

鼻咽癌组织中 JAM-A 表达及意义

江 雪,代保强,冯丽春

(沧州市中心医院,河北 沧州 061000)

摘要:[目的]探讨鼻咽癌组织中人交界粘连分子(junctional adhesion molecule,JAM-A)蛋白表达及其意义。[方法]收集100例鼻咽癌病例标本(实验组)及50例鼻咽部黏膜增生息肉标本(对照组)。采用免疫组织化学法染色测定鼻咽癌组织中JAM-A蛋白表达;采用荧光定量PCR法检测JAM-A mRNA表达;采用Western Blot实验检测JAM-A蛋白表达。[结果]实验组JAM-A阳性表达率(63.00%)高于对照组(12.00%)($P<0.001$)。不同性别、年龄、T分期、临床分期、分化程度鼻咽癌患者间JAM-A阳性表达率差异无统计学意义(P 均 >0.05);有淋巴结转移者JAM-A阳性表达率高于无淋巴结转移者($P=0.003$)。实验组JAM-A mRNA表达量高于对照组($P<0.001$);不同性别、年龄、T分期、临床分期和分化程度患者间JAM-A mRNA表达量差异无统计学意义(P 均 >0.05),有淋巴结转移者JAM-A mRNA表达量高于无淋巴结转移者($P<0.001$)。实验组JAM-A蛋白表达灰度值高于对照组,且差异有统计学意义($P<0.05$)。[结论]鼻咽癌组织中JAM-A蛋白呈高表达,且其表达与淋巴结转移相关。

主题词:鼻咽肿瘤;JAM-A蛋白;淋巴结转移

中图分类号:R739.63 文献标识码:A 文章编号:1671-170X(2021)02-0125-05

doi:10.11735/j.issn.1671-170X.2021.02.B007

Expression of JAM-A in Nasopharyngeal Carcinoma and Its Significance

JIANG Xue, DAI Bao-qiang, FENG Li-chun

(Cangzhou Central Hospital, Cangzhou 061000, China)

Abstract: [Objective] To investigate the expression of junctional adhesion molecule(JAM-A) protein in nasopharyngeal carcinoma(NPC) and its significance. [Methods] One hundred NPC tissue specimens (NPC group) and 50 specimens of nasopharyngeal mucosal hyperplasia polyps(control group) were collected. The expression of JAM-A protein in tissue specimens was detected by immunohistochemical staining. The expression JAM-A mRNA and protein was detected by fluorescence quantitative PCR (qRT-PCR) and Western blot, respectively. [Results] The positive expression rate of JAM-A in NPC group was significantly higher than that in the control group (63.00% vs 12.00%, $P<0.001$). There was no significant difference in JAM-A positive expression rate among NPC patients with different gender, age, T stage and differentiation degree(all $P>0.05$). JAM-A positive rate in patients with lymph node metastasis was higher than that in patients without metastasis ($P=0.003$). The expression of JAM-A mRNA in the NPC group was higher than that in the control group($P<0.001$). The JAM-A mRNA expression was not correlated with gender, age, T stage, clinical stage and differentiation degree of NPC patients (all $P>0.05$). JAM-A mRNA expression in patients with lymph node metastasis was higher than that in patients without metastasis ($P<0.001$). The gray value of JAM-A protein expression in the NPC group was higher than that in the control group ($P<0.05$). [Conclusion] JAM-A protein is highly expressed in nasopharyngeal carcinoma tissues, which is closely related to lymph node metastasis.

