

# miRNA-214 在乳腺癌组织中的表达及其意义

李 芳,翟从勘,田延锋,刘 擘,赵增仁,韩晓东  
(河北医科大学第一医院,河北 石家庄 050031)

**摘要:**[目的] 探讨 miRNA-214 在乳腺癌组织中的表达及其与临床病理特征及预后的关系。  
[方法] 应用实时定量 qPCR 检测 45 例乳腺癌及癌旁正常组织中 miRNA-214 的含量,分析其与临床病理特征、预后的关系。  
[结果] 乳腺癌组织中 miRNA-214 的含量明显低于癌旁正常组织,差异有统计学意义 ( $P<0.01$ ) ; miRNA-214 在 Ki-67 阴性组的表达量明显高于 Ki-67 阳性组,差异具有统计学意义 ( $P=0.01$ ) ; miRNA-214 水平与患者的年龄、月经状况、临床分期、肿瘤大小、淋巴结转移、ER、PR、Her-2 及 p53 的表达均无关 ( $P>0.05$ ) 。  
[结论] miRNA-214 在乳腺癌组织中呈低表达,并与 Ki-67 表达相关,提示其可能与乳腺癌的发生、发展及预后有关。

**关键词:**miRNA-214; 乳腺癌; qPCR

中图分类号:R737.9 文献标识码:A 文章编号:1004-0242(2016)10-0816-04

doi: 10.11735/j.issn.1004-0242.2016.10.A014

## Expression of miRNA-214 in Breast Cancer and Its Significance

LI Fang, ZHAI Cong-jie, TIAN Yan-feng, et al.  
(First Hospital of Hebei Medical University, Shijiazhuang 050031, China)

**Abstract:** [Purpose] To explore the expression of miRNA-214 and the correlation between miRNA-214 and clinical pathologic features and prognosis in breast cancer. [Methods] The expression of miRNA-214 was examined by qPCR in 45 cases of breast cancer and normal tissue adjacent to carcinoma. Its relationship with clinical pathologic features and prognosis was analyzed. [Results] Compared with normal tissue, the expression of miRNA-214 decreased in breast cancer tissue, the difference was statistically significant ( $P<0.01$ ). The expression of miRNA-214 in Ki-67 negative group was obviously higher than Ki-67 positive group, with statistically significant difference ( $P=0.01$ ). The miRNA-214 level was irrelevant with the patient's age, menstrual status, clinical stage, tumor size, lymph node metastasis, ER, PR, Her-2 and p53( $P>0.05$ ) . [Conclusion] The miRNA-214 shows low expression in breast cancer, and relates to the expression of Ki-67, which suggests that miRNA-214 may be associated with the occurrence, development and prognosis of breast cancer.

**Key words:** miRNA-214; breast cancer; qPCR

乳腺癌目前已成为女性常见恶性肿瘤,针对乳腺癌的治疗也进入到了分子分型的时代,这大大推动了乳腺癌的基础研究和对疾病控制。microRNA(也称为 miRNA)是近年来发现的一种非编码 RNA,作为重要的调控因子,miRNA 对细胞的生长、增殖、分化、凋亡等生命过程有重要的影响<sup>[1]</sup>。miRNA 在乳腺癌发生发展过程中,部分可作为原癌基因,也有部分可作为抑癌基因起作用。研究表明 miRNA-214 在

多种恶性肿瘤中均有异常表达<sup>[2-4]</sup>。本研究旨在探索 miRNA-214 在乳腺癌组织中的表达及与乳腺癌临床病理因素之间的关系。

## 1 资料与方法

### 1.1 材 料

#### 1.1.1 临床标本

收集 2013 年 1 月至 2014 年 1 月 45 例来自河北医科大学第一医院、河北医科大学第四医院乳腺

收稿日期:2015-11-14;修回日期:2015-12-27  
基金项目:河北省科技支撑计划项目(14277755D)  
通讯作者:田延锋,E-mail:tianyanfeng1212@163.com

癌手术标本及其对应的癌旁正常组织，新鲜标本离体后迅速置于液氮中，于-80℃保存。年龄 26~79 岁(中位年龄 52 岁)，术前未接受任何化疗、免疫治疗和放疗。按 WHO(2003 年)乳腺肿瘤分类标准对所有病例进行病理学分型，所有病理诊断均经两位高年资病理医师证实。

### 1.1.2 主要试剂和设备

Trizol 试剂购自美国 Invitrogen 公司；反转录试剂盒、Real-time PCR 试剂盒及引物均购自美国 ABI 公司。7500 荧光定量 PCR 仪购自美国 ABI 公司。

