

应用基因表达谱芯片技术筛选HCV p7蛋白反式调节基因

郭江¹, 成军², 洪源², 王琦², 邢卉春¹, 毛羽² (1.首都医科大学北京地坛医院 内五科, 北京 100015; 2.首
都医科大学北京地坛医院 传染病研究所, 北京 100015)

摘要: 采用基因芯片技术对pcDNA3.1(-)和pcDNA3.1(-)-p7分别转染的HepG2细胞的基因表达谱进行分析, 筛选能被HCV p7蛋白反式调节的基因, 研究p7蛋白的生物学功能。方法 以含有HCV全基因组的pBRTM质粒作为模板, 应用聚合酶链反应(PCR)扩增p7蛋白编码基因片段, 以常规的分子生物学技术构建表达载体pcDNA3.1(-)-p7。以脂质体技术转染肝母细胞瘤细胞系HepG2, 提取总mRNA, 逆转录为cDNA, 与转染空表达载体pcDNA3.1(-)的HepG2细胞进行DNA芯片分析并比较。结果 构建的表达载体经过限制性内切酶分析和DNA序列测定, 证实准确无误, 提取高质量的总mRNA并逆转录成cDNA, 进行DNA芯片技术分析。在1152个基因表达谱的筛选中, 有1个基因表达水平显著上调, 22个基因表达水平显著下调。结论 HCV p7蛋白是一种反式调节因子, p7基因的表达对于肝细胞基因表达谱有显著影响。

关键词: 丙型肝炎病毒; p7蛋白; 反式调节

Screening and identification of genes trans-regulated by HCV p7 protein with microarray assay

GUO Jiang¹, CHENG Jun², HONG Yuan², WANG Qi², XING Hui-chun², MAO Yu² (1. The Fifth Department of Internal Medicine, Beijing Ditan Hospital, Capital Medical University, Beijing 100015, China; 2. Institute of Infectious Diseases, Beijing Ditan Hospital, Capital Medical University, Beijing 100015, China)

Abstract: Objective To investigate the biological functions of hepatitis C virus p7 protein and screen genes regulated by p7 protein by cDNA microarray technique. Methods The HCV p7 coding DNA fragment was amplified with polymerase chain reaction (PCR) with pBRTM plasmid containing the full length of HCV genome as the template. The expression vector of pcDNA3.1-p7 was constructed by routine molecular biological methods. The HepG2 cells were transfected by pcDNA3.1(-) and pcDNA3.1(-)-p7, respectively, using FuGENE6 transfection reagent. Total RNA was isolated and reverse transcribed. The cDNA were subjected for microarray screening with 1152 cDNA probes. Results The expression vector were constructed and confirmed by restriction enzyme digestion and DNA sequencing analysis. High quality mRNA and cDNA were prepared and successful microarray screening was conducted. From the scanning results, one gene was up-regulated and 22 genes were down-regulated by HCV p7 protein. Conclusions HCV p7 protein is a trans-regulator. The expression of p7 protein affect the expression spectrum of HCV infected hepatocytes.

Key words: Hepatitis C virus; p7 protein; Trans-regulation

丙型肝炎病毒(HCV)是世界范围内慢性肝炎的主要病原之一, 约有1.7亿人被感染, 常导致严重肝病, 包括肝硬化和肝细胞癌(HCC)^[1]。HCV

基因组含有一个长的开放阅读框架(ORF), 编码一个约3010个氨基酸残基(aa)组成的多肽, 该多肽被细胞和病毒蛋白酶切割产生至少10个病毒基因产物: 核心蛋白(core)、E1、E2、p7、NS2、NS3、NS4A、NS4B、NS5A和NS5B蛋白等^[2]。p7是HCV基因组第2580~2768核苷酸

基金项目: 国家自然科学基金(N0: 30371288)
通讯作者: 成军 Email: cj@genetherapy.com.cn

(nt) 编码的由63个氨基酸残基(aa)组成的一个小蛋白，其功能研究尚较少。为了研究p7蛋白对于宿主细胞基表达的上调和下调作用，本研究应用基表达谱芯片技术，对p7蛋白基和空表达载体转染肝母细胞瘤细胞系HepG2进行筛选，试图从p7蛋白的表达对肝细胞基表达谱的影响这一角度，探索HCV感染的发病机制，包括HCV相关的HCC发生发展的分子生物学机制。