Subject words: nasopharyngeal carcinoma; JAM-A protein; lymph node metastasis

鼻咽癌是指发生于鼻咽部的恶性肿瘤,我国(特别是南方地区)及东南亚地区是鼻咽癌的高发地区^[1]。鼻咽癌最常见的发病来源于鼻咽部的黏膜上皮细

基金项目:沧州市重点研发计划指导项目(183302105)
通信作者:江雪,主治医师,学士;沧州市中心医院耳鼻喉科,河北省沧州市新华西路16号(061000);E-mail:huasky1202@163.com
收稿日期:2019-08-09;修回日期:2020-05-20

胞,上皮细胞被认为是终端分化的细胞,鼻咽部的上皮细胞如何转化进展为恶性鼻咽癌细胞,目前机制不明确^[2-3]。研究认为,上皮细胞分化为肿瘤细胞的过程中,细胞极性发生改变是重要的一个步骤,且和恶性肿瘤细胞的转移和侵犯密切相关^[4]。人交界粘连分子(junctional adhesion molecule,JAM-A)主要是

位于细胞间的一种跨膜紧密连接蛋白,和细胞极性和上皮细胞间粘连形成基底膜密切相关,JAM-A 蛋白的表达与肿瘤的相关性在乳腺癌、肺癌等恶性肿瘤中已有研究,但其和鼻咽癌的相关性研究目前较少报道^[5-6]。因此,本研究旨在探讨鼻咽癌组织 JAM-A 蛋白表达和鼻咽癌临床表型的相关性。

1 资料与方法

1.1 临床资料

收集沧州市中心医院于 2015 年 1 月至 2018 年 12 月期间 100 例鼻咽癌病例标本(实验组)及 50 例鼻咽部黏膜增生息肉标本(对照组)。所有研究对象病理组织标本保存完整,且临床病例资料齐全,获得知情同意且经医院伦理委员会批准,排除合并恶性肿瘤,及鼻咽部腺癌和涎腺型癌。实验组 100 例,男性 65 例,女性 35 例;年龄 37~75 岁,平均年龄 54.81 ± 5.16 岁;T 分期:T₁+T₂ 期 43 例,T₃+T₄ 期 57 例;临床分期:I~II 期 45 例,III~IV 期 55 例;淋巴结转移:有 41 例,无 59 例;分化程度:高中分化 69 例,低分化 31 例;鳞状细胞癌 58,非角化性癌 32,基底样鳞状细胞癌 10 例。对照组 50 例,男性 32 例,女性 18 例;年龄 32~75 岁,平均年龄 53.76 ± 4.27 岁。两组一般资料包括性别和年龄比较差异无统计学意义($P > 0.05$)。

1.2 方法

1.2.1 鼻咽癌组织 JAM-A 蛋白表达检测

所有标本均以 10% 中性甲醛溶液固定,石蜡包埋,制成厚度为 4 μm 切片,经脱蜡、脱苯、水化后,采用免疫组织化学法染色测定鼻咽癌组织中 JAM-A 蛋白表达。JAM-A 单克隆抗体(美国 Abcam 公司),二氨基联苯胺(DAB)显色试剂盒。DAB 染色:首先以 3% H₂O₂ 阻断内源性过氧化物酶的活性,高压高温修复抗原,采用 JAM-A 一抗(1:100)放置于 4°C 条件下湿盒内孵育过夜,DAB 显色,苏木精复染。PBS 代替一抗。

1.2.2 结果判定

镜下 JAM-A 蛋白主要表达在细胞膜上,每片随机观察 5 个高倍视野,对染色阳性细胞数进行计数,其中染色细胞数 1%~25% 计 1 分,25%~50% 计 2 分,50%~75% 计 3 分,75% 及以上计 4 分。染色强度

评分:以无染色计 0 分,且染色呈淡黄色颗粒;以染色明显高于背景计 1 分;以染色呈浅棕黄色颗粒计 2 分;以染色出现大量深棕黄色颗粒计 3 分。染色强度评分与阳性细胞数比例的评分之和 ≤ 2 分为阴性(-),2~3 分为弱阳性(+),4~5 分为中度阳性(++) ,6~7 分为强阳性(+++),(+)~(++) 为阳性表达。

