#### Contents lists available at ScienceDirect



# Engineering

journal homepage: www.elsevier.com/locate/eng



#### Research Glucose and Lipid Metabolism—Article

# 作为一种新的心肌细胞代谢改变和焦亡调节剂, CPAL 可调节小鼠心肌梗死损伤

李佳敏<sup>a,c,d,#</sup>,薛宏儒<sup>a,#</sup>,徐宁<sup>a,#</sup>,龚丽玲<sup>a</sup>,李鸣<sup>a</sup>,李思佳<sup>a</sup>,黄迪<sup>a</sup>,张庆伟<sup>a</sup>,李鹏字<sup>a</sup>,李青穗<sup>a</sup>,于航<sup>a</sup>,刘伊宁<sup>a,b</sup>,薛亚东<sup>a</sup>,陈海鑫<sup>a</sup>,刘佳丽<sup>a</sup>,张万玉<sup>a</sup>,刘明彬<sup>a</sup>,常思雨<sup>a</sup>,郎宪治<sup>a</sup>,赵星淼<sup>a</sup>,杜伟杰<sup>a,c,d</sup>,蔡本志<sup>b,c,d</sup>,王宁<sup>a,c,d,\*</sup>,杨宗峰<sup>a,c,d,\*</sup>

- <sup>a</sup> State-Province Key Laboratories of Biomedicine-Pharmaceutics of China & Key Laboratory of Cardiovascular Medicine Research (Ministry of Education of the People's Republic of China), Department of Pharmacology, College of Pharmacy, Harbin Medical University, Harbin 150081, China
- b Institute of Clinical Pharmacy, The University Key Laboratory of Drug Research, Heilongjiang Higher Education Institutions, Department of Pharmacy, the Second Affiliated Hospital of Harbin Medical University, Harbin 150081, China
- <sup>c</sup> Research Unit of Noninfectious Chronic Diseases in Frigid Zones (2019RU070), Chinese Academy of Medical Sciences, Harbin 150081, China
- d Northern Translational Medicine Research and Cooperation Center, Heilongjiang Academy of Medical Sciences, Harbin Medical University, Harbin 150081, China

#### ARTICLE INFO

# Article history: Received 22 February 2022 Revised 21 July 2022 Accepted 4 August 2022 Available online 14 October 2022

#### 关键词

心肌梗死 细胞焦亡 CPAL 核因子 κB 炎症

#### 摘要

心肌梗死(myocardial infarction, MI)是一种严重的缺血性心脏病疾病,常伴有心肌代谢紊乱和心肌细胞死亡。越来越多的证据表明,长链非编码RNA(lncRNA)参与癌症及心血管疾病(cardiovascular diseases, CVD)等多种疾病的病理过程,并逐渐成为这些疾病的一种新的生物标志物。本研究旨在探究lncRNA在调节心肌梗死后心肌重构中的作用及机制。研究发现三磷酸腺苷(ATP)在急性心肌梗死边缘区心肌组织中含量减少,糖脂代谢相关基因如分化抗原簇36(CD36)、己糖激酶1(HKI)和葡萄糖转运蛋白4(GLUT4)的表达水平也明显异常,并伴有心肌细胞焦亡的发生。随后发现一种此前未知的保守的lncRNA,即AK009126(心肌细胞焦亡相关lncRNA, CPAL)。实时荧光定量PCR结果显示,CPAL在心肌梗死小鼠的心脏梗死边缘区组织中显著上调。此外,腺相关病毒9(AAV9)通过其短发夹RNA(shRNA)介导的内源性CPAL沉默,可以部分消除缺血小鼠的心肌代谢紊乱,并抑制心肌细胞焦亡。研究结果显示CPAL具有直接结合核因子kappa B(NFκB)的能力,为Frb 的激活剂诱导心肌细胞NFκB磷酸化,活化后的NFκB 在转录水平促进含半胱氨酸的天冬氨酸蛋白水解酶1(caspase-1)的转录,进而促进其漏子1chcRNA CPAL增加了心肌细胞中白细胞介素(interleukin, IL)-18和IL-1β的释放。总的来说,本研究揭示了lncRNA CPAL可能是心肌梗死后诱导心脏代谢异常和心肌细胞焦亡的一种新调节因子,并提示CPAL可能成为治疗心肌细胞缺血损伤的新靶点。

© 2022 THE AUTHORS. Published by Elsevier LTD on behalf of Chinese Academy of Engineering and Higher Education Press Limited Company. This is an open access article under the CC BY-NC-ND license (http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/).

## 1. 引言

心血管疾病(cardiovascular diseases, CVD)是一类涉及心脏和血管的疾病。目前,心血管疾病死亡率占所有疾

病患者死亡人数的 40% 以上,是人类死亡的主要病因,在全球范围内造成巨大的经济负担,属于严重的公共健康问题[1–3]。心肌梗死(myocardial infarction, MI)是最常见的心血管疾病之一。由于氧气( $O_2$ )和营养物质供应减

2095-8099/© 2022 THE AUTHORS. Published by Elsevier LTD on behalf of Chinese Academy of Engineering and Higher Education Press Limited Company. This is an open access article under the CC BY license (http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/). 英文原文: Engineering 2023, 20(1): 49–62

引用本文: Jiamin Li, Hongru Xue, Ning Xu, Liling Gong, Ming Li, Sijia Li, Di Huang, Qingwei Zhang, Pengyu Li, Qingsui Li, Hang Yu, Yining Liu, Yadong Xue, Haixin Chen, Jiali Liu, Wanyu Zhang, Mingbin Liu, Siyu Chang, Xianzhi Lang, Xingmiao Zhao, Weijie Du, Benzhi Cai, Ning Wang, Baofeng Yang. CPAL, as a New Mediator of Cardiomyocyte Metabolic Alterations and Pyroptosis, Regulates Myocardial Infarction Injury in Mice. *Engineering*, https://doi.org/10.1016/j.eng.2022.08.012

<sup>\*</sup> Corresponding authors.

E-mail addresses: wangning@ems.hrbmu.edu.cn (N. Wang), yangbf@ems.hrbmu.edu.cn (B. Yang).

<sup>\*</sup> These authors contributed equally to this work.

少引起代谢严重失衡,导致微环境稳态障碍,大量细胞死亡,炎症细胞浸润,成纤维细胞活化等。心肌梗死的这些病理性改变可能会进一步诱发心脏收缩功能障碍、心脏重塑、心肌纤维化,甚至心源性猝死[4]。

长链非编码RNA(lncRNA)是一种长度超过200个核苷酸(nt)的非编码RNA [5],它们参与许多疾病的病理生理过程和生物学过程,包括基因组印记、RNA选择性剪接和染色质修饰[6]。越来越多的研究表明,lncRNA在多种心血管疾病的表达谱中存在差异,如心肌肥厚、心律失常和心脏纤维化等。Triadin(Trdn)是一种心肌细胞特异性的lncRNA,它的敲除将导致心肌钙稳态失衡,增加小鼠心律失常易感性[7]。此外,有证据表明,lncRNA参与心肌梗死的病理过程[8-10],如lncRNA锌脂蛋白反义链1(ZFAS1)已被证明可以作为肌浆网钙ATP酶2a(SERCA2a)抑制剂,并通过与SERCA2a结合导致心肌梗死后心脏收缩功能障碍[11]。lncRNA KLF3-AS1在心肌梗死后心脏收缩功能障碍[11]。lncRNA KLF3-AS1在心肌梗死后心肌细胞焦亡中发挥潜在作用[12]。由此可见,lncRNA在调节心肌细胞死亡和心肌重塑中具有重要作用,并有可能成为未来治疗心肌梗死的新靶点。

越来越多的证据表明,心肌梗死伴随着心脏能量代谢的改变和心肌细胞的大量流失。据报道,能量和底物[如葡萄糖和脂肪酸(FA)]供应不足是心肌梗死后细胞死亡引起心肌损伤的决定性因素[13-14]。此外,血浆和心肌中非特异性炎症指标[如白细胞介素(IL)家族]的持续上调与心肌梗死后较差的预后相关。迄今为止,一些转录因子、细胞因子、酶和生长因子已被证实与上述病理过程相关。核因子 kappa B(NFκB)是一种关键的转录因子,在许多病理生理过程中调控基因表达和介导细胞质复合物的核转位[15]。据报道,QNZ(NFκB抑制剂)通过激活葡萄糖转运蛋白4(GLUT4)来提高葡萄糖摄取,并通过抑制 NFκB的激活来抑制软骨细胞变性[16]。此外,NFκB还可以作为上游信号蛋白参与调控心肌梗死后心肌细胞焦亡[17]。有证据表明,NFκB在心肌梗死过程中对血管内皮细胞和心肌细胞的功能调节也起着至关重要的作用[18-19]。

本研究旨在探究保守性 IncRNA-CPAL 在心肌能量代谢紊乱和炎性心肌细胞死亡中的作用及调控机制。本研究首次发现 IncRNA CPAL 在心肌梗死中上调,导致三磷酸腺苷(ATP)含量减少,糖脂代谢相关蛋白分化抗原簇 36(CD36)、己糖激酶 1(HK1)和 GLUT4表达下调,促进心肌细胞代谢功能障碍,诱导细胞焦亡。进一步研究发现NFκB 是连接 CPAL 与心肌梗死后心肌细胞的能量代谢及

炎症反应的关键调节因子,NFκB被CPAL磷酸化,加速从细胞质转运至细胞核,促进含半胱氨酸的天冬氨酸蛋白水解酶1(caspase-1)前体(pro-caspase-1)的转录与激活,进而导致心肌细胞焦亡。本研究提示CPAL可作为心肌梗死后心肌细胞代谢功能障碍和心肌细胞焦亡的一种新的调节剂和治疗靶点。

