐杆线虫的研究中首次发现,其主要功能是通过结合目标信使 RNA(mRNAs)3'端非编码序列中的互补序列(UTR)以调节蛋白质翻译,从而负调节 mRNA 翻译,研究证实其参与调控多种细胞生物学过程^[3,4]。早在 1947 年便有报道称血浆中发现完整的胞外 RNA,直至 2008 年有学者发现,miRNA 也存在于包括血浆、血小板、红细胞、有核血细胞等循环中,通过与 RNA 结合蛋白(如 Argonaute 2 和核仁磷酸蛋白 1)结合,或通过与高密度脂蛋白结合,血浆 miRNA 转化成微粒(如外泌体、微泡或凋亡小体等),免受内源性 RNA 酶干扰^[5,6]。循环 miRNA 生物学特性稳定,可以抵抗核糖核酸酶、高温、pH 值变化等^[7]。而利用反转录-聚合酶链反应(RT-PCR)技术或者基因芯片技术即可完成对循环

miRNA 表达量的测定。这些特性使得循环 miRNA 可能作为 CRC 早期筛查及诊断的候选指标。

二、循环 miRNAs 与结直肠癌的诊断

CRC 肿瘤的启动、生长与转移跟多种信号通道(如 Wnt 信号通路、EGFR 信号通路与 3TGF-β 信号通路失调、4P53 功能缺陷等)相关,而多个 miRNA 参与上述通路^[8]。至今已报道多项血清 miRNA 与 CRC 的相关研究,部分血清 miRNA 在 CRC 患者中具有特异表达。

Chen 等^[9]首次将血清 miRNA 作为 CRC 的生物标志物深度测序发现,69 种 miRNAs 在健康人群中未检测到,而在 CRC 患者血清中显著性高表达。此外,Chen 等^[9]还证实了由 14 种血清 miRNAs 组成的表达谱在肺癌患者中不表达,而可在 CRC 患者中特异表达,这提示某些血清 miRNAs 在 CRC 中具有特异性。Ng 等^[10]发现与健康对照组相比,95 种 miRNAs 在 CRC 患者血清中存在差异性表达。其中 miR-17-3p 和 miR-92 的含量在 CRC 患者中明显增高,且 miR-92 在腺瘤和 CRC 中表达增高,在炎症性疾病和胃癌中表达不增高。Ng 等^[10]研究发现,相比于 CRC 其他潜在生物标志物如 CEA,不管在 CRC 早期或晚期,血清 miR-139-3p 均具有更高的敏感度(96.6%)和特异性(97.8%)。

循环 miR-21 可在许多实体瘤中高表达,据报道,血清 miR-21 水平升高,可强烈区分腺瘤和 CRC^[11]。通过基因芯片分析,血清 miR-1290 在结肠直肠腺瘤($P = 0.000$)和结直肠癌($P = 0.000$)患者中表达显著上调,且血清 miR-1290 可以区分腺瘤(AUC = 0.718)及 CRC(AUC = 0.830),血清和组织中 miR-1290 高表达与肿瘤侵袭性相关,并提示预

基金项目:国家自然科学基金资助项目(面上项目)(81770638, 81170351)

作者单位:430060 武汉大学人民医院消化内科

通讯作者:余保平,教授,博士生导师,电子信箱:yubp62@163.com

后不良^[12]。

Huang 等^[13] 观察到 CRC 患者血浆中 miR - 92a 和 miR - 29a 水平升高。手术切除肿瘤后则显著下降, 血浆中二者含量与肿瘤 TNM 分期高度相关, TNM 分期越高, miR - 92a 和 miR - 29a 水平越高。不久之后, Wang 等^[14] 又发现, 与对照组比较, CRC 患者血浆 miR - 601 和 miR - 760 显著降低。通过 miR - 29a、miR - 92a 和 miR - 760ROC 三者结合的曲线分析可明显提高 CRC 检出率, 最终敏感度可达 83.3%, 特异性达 93.1%。由此可证明, 相对于单个 miRNA, 多个循环 miRNA 联合检测更有助于 CRC 的诊断。