## 1.2 方法

### 1.2.1 RNA 提取

组织标本加入 1ml Trizol 于 DEPC 处理过的匀浆器中匀浆，室温下静置 5min；加入 200μl 氯仿，振荡混匀后于冰上静置 5min；4℃ 12 000r/min 离心 15min，吸取上层无色液相至另一管中，加入 500μl 异丙醇，室温下静置 15min，4℃ 13 000r/min 离心 15min，可见 RNA 沉淀在管底部或侧壁。弃上清液，加 75% 乙醇 1ml 振荡器混匀，4℃ 7500r/min 离心 5min，弃上清液，室温干燥 15min 后用无 RNA 酶水溶解混匀。检测 RNA 溶液 260nm 及 280nm 处的吸光度值，计算 RNA 浓度和纯度，吸光度比值>1.8 方可用于检测。

### 1.2.2 miRNA-214 检测

采用实时定量 qPCR 检测患者组织中 miRNA-214 的表达，按照检测试剂盒说明书进行操作。根据 TaqMan MicroRNA ReverseTranscription 试剂盒说明书反转录成 cDNA，反转录选用 15μl 反应体系：RNA sample 5μl, 5X RT primer 3μl, 100mM dNTPs 0.15μl, 50U/μl MultiScribeTM Reverse Transcriptase 1μl, 10X Reverse Transcription Buffer 1.5μl, 20U/μl RNase inhibitor 0.19μl, Nuclease-free water 4.16μl。反应条件：16℃ 30 min, 42℃ 30min, 85℃ 5min。取反转录产物，按照 TaqMan Universal PCR Master Mix, NoAmpErase UNG 试剂盒说明书提供的方法在 Real-time PCR AB7500 仪上进行实时荧光定量 PCR 反应，以 U6 作为内参照。采用 20μl 反应体系：TaqMan Universal Master Mix 10μl, 20X TaqMan Assay 1μl, cDNA template 2μl, RNase-free water 7μl。反应条件为 50℃ 2min, 95℃ 10min，然后 95℃ 15s, 60℃ 1min, 40 个循环。根据待测标本的 Ct 值，以 U6

作为内参照，采用定量 PCR 中的相对定量法，以  $N=2^{-\Delta CT}$  表示标本中 miRNA-214 的相对表达量，其中  $\Delta CT=CT_{miRNA-214}-CT_{U6}$ 。

### 1.3 统计学处理

采用 SPSS 19.0 统计软件进行统计分析。miRNA-214 表达数据以 P50(P25, P75) 表示。配对样本间比较采用 Wilcoxon 符号秩检验，两组独立样本间比较采用 Mann-Whitney U 检验，多组独立样本间比较采用 Kruskal-Wallis H 检验， $P<0.05$  认为差异有统计学意义。

## 2 结 果

### 2.1 miRNA-214 在乳腺癌组织中的表达

乳腺癌组织中 miRNA-214 表达水平 123.7636 (27.4925, 401.6886) 明显低于乳腺癌旁组织 412.6400(117.9420, 1296.5002)，差异有统计学意义 ( $P<0.01$ ) (Figure 1)。

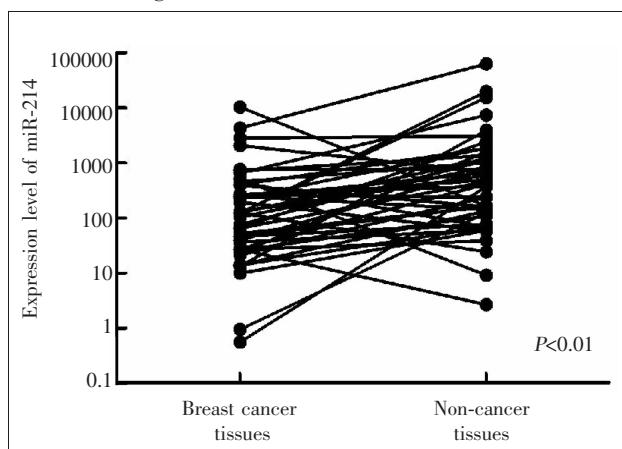


Figure 1 The expression level of miRNA-214 in breast cancer and non-cancer tissues

### 2.2 miRNA-214 与乳腺癌临床病理特征的关系

miRNA-214 在乳腺癌组织中的表达与 Ki-67 表达有关 ( $P=0.01$ )，与患者的年龄、月经状况、临床分期、肿瘤大小、淋巴结转移、ER、PR、Her-2 及 p53 的表达均无关 ( $P>0.05$ ) (Table 1)。

## 3 讨 论

越来越多的研究表明，miRNA 在肿瘤发生发展中发挥着重要作用。它作为一类内源性非蛋白质编

**Table 1 Association between the expression of miRNA-214 and clinicopathological features in patients with breast cancer**

