



DOI:10.3872/j.issn.1007-385x.2018.06.002

·基础研究·

## 长链非编码 RNA UCA1 靶向调控 miR-185-5p 对非小细胞肺癌 A549 细胞的作用及其机制

蔡华荣,王志强,江跃全(重庆大学附属肿瘤医院胸外科 重庆市肿瘤研究所,重庆 400030)

**[摘要]** 目的:探究长链非编码 RNA ( long non-coding RNA, lncRNA)尿路上皮癌抗原 1 ( urothelial carcinoma associated 1, UCA1) 调控非小细胞肺癌 (NSCLC) A549 细胞增殖、侵袭和迁移的作用及其机制。方法: NSCLC A549 细胞培养及慢病毒转染完成后, RT-PCR 检测 A549 细胞 UCA1 表达水平, 荧光素酶实验验证 UCA1 和 miR-185-5p 的靶向关系, MTT 检测 A549 细胞活性, Transwell 和划痕实验检测细胞侵袭和迁移能力; Western blotting 检测 Wnt1/β-catenin 信号通路蛋白的表达。结果: sh-UCA1 能显著抑制 UCA1 表达并促进 miR-185-5p 表达 (均  $P < 0.05$ ), miR-185 inhibitor 可减弱 sh-UCA1 对 miR-185-5p 表达的促进作用 ( $P < 0.05$ ), UCA1 能明显抑制 miR-185-5p 表达 ( $P < 0.05$ ), miR-185 mimic 可减弱 UCA1 对 miR-185-5p 表达的抑制作用 ( $P < 0.05$ )。荧光素酶报告实验表明 UCA1 序列上有 miR-185-5p 的结合位点。sh-UCA1 能显著抑制 A549 细胞增殖、侵袭和迁移 (均  $P < 0.05$ ), 并能降低信号通路蛋白 Wnt1、β-catenin 信号和 TCF-4 表达水平 (均  $P < 0.05$ ); miR-185 inhibitor 能显著减弱 sh-UCA1 对 A549 细胞的增殖、侵袭、迁移及对 Wnt1/β-catenin 通路蛋白表达的抑制作用 ( $P < 0.05$ )。结论: UCA1 可通过靶向 miR-185-5p 促进 NSCLC 细胞的增殖、侵袭和迁移, 其作用机制与 Wnt1/β-catenin 信号通路激活有关。

**[关键词]** 长链非编码 RNA; 尿路上皮癌抗原 1; miR-185-5p; 非小细胞肺癌; A549 细胞

**[中图分类号]** R734.2; R730.2 **[文献标识码]** A **[文章编号]** 1007-385X(2018)06-0555-07

### Effect and mechanism of lncRNA UCA1 target regulating miR-185-5p on non-small cell lung cancer A549 cell

CAI Huarong, WANG Zhiqiang, JIANG Yuequan (Department of Thoracic Surgery, Affiliated Cancer Hospital of Chongqing University; Chongqing Cancer Institute, Chongqing 400030, China)

**[Abstract]** Objective: To investigate the effect and underlying mechanism of Long non-coding RNA urothelial carcinoma associated 1 (lncRNA UCA1) on proliferation, invasion and migration of non-small cell lung cancer (NSCLC) A549 cells. Methods: NSCLS A549 cells were cultured and transfected with lentivirus; RT-PCR was employed to detect the levels of UCA1 in A549 cells. The relationship between UCA1 and miR-185-5p was validated by luciferase reporter assays. Cell viability of A549 cells was measured by MTT. Cell invasion and migration were determined by Transwell and Wound healing assay, respectively; and western blotting was performed for measuring the levels of Wnt1/β-catenin pathway-related proteins. Results: sh-UCA1 significantly decreased UCA1 expression and increased miR-185-5p expression in A549 cells (all  $P < 0.05$ ). miR-185 inhibitor attenuated the promotion effect of sh-UCA1 on miR-185-5p ( $P < 0.05$ ). UCA1 could significantly down-regulate miR-185-5p expression in A549 cells ( $P < 0.05$ ), which was reversed by miR-185 mimic ( $P < 0.05$ ). Luciferase reporter assay validated the binding site on UCA1 to link miR-185-5p. sh-UCA1 significantly inhibited cell proliferation, invasion and migration of A549 cells (all  $P < 0.05$ ), and also decreased the protein levels of Wnt1, β-catenin and TCF-4 notably (all  $P < 0.05$ ); however, miR-185 inhibitor attenuated such inhibitory effects of sh-UCA1 ( $P < 0.05$ ). Conclusion: UCA1 could promote proliferation, invasion and migration of A549 cells through targeting miR-185-5p, and the mechanisms might be related with activation of Wnt1/β-catenin pathway.