## 2. 材料与方法

#### 2.1. 动物

健康雄性C57BL/6小鼠(20~25g)购自哈尔滨医科 大学附属第二医院实验动物中心,并在标准动物室条件下 饲养[20]。AAV9-ZsGreen-shRNA-NC(AAV9-sh-NC)和 AAV9-ZsGreen-shRNA-CPAL(AAV9-sh-CPAL)经小鼠尾 静脉注射。四周后,用2,2,2-三溴乙醇(T48402; Sigma-Aldrich, USA) 腹腔注射麻醉小鼠,并通过小型动物呼吸 机 (型号 VFA-23-BV; Kent Scientific, USA) 使小鼠进行 气道机械通气,维持正常呼吸。随后进行急性心肌梗死模 型手术,在胸腔第三和第四肋骨之间打开,暴露心脏,用 7-0尼龙线在冠状动脉左前降支结扎(LAD),结扎后关闭 胸腔[21]。术后24h,对心脏取材做进一步分析。将雄性 小鼠随机分为四组: 假手术组、心肌梗死模型组、心肌梗 死模型+空病毒组(+AAV9-sh-NC组)和心肌梗死模型+ 心脏特异性敲减 CPAL组(+AAV9-sh-CPAL组)。本研究 所有动物的使用均按照哈尔滨医科大学实验动物管理准则 进行, 并经哈尔滨医科大学伦理委员会批准。

#### 2.2. CPAL 敲减病毒的构建

构 建 携 带 靶 序 列 (5'-AAACATTAACGAATTAAGACC-3')和启动子 CAG表达控制的增强型绿色荧光蛋白(ZsGreen)的 shRNA 敲减的腺相关病毒 9(Adeno-associated virus 9, AAV9)载体,给予每只小鼠尾静脉注射 100 uL病毒(病毒滴度为 1 × 10<sup>12</sup> vg·mL<sup>-1</sup>)[22]。

## 2.3. 超声心动图

用 2,2,2-三溴乙醇(T4802; Sigma-Aldrich)腹腔注射麻醉小鼠。使用保温垫维持小鼠基础体温,通过超声心动图评估左心室功能[4]。

## 2.4. 三苯基四唑氯化物(TTC)染色

取出每组小鼠心脏组织,并在-80°C下快速冷冻,然后将心脏组织切成2 mm 厚的薄片,将薄片放在1%的TTC(Sigma-Aldrich, USA)磷酸盐溶液中孵育(37°C,20 min)后进行拍摄。

#### 2.5. 细胞培养、加药处理及小干扰RNA(siRNA)转染

心肌细胞来源于新生乳鼠(1~3 日龄)。将新生乳鼠用 75%的酒精清洗,用无菌镊子取出心脏,将心脏组织切成小块。消化后将所得细胞悬液离心,再将其铺设在含有 100  $\mu$ g·mL<sup>-1</sup>链霉素、100 U·mL<sup>-1</sup>青霉素和 10% 胎牛血清的细胞培养瓶中。将分离的细胞置于细胞培养箱中 37°C 培养 1.5 h。将心肌细胞与成纤维细胞分离,将心肌细胞放置于细胞培养箱中继续培养(37°C,5% CO<sub>2</sub>)。培养 48 h后的心肌细胞用于后续实验[23]。在脂多糖(LPS)刺激(50  $\mu$ mol·L<sup>-1</sup>,12 h)前,分别给予 5  $\mu$ g·mL<sup>-1</sup>可渗透细胞的NFκB 抑制剂 SN50(HY-P015; MCE, USA)和 50  $\mu$ g·mL<sup>-1</sup> caspase-1 抑制剂 Ac-YVAD-CMK(178603-78-6; Cayman, USA)预处理细胞 30 min。

GenePharma 公司合成 CPAL 特异性 siRNA(si-CPAL)和乱序阴性对照 RNA(si-NC)。CPAL 的序列: 正义链 5'-GGUCUUAAUUCGUUAAUGUTT-3'和反义链 5'-ACAUU AACGAAUUAAGACCTT-3'。 使 用 转 染 试 剂 Lipofectamine 2000(Invitrogen, USA)将 CPAL 特异性 siRNA包被并转染到心肌细胞[24],最终浓度为 100 nmol·L<sup>-1</sup>。转染48 h后,用于后续实验。

#### 2.6. Hematoxylin-Eosin 染色

取各组小鼠心脏组织,放置于4%多聚甲醛固定24h,用石蜡包埋,然后将组织切成5μm厚的切片;将组织切片放置于二甲苯溶液中脱蜡,然后分别放置于降梯度乙醇中水合。根据苏木精-伊红染色试剂盒(G1120; Solarbio, China)使用说明书,对处理后的组织切片进行染色,并通过显微镜(FV300; Olympus, Japan)捕获图像。

#### 2.7. 透射电子显微镜法

用 0.25% 胰蛋白酶消化心肌细胞(37°C, 1 min),各组心肌细胞及心脏组织用 2.5% 戊二醛固定后,再置于 1% OsO<sub>4</sub>溶液中固定 2 h,然后用 1% 乙酸铀酰染色,分别放置于降梯度乙醇中水合后,嵌入环氧树脂包埋;切片后进行电子染色,置于电子显微镜(JEM-1200; JEOL Ltd., Tokyo)下观察。

#### 2.8. dUTP缺口端标记(TUNEL)测定

根据 TUNEL 检测试剂盒(Roche, Germany)说明书进行 TUNEL 染色,用于测定心肌细胞中 DNA 片段完整性[25]。

#### 2.9. 蛋白质印迹

通过BCA蛋白试剂盒(P0012; Beyotime, China) 检

测总蛋白含量[26]。蛋白样品通过10%~13%的十二烷基 硫酸钠聚丙烯酰胺凝胶电泳分离后, 转移到硝酸纤维素 (NC) 膜上, 随后放于含有5%的脱脂奶粉中封闭。然后 将 膜 与 NLR 家 族 pyrin 域 蛋 白 3 (NLRP3) (A12694; Abclonal, China) 、 GSDMD/GSDMD-N (ab209845; Abcam, UK) 、 IL-18 (A1115; Abclonal) 、 IL-1β (A16288; Abclonal)、caspase-1 (ab207802; Abcam)、磷酸化核因子 κB-P65 (P-NFκB P65) (Ser536; #3036; CST, USA) 、 NFκB P65 (#8242T; CST), CD36 (74002S; CST), GLUT4 (AF5386; Affinity Biosciences, USA) 和 HK1 (19662-1-AP; Proteintech, USA) 的抗体在4°C下孵育过 夜。再用吐温-20磷酸盐缓冲液(PBST)洗涤后,将膜与 荧光缀合抗兔 IgG 二级抗体(LI-COR, USA)在室温下孵 育1h。内参为甘油醛-3-磷酸脱氢酶(GAPDH)(TA-08, 北京中杉金桥生物技术有限公司)。通过奥德赛红外成像 系统(LI-COR, USA)扫描并分析。

#### 2.10. 酶联免疫吸附试验

根据酶联免疫吸附测定(ELISA)试剂盒检测的说明 书,通过ELISA 试剂盒检测血清中的 IL-18(Elabscience, China)、IL-1β(Elabsicience, China)和 ATP(MB-6783A; Enzyme Mark Biological, China)水平。

#### 2.11. 定量实时聚合酶链反应(qRT-PCR)

使用 TRIzol 试剂(Invitrogen, USA)分别提取心肌组织和心肌细胞中总 RNA,使用逆转录试剂盒(Toyobo Co., Ltd., Japan),20  $\mu$ L体系含 1  $\mu$ g 模板 RNA 和 4  $\mu$ L 5 × 逆转录缓冲液、1  $\mu$ L 逆转录酶混合液、1  $\mu$ L 引物混合液、无核酸酶水逆转录试剂,逆转录成 cDNA。然后使用 SYBR PCR 扩增混合试剂盒(Toyobo Co., Ltd., Japan)检测 CPAL、NLRP3、caspase-1、IL-18、IL-1 $\beta$ 、HK1 和 CD36基因。使用  $2^{-\Delta\Delta Ct}$  算法,将转录产物用内源性 GAP-DH标准化[27]。引物(小鼠)的序列由 Invitrogen 公司合成,如附录 A 中表 S1 所示。

#### 2.12. 免疫组织化学分析

按照标准程序将心脏组织固定、脱水、包埋和切片。接下来,将切片的组织脱蜡、再水化并用过氧化氢封闭,然后与 NLRP3(BA3677; BOSTER, China)、caspase-1(ab207802; Abcam)和 P-NFκB(AF2006; Affinity Biosciences, USA)抗体在 4°C 孵育过夜。用 PBST 洗涤三次,用二抗(LI-COR, USA)孵育 1 h。使用二氨基联苯胺(DAB)(北京中杉金桥生物技术有限公司)对组织切片进行孵育,最后使用苏木精对细胞核进行染色。然后在显

微镜下拍摄。使用 ImageJ 软件确定染色区域的大小[28]。

#### 2.13. 免疫荧光

采用免疫荧光染色技术检测 NLRP3、caspase-1 和 P-NFκB 在心肌细胞中的表达和定位。荧光染色的方法基于之前的研究[20]。抗体如下: NLRP3(BA3677; Boster)、caspase-1(ab207802; Abcam)和 P-NFκB(AF2006; Affinity Biosciences)。

#### 2.14. 荧光原位杂交

通过荧光原位杂交(FISH)实验检测心肌细胞中CPAL的表达和定位。当培养的心肌细胞融合度达到60%~80%后,用预杂交液封闭处理,然后用0.5% Triton X-100穿透。通过PBS 洗涤后固定,将心肌细胞与Cy3 共轭的CPAL探针、18S探针及U6探针分别在杂交缓冲液中孵育。用柠檬酸钠(SSC)缓冲液和PBS 洗涤后,用4',6-二氨基-2-苯基吲哚(DAPI)进行细胞核染色。在共聚焦显微镜(Axio Scope A1, ZEISS, Germany)下分析荧光定位。