Clinicopathologic characteristics	N	miRNA-214[P50(P25,P75)]	P
Age(years)			0.204
≤52	23	233.7382(27.2220, 721.9696)	
>52	22	123.3116(27.2767, 235.7898)	
Menstrual status			0.522
Premenopause	16	114.7258(40.4491, 437.3247)	
Post-menopause	29	123.7636(26.2548, 333.4042)	
Grade			0.802
I	10	197.4050(21.2527, 516.1361)	
II	29	104.0229(32.0792, 247.3754)	
III	6	187.4672(35.1970, 2986.2360)	
Diameter			0.924
≤2cm	16	123.7572(24.3864, 437.3247)	
>2cm	29	123.7636(38.0486, 255.8997)	
Lymph node status			0.873
Positive	24	123.3116(29.9211, 362.6472)	
Negative	21	124.6549(25.1549, 427.1244)	
Her-2			0.886
Negative	18	94.3342(23.0610, 1090.1994)	
Positive	26	125.0418(38.8752, 263.0103)	
Missing data	1		
ER			0.412
Negative	12	123.3116(32.4759, 178.0301)	
Positive	32	181.9622(29.5153, 458.2856)	
Missing data	1		
PR			0.242
Negative	17	104.0229(27.4925, 164.4127)	
Positive	27	233.7382(39.7019, 461.8725)	
Missing data	1		
p53			0.420
Negative	30	113.4413(26.4733, 399.1710)	
Positive	14	125.0418(51.2634, 451.1118)	
Missing data	1		
Ki-67			0.010
Negative	14	358.8400(102.7481, 1090.1994)	
Positive	30	71.1631(26.4733, 233.8341)	
Missing data	1		

码的 RNA 分子,广泛分布于病毒、植物和高等哺乳动物中。miRNA 具有序列保守性、严格的时空性和组织特异性。大量的研究证实 miRNA 在卵巢癌<sup>[5]</sup>、肺癌<sup>[6]</sup>、胰腺癌<sup>[7]</sup>、结直肠癌<sup>[8]</sup>、宫颈癌<sup>[9]</sup>、Burkitt 淋巴瘤和慢性淋巴细胞白血病<sup>[10,11]</sup>等多种恶性肿瘤中表达失调。在肿瘤的发生、发展过程中,它们可能起到原癌基因和抑癌基因的作用。乳腺癌是一种多基因遗传性疾病,其发病机制复杂,同样也接受 miRNA

的调控作用。

miRNA-214 基因在染色体上的位置为 1q24.3,它与肿瘤密切相关<sup>[12,13]</sup>。Huang 等<sup>[2]</sup>在对食管鳞癌的研究中发现 miRNA-214 在高分化组、T<sub>1</sub>/T<sub>2</sub> 组及无淋巴结转移组的表达高于低分化组、T<sub>3</sub>/T<sub>4</sub> 组和伴有淋巴结转移组。Shih 等<sup>[3]</sup>的研究表明,肝细胞肝癌中 miRNA-214 表达下调与复发和预后差密切相关。另有研究表明,miRNA-214 在宫颈癌组织中的表达水平明显低于正常组织<sup>[4]</sup>。而在胰腺癌和卵巢癌中,miRNA-214 的高表达促进了癌细胞的存活并增强癌细胞的化疗耐药性<sup>[11,14]</sup>,还有研究发现 miRNA-214 对黑色素瘤细胞的转移和侵袭具有促进作用<sup>[15]</sup>。

本研究采用实时定量 qPCR 法检测了乳腺癌组织及癌旁正常组织中 miRNA-214 的表达情况,发现 miRNA-214 在乳腺癌组织的表达明显低于配对的癌旁组织,差异有统计学意义,表明 miRNA-214 的下调可能与乳腺癌的发生有关,其在乳腺癌的发生中可能发挥抑癌基因的作用。本研究还显示,miRNA-214 在乳腺癌组织中的表达与患者的年龄、月经状况、临床分期、肿瘤大小、淋巴结转移及大部分免疫组化指标如 ER、PR、Her-2 及 p53 的表达均无关 ( $P>0.05$ ),但与 Ki-67 表达有关。Ki-67 作为一种与细胞分裂增殖有关的核蛋白,已广泛应用于各种肿瘤的诊断及预后的判断,与乳腺癌的恶性程度呈正相关,与肿瘤的生长、侵袭及转移能力密切相关,是一个不良的预后因素,同时还可以作为乳腺癌化疗敏感性指标,对乳腺癌的诊断及预后评价有重要的参考价值<sup>[16,17]</sup>。而 miRNA-214 与 Ki-67 相关提示 miRNA-214 的高表达可能与乳腺癌较好的预后有关。