**[Key words]** long non-coding RNA(lncRNA); urothelial carcinoma antigen 1(UCA1); miR-185-5p; non-small cell lung cancer (NSCLC); A549 cell

[Chin J Cancer Bioter, 2018, 25(6): 555-561. DOI:10.3872/j.issn.1007-385X.2018.06.002]

**[基金项目]** 重庆市卫生局资助项目(No.2013-2-122)。Project supported by Chongqing Municipal Health Bureau Foundation(No.2013-2-122)

**[作者简介]** 蔡华荣(1977-),男,硕士,主治医师,主要从事胸部肿瘤治疗的研究,E-mail:zp8774@163.com

**[通信作者]** 江跃全(JIANG Yuequan, corresponding author),博士,主任医师,主要从事胸部肿瘤治疗的研究,E-mail:18555203@qq.com

肺癌是最常见的恶性肿瘤之一,也是我国发病率最高的一类癌症,该病因具有高发病率和高病死率而受到广泛关注<sup>[1-2]</sup>;非小细胞肺癌(NSCLC)占所有肺癌类型的85%<sup>[3-5]</sup>。尽管近年来在肺癌化疗和靶



向治疗方面均取得新进展,但NSCLC的预后仍不容乐观<sup>[6-7]</sup>。研究<sup>[8-9]</sup>表明,长链非编码RNA (long non-coding RNA, lncRNA) 在调控癌症的发展过程中发挥了重要作用。lncRNA 尿路上皮癌抗原1 (urothelial carcinoma associated 1, UCA1) 是最先发现于人尿路上皮癌中的一类非编码RNA,可通过靶向调控微小型RNA (microRNA, miRNA) 的表达影响癌症的发生发展<sup>[10-11]</sup>。已有研究<sup>[12]</sup>表明,UCA1 表达水平与NSCLC 预后密切相关,UCA1 过表达能促进癌细胞增殖和迁移,其作用机制与抑制miR-193a-3p 表达有关。miR-185-5p 是一类抑癌基因,在胃癌、乳腺癌及肺癌等癌细胞中呈低表达状态<sup>[13-14]</sup>。生物信息预测<sup>[15]</sup>研究显示,UCA1 和miR-185-5p 之间也可能存在靶向调控关系。因此,本研究以NSCLC 细胞A549为研究对象,探讨UCA1 对NSCLC 的作用及其机制,并探寻新的治疗靶标,对提高NSCLC 患者生存率具有重要意义。

## 1 材料与方法

### 1.1 细胞株及主要试剂

NSCLC A549 细胞株来自于美国 ATCC 公司。UCA1 shRNA、miR-185 inhibitor 和 miR-185 mimic 均由美国 Invitrogen 公司设计合成,RPMI 1640 培养液、胎牛血清和 0.25% 胰蛋白酶均购自美国 Gibco 公司,Lipofecamine<sup>TM</sup>2000 购自美国 ThermoFisher 公司,TRIzol<sup>®</sup>、反转录试剂盒 和 SYBR PCR Master Mix 试剂盒 购自日本 TOYOB0 公司。MTT 试剂购自美国 Sigma 公司。抗 Wnt1、β-catenin 和 TCF-4 抗体 购自英国 Abcam 公司,HRP 标记的山羊抗兔二抗购自北京博奥森生物技术公司。