1 材料和方法

1.1 实验材料和试剂 HepG2细胞及感受态大肠埃希菌DH5 α (本室保存)，pcDNA 3.1 (-) 真核表达载体 (Invitrogen)；FuGENE6转染试剂 (Roche)；mRNA Purification试剂盒 (Amersham Pharmacia Biotech)；PCR-Select cDNA Subtraction试剂盒，50 × PCR Enzyme Mix, Advantage PCR Cloning试剂盒 (Clontech)；High Pure PCR Product Purification试剂盒 (Boehringer Mannheim)；T7、SP6通用引物及pGEM-Teasy载体 (Promega)。

1.2 表达载体的构建及细胞转染 根据HCV-1型基序列，在编码区的上游和下游分别设计合成一对寡聚核苷酸引物（上游：5' -GAA TTCATGGCTTGAGAACCTCG-3'；下游：5' -GGATCCTTACGCGTACGCCGCTGG-3'），在引物两端分别引入了Eco R I 和Bam H I 酶切位点，引物由上海博亚公司合成。使用25 μ l反应体系，以pBRTM质粒DNA为模板，放入PE9600 PCR 仪扩增。扩增条件：94 °C变性50秒，60 °C退火50秒，72 °C延伸50秒，循环35次，72 °C保温10分钟。0.9 g/L琼脂糖凝胶电泳鉴定扩增结果。扩增的p7蛋白编码基首先克隆到TA载体进行序列测定，然后亚克隆到真核表达载体pcDNA3.1 (-) 中，构建真核表达载体pcDNA3.1 (-) -p7。用FuGENE6转染试剂将2 μ g pcDNA3.1 (-) -p7及pcDNA3.1 (-) 空载体分别转染35 mm平皿 HepG2细胞，48小时后收获细胞。

1.3 杂交及洗涤 使用mRNA Purification试剂盒，直接提取转染了p7表达质粒及空载体的HepG2细

胞mRNA，经琼脂糖凝胶电泳及分光光度计进行定性定量分析。逆转录标记cDNA探针并纯化，用Cy3-dUTP标记对照细胞mRNA (5 μ g)，Cy5-dUTP标记实验组细胞mRNA (5 μ g)，乙醇沉淀后溶解在20 μ l含5 × SSC和2 g/L SDS杂交液中。芯片包含的1152个cDNA由上海联合基因有限公司提供，包括原癌基和抑癌基、免疫调节相关基、细胞凋亡和应激反应蛋白相关基、信号传导相关基等。以通用引物进行PCR扩增，PCR产物长度为1000~3000 bp。基以0.5 g/L溶解于3 × SSC溶液中，用Cartesian公司的Cartesian 7500点样仪及TeleChem公司的硅烷化玻片进行点样。玻片经水合（2小时）、室温干燥（0.5小时），紫外线（UV）交联，再分别用2 g/L SDS、水及2 g/L氢氧化钠溶液处理10分钟，晾干备用。将基芯片和杂交探针在95 °C水浴变性5分钟，将混合探针加在基芯片上，置于60 °C杂交15~17小时。依次以2 × SSC + 2 g/L SDS、0.1 × SSC + 2 g/L SDS、0.1 × SSC洗涤10分钟，室温晾干。

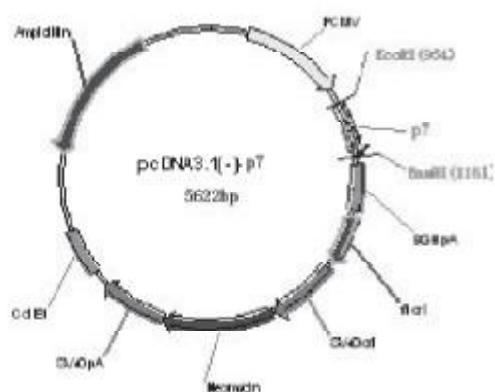
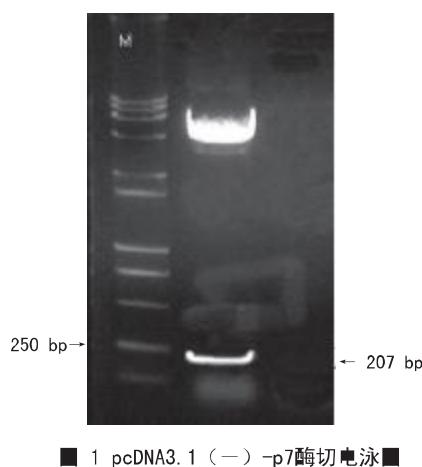
1.4 检测与分析 使用General Scanning公司的ScanArray 3000扫描芯片。以预先选定的内参照基（24个管家基，每个基点2个点，共48个点）对Cy3和Cy5的原始提取信号进行均衡和修正。用ImaGene 3.0软件分析Cy3、Cy5两种荧光信号的强度，计算Cy5/Cy3比值。阳性结果判断：Cy5/Cy3 > 2.0，为红色荧光，显示表达增强；Cy5/Cy3 < 0.5，为绿色荧光，显示表达减弱。