综上所述,miRNA-214 可能在乳腺癌的发生、发展过程中具有重要的作用,有潜力作为一个新的预测乳腺癌的诊断及预后的分子生物学指标。若能通过进一步研究其在乳腺癌中的作用机制,寻找抗肿瘤药物可为抗肿瘤治疗提供一个新的思路和治疗

靶点,从而达到阻止肿瘤发展及转移的目的。

## 参考文献:

- [1] Brennecke J,Hipfner DR,Stark A,et al. Bantam encodes a developmentally regulated microRNA that controls cell proliferation and regulates the proapoptotic gene hid in Drosophila[J]. Cell,2003,113(1):25–36.
- [2] Huang SD,Yuan Y,Zhuang L,et al. MicroRNA-98 and microRNA-214 post-transcriptionally regulate enhancer of zeste homolog 2 and inhibit migration and invasion in human esophageal squamous cell carcinoma[J]. Mol Cancer, 2012,11:51.
- [3] Shil TC,Tien YJ,Wen CJ,et al. MicroRNA-214 downregulation contributes to tumor angiogenesis by inducing secretion of the hepatoma-derived growth factor in human hepatoma[J]. J Hepatol,2012,57(3):584–591.
- [4] Yang Z,Chen S,Luan X,et al. MicroRNA-214 is aberrantly expressed in cervical cancers and inhibits the growth of HeLa cells[J]. IUBMB Life,2009,61(11):1075–1082.
- [5] Miles GD,Seiler M,Rodriguez L,et al. Identifying microRNA/Mrna dysregulations in ovarian cancer [J]. BMC Res Notes,2012,5(1):164.
- [6] Zhou Z,Niu XM,Li CJ,et al. Inhibition of the growth of non-small cell lung cancer by miRNA-1271 [J]. Am J Transl Res,2015,7(10):1917–1924.
- [7] Laurila EM,Sandström S,Rantanen LM,et al. Both inhibition and enhanced expression of miR-31 lead to reduced migration and invasion of pancreatic cancer cells[J]. Genes Chromosomes Cancer,2012,51(6):557–568.
- [8] Ren A,Dong YJ,Tsoi H,et al. Detection of miRNA as non-invasive biomarkers of colorectal cancer [J]. Int J Mol Sci,2015,16(2):2810–2823.
- [9] Han Y,Xu GX,Lu H,et al. Dysregulation of miRNA-21 and their potential as biomarkers for the diagnosis of cervical cancer [J]. Int J Clin Exp Pathol,2015,8(6):7131–7139.
- [10] Kluiver J,Haralambieva E,de Jong D,et al. Lack of BIC and microRNA miR-155 expression in primary cases of Burkitt lymphoma [J]. Genes Chromosomes Cancer, 2006,45(2):147–153.
- [11] Eis PS,Tam W,Sun L,et al. Accumulation of miR-155 and BIC RNA in human B cell lymphomas [J]. Proc Natl Acad Sci U S A,2005,102(10):3627–3632.
- [12] Yang H,Kong W,He L,et al. MicroRNA expression profiling in human ovarian cancer:miR-214 induces cell survival and cisplatin resistance by targeting PTEN [J]. Cancer Res,2008,68(2):425–433.
- [13] Ueda T,Volinia S,Okumura H,et al. Relation between microRNA expression and progression and prognosis of gastric cancer:a microRNA expression analysis[J]. Lancet Oncol,2010,11(2):136–146.
- [14] Zhang XJ,Ye H,Zeng CW,et al. Dysregulation of miR-15a and miR-214 in human pancreatic cancer [J]. J Hematol Oncol,2010,3:46.
- [15] Penna E,Orso F,Cimino D,et al. microRNA-214 contributes to melanoma tumour progression through suppression of TFAP2C[J]. EMBO J,2011,30(10):1990–2007.
- [16] Keam B,Im SA,Lee KH,et al. Ki-67 can be used for further classification of triple negative breast cancer into two subtypes with different response and prognosis [J]. Breast Cancer Res,2011,13(2):R22.
- [17] Kim KI,Lee KH,Kim TR,et al. Ki-67 as a predictor of response to neoadjuvant chemotherapy in breast cancer patients[J]. J Breast Cancer,2014,17(1):40–46.

## 关于开具版面费发票提供税号的通知

由于营改增的实施,从2016年5月起,本刊的版面费发票改为国税发票,如您的版面费发票台头为贵单位名称,需提供贵单位的税号或组织机构代码证号,请您在百忙中,向贵单位财务部门咨询一下!并在本刊投稿网站作者版面费登记栏中,完善税号登记信息,以便本刊开具发票;如果您的版面费发票台头是个人,则不需税号。谢谢合作!

《中国肿瘤》编辑部

2016-5-16