1.2.3 采用荧光定量 PCR 法检测 JAM-A mRNA 表达

取适量鼻咽癌病灶组织以及鼻咽黏膜增生病灶组织,应用生理盐水冲洗后用滤纸将水分吸尽,放入冻存管中且于液氮中短暂冷冻 15~20min,取出后放置于 -70°C 下保存。取组织样本适量,加入 RNAiso 裂解液适量,萃取得到组织中 RNA,而后采用反转录试剂盒将 RNA 转录成为 cDNA。引物由生工(上海)生物有限公司合成,且对 cDNA 样本进行荧光定量 PCR 扩增,按照扩增曲线计算 JAM-A mRNA 表达量。

1.2.4 Western Blot 检测 JAM-A 蛋白表达

采集患者鼻咽癌病灶组织以及鼻咽黏膜增生病灶组织标本,加入细胞裂解液,匀浆裂解 40min,以离心半径 15cm、12 000r/min,离心 6min,收集上清液进行蛋白定量。取 30 μg 总蛋白进行 12.5% 变性 SDS 聚丙烯酰胺凝胶电泳,加入预测蛋白的 JAM-A 抗体孵育 1h,再加入辣根过氧化物酶标记的 IgG 二抗孵育 1h,化学发光、显影、定影,以 β -actin 蛋白作为内参照。

1.3 观察指标

(1) 观察两组 JAM-A 阳性表达情况;(2) 观察鼻咽癌不同临床特征 JAM-A 阳性表达情况,临床特征包括性别、年龄、T 分期、临床分期、淋巴结转移和分化程度;(3) 观察两组 JAM-A mRNA 表达量;(4) 观察鼻咽癌不同临床特征 JAM-A mRNA 表达量;(5) 观察两组 JAM-A 蛋白表达情况。

1.4 统计学处理

采用 SPSS 22.0 处理数据,计量资料采用 $\bar{x} \pm s$ 表示,行 t 检验/方差分析,计数资料采用率表示,行 χ^2 检验, $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结 果

2.1 两组 JAM-A 阳性表达率比较

实验组 JAM-A 阳性表达 63 例,对照组 JAM-A

阳性表达6例,实验组JAM-A阳性表达率(63.00%)高于对照组(12.00%),差异有统计学意义($\chi^2=43.953, P<0.001$) (Figure 1)。

2.2 鼻咽癌不同临床特征组JAM-A阳性表达率比较

不同性别、年龄、T分期、临床分期、分化程度患者间JAM-A阳性表达率差异无统计学意义($P>0.05$);有淋巴结转移者JAM-A阳性表达率高于无淋巴结转移者,差异有统计学意义($P<0.05$) (Table 1)。

2.3 两组JAM-A mRNA表达量比较

实验组JAM-A mRNA表达量(2.13 ± 0.42)高于对照组(1.02 ± 0.25),差异有统计学意义($t=17.208, P<0.001$)。

2.4 鼻咽癌不同临床特征JAM-A mRNA表达量比较

不同性别、年龄、T分期、临床分期和分化程度患者JAM-A mRNA表达量比较差异无统计学意义($P>0.05$);有淋巴结转移者JAM-A mRNA表达量高于无淋巴结转移者,差异有统计学意义($P<0.05$) (Table 2)。

2.5 两组JAM-A蛋白表达比较

实验组JAM-A蛋白表达灰度值(0.76 ± 0.18)高于对照组(0.14 ± 0.03),差异有统计学意义($t=24.149, P<0.001$) (Figure 2)。

3 讨 论

鼻咽癌原发病灶多发生于鼻咽隐窝、顶前壁,病灶可呈黏膜下浸润型、溃疡型和结节型等多种形态^[7-9]。鼻咽癌发病机制较为复杂,其发生主要与遗传、环境及病毒等相关^[10-12]。鼻咽癌最常见的发病来源于鼻咽部的黏膜上皮细胞,上皮细胞被认为是终端分化的细胞^[12]。内皮细胞在结构上具有典型的基底及上极方向性,细胞间紧密连接和粘附连接的存在使上皮细胞紧密相连发挥功能,同时也限制了自身和其他组织细胞任意迁移的能力^[13-14]。