#### 2.15. 染色质免疫共沉淀(ChIP)

根据 ChIP 试剂盒(Invitrogen)使用说明书进行实验。 利用聚合酶链反应(PCR)技术分析 NFκB P65 抗体、免疫 球蛋白G(IgG)抗体与 DNA 免疫共沉淀。使用引物如下: NFκB 结合在 *Caspase-I* DNA 位点 1(–836 nt 至–846 nt)的 上下游引物(正向 5'-AAAGAAGCCAAGAGCCAGGT-3'和 反向 5'-AGTGGACCAAGGAATGGTTG-3')和 NFκB 结合 在 *Caspase-I* DNA 位点 2(–1555 nt 至–1544 nt)的上下游 引物(正向 5'-TGTTTGGTTGGCTGGTTGTT-3'和反向 5'-GGACCAGAAGCAGAGGTGTG-3')。

#### 2.16. RNA结合蛋白免疫共沉淀(RIP)

根据 MagnaRIP RNA 结合蛋白免疫沉淀试剂盒(17-701; Millipore, Germany)说明书进行 RIP 实验操作[11]。简而言之,将心脏组织用 RIP 裂解缓冲液裂解。然后,将提取的总 RNA 与 NF $\kappa$ B P65(622604; Biolegend, USA)抗体或对照抗体(IgG)混合并沉淀。接下来,通过蛋白酶 K 处理纯化沉淀的 RNA。最后,通过 qRT-PCR 检测 RNA。

#### 2.17. 乳酸脱氢酶(LDH)释放试验

根据LDH测定试剂盒(A020-2,南京建成生物工程研究所有限公司)检测说明书测定细胞中LDH的释放。

#### 2.18. 统计分析

使用 Graphpad Prism 5.0 软件(GraphPad, Inc., USA) 对实验数据进行统计分析。两组间比较采用 t 检验。多组比 较采用单因素方差分析(ANOVA)。组数据以均值 $\pm$ 标准误差(SEM)表示,p值小于0.05被认为具有统计学意义。

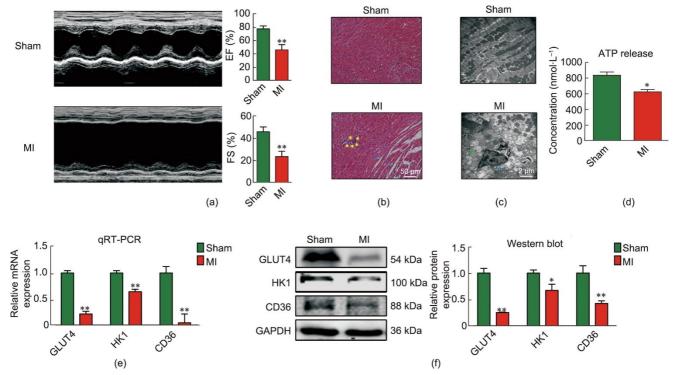
## 3. 结果

#### 3.1. 心肌梗死后心肌重构和能量代谢的改变

首先,为了揭示心肌梗死后心脏损伤的多种病理变 化,通过小鼠心脏LAD结扎建立在体心肌梗死模型。超 声心动图和血流动力学测量结果显示,与假手术组相比, 心肌梗死模型组心脏的射血分数(EF)和缩短分数(FS) 均显著降低[图1(a)]。苏木精和伊红染色结果显示,小 鼠梗死边缘区心脏组织结构明显异常,包括心肌细胞肥 大、组织间隙增加,并伴有炎性细胞浸润[图1(b)]。电 镜图像结果显示,心肌梗死模型组小鼠梗死边缘区心肌组 织的超微结构异常,表现为线粒体肿胀和细胞核固缩[图1 (c) ]。此外,为了探究心肌梗死小鼠缺血心肌的能量代 谢变化(如ATP、葡萄糖和FA),本研究检测了ATP在缺 血心肌中的表达水平。心肌梗死后,ATP作为心肌中能量 的主要形式被利用。ELISA检测结果发现心肌梗死边缘区 心肌组织中ATP水平降低[图1(d)]。在心肌梗死模型组 中,GLUT4、HK1和CD36的mRNA和蛋白水平也明显下 调[图1(e)和(f)]。这些结果表明,心肌梗死小鼠的 心脏损伤程度可能与心肌代谢性改变和炎症损伤有关。

#### 3.2. 心肌梗死后发生心肌细胞焦亡

越来越多的证据表明, 焦亡在心肌梗死后的炎症过程 中起着关键作用[29-30]。在典型的焦亡信号通路中, procaspase-1蛋白的寡聚作用引导自我蛋白酶解为 caspase-1 的裂解体,即活化的含半胱氨酸的天冬氨酸蛋白水解酶1 (cleaved caspase-1), 然后激活GSDMD的裂解并诱导GS-DMD-N端片段的释放,导致膜孔释放具有生物活性的IL-18和IL-1β [28]。为了进一步探究心肌梗死后炎性细胞死 亡,本研究进行TUNEL染色分析以确定心肌梗死小鼠心 脏组织中DNA片段的完整性,结果显示,心肌梗死小鼠 的梗死边缘区心肌组织中出现大量TUNEL染色阳性细胞 [图2(a)]。qRT-PCR结果显示,在小鼠梗死边缘区心肌 组织中, NLRP3、caspase-1、IL-18 和 IL-1β的 mRNA 表 达水平显著增加[图2(b)]。NLRP3、cleaved caspase-1、 GSDMD、GSDMD-N、前体白细胞介素-18 (pro-IL-18)、 成熟体白细胞介素-18 (mature IL-18)、前体白细胞介素-18 (pro-IL-1β) 和成熟体白胞介素-1β (mature IL-1β) 的蛋 白表达水平在小鼠梗死边缘区心肌组织中也显著上调[图2 (c) ]。免疫组化分析结果显示,在心肌梗死模型组中,



**图1.** 心肌梗死小鼠心脏损伤评估。(a) 超声心动图评估假手术组和心肌梗死组小鼠心脏EF、FS值(n=5; \*\*P<0.01, 与假手术组比较;均值±标准误差)。(b) 假手术组和心肌梗死组小鼠心脏横切面 H&E 染色(n=3; 标尺:  $50~\mu m$ )。蓝色箭头表示细胞间隙较大,黄色星形表示炎症细胞浸润。(c) 假手术组和心肌梗死组小鼠心脏代表性透射电镜(TEM)显微图;蓝色箭头表示核固缩,绿色箭头表示线粒体肿胀(n=4;标尺:  $2~\mu m$ )。(d) 假手术和心肌梗死组小鼠心脏组织匀浆中 ATP 表达水平(n=3; \*P<0.05)。(e)、(f) 心肌梗死 24 h 后各组小鼠左心室梗死边缘区 GLUT4、HK1、CD36 mRNA 和蛋白表达水平(P<0.05,\*\*P<0.01,与假手术组比较;P=3.4,均值±标准误差)。

NLRP3和 caspase-1的表达水平显著上调[图2(d)]。此外,ELISA结果显示,心肌梗死模型组小鼠血清中IL-18和 IL-1β也出现升高的类似变化[图2(e)],表明心肌梗死后出现心肌细胞焦亡现象。

使用LPS诱导心肌细胞的炎症反应,以模拟心肌细胞的炎症环境。TUNEL染色结果显示LPS可诱导心肌细胞核内染色质DNA断裂[见附录A中的图S1(a)]。电镜结果显示,LPS处理的心肌细胞表现为细胞核固缩、线粒体肿胀和细胞膜溶解破裂[见附录A中的图S1(b)]。qRT-PCR分析结果显示,在LPS处理组中,caspase-1的mRNA表达水平显著增加,NLRP3、IL-18和IL-1β的mRNA表达水平也显著增加[见附录A中的图S1(c)]。同时,NL-RP3、cleaved caspase-1、GSDMD、GSDMD-N、pro-IL-18、mature IL-18、pro-IL-1β和 mature IL-1β的蛋白表达水平在LPS处理的心肌细胞中显著上调[见附录A图S1(d)]。免疫荧光结果显示,LPS处理使得心肌细胞中NL-RP3和 caspase-1的荧光强度显著增强[见附录A中的图S1(e)]。

#### 3.3. CPAL 缺失抑制心肌梗死后心脏损伤

接下来,探究 lncRNA 在心肌梗死后炎症反应过程

中的关键作用。首先检测了可能与心血管疾病相关 的 lncRNA 差异表达水平[10], 其中包括 AK009126 (CPAL), AK157022, AK086435, AK156356, AK076765, AK035575、 AK044386、 AK141702、 AK0158845、 ENS-MUST00000148132、ENSMUST00000101162、ENSMUST0 0000137198、ENSMUST00000143898 在假手术组和小鼠 梗死边缘区心肌组织或LPS诱导的炎性心肌细胞中的表达 变化。结果显示,CPAL在小鼠梗死边缘区心肌组织和 LPS诱导的炎性心肌细胞中均显著上调[图3(a)和 (b) ]。FISH 结果显示 CPAL 在心肌细胞的细胞核和细胞 质中均有表达,并且在LPS处理的新生乳鼠心肌细胞中表 达增加[图3(c)]。为了进一步探讨CPAL是否与心肌梗 死后心肌细胞代谢异常和细胞焦亡相关, 本研究绘制了如 下的实验流程图[图3(d)]。在体水平,通过尾静脉注射 的方式将 AAV9-ZsGreen-shRNA-NC(AAV9-sh-NC)和 AAV9-ZsGreen-shRNA-CPAL(AAV9-sh-CPAL) 输送到小 鼠体内,然后在CPAL 敲减四周后,通过 qRT-PCR 实验验 证CPAL在各组织中的感染效率。结果表明,CPAL在心 肌组织中被成功敲减[见附录A中的图S2]。随后,通过结 扎小鼠心脏冠状动脉左前降支24h,构建心肌梗死小鼠模 型。2,3,5-TTC染色结果显示, 敲除 CPAL 可减少心肌梗