2 结果

2.1 HCV p7蛋白表达载体的构建 利用自行设计的引物成功扩增出HCV p7基片段，PCR产物经0.9%琼脂糖凝胶电泳分析显示扩增片段约207 bp，与预期片段符合，且无非特异扩增现象。将PCR扩增的HCV p7基与pGEM T载体连接后测序，结果显示序列与报告的完全符合。用Eco R I 及Bam H I 双酶切所得片段，连接到以相同酶切过的pcDNA3.1 (-) 载体中，经酶切鉴定结果正确，见图1。此表明HCV p7基已按正确方向克隆入真核表达载体中，pcDNA3.1 (-) -p7质粒构建成

功，见图2。

2.2 痘vRNA和mBNA定性及定量分析 痘vRNA的吸



■ 2 真核表达载体pcDNA3.1 (-) -p7质粒 ■

光度 $A_{260}/A_{280} > 1.89$, 热稳定实验 70 ℃ 保温 1 小时与 -20 ℃ 1 小时电泳条带比较, 显示 28 S 条带无明显降解, 电泳结果证实已抽提高纯度的总 RNA。mRNA 主要集中在 0.9~4.0 kb 的连续条带。

2.3 HCV p7蛋白调节基团 在基团芯片扫描分析中，对于某一点的两种叠加荧光信号，Cy3信号较强，该点多显绿色（下调趋势）；如果Cy5信号较强，该点多显红色（上调趋势）；如果强度相似即显黄色。本实验以Cy5/Cy3比值在2.0以上为上调阈值，发现有1种基团的表达水平上调即环指蛋白19（RNF19）突变体1，其比值为2.1。以Cy5/Cy3

比值在0.5以下为下调阈值，发现有22种基因的表达水平下调（表1）。

3 讨论

HCV p7是一个小的疏水性多肽，其编码基因位于结构蛋白和非结构蛋白之间。p7可在质膜中形成六聚体阳离子通道，推测其功能与病毒离子孔道蛋白(viroporin)类似，可使细胞内膜结构不稳定化，以利于成熟的病毒颗粒释放，这一离子通道可被金刚烷胺和长烷基链的亚氨基糖衍生物抑制^[3]。p7对病毒复制并不关键，但对感染性病毒的产生是必不可少的^[4]。p7仍有许多功能没有研究清楚，对其反式调节作用的研究更少。

为进一步研究p7蛋白的反式调节作用，笔者利用基■芯片技术对其进行上调、下调基■进行分析。结果表明，1种基■的表达水平显著上调，22种基■的表达水平显著下调。其中WRN是RecQ亚家族和DNA死亡亚家族的一个成员，其羧基端包括一个核定位信号，可能参与双链DNA断裂的修复。WRN基■的缺失可引起以早衰为特征的WRN综合征。NOV是CCN家族的一个成员，是纤维母细胞中表达的早期即刻基■，其在肝细胞癌中的表达明显高于周围非癌组织，其与肝脏肿瘤的进展有关^[5]。NOV富含半胱氨酸，结合到一个特殊受体，导致一种221 kD蛋白的磷酸化，而发挥细胞生长■子的作用^[6]。ADRP是一种磷脂储存小泡相关蛋白，调控磷脂从小泡中释放^[7]。SOX11的主要功能是参与组织重塑，其突变可引起成人的畸形综合征^[8]。PSMC3即Tat样结合蛋白1（Tbp1），是DNA结合的转录协同■子。HIV Tbp1是HBx的相互作用蛋白，通过两者相互作用调节HBx的转录^[9]。RAFTLIN在脂质体的形成和维持中起重要作用，可调节B细胞抗原受体（BCR）介导的信号，从而活化B细胞^[10]。ALEX2在抑制上皮组织的肿瘤中起作用，特别是癌^[11]。p7下调ALEX2表达，可能是HCV引起肝细胞癌机制之一。PBEF1是一个高度保守的52 kD的蛋白，是早期阶段B细胞的生长■子。PBEF1作为一种炎性■子可抑制炎性调理素引起中性粒细胞的凋亡，并■是与细胞周期