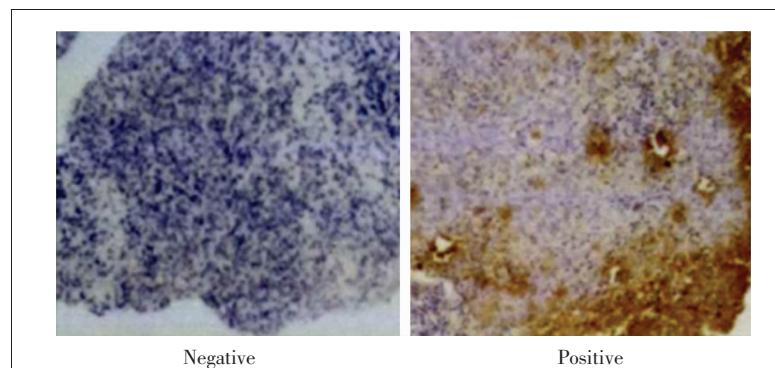


Figure 1 JAM-A expression in nasopharyngeal carcinoma ($\times 200$)

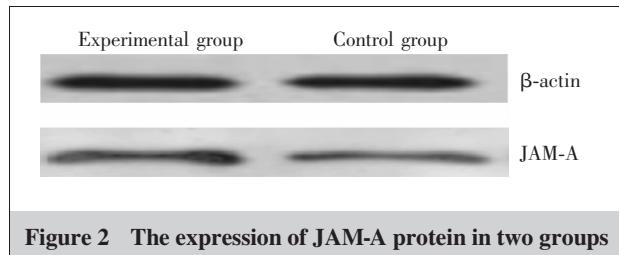
Table 1 Comparison of JAM-A positive expression with clinical features in nasopharyngeal carcinoma patients

Clinical features	N	JAM-A positive expression (%)	χ^2	P
Gender				
Male	65	39(60.00)	0.717	0.397
Female	35	24(68.57)		
Age(years)				
>60	40	27(67.50)	0.579	0.447
≤60	60	36(60.00)		
T stages				
T ₁ +T ₂	43	24(55.81)	1.671	0.196
T ₃ +T ₄	57	39(68.42)		
Clinical stages				
I ~ II	45	24(53.33)	3.280	0.070
III ~ IV	55	39(70.91)		
Lymph node metastasis				
Yes	41	33(80.49)	9.117	0.003
No	59	30(50.85)		
Differentiation				
High and medium	69	42(60.87)	0.433	0.510
Poorly	31	21(67.74)		
Type				
Squamous cell carcinoma	58	37(63.79)		
Non-keratinizing carcinoma	32	20(62.50)	0.317	0.781
Basaloid squamous cell carcinoma	10	6(60.00)		

JAM家族包括3个亚型,即JAM-A、JAM-B和JAM-C,其中JAM-A是位于细胞间的跨膜紧密连接蛋白,它在细胞的侵袭、血小板聚集和淋巴细胞黏附等方面起重要作用,且可参与维持细胞屏障完整性,从而调控上皮细胞及内皮细胞运动^[15]。JAM-A蛋白由于其可影响恶性肿瘤细胞的迁移,广泛应用于各种恶性肿瘤的浸润、侵袭机制中,这可能为肿瘤发生转移浸润提供基础支撑。且JAM-A蛋白能够通过不

Table 2 Comparison of JAM-A mRNA expression in nasopharyngeal carcinoma patients with different clinical features