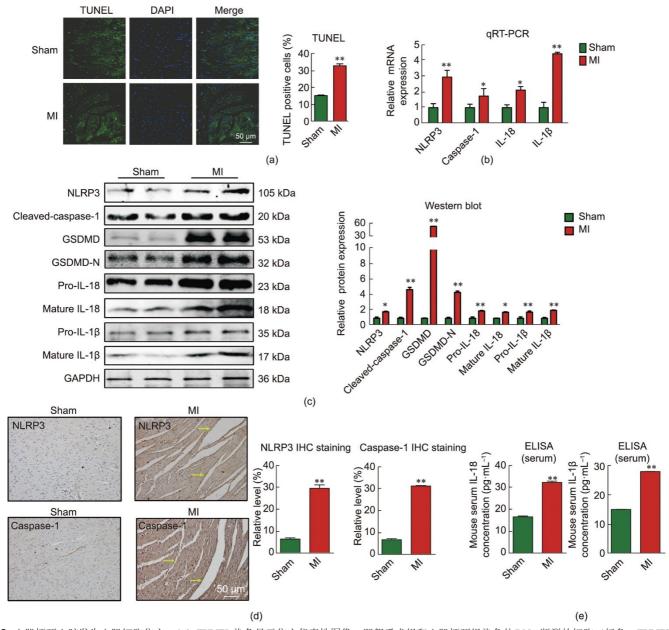


图2. 心肌梗死心脏发生心肌细胞焦亡。(a)TUNEL染色显示焦亡代表性图像,即假手术组和心肌梗死组染色体 DNA 断裂的细胞(绿色:TUNEL阳性细胞;蓝色:DAPI;n=3;标尺: $50~\mu$ m)。(b)假手术组和心肌梗死组小鼠心脏mRNA 相对表达水平(n=4~8;\*P<0.05,\*\*P<0.01,与假手术组比较;均值±标准误差)。(c)假手术与心肌梗死组小鼠 NLRP3、cleaved caspase-1、GSDMD、GSDMD-N、pro-IL-18、mature IL-18、mature IL-18 蛋白相对表达水平(\*P<0.05,\*\*P<0.01,与假手术组比较;n=3~9;均值±标准误差)。(d)假手术组和心肌梗死组小鼠心脏免疫组化染色显示 NLRP3 和 caspase-1 蛋白表达水平(黄色箭头代表阳性染色细胞;\*\*P<0.01,与假手术组比较;n=3,均值±标准误差;标尺: $50~\mu$ m)。(e)ELISA 试剂盒检测假手术组和心肌梗死组小鼠血清中 IL-18、IL-18 浓度(\*\*P<0.01;n=4~6,与假手术组比较;均值±标准误差)。

死组小鼠心脏缺血面积[图3(e)]。超声心动图结果显示,心肌梗死模型组小鼠心脏的左心室射血分数和左心室缩短分数在小鼠心肌缺血24h后显著下降;而与心肌梗死模型组相比,CPAL敲减组小鼠的左心室射血分数和左心室缩短分数明显增加,表明敲减CPAL对心脏具有保护作用[图3(f)]。苏木精和伊红染色结果显示假手术组小鼠的心脏未出现组织学损伤。心肌梗死模型组小鼠梗死边缘区的心肌组织表现出轻度炎症病灶,并且这些改变在CPAL敲减组中

显著减少[图3(g)]。此外,为了探究CPAL对心肌细胞超微结构的作用,本研究进行了电镜检测。结果显示在心肌梗死模型组小鼠梗死边缘区的心肌组织中,心肌细胞的超微结构表现为线粒体肿胀和细胞核固缩,而CPAL敲减组中这些异常改变得到显著缓解,表明敲减CPAL可以抑制心肌梗死后炎症进程,减少心肌缺血性损伤[图3(h)]。

# 3.4. CPAL缺失对心肌梗死后心肌细胞代谢的调控 心肌梗死后心室重构是一个缓慢而复杂的过程,其能

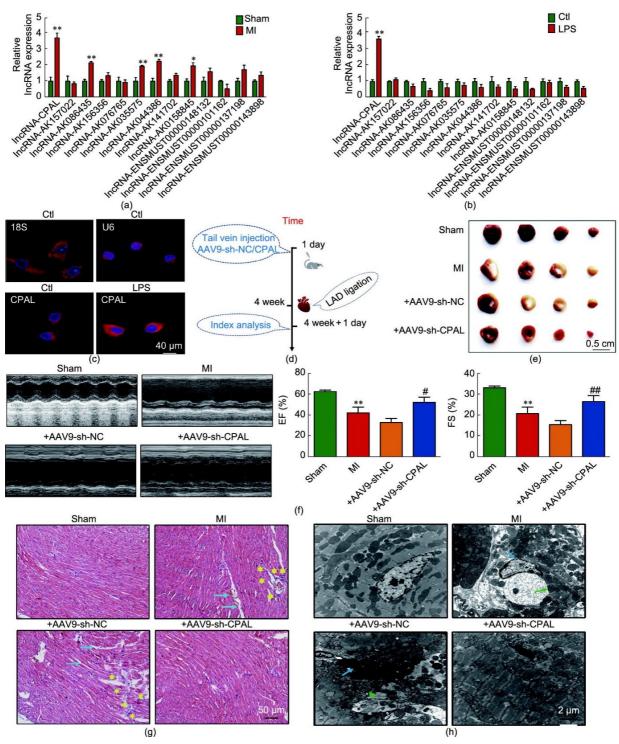


图3. CPAL 在心肌梗死的心脏组中表达上调。(a) qRT-PCR 实验分析假手术组与心肌梗死组小鼠心脏 lncRNA 表达情况( $n=3\sim6$ ; \*P<0.05, \*\*P<0.01, 与假手术组比较)。(b) 验证 LPS(50 nmol·L<sup>-1</sup>)处理心肌细胞 12 h 或未处理心肌细胞后 lncRNA 表达水平( $n=3\sim6$ ; \*\*P<0.01 与对照组比较)。(c) 心肌细胞中 CPAL 特异性探针 FISH染色(18S 为细胞质标记物,U6 为细胞核标记物;标尺:40  $\mu$ m; $n=3\sim5$ )。(d) 在体研究实验流程示意图。(e) 携带 shRNA 的重组腺相关病毒(AAV9-sh-CPAL)敲减小鼠内源性 CPAL。假手术组、心肌梗死组、+AAV9-shNC组、+AAV9-sh-CPAL组小鼠心脏梗死边缘区 TTC染色(标尺:0.5 cm)。(f) 超声心动图评估假手术组、心肌梗死组、+AAV9-sh-NC组、+AAV9-sh-CPAL组小鼠心脏 EF、FS指标(\*\*P<0.01,与假手术组比较;P<0.05,#P<0.01,与用手术组比较;P<0.05,#P<0.01,与来AV9-sh-NC组比较;P=0.01,与作术组、心肌梗死组、+AAV9-sh-NC组和+AAV9-sh-CPAL组心脏横切面 H&E染色(蓝色箭头表示细胞间隙较大,黄色星形表示炎症细胞浸润;标尺:50  $\mu$ m;P=0.01,电镜图显示各组小鼠心肌超微结构变化(蓝色箭头:核固缩;绿色箭头:线粒体肿胀;标尺:2  $\mu$ m;P=0.01。

量代谢受多种因素的调控。本文首先探讨了CPAL是否参与NFκB相关的心肌能量代谢过程。通过ELISA检测发

现,心肌梗死模型组小鼠梗死边缘区的心肌组织中ATP水平降低,然而,敲除CPAL可以明显抑制ATP的减少[图 4

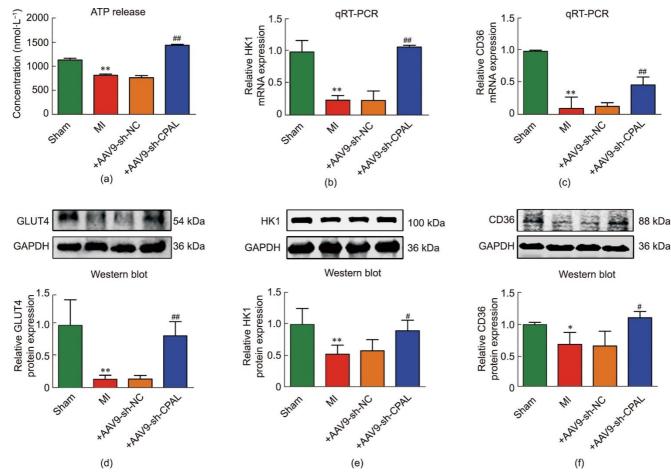
(a)]。此外,心肌缺血时表现出糖脂代谢的异常,结果显示,HK1和CD36的mRNA表达水平在心肌梗死模型组中明显下调,而CPAL缺失可抑制其表达下调[图 4 (b)和 (c)]。同时,GLUT4、HK1和CD36的蛋白表达水平在小鼠梗死边缘区的心肌组织中显著下调,CPAL缺失可抑制其蛋白表达下调[图 4 (d)~(f)]。综上所述,这些数据表明CPAL的缺失有助于减少缺血的心肌细胞发生异常的糖脂代谢,从而有助于减轻心肌缺血性损伤。