表1 HCV p7蛋白下调基序列表

编号	Cy3/Cy5	基因名称
1	0.337	沃纳综合征(WRN)
2	0.368	肾母细胞瘤过度表达基因(NOV)
3	0.394	阴离子交换蛋白SLC4A3
4	0.403	脂肪分化相关蛋白(ADFP)
5	0.406	SOX11
6	0.410	蛋白酶体26S亚单位ATP酶3(PSMC3)
7	0.411	淋巴细胞激活相关蛋白
8	0.411	raft相关蛋白(RAFTLIN)
9	0.405	肾肿瘤抗原中度类似物
10	0.419	人犰狳属重复因子X连锁2(ALEX2)
11	0.436	KIAA0899蛋白
12	0.436	腺苷酸环化酶6(ADCY6)突变体1
13	0.448	前B细胞集落增强因子1(PBEF1)突变体1
14	0.459	锌指蛋白547(ZNF547)
15	0.473	TATA盒结合蛋白相关因子(TAF15)
16	0.476	卵巢上皮肿瘤相关蛋白
17	0.483	蛋白磷酸酶1抑制亚单位16B(PPP1R16B)
18	0.485	锌指蛋白(ZNF345)
19	0.492	转录素分裂增强子2(TLE2)
20	0.481	RELA(p65)
21	0.492	FLJ46523
22	0.469	膜蛋白C21orf4

相关的一种蛋白^[12,13]。ZNF547定位于核中，可调节转录，具有DNA依赖性。ZNF547作为一种转录因子，可负调控Pol III启动子的转录。RELA为NF-κB的p65亚单位，其细胞核功能受转录后修饰的影响，可抑制机体对内毒素的反应^[14,15]。RELA可通过ARF肿瘤抑制因子抑制抗凋亡因子表达而促进凋亡，进而抑制体内肿瘤的发展^[16]。p7下调RELA的表达，从而在HCV致癌中起一定作用。PPP1R16B即TGF-β₁抑制的膜相关蛋白(TIMAP)在血管内皮中表达，可被TGF-β₁抑制，通过与蛋白磷酸酶1的相互作用起信号转导功能^[17]。TLE2可起转录抑制的作用^[18]。RNF19即p38，可与转录因子Sp1相互作用，具有遍在蛋白连接酶活性，与锌离子结合参与微管细胞骨架的组织和发生。

本研究中还有2个未知功能的新基序，均为下调基序。将每一个基序片段序列提交GenBank进行同源基序搜索，确认所得基序片段的独特

性，然后依据GenBank数据库EST中的同源基序片段进行电子拼接，根据Kozak规则和终止密码子下游的多聚腺苷酸信号序列，确定完整的编码基序，分别命名为HCV p7TP2(p7蛋白反式调节蛋白2)和p7TP3，已提交GenBank。这些新基序的功能正在进一步研究中。

参考文献

- [1] 成军,李克,陆荫英,等.丙型肝炎病毒调节基序区结合的研究进展[J].世界华人消化杂志,2002,10:223-225.
- [2] Lo SY, Selby M, Tong M, et al. Comparative studies of the core gene products of two different hepatitis C virus isolates: two alternative forms determined by single amino acid substitution[J]. Virology,1994,199:124-131.
- [3] Griffin SD, Beales LP, Clarke DS, et al. The p7 protein of hepatitis C virus forms an ion channel that is blocked by the antiviral drug, Amantadine[J]. FEBS Lett,2003,535:34-38.
- [4] Harada T, Tautz N, Thiel HJ. E2-p7 region of the bovine viral diarrhea virus polyprotein: processing and functional studies[J]. J Virol,2000,74:9498-9506.
- [5] Hirasaki S, Koide N, Ujike K, et al. Expression of Nov, CYR61 and CTGF genes in human hepatocellular carcinoma[J]. Hepatol Res,2001,19:294-305.