一组包含 6 种 miRNAs(miR - 21、let - 7g、miR - 31、miR - 92a、miR - 181b、miR - 203) 的组合通过血清 miRNAs 异常表达可以准确地区分 CRC 患者和对照组, 并且与 CEA、CA - 199 相比, 敏感度、特异性分别高达 91%、93%^[15]。8 种血浆 miRNA(miR - 15b、miR - 17、miR - 142 - 3p、miR - 195、miR - 331、miR - 532 - 3p、miR - 532 和 miR - 652) 组合, 能够高精确度区分结直肠腺瘤患者和健康人群(AUC = 0.868)^[16]。

综上所述, 循环 miRNA 特别是循环 miRNA 组合联合检测, 可作为 CRC 早期诊断和筛查的分子标志物。

三、循环 miRNA 在结直肠癌的预后判断与临床监测的研究

1. 循环 miRNA 与 CRC 预后: 远处转移是结肠癌患者主要死亡原因, 其主要归因于缺乏敏感的转移预测生物标志物。目前 miR - 21 被认为是 CRC 患者强有力预后标志物^[17]; 最近对 CRC 患者(其中 186 例术前血清样本, 60 例术后患者)、43 例晚期腺瘤患者及 53 个对照样品的血清 miR - 21 表达水平研究发现, 术前腺瘤患者($P = 0.000$)及结肠直肠癌患者($P = 0.000$)循环 miR - 21 表达明显升高^[18]。另外, 血清 miR - 200c 不仅可作为 CRC 独立预后标志物, 其高表达还与淋巴结及远处转移正相关, 尤其可作为 II 期 CRC 独立的复发预测标志物^[19]。Yin 等^[20] 发现血清 miR - 126、miR - 141、miR - 21 与 CRC 的肝转移相关, 这提示三者可成为 CRC 肝转移初期临床诊断的分子标志物。Yang 等^[21] 报道血清 miR - 29c 的高表达与 II 期、III 期 CRC 早期复发高度相关, 表明其具有识别复发高风险患者的潜力。

Huang 等^[13] 对 100 例 CRC 患者与 59 名健康对照研究发现, 血清 miR - 92a 在 CRC 患者中高表达, 手术切除肿瘤后表达水平降低, 与未发生肝转移的 CRC 患者相比, CRC 肝转移患者血清 miRNA - 29a

表达显著性增高(AUC 为 0.803, 敏感度为 75%, 特异性为 75%)。Cheng 等^[22] 应用 qRT - PCR 对 102 个血清样本进行研究, 发现血清 miR - 141 与 IV 期 CRC 高度相关。他们还发现 miR - 141 和癌胚抗原(CEA)组合, 可以进一步提高 CRC 患者检测的准确性。miR - 141 可作为 CEA 的补充来检测 CRC 的远处转移, 其高表达提示预后差。有学者对 58 个配对样本(原发性 CRC 组织与肝脏转移瘤组织标本), 以及 186 个血清样本和与其相匹配的 154 个 CRC 患者组织标本研究发现, 正常肝细胞几乎不表达 miR - 203 而其在肝脏转移灶中强表达, 且 CRC 肝转移患者血清 miR - 203 表达显著上调, 此外, 他们还量化了一些消化道肿瘤(包括胃癌、食管癌)以及溃疡性结肠炎患者血清中 miR - 203 的表达后发现, 与 CRC 患者相比, 上述疾病患者血清 miR - 203 表达显著低下, 这提示血清 miR - 203 高表达很可能是 CRC 的特异性指标。他们仍证实了血清 miR - 203 的表达可反映 CRC 的进展及癌细胞的播散, 且不管有无转移, 血清 miR - 203 高表达与 CRC 患者远处转移及低存活率显著相关^[23]。这些数据表明, 循环血中特定 miRNAs 的差异表达可以作为预测 CRC 预后的潜在分子指标。