## 3.5. 敲除 CPAL 减少小鼠心肌梗死后心肌细胞焦亡

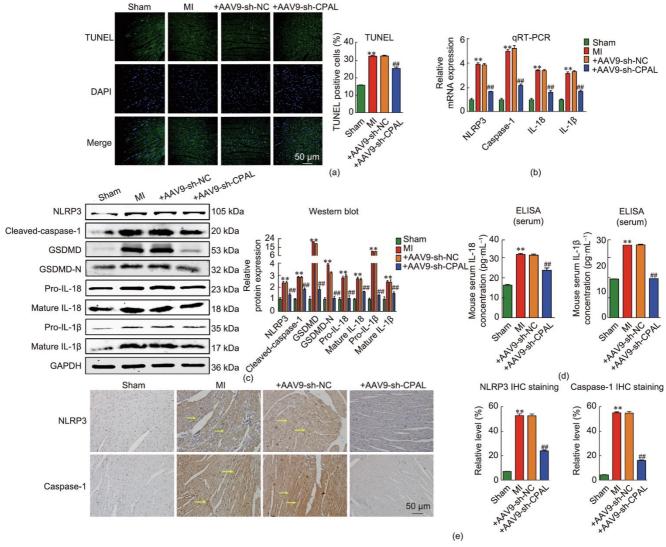
为了探究 CPAL 缺失是否会减少心肌梗死后心肌细胞焦亡,本文进行了 TUNEL 染色实验,评估心肌缺血引起的细胞死亡情况。结果显示 CPAL 缺失可抑制细胞死亡[图 5(a)]。从图 5(b)中发现,与心肌梗死模型组相比,CPAL 缺失可降低 NLRP3、caspase-1、IL-18 和 IL-1β的 mRNA 表达水平。与此相一致的是,蛋白质印迹分析结果显示 NLRP3、cleaved caspase-1、GSDMDGSDMD-

N、pro-IL-18、mature IL-18、pro-IL-1β和 mature IL-1β的 蛋白表达水平也因 CPAL 敲减而显著降低[图 5(c)]。收集各组小鼠血清样本,利用 ELISA 试剂盒检测小鼠血清中 IL-18和 IL-1β的水平,结果显示,相比于心肌梗死模型组小鼠,CPAL 敲减组小鼠血清中 IL-18和 IL-1β的水平明显降低[图 5(d)]。同样,免疫组化分析结果显示,与心肌梗死模型组小鼠相比,CPAL 敲减组小鼠梗死边缘区心肌组织中 NLRP3 和 caspase-1 的表达水平显著降低[图 5(e)]。

3.6. 离体水平,CPAL沉默可抑制LPA诱导的心肌细胞焦亡培养小鼠原代心肌细胞,使用CPAL小干扰RNA(si-CPAL)成功沉默CPAL(见附录A中的图S3)。TUNEL染色结果显示,LPS诱导心肌细胞死亡,而沉默CPAL可显著提升心肌细胞的存活率[图6(a)]。如图6(b)所示,LPS处理组心肌细胞表现出不同程度的超微结构变化,主要包括细胞核固缩、线粒体肿胀变性和细胞膜破



**图4.** CPAL 调节心肌梗死小鼠心肌代谢。(a)假手术组、心肌梗死组、+AAV9-sh-NC 组和+AAV9-sh-CPAL 组心脏组织匀浆中 ATP 表达水平(n=5; \*\*p<0.01,与假手术组比较)。(b)、(c)心肌梗死后 24 h 各组小鼠左心室梗死边缘区 HKI、CD36 的 mRNA 表达水平(\*\*P<0.01,与假手术组比较;#P<0.01,与+AAV9-sh-NC 组比较; $n=3\sim5$ ;均值±标准误差)。(d)~(f)各组小鼠左心室梗死边缘区 GLUT4、HK1、CD36 相对蛋白表达水平。GAPDH作为内参进行归一化(\*P<0.05,\*\*P<0.01,与假手术组比较;P<0.05,#P<0.01,与+AAV9-sh-NC 组比较;P<0.05,\*\*P<0.01,与使手术组比较;P<0.05,#P<0.01,与+AAV9-sh-NC 组比较;P<0.05,\*\*P<0.05,\*\*P<0.05,\*\*P<0.05 \*\*P<0.05 \*\*P<0.05



**图5.** CPAL下调抑制心肌梗死后细胞焦亡。(a) 代表性 TUNEL 图像显示各组中染色体 DNA 断裂的细胞(绿色: TUNEL 阳性细胞; 蓝色: DAPI; *n* = 3~4; 标尺: 50 μm; \*\**P* < 0.01,与假手术组比较; ##*P* < 0.01,与+AAV9-sh-NC组比较; 均值±标准误差)。(b) 心肌梗死术后 24 h 各组小鼠心脏左心室梗死边缘区 NLRP3、caspase-1、IL-18、IL-1β mRNA 表达水平(\*\**P* < 0.01,与假手术组比较; ##*P* < 0.01,与+AAV9-sh-NC组比较; 均值±标准误差; 每组 *n* = 6~10)。(c) 小鼠心脏中 NLRP3、cleaved caspase-1、GSDMD、GSDMD-N、pro-IL-18、mature IL-18、pro-IL-1β 和 mature IL-1β蛋白相对表达水平。GAPDH 作为内参进行归一化(\*\**P* < 0.01,与假手术组比较; ##*P* < 0.01,与+AAV9-sh-NC组比较; *n* = 3~6; 均值±标准误差)。(d) 各组小鼠血清中 IL-18、IL-1β 浓度(\*\**P* < 0.01,与假手术组比较; ##*P* < 0.01,与+AAV9-sh-NC组比较;均值±标准误差;每组 *n* = 4~6)。(e) 左心室梗死边缘区 NLRP3、caspase-1 蛋白免疫组化染色(\*\**P* < 0.01,与假手术组比较; ##*P* < 0.01,与+AAV9-sh-NC组比较; *n* = 3~4;均值±标准误差)。

损,而si-CPAL组小鼠心肌细胞的这些现象明显减轻。此外,蛋白质印迹分析结果显示,与LPS + si-NC处理组相比,沉默 CPAL 后,NLRP3、cleaved caspase-1、GSD-MD、GSDMD-N、pro-IL-18、mature IL-18、pro-IL-1β和mature IL-1β的蛋白表达水平显著下调[图6(c)]。与之类似,免疫荧光结果显示,与+si-NC组相比,+si-CPAL组的小鼠心肌细胞中NLRP3和 caspase-1的荧光强度显著降低[图6(d)]。此外,分析了 CPAL对 LDH 释放的影响,结果显示,沉默 CPAL 后可以明显抑制由 LPS刺激导致的心肌细胞 LDH释放水平的增加。这些结果表明质膜通透性的增加与 CPAL 介导的心肌细胞焦亡相关

[图6 (e)]。

#### 3.7. CPAL是NFkB的上游激活因子

为了探究 CPAL 调节心肌细胞焦亡的关键机制,通过 catRAPID 数据库对 RNA-蛋白结合可能性进行了生物信息 学分析。结果显示,CPAL 中两个特定区域,即序列 76~127 nt 和 209~260 nt 与 NF $\kappa$ B 相互作用的概率很高[图 7 (a)]。基于以上分析结果,进一步探讨 CPAL 与 NF $\kappa$ B 之间的调控关系。通过 RIP 实验来确定 CPAL 与 NF $\kappa$ B 之间是否存在直接结合关系,结果清楚地显示,NF $\kappa$ B 免疫共沉淀物中含有多个 CPAL 特异性扩增产物,表明这种相互作用是存在的,且 CPAL 对 NF $\kappa$ B 有很强的特异性亲和力

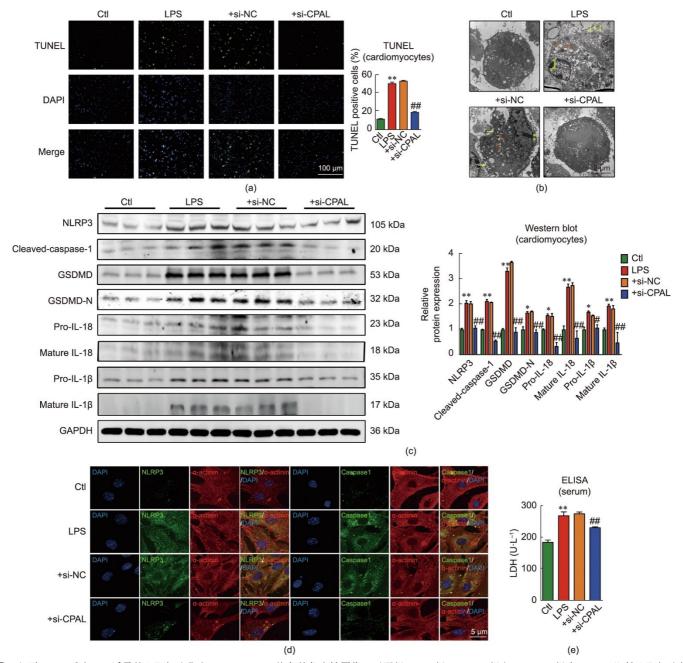


图6. 沉默CPAL减少LPS诱导的心肌细胞焦亡。(a)TUNEL染色的代表性图像,对照组、LPS组、+si-NC组和+si-CPAL组中TUNEL阳性心肌细胞的百分比分析(绿色:TUNEL阳性细胞;蓝色:DAPI;标尺:100  $\mu$ m;\*\*P < 0.01,与对照组比较;#P < 0.01,与+si-NC组比较; $n = 3 \sim 6$ ;均值±标准误差)。(b)对照组、LPS组、+si-NC组和+si-CPAL组新生小鼠心肌细胞超微结构(绿色星号:核固缩;红色三角形:线粒体空泡;黄色箭头:膜溶解;标尺:2  $\mu$ m;n = 3)。(c)对照组、LPS组、+si-NC组和+si-CPAL组中NLRP3、cleaved caspase-1、GSDMD、GSDMD-N、pro-IL-18、mature IL-18、pro-IL-1β 和 mature IL-1β的蛋白质印记分析( $n = 3 \sim 6$ ;\*P < 0.05,\*\*P < 0.01,与对照组比较;P < 0.05,#P < 0.05,#P < 0.05,\*\*P <