### 1.2 细胞培养

用含 10% 胎牛血清、100 U/ml 青霉素和 100 mg/ml 链霉素的 RPMI 1640 培养液培养 NSCLC 细胞系 A549, 培养条件为 37 °C、5% CO<sub>2</sub>。隔天换液 1 次, 细胞汇合度达到 85% 以上时进行传代培养。

### 1.3 细胞转染

将细胞传代培养于 6 孔板中, 培养 24 h 后进行细胞转染。根据转染试剂盒说明书用 GFP 标记的慢病毒和 Lipofecamine<sup>TM</sup>2000 分别或同时转染 sh-UCA1、miR-185 inhibitor 或转染 pcDNA3.1-UCA1 和 miR-185 mimic。转染 48 h 后, 收集细胞, 进行后续实验。

### 1.4 RT-PCR 检测 A549 细胞 UCA1 表达水平

将细胞分为 A549 组、sh-Ctrl 组 和 sh-UCA1 组, 用 sh-UCA1 转染细胞后, 用 TRIzol 试剂提取各组细胞总 RNA, 测定 RNA 浓度和纯度后, 用反转录试剂盒合成 cDNA, 用 PCR 仪进行扩增, 用 SYBR PCR

Master Mix 试剂盒对 UCA1 和 miR-185-5p 表达水平进行检测, 以 GAPDH 为内参。实验所用到的引物均采用 Primer 3 网站设计, 由大连 TaKaRa 公司合成。实验重复 3 次。

### 1.5 荧光素酶报告实验检测 UCA1 野生质粒的荧光素酶活性

利用生物信息预测网站预测 UCA1 和 miR-185-5p 的结合片段, 用 RT-PCR 扩增 UCA1 上两者的结合片段, 并将该结合片段插入到 pMIR-REPORT 中, 构建 UCA1 野生质粒, 再利用基因突变技术将结合位点突变, 构建 UCA1 突变质粒。用 UCA1 野生质粒、UCA1 突变质粒和 miR-185mimic 分别或同时对细胞进行转染, 用 Dual Luciferase 报告基因试剂盒检测各组荧光素酶活性。实验重复 3 次。

### 1.6 MTT 法检测转染后 A549 细胞的生长情况

将细胞传代接种于 96 孔板中, 将细胞分为 sh-Ctrl 组、sh-UCA1 组、miR-185 inhibitor 组 和 sh-UCA1 + inhibitor 组, 每组 6 个复孔。sh-Ctrl 组用不含目的基因的载体进行转染, sh-UCA1 组 和 miR-185 inhibitor 组 分别用 sh-UCA1 和 miR-185 inhibitor 进行转染, sh-UCA1 + inhibitor 组用 sh-UCA1 和 miR-185 inhibitor 同时转染, 转染 4~6 h 后, 更换为正常培养液, 并分别于转染后 0、24、48、72 和 96 h 每孔加入 20 μl MTT 试剂, 于 37 °C 孵育 4 h 后加入 150 μl DMSO, 混匀后于 490 nm 处检测光密度(D)值。实验重复 3 次。

### 1.7 Transwell 检测 A549 细胞的侵袭能力

将转染后的细胞传代培养于用基质胶预包被的 Transwell 小室中, 细胞密度为 1×10<sup>5</sup> 个/ml, 用无血清培养液进行培养, 小室下层加入正常培养液。培养 24 h 后用无菌棉签擦去小室内细胞, 用结晶紫对侵袭至小室下层的细胞进行染色, 每孔随机选取 5 个视野进行计数统计, 每组 3 个复孔。实验重复 3 次。

### 1.8 划痕实验检测 A549 细胞的迁移能力

实验前 1 d 用 Marker 笔于 12 孔板背面划平行的 5 条直线, 消毒灭菌后置于无菌环境备用。第 2 天将细胞传代培养于提前准备好的 12 孔板中, 细胞密度为 1×10<sup>5</sup> 个/ml, 转染后 48 h, 用 10 μl 枪头垂直于培养板背面横线划痕。用预冷 PBS 洗涤 3 次, 每次 5 min, 加入无血清培养液继续培养 24 h, 分别于 0、24 h 于荧光显微镜下每孔随机选取 3 个视野记录统计。实验重复 3 次。