2. 循环 miRNA 与 CRC 治疗: 近年来, 尽管药物治疗取得进展, 但无手术指征的 CRC 患者接受药物治疗后中期存活率仍不容乐观, 因此, miRNA 对药物的反应机制以及患者体内循环 miRNA 在治疗前后的变化趋势的监测则显得至关重要。一项研究分析了基于奥沙利铂的治疗应答者与非反应者血浆的 miRNA 表达情况, 3 种 miRNA(miR - 106a、miR - 484 和 miR - 130)在非反应者中均上调; 3 个 miRNA(miR - 27b、miR - 148a、miR - 326)过表达与降低无进展生存期相关; miR - 326 也与总生存期降低有关($P = 0.003$)^[24]。Hansen 等^[25] 研究发现, 血清 miR - 126 的变化与患者接受化疗和贝伐珠单抗治疗的反应相关。Zhang 等^[26] 研究发现, 一组包含 miR - 20a、miR - 130、miR - 145、miR - 216 和 miR - 372 5 种血清的 miRNA 谱, 可预测 CRC 化疗敏感度。

癌症重要并发症是治疗后复发。一项关于 miR - 29c 在 CRC 中作用的研究发现, 与非早期复发患者相比, 血清 miR - 29c 在早期复发的患者(局部复发或切除后 1 年内发生远处转移)高表达^[27]。

四、展望

大便潜血试验(FOBT)及血清癌胚抗原(CEA)

检测是目前临幊上广泛采用的 CRC 早期筛查的无创检查手段,但由于敏感度及特异性的限制,并不能作为 CRC 术前诊断的金标准。因此,寻找一种无创且敏感度及特异性均高的 CRC 术前筛查指标,具有重要的临幊意义。循环 miRNA 的测定为非侵入性检查,具有稳定性高及检测方便准确等优势,而且 miRNA 本身就是 CRC 肿瘤细胞增殖、分化、迁移、新生血管生成、细胞凋亡等活动的参与者,若能找到与 CRC 相关的特异性好、敏感度高的 miRNA,早期发现结直肠癌,这必将大大提高 CRC 患者的 5 年生存率和生活质量。然而,由于缺乏大样本、多中心、前瞻性的研究数据,循环 miRNA 表达谱尚未完善等因素,循环 miRNA 作为 CRC 诊断和预后的生物学标志物仍然具有局限性。特定循环 miRNA 与现有的诊断指标相结合,或数个循环 miRNA 联合检测对 CRC 的临床应用具有重大意义。