[图7(b)]。此外,探究了在这种直接结合的基础上,CPAL是否对NFκB活性具有调控作用。蛋白质印迹分析结果表明,敲减CPAL的小鼠梗死边缘区心肌组织中P-NFκB蛋白水平明显下调,而总NFκB蛋白表达无明显变化[图7(c)]。免疫组化结果表明,在CPAL 敲减的心肌梗死小鼠梗死边缘区心肌组织中也观察到类似的P-NFκB

下调的现象[图7(d)]。在体外,利用CPAL的siRNA来进一步验证CPAL对NFκB的调控作用。结果显示,与+si-NC组相比,+si-CPAL组P-NFκB蛋白水平表达明显下调[图7(e)],而总NFκB的蛋白表达没有变化。免疫荧光分析结果显示,LPS处理可促进P-NFκB p65 在心肌细胞核内聚集,而沉默 CPAL 后可抑制这一现象[图7

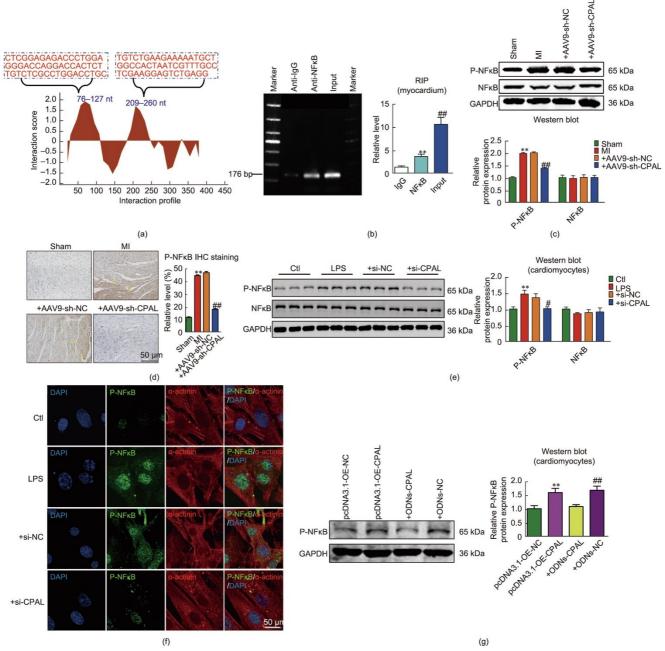


图7. CPAL 是 NFκB的上游调控因子。(a) 通过在线预测网站发现 CPAL 与 NFκB结合的两个特定区域(76~127 nt 和209~260 nt)。(b) RIP 实验分析 CPAL 与 NFκB相互作用,NFκB 免疫沉淀中检测到 CPAL 表达(\*\*P<0.01,与anti-IgG相比较;n=3)。(c) P-NFκB、NFκB蛋白在各组中的表达水平(\*\*P<0.01,与 sham组比较;#P<0.01,与+AAV9-sh-NC组比较;n=4~6)。(d) P-NFκB蛋白在左心室梗死边缘区免疫组化染色(标尺:50 μm;\*\*P<0.01,与 sham组比较;#P<0.01,与+AAV9-sh-NC组比较;n=3~4)。(e) P-NFκB 和 NFκB蛋白在对照组、LPS组、+si-NC组、+si-CPAL组心肌细胞中的表达水平,GAPDH作为内参进行归一化(\*\*P<0.01,与对照组比较;#P<0.05,与+si-NC组比较;n=9。(f) 对照组、LPS组、+si-NC组和+si-CPAL组心肌细胞P-NFκB(绿色)和 $\alpha$ 辅肌动蛋白(红色)免疫荧光染色(蓝色:DAPI;标尺:5 μm;n=4)。(g) P-NFκB蛋白在 pcDNA3.1-OE-NC组、pcDNA3.1-OE-CPAL组、+ODN-CPAL组、+ODN-NC组新生小鼠心肌细胞中的表达水平(\*\*P<0.01,与 pcDNA3.1-OE-NC组比较;P<0.01,与 pcDNA3.1-OE-NC组比较;P<0.01,与 pcDNA3.1-OE-NC组比较;P<0.01,与 pcDNA3.1-OE-NC组比较;P

(f) ])。以上结果提示,CPAL可能通过促进NFκB的磷酸化来激活NFκB功能,从而使NFκB进入细胞核。为了进一步明确 CPAL 调控 NFκB 磷酸化是否是通过 site1 (CTCGGAGAGACCCTGGAGGACCAGGACCACTCTT-GTCTCGCCTGGACCTGC) 和 site2 (TGTCTGAAGAAA AATGCTGGCCACTAATCGTTTGCCTCGAAGGAGTCTG

AGG)直接与NFκB结合而发挥功能,本文采用寡聚脱氧核苷酸(ODN)技术构建了两个特异性靶向来屏蔽NFκB结合位点的 CPAL-ODN 序列片段,分别标记为 CPAL-ODN-1(屏蔽 site1)和 CPAL-ODN-2(屏蔽 site2)。这两个 ODN 序列分别与两个预测的 CPAL结合位点完全互补。结果显示,CPAL和 ODN 共转染后,未影响 P-NFκB 水平

[图 7 (g)]。说明 CPAL 可与 NFκB 结合位点 (site1: 76~127 nt 和 site2: 209~260 nt) 直接结合并诱导 NFκB 磷酸化。

## 3.8. 抑制NFκB可减少LPS诱导的小鼠心肌细胞焦亡

为了探究NFκB在LPS诱导的小鼠原代心肌细胞焦亡 中的作用,给予心肌细胞SN50(NFkB核易位的细胞渗 透抑制剂)和Ac-YVAD-CMK(caspase-1抑制剂)处理 [图8(b)]。蛋白质印迹实验结果表明, SN50在LPS处 理的原代心肌细胞中显著抑制 pro-caspase-1 和 cleaved caspase-1的蛋白表达水平,表明 caspase-1 很可能是NFκB转 录调控的下游基因。同时,发现Ac-YVAD-CMK可明显 抑制心肌细胞焦亡相关基因 NLRP3、 pro-caspase-1、 cleaved caspase-1、GSDMD、GSDMD-N、pro-IL-18、mature IL-18、pro-IL-1β、mature IL-1β蛋白的表达水平,说 明心肌细胞中 caspase-1 抑制剂显著抑制焦亡相关基因的 表达。两种抑制剂共同作用时,心肌细胞中NLRP3、procaspase-1, cleaved caspase-1, GSDMD, GSDMD-N, pro-IL-18、mature IL-18、pro-IL-1β、mature IL-1β蛋白的表 达水平明显降低,提示NFκB通过调控心肌细胞 caspase-1 的表达参与炎症反应和焦亡。最后,探究NFKB是如何调 控 caspase-1 的表达,是否对 caspase-1 活性有直接调控作 用。因此,利用 TF-Protein Interaction Prediction (PRO-MO)数据库对DNA-蛋白质结合进行了理论分析。结果 表明, Caspase-I DNA 启动子的近端区域 (site1 和 site2) 附近存在NFkB的结合序列,且这些序列在人、大鼠和小 鼠中是保守的。ChIP实验结果显示,NFκB被募集到Caspase-I 的近端启动子区域 site1 和 site2,表明NFκB与Caspase-1有很强的亲和力[图8(b)]。为了进一步证实 caspase-1的表达升高是由NFκB同时直接结合到 site1 和 site2 上所介导的,本研究采用了ODN技术,根据预测的两个 caspase-1结合位点,分别设计了两个caspase1-ODN序列 片段,即 caspase1-ODN-1 (屏蔽 site1)和 caspase1-ODN-2 (屏蔽 site2), 分别靶向屏蔽 NFκB的结合位点。在LPS 处理的原代心肌细胞中共转染ODN-caspase1后,LPS处 理未能调控 pro-caspase-1、cleaved caspase-1、GSDMD-N 的表达水平[图8(c)]。这说明NFKB能够与Caspase-1直 接结合,并通过结合位点 (sitel: -846~836 bp 和 site2: -1544~1555 bp) 调控 Caspase-1 转录。

## 4. 讨论

本研究首次发现 IncRNA CPAL 的关键病理生理学意义及其在心肌梗死中的精确调控机制。研究表明,CPAL

在心肌梗死小鼠梗死边缘区心肌组织中上调,并导致了心肌重塑和心脏功能障碍。而敲减内源性 CPAL 可部分抑制缺血心肌的糖脂质代谢改变,并减少心肌梗死后心肌细胞焦亡的现象。此外,发现 CPAL 可直接与 NFκB 蛋白相互作用并增加其磷酸化水平,磷酸化的 NFκB 可以从细胞质转运到细胞核中,并增加下游基因转录活性;这可能是CPAL 调控心肌梗死后心脏代谢改变和焦亡的基础。