Clinical features	N	JAM-A mRNA	t/F	P
Gender				
Male	65	2.15±0.48		
Female	35	2.10±0.35	0.543	0.588
Age(years)				
>60	40	2.18±0.40		
≤60	60	2.09±0.45	1.024	0.309
T stages				
T ₁ +T ₂	43	2.12±0.41		
T ₃ +T ₄	57	2.15±0.44	0.348	0.729
Clinical stages				
I ~ II	45	2.08±0.38		
III ~ IV	55	2.16±0.47	0.922	0.359
Lymph node metastasis				
Yes	41	2.63±0.45		
No	59	1.66±0.38	11.636	<0.001
Differentiation				
High and medium	69	2.11±0.46		
Poorly	31	2.14±0.39	0.316	0.753
Type				
Squamous cell carcinoma	58	2.13±0.48		
Non-keratinizing carcinoma	32	2.09±0.35	0.281	0.823
Basaloid squamous cell carcinoma	10	2.12±0.43		

**Figure 2 The expression of JAM-A protein in two groups**

同途径促进恶性肿瘤的迁移转移。Thete 等^[16]研究发现,miR145 通过 JAM-A 靶基因抑制乳腺癌细胞的运动和侵袭。研究发现 JAM-A 高表达的乳腺癌患者预后较差,进一步以高表达 JAM-A 的乳腺癌细胞株研究,结果显示 JAM-A 能增加乳腺癌细胞的侵袭能力^[17]。Tharakan 等^[18]研究发现,通过对内皮细胞的体外实验观察,JAM-A 能够抑制 Akt/β-catenin 信号通路活性,影响内皮细胞的增殖功能。研究表明,JAM-A 表达下降和内皮细胞失去细胞极性密切相关,导致细胞间连接变得疏松,细胞内骨架蛋白重组,导致细胞突破内皮细胞组成的基底,使得肿瘤细胞更易离开原有的位置,随着循环发生转移^[19]。本研究显示,实验组 JAM-A 阳性表达率和 JAM-A mRNA 表达量均高于对照组,提示鼻咽癌患者组织中 JAM-A

蛋白呈高表达;有淋巴结转移者 JAM-A 阳性表达率和 JAM-A mRNA 表达量均高于无淋巴结转移者,提示随着淋巴结转移出现,鼻咽癌组织 JAM-A 蛋白表达升高。此外,本研究表明,实验组 JAM-A 蛋白表达灰度值高于对照组,说明鼻咽癌患者 JAM-A 蛋白表达上调。但本文作为初步研究,未对其具体作用机制进行分析,还需在后续研究中通过进一步多中心、多样本深入研究,对其具体作用机制进行阐述,以期能够为临床诊断和治疗鼻咽癌提供一定参考价值。

参考文献:

- [1] Li YF, Ding JW, Liao LM, et al. Expression of programmed death ligand-1 predicts poor outcome in nasopharyngeal carcinoma [J]. Mol Clin Oncol, 2017, 7(3):378–382.
- [2] Ramayanti O, Juwana H, Verkuijlen SA, et al. Epstein-Barr virus mRNA profiles and viral DNA methylation status in nasopharyngeal brushings from nasopharyngeal carcinoma patients reflect tumor origin[J]. Int J Cancer, 2017, 140(1):149–162.
- [3] Peng PJ, Lv BJ, Wang ZH, et al. Multi-institutional prospective study of nedaplatin plus S-1 chemotherapy in recurrent and metastatic nasopharyngeal carcinoma patients after failure of platinum-containing regimens [J]. Ther Adv Med Oncol, 2017, 9(2):68–74.
- [4] Rusthoven CG, Lanning RM, Jones BL, et al. Metastatic nasopharyngeal carcinoma: patterns of care and survival for patients receiving chemotherapy with and without local radiotherapy[J]. Radiother Oncol, 2017, 124(1):139–146.
- [5] Chee J, Loh KS, Tham I, et al. Prognostic stratification of patients with metastatic nasopharyngeal carcinoma using a clinical and biochemical scoring system [J]. J Cancer Res Clin Oncol, 2017, 143(12):2563–2570.
- [6] 陈江,方孙阳,傅燕萍,等. JAM-A 在甲状腺乳头状瘤组织中的表达及与淋巴结转移的关系[J]. 实用肿瘤杂志, 2015, 30(6):520–523.
Chen J, Fang SY, Fu YP, et al. Expression of JAM-A in papillary thyroid carcinoma and its relationship with lymph node metastasis[J]. Journal of Practical Oncology, 2015, 30(6):520–523.
- [7] Chan OS, Sze HC, Lee MC, et al. Reirradiation with inten-