综上所述,循环 miRNA 有助于监测病情变化以及指导临幊治疗。

参考文献

- 1 Blenkiron C, Miska EA. miRNAs in cancer: approaches, aetiology, diagnostics and therapy [J]. *Hum Mol Genet*, 2007, 16 (1) : R106 – R113
- 2 Mirzaei H, Sahebkar A, Jaafari MR, et al. Diagnostic and therapeutic potential of exosomes in cancer: the beginning of a new tale? [J]. *J Cell Physiol*, 2017, 232 (12) : 3251 – 3260
- 3 Bartel DP. MicroRNAs: target recognition and regulatory functions [J]. *Cell*, 2009, 136 (2) : 215 – 233
- 4 Chiang HR, Schoenfeld LW, Ruby JG, et al. Mammalian microRNAs: experimental evaluation of novel and previously annotated genes [J]. *Genes Dev*, 2010, 24 (10) : 992 – 1009
- 5 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 [J]. *Cell Res*, 2008, 18 (10) : 997 – 1006
- 6 Tijsen AJ, Pinto YM, Creemers EE. Circulating microRNAs as diagnostic biomarkers for cardiovascular diseases [J]. *Am J Physiol Heart Circ Physiol*, 2012, 303 (9) : H1085 – H1095
- 7 Mitchell PS, Parkin RK, Kroh EM, et al. Circulating microRNAs as stable blood-based markers for cancer detection [J]. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 2008, 105 (30) : 10513 – 10518
- 8 Shirafkan N, Mansoori B, Mohammadi A, et al. MicroRNAs as novel biomarkers for colorectal cancer: New outlooks [J]. *Biomed Pharmacother*, 2017, 97 : 1319 – 1330
- 9 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 [J]. *Cell Res*, 2008, 18 (10) : 997 – 1006
- 10 Ng EK, Chong WW, Jin H, et al. Differential expression of microRNAs in plasma of patients with colorectal cancer: a potential marker for colorectal cancer screening [J]. *Gut*, 2009, 58 (10) : 1375 – 1381
- 11 Kanaan Z, Rai SN, Eichenberger MR, et al. Plasma miR - 21: a potential diagnostic marker of colorectal cancer [J]. *Ann Surg*, 2012, 256 (3) : 544 – 551
- 12 Imaoka H, Toiyama Y, Fujikawa H, et al. Circulating microRNA - 1290 as a novel diagnostic and prognostic biomarker in human colorectal cancer [J]. *Ann Oncol*, 2016, 27 (10) : 1879
- 13 Huang Z, Huang D, Ni S, et al. Plasma microRNAs are promising novel biomarkers for early detection of colorectal cancer [J]. *Int J Cancer*, 2010, 127 (1) : 118 – 126
- 14 Wang Q, Huang Z, Ni S, et al. Plasma miR - 601 and miR - 760 are novel biomarkers for the early detection of colorectal cancer [J]. *PLoS One*, 2012, 7 (9) : e44398
- 15 Wang J, Huang SK, Zhao M, et al. Identification of a circulating microRNA signature for colorectal cancer detection [J]. *PLoS One*, 2014, 9 (4) : e87451
- 16 Kanaan Z, Roberts H, Eichenberger MR, et al. A plasma microRNA panel for detection of colorectal adenomas: a step toward more precise screening for colorectal cancer [J]. *Ann Surg*, 2013, 258 (3) : 400 – 408
- 17 Wu CW, Ng SS, Dong YJ, et al. Detection of miR - 92a and miR - 21 in stool samples as potential screening biomarkers for colorectal cancer and polyps [J]. *Gut*, 2012, 61 (5) : 739 – 745
- 18 Toiyama Y, Takahashi M, Hur K, et al. Serum miR - 21 as a diagnostic and prognostic biomarker in colorectal cancer [J]. *J Natl Cancер Inst*, 2013, 105 (12) : 849 – 859
- 19 Toiyama Y, Hur K, Tanaka K, et al. Serum miR - 200c is a novel prognostic and metastasis - predictive biomarker in patients with colorectal cancer [J]. *Ann Surg*, 2014, 259 (4) : 735 – 743
- 20 Yin J, Bai Z, Song J, et al. Differential expression of serum miR - 126, miR - 141 and miR - 21 as novel biomarkers for early detection of liver metastasis in colorectal cancer [J]. *Chin J Cancer Res*, 2014, 26 (1) : 95 – 103
- 21 Yang I, Tsai HL, Huang CW, et al. The functional significance of microRNA - 29c in patients with colorectal cancer: a potential circulating biomarker for predicting early relapse [J]. *PLoS One*, 2013, 8 (6) : e66842
- 22 Cheng H, Zhang L, Cogdell DE, et al. Circulating plasma MiR - 141 is a novel biomarker for metastatic colon cancer and predicts poor prognosis [J]. *PLoS One*, 2011, 6 (3) : e17745
- 23 Hur K, Toiyama Y, Okugawa Y, et al. Circulating microRNA - 203 predicts prognosis and metastasis in human colorectal cancer [J]. *Gut*, 2017, 66 (4) : 654
- 24 Kjerssem JB, Ikhdahl T, Lingjaerde OC, et al. Plasma microRNAs predicting clinical outcome in metastatic colorectal cancer patients receiving first - line oxaliplatin - based treatment [J]. *Mol Oncol*, 2014, 8 (1) : 59 – 67
- 25 Hansen TF, Carlsen AL, Heegaard NH, et al. Changes in circulating microRNA - 126 during treatment with chemotherapy and bevacizumab predicts treatment response in patients with metastatic colorectal cancer [J]. *Br J Cancer*, 2015, 112 (4) : 624 – 629
- 26 Zhang J, Zhang K, Bi M, et al. Circulating microRNA expressions in colorectal cancer as predictors of response to chemotherapy [J]. *Anti - cancer Drugs*, 2014, 25 (3) : 346
- 27 Yang IP, Tsai HL, Huang CW, et al. The functional significance of microRNA - 29c in patients with colorectal cancer: a potential circulating biomarker for predicting early relapse [J]. *PLoS One*, 2013, 8 (6) : e66842

(收稿日期:2018-01-02)

(修回日期:2018-01-06)