在心肌梗死的过程中,受到缺血刺激的心肌细胞会出现能量代谢紊乱、氧化应激、细胞死亡及炎症等。葡萄糖和脂质代谢紊乱在糖尿病和其他疾病的心脏重塑发展中起着重要作用[31]。已有研究表明,心脏中葡萄糖和脂质代谢的变化会引发心肌细胞凋亡、心肌肥大和心脏纤维化[31]。此外,炎症也参与了梗死心脏的修复和重塑[32],炎症反应的连续活动模式会释放炎症细胞因子,引起代谢紊乱,从而加速心肌梗死的心肌细胞重塑[33]。在这项研究中,发现心肌梗死后梗死边缘区心肌组织中ATP生成减少,CD36、HK1和GLUT4的表达异常,并伴有心肌细胞炎症损伤。这些数据表明,心肌梗死后小鼠的心肌细胞中存在葡萄糖和脂质代谢紊乱以及心肌细胞焦亡的现象。

最近的研究表明,IncRNA是不同器官中代谢反应和生理平衡的重要调节因子[34]。然而,参与心肌梗死后心脏能量代谢和心肌炎症过程的IncRNA还没有被发现。在本研究中,发现CPAL是心肌梗死相关的新的IncRNA,在人、兔和小鼠中都是保守的,且在心肌梗死小鼠梗死边缘区心肌组织中表达增加。研究结果表明,CPAL在心肌梗死后心脏重塑过程中对葡萄糖和脂质代谢紊乱和炎症过程的调节具有关键作用。更具体地说,沉默CPAL可以减弱小鼠心肌梗死后心脏的糖脂代谢紊乱和心肌细胞焦亡,表明CPAL是预防心肌梗死后心脏损伤的新治疗靶标。

NFκB是血管内皮细胞和心肌细胞中重要的转录因子 [35]。它与IκB(一种抑制蛋白)结合,IκB在正常生理条件下以同源二聚体的形式存在,不具有活性[36–37]。在焦亡激活过程中,Nod样受体(NLR)、pyrin、AIM2与ASC 结构域结合,激活 pro-caspase-1,生成有活性的 caspase-1 [38]。lncRNA通常通过共享相同的转录因子与mRNA相互作用[8]。有报道称 lncRNA MALAT1作为 ceR-NA抑制 NFκB的信号通路,其表达随着衰老的程度而逐渐降低[39]。在本研究中,发现 lncRNA CPAL与 NFκB结合,抑制 NFκB与 IκB 复合物的形成,并通过使 Ser536位点的磷酸化激活 NFκB,促进 P-NFκB 从细胞质转移到细胞核,在细胞核中与特定的 pro-caspase-1 结合,来调节其转录活性。此外,已有研究表明,NLRP3 是细胞内蛋白NLR 的家族成员之一,在激活含有 caspase-1 的复合物

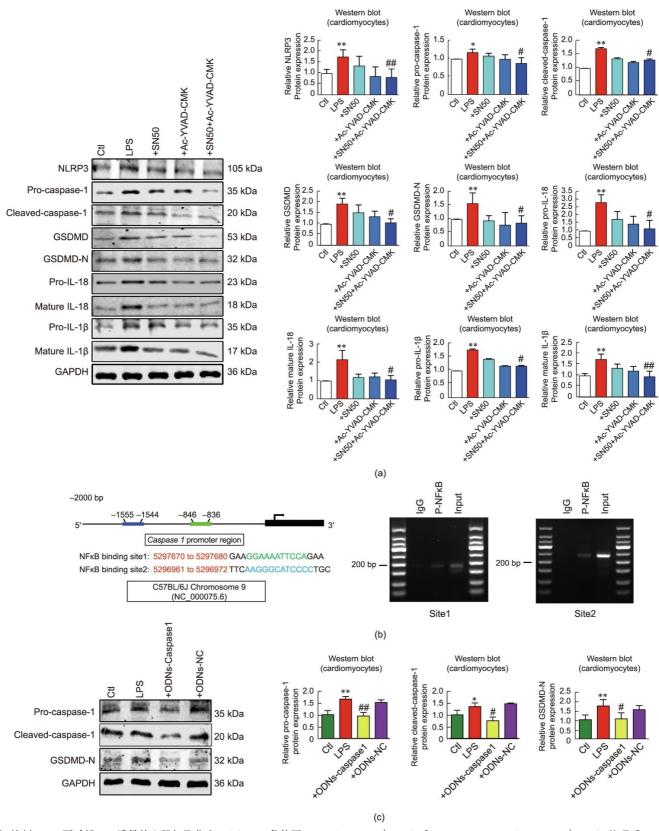


图8. 抑制 NFκB 可减轻 LPS 诱导的心肌细胞焦亡。(a) LPS 条件下 SN50(5 μg·mL<sup>-1</sup>, 24 h)和 Ac-YVAD-CMK(50 μg·mL<sup>-1</sup>, 24 h)处理后 NLRP3、cleaved caspase-1、GSDMD、GSDMD-N、pro-IL-18、mature IL-18、pro-IL-1β 和 mature IL-1β 蛋白表达水平(\*P < 0.05,\*\*P < 0.01,与对照组比较;#P < 0.05,#P < 0.01,与LPS 组比较; n = 3~5;均值±标准误差)。(b)NFκB 通过结合 caspase-1 启动子正向激活 caspase-1。(左)caspase-1 启动子中保守的 NFκB DNA 结合位点。PROMO工具显示 caspase-1 启动子近端区域上游 2000 bp 处的潜在结合位点。(右)ChIP 实验结果,NFκB 募集到 caspase-1 就tel 和 site2 的近端启动子区域(n = 4)。(c)cleaved caspase-1、pro-caspase-1 和 GSDMD-N蛋白在对照组、LPS组、+ODN-caspase1 组和+ODN-NC组新生小鼠心肌细胞中的表达水平(\*P < 0.05,\*\*P < 0.01,与对照组比较;#P < 0.01,#P < 0.01,与LPS组比较;n = 3~4)。

(炎症小体)中起着重要作用[39-40]。有报道显示NFκB的激活依赖于TLR诱导的NLRP3的表达增加[41]。本文研究结果证明,CPAL的缺失减弱了NFκB的磷酸化作用,抑制了NLRP3的表达。但这一点还需要进一步的研究来证实,后续将继续研究CPAL与NFκB磷酸化之间作用关系。

此外,NFκB是心肌糖脂代谢的关键调控因子。NFκB的下游靶基因也参与糖脂和能量代谢。Zhu等[16]报道了QNZ通过抑制NFκB活性,促进GLUT4蛋白表达改善葡萄糖摄取,抑制软骨细胞退变。Wu等[42]发现LPS通过NFκB/Snail/HK3信号通路促进结直肠癌细胞糖酵解和转移。Han等[43]认为,高水平的CD36通过NFκB介导的脂质积累和代谢重编程来促进炎症反应。在本研究中发现CPAL缺失通过调节缺血心肌中GLUT4、HK1和CD36蛋白的表达,增强了葡萄糖和脂肪酸的利用,改善了能量代谢。综上所述,本研究揭示了CPAL作为一种有害lncRNA,通过靶向P-NFκBp65信号通路,促进心肌梗死过程中糖脂代谢紊乱和心肌细胞焦亡。目前尚不清楚CPAL介导的代谢改变和NFκB介导的心肌细胞焦亡的之间的先后顺序,还有待进一步探讨和研究。

## 5. 结论

本研究结果表明,CPAL不仅可以作为心肌梗死的生物标志物或预测因子,而且可能是心肌梗死后心肌细胞焦亡、糖脂代谢异常以及其他心血管疾病的关键调节因子。本研究旨在评估CPAL缺乏对心脏功能的保护作用,为改善缺血/炎症引起的心脏功能障碍提供了一个令人兴奋的途径。揭示CPAL可能是改善心肌梗死患者心脏功能的关键治疗靶点。

## 致谢

本研究得到黑龙江头雁创新团队项目(王宁、蔡本志、杨宝峰)、哈尔滨医科大学少帅揭榜基金项目(HMUMIF-21026,王宁)、黑龙江省博士后基金项目(LBH-Z18166,李佳敏)的支持。

## Compliance with ethics guidelines

Jiamin Li, Hongru Xue, Ning Xu, Liling Gong, Ming Li, Sijia Li, Di Huang, Qingwei Zhang, Pengyu Li, Qingsui Li, Hang Yu, Yining Liu, Yadong Xue, Haixin Chen, Jiali Liu, Wanyu Zhang, Mingbin Liu, Siyu Chang, Xianzhi Lang, Xingmiao Zhao, Weijie Du, Benzhi Cai, Ning Wang, and Baofeng Yang declare that they have no conflict of interest or financial conflicts to disclose.

## Appendix A. Supplementary data

Supplementary data to this article can be found online at https://doi.org/10.1016/j.eng.2022.08.012.