- [6] Liu C, Liu XJ, Crowe PD, et al. Nephroblastoma overexpressed gene (NOV) codes for a growth factor that induces protein tyrosine phosphorylation[J]. Gene,1999,238:471-478.
- [7] Corsini E, Viviani B, Zancanella O, et al. Induction of adipose differentiation related protein and neutral lipid droplet accumulation in keratinocytes by skin irritants[J]. J Invest Dermatol,2003,121:337-344.
- [8] Sock E, Rettig SD, Enderich J, et al. Gene targeting reveals a widespread role for the high-mobility-group transcription factor Sox11 in tissue remodeling[J]. Mol Cell Biol,2004,24:6635-6644.
- [9] Tanahashi N, Suzuki M, Fujiwara T, et al. Chromosomal localization and immunological analysis of a family of human 26S proteasomal ATPases[J]. Biochem Biophys Res Commun,1998,243:229-232.
- [10] Saeki K, Miura Y, Aki D, et al. The B cell-specific major raft protein, Raftlin, is necessary for the integrity of lipid raft and BCR signal transduction[J]. EMBO J,2003,22:3015-3026.
- [11] Kurochkin IV, Yonemitsu N, Funahashi SI, et al. ALEX1, a novel human armadillo repeat protein that is expressed differentially in normal tissues and carcinomas[J]. Biochem Biophys Res Commun,2001,280:340-347.
- [12] Jia SH, Li Y, Parodo J, et al. Pre-B cell colony-enhancing factor inhibits neutrophil apoptosis in experimental inflammation and clinical sepsis[J]. J Clin Invest,2004,113:1318-1327.
- [13] Kitani T, Okuno S, Fujisawa H. Growth phase-dependent changes in the subcellular localization of pre-B-cell colony-enhancing factor[J]. FEBS Lett,2003,544:74-78.
- [14] Gadjeva M, Tomeczak MF, Zhang M, et al. A role for NF-kappaB subunits p50 and p65 in the inhibition of lipopolysaccharide-induced shock[J]. J Immunol,2004,173:5786-5793.
- [15] Campbell KJ, Perkins ND. Post-translational modification of RelA (p65) NF-kappa B[J]. Biochem Soc Trans,2004,32:1087-1089.
- [16] Perkins ND. Regulation of NF-kappaB by atypical activators and tumour suppressors[J]. Biochem Soc Trans,2004,32:936-939.
- [17] Cao W, Mattagajasingh SN, Xu H, et al. TIMAP, a novel CAAX box protein regulated by TGF-beta1 and expressed in endothelial cells[J]. Am J Physiol Cell Physiol,2002,283:C327-337.
- [18] Grbavec D, Lo R, Liu Y, et al. Transducin-like Enhancer of split 2, a mammalian homologue of Drosophila Groucho, acts as a transcriptional repressor, interacts with Hairy/Enhancer of split proteins, and is expressed during neuronal development[J]. Eur J Biochem,1998,258:339-349.

收稿日期: 2008-09-08

•会议报道•

第四届地坛国际感染病会议

■首都医科大学北京地坛医院主办，并得到中华医学会感染病学分会、中华医学会肝病学分会、中华医学会热带病与寄生虫学分会、中华医学会检验学分会、中华医学会皮肤性病学分会、中华医学会呼吸病学分会和欧洲临床微生物及感染病学会（ESCMID）支持的第四届地坛国际感染病会议，定于2010年7月15日～7月18日在北京市国际会议中心举行。会议将提供一个国际平台供专家们分享和讨论感染病疾病领域中的最新进展。通过这种建设性的“全球对话”，相信我国在感染病领域上的研究和实践将很快能够与国外接轨。在众多中外知名专家的参与下，您将有机会参加一系列能够反映最先进的科学研究，高水准的临床实践，以及全球的技术进步的课程。会议还将辅以卫星会议和展览，使第四届国际感染病会议将成为所有中外感染病领域研究员和专家眼中的一件盛事。