- sity-modulated radiotherapy for locally recurrent T3 to T4 nasopharyngeal carcinoma[J]. Head Neck, 2017, 39(3):533.
- [8] Nakanishi Y,Wakisaka N,Kondo S,et al. Progression of understanding for the role of Epstein-Barr virus and management of nasopharyngeal carcinoma[J]. Cancer Metastasis Rev, 2017, 36(3):435–447.
- [9] Chan JW,Parvathaneni U,Yom SS. Reducing radiation-related morbidity in the treatment of nasopharyngeal carcinoma[J]. Future Oncol, 2017, 13(5):425–431.
- [10] Chen AW,Tseng YS,Lin CC,et al. Norcantharidin induce apoptosis in human nasopharyngeal carcinoma through caspase and mitochondrial pathway [J]. Environ Toxicol, 2018, 33(3):343.
- [11] Sai-Guan L,Min-Han K,Kah-Wai N,et al. Nasopharyngeal carcinoma with cystic cervical metastasis masquerading as branchial cleft cyst:a potential pitfall in diagnosis and management[J]. Iran J Otorhinolaryngol, 2017, 29(91): 117–120.
- [12] Lin HF,Hsieh MJ,Hsi YT,et al. Celastrol-induced apoptosis in human nasopharyngeal carcinoma is associated with the activation of the death receptor and the mitochondrial pathway[J]. Oncol Lett, 2017, 14(2):1683–1690.
- [13] 黄雪琴,崔仲宜,蒋东辉,等.鼻咽癌细胞来源外泌体的提取和鉴定[J].广东医学,2016,37(2):191–193.
Huang XQ,Cui ZY,Jiang DH,et al. Extraction and identification of exosomes from nasopharyngeal cancer cells [J].Guangdong Medical Journal, 2016, 37(2):191–193.
- [14] Shi L,Yin W,Zhang Z,et al. Down-regulation of miR-26b induces cisplatin resistance in nasopharyngeal carcinoma by repressing JAG1 [J]. FEBS Open Bio, 2016, 6 (12): 1211–1219.
- [15] Horng S,Therattil A,Moyon S,et al. Astrocytic tight junctions control inflammatory CNS lesion pathogenesis [J]. J Clin Invest, 2017, 127(8):3136–3151.
- [16] Thete D,Snyder AJ,Mainou BA,et al. Reovirus mu1 protein affects infectivity by altering virus- receptor interactions[J]. J Virol, 2016, 90(23):10951–10962.
- [17] Ayres FM,Narita M,Takahashi M,et al. A comparative study of the JAM test and 51Cr-release assay to assess the cytotoxicity of dendritic cells on hematopoietic tumor cells [J].Immunol Invest, 2013, 32(4):219–227.
- [18] Tharakkan A,Halderman AA,Lane AP,et al. Reversal of cigarette smoke extract-induced sinonasal epithelial cell barrier dysfunction through Nrf2 Activation [J]. Int Forum Allergy Rhinol, 2016, 6(11):1145–1150.
- [19] Liao ZW,Zhao L,Cai MY,et al. P300 promotes migration,invasion and epithelial-mesenchymal transition in a nasopharyngeal carcinoma cell line[J]. Oncol Lett, 2017, 13 (2):763–769.