#### References

- Alakoski T, Ulvila J, Yrjölä R, Vainio L, Magga J, Szabo Z, et al. Inhibition of cardiomyocyte Sprouty1 protects from cardiac ischemia-reperfusion injury. Basic Res Cardiol 2019;114(2):7.
- [2] Pinaire J, Azé J, Bringay S, Cayla G, Landais P. Hospital burden of coronary artery disease: trends of myocardial infarction and/or percutaneous coronary interventions in France 2009–2014. PLoS One 2019;14(5):e0215649.
- [3] Virani SS, Alonso A, Aparicio HJ, Benjamin EJ, Bittencourt MS, Callaway CW, et al.; AHA Council on Epidemiology and Prevention Statistics Committee and Stroke Statistics Subcommittee. Heart disease and stroke statistics—2021 update: a report from the American Heart Association. Circulation 2021;143(8): e254–743.
- [4] Cai B, Ma W, Ding F, Zhang L, Huang Q, Wang X, et al. The long noncoding RNA CAREL controls cardiac regeneration. J Am Coll Cardiol 2018; 72(5): 534–50
- [5] Zhang Y, Du W, Yang B. Long non-coding RNAs as new regulators of cardiac electrophysiology and arrhythmias: molecular mechanisms, therapeutic implications and challenges. Pharmacol Ther 2019;203:107389.
- [6] Wang K, Liu CY, Zhou LY, Wang JX, Wang M, Zhao B, et al. APF IncRNA regulates autophagy and myocardial infarction by targeting miR-188-3p. Nat Commun 2015;6(1):6779.
- [7] Altmann HM, Tester DJ, Will ML, Middha S, Evans JM, Eckloff BW, et al. Homozygous/compound heterozygous triadin mutations associated with autosomal-recessive long-QT syndrome and pediatric sudden cardiac arrest: elucidation of the triadin knockout syndrome. Circulation 2015;131(23):2051–60.
- [8] Wang K, Liu F, Liu CY, An T, Zhang J, Zhou LY, et al. The long noncoding RNA NRF regulates programmed necrosis and myocardial injury during ischemia and reperfusion by targeting miR-873. Cell Death Differ 2016;23(8): 1394–405
- [9] Jung M, Dodsworth M, Thum T. Inflammatory cells and their non-coding RNAs as targets for treating myocardial infarction. Basic Res Cardiol 2018; 114(1):4.
- [10] Li D, Chen G, Yang J, Fan X, Gong Y, Xu G, et al. Transcriptome analysis reveals distinct patterns of long noncoding RNAs in heart and plasma of mice with heart failure. PLoS One 2013;8(10):e77938.
- [11] Zhang Y, Jiao L, Sun L, Li Y, Gao Y, Xu C, et al. LncRNA ZFAS1 as a SERCA2a inhibitor to cause intracellular Ca2+ overload and contractile dysfunction in a mouse model of myocardial infarction. Circ Res 2018;122(10): 1354–68.
- [12] Mao Q, Liang XL, Zhang CL, Pang YH, Lu YX. LncRNA KLF3-AS1 in human mesenchymal stem cell-derived exosomes ameliorates pyroptosis of cardiomyocytes and myocardial infarction through miR-138-5p/Sirt1 axis. Stem Cell Res Ther 2019;10(1):393.
- [13] Gunata M, Parlakpinar H. A review of myocardial ischaemia/reperfusion injury: pathophysiology, experimental models, biomarkers, genetics and pharmacological treatment. Cell Biochem Funct 2021;39(2):190–217.
- [14] Cheng W, Wu P, Du Y, Wang Y, Zhou N, Ge Y, et al. Puerarin improves cardiac function through regulation of energy metabolism in streptozotocin–nicotinamide induced diabetic mice after myocardial infarction. Biochem Biophys Res Commun 2015;463(4):1108–14.

- [15] Dai Y, Song J, Li W, Yang T, Yue X, Lin X, et al. RhoE fine-tunes inflammatory response in myocardial infarction. Circulation 2019;139(9):1185–98.
- [16] Zhu SB, Xu YQ, Gao H, Deng Y. NF-κB inhibitor QNZ protects human chondrocyte degeneration by promoting glucose uptake through Glut4 activation. Eur Rev Med Pharmacol Sci 2020;24(9):4642–51.
- [17] Hou J, Wang C, Ma D, Chen Y, Jin H, An Y, et al. The cardioprotective and anxiolytic effects of Chaihujialonggumuli granule on rats with anxiety after acute myocardial infarction is partly mediated by suppression of CXCR4/NFκB/GSDMD pathway. Biomed Pharmacother 2021;133:111015.
- [18] Yin C, Ye Z, Wu J, Huang C, Pan L, Ding H, et al. Elevated Wnt2 and Wnt4 activate NF-κB signaling to promote cardiac fibrosis by cooperation of Fzd4/2 and LRP6 following myocardial infarction. EBioMedicine 2021;74:103745.
- [19] Han Y, Liao X, Gao Z, Yang S, Chen C, Liu Y, et al. Cardiac troponin I exacerbates myocardial ischaemia/reperfusion injury by inducing the adhesion of monocytes to vascular endothelial cells via a TLR4/NF-κB-dependent pathway. Clin Sci 2016;130(24):2279–93.
- [20] Li J, Li Y, Liu Y, Yu H, Xu N, Huang D, et al. Fibroblast growth factor 21 ameliorates NaV1.5 and Kir2.1 channel dysregulation in human AC16 cardiomyocytes. Front Pharmacol 2021;12:715466.
- [21] Liang H, Pan Z, Zhao X, Liu L, Sun J, Su X, et al. LncRNA PFL contributes to cardiac fibrosis by acting as a competing endogenous RNA of let-7d. Theranostics 2018;8(4):1180–94.
- [22] Zincarelli C, Soltys S, Rengo G, Rabinowitz JE. Analysis of AAV serotypes 1– 9 mediated gene expression and tropism in mice after systemic injection. Mol Ther 2008;16(6):1073–80.
- [23] Zhang C, Zhang L, Chen S, Feng B, Lu X, Bai Y, et al. The prevention of diabetic cardiomyopathy by non-mitogenic acidic fibroblast growth factor is probably mediated by the suppression of oxidative stress and damage. PLoS One 2013;8(12):e82287.
- [24] Zhang Y, Liu X, Bai X, Lin Y, Li Z, Fu J, et al. Melatonin prevents endothelial cell pyroptosis via regulation of long noncoding RNA MEG3/miR-223/NLRP3 axis. J Pineal Res 2018:64(2):e12449.
- [25] Wu X, Zhang H, Qi W, Zhang Y, Li J, Li Z, et al. Nicotine promotes atherosclerosis via ROS – NLRP3-mediated endothelial cell pyroptosis. Cell Death Dis 2018:9(2):171.
- [26] Zhang Y, Li X, Zhang Q, Li J, Ju J, Du N, et al. Berberine hydrochloride prevents postsurgery intestinal adhesion and inflammation in rats. J Pharmacol Exp Ther 2014;349(3):417–26.
- [27] Zhang Y, Qin W, Zhang L, Wu X, Du N, Hu Y, et al. MicroRNA-26a prevents endothelial cell apoptosis by directly targeting TRPC6 in the setting of atherosclerosis. Sci Rep 2015;5(1):9401.
- [28] Li X, Yu T, Shan H, Jiang H, Sun J, Zhao X, et al. lncRNA PFAL promotes lung fibrosis through CTGF by competitively binding miR-18a. FASEB J 2018; 32(10):5285-97.
- [29] Del Re DP, Amgalan D, Linkermann A, Liu Q, Kitsis RN. Fundamental

- mechanisms of regulated cell death and implications for heart disease. Physiol Rev 2019;99(4):1765–1817.
- [30] Toldo S, Mauro AG, Cutter Z, Abbate A. Inflammasome, pyroptosis, and cytokines in myocardial ischemia-reperfusion injury. Am J Physiol Heart Circ Physiol 2018;315(6):H1553-68.
- [31] Sun Z, Zhang L, Li L, Shao C, Liu J, Zhou M, et al. Galectin-3 mediates cardiac remodeling caused by impaired glucose and lipid metabolism through inhibiting two pathways of activating Akt. Am J Physiol Heart Circ Physiol 2021;320(1):H364–80.
- [32] Wang Y, Jia L, Shen J, Wang Y, Fu Z, Su SA, et al. Cathepsin B aggravates coxsackievirus B3-induced myocarditis through activating the inflammasome and promoting pyroptosis. PLoS Pathog 2018;14(1):e1006872.
- [33] Prabhu SD, Frangogiannis NG. The biological basis for cardiac repair after myocardial infarction: from inflammation to fibrosis. Circ Res 2016; 119(1): 91–112.
- [34] Yang L, Li P, Yang W, Ruan X, Kiesewetter K, Zhu J, et al. Integrative transcriptome analyses of metabolic responses in mice define pivotal LncRNA metabolic regulators. Cell Metab 2016;24(4):627–39.
- [35] Lawrence T. The nuclear factor NF-kappaB pathway in inflammation. Cold Spring Harb Perspect Biol 2009;1(6):a001651.
- [36] Huxford T, Huang DB, Malek S, Ghosh G. The crystal structure of the IκBα/ NF-κB complex reveals mechanisms of NF-κB inactivation. Cell 1998;95(6): 759–70.
- [37] Hayden MS, Ghosh S. Shared principles in NF-κB signaling. Cell 2008;132(3): 344–62.
- [38] Aachoui Y, Sagulenko V, Miao EA, Stacey KJ. Inflammasome-mediated pyroptotic and apoptotic cell death, and defense against infection. Curr Opin Microbiol 2013;16(3):319–26.
- [39] Zhu B, Zhang L, Liang C, Liu B, Pan X, Wang Y, et al. Stem cell-derived exosomes prevent aging-induced cardiac dysfunction through a novel exosome/ lncRNA MALAT1/NF-κB/TNF-α signaling pathway. Oxid Med Cell Longev 2019:2019:9739258.
- [40] Mangan MSJ, Olhava EJ, Roush WR, Seidel HM, Glick GD, Latz E. Targeting the NLRP3 inflammasome in inflammatory diseases. Nat Rev Drug Discov 2018;17(8):588–606.
- [41] Yu X, Lan P, Hou X, Han Q, Lu N, Li T, et al. HBV inhibits LPS-induced NLRP3 inflammasome activation and IL-1β production via suppressing the NFκB pathway and ROS production. J Hepatol 2017;66(4):693–702.
- [42] Wu X, Qian S, Zhang J, Feng J, Luo K, Sun L, et al. Lipopolysaccharide promotes metastasis via acceleration of glycolysis by the nuclear factor-κB/ Snail/Hexokinase3 signaling axis in colorectal cancer. Cancer Metab 2021; 9(1):23
- [43] Han B, Wang J, Wu J, Yan F, Wang Y, Li J. High glucose induced upregulation of CD36 promotes inflammation stress via NF κB in H9c2 cells. Mol Med Rep 2021;24(5):764.