### 1.9 Western blotting 检测 A549 细胞 Wnt1、β-catenin 和 TCF-4 的表达

用 RIPA 提取各组细胞总蛋白, 用 BCA 试剂盒检测各组蛋白质浓度。用 10% SDS-PAGE 分离蛋白, 半干法转移蛋白质到 PVDF 膜, 用 5% 脱脂奶粉室温

封闭2 h后,加入稀释一抗(Wnt1,1:1 200;β-catenin,1:1 000;TCF-4,1:1 000)4 °C封闭过夜。次日弃去一抗,清洗3次后,加入相应二抗室温封闭1 h后,滴加ECL用凝胶成像系统采集蛋白条带图像,用ImageJ对蛋白质条带进行定量分析。实验重复3次

#### 1.10 统计学处理

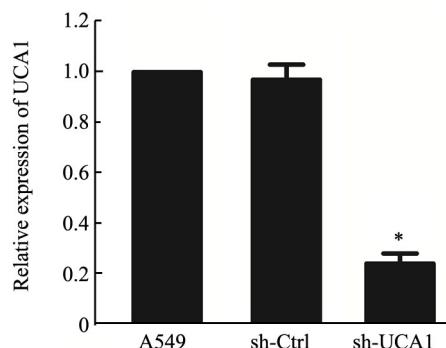
采用SPSS 17.0统计学软件,数据以 $\bar{x}\pm s$ 表示,两组间比较采用t检验,以 $P<0.05$ 或 $P<0.01$ 表示差异有统计学意义。

## 2 结 果

### 2.1 UCA1靶向调控A549细胞miR-185-5p的表达。

RT-PCR检测结果(图1)显示,与A549组比较,sh-UCA1组UCA1表达水平明显降低( $P<0.05$ ),表明转染成功;UCA1过表达能显著抑制A549细胞miR-185-5p表达,miR-185 mimic能明显减弱UCA1对miR-185-5p表达的抑制作用( $P<0.05$ 或 $P<0.01$ ,图

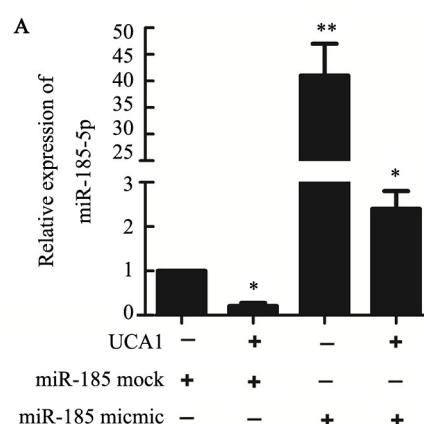
2A);沉默UCA1后,A549细胞miR-185-5p表达水平明显升高,miR-185 inhibitor能显著减弱sh-UCA1对miR-185-5p的促进作用( $P<0.05$ 或 $P<0.01$ ,图2B)。



\* $P<0.05$  vs sh-Ctrl or A549 group

图1 sh-UCA1对A549细胞UCA1表达的影响

Fig.1 The effect of sh-UCA1 on the expression of UCA1 in A549 cells



\* $P<0.05$ , \*\* $P<0.01$  vs UCA1 or sh-UCA1 group

A: Effect of miR-185 mimic on UCA1 inhibiting miR-185-5p expression;

B: Effect of miR-185 inhibitor on sh-UCA1 promoting miR-185-5p expression

图2 沉默UCA1对NSCLC细胞miR-185-5p表达的影响

Fig.2 Effect of UCA1 silencing on the expression of miR-185-5p in NSCLC cells

### 2.2 miR-185 mimic能显著降低UCA1野生质粒的荧光素酶活性

生物信息预测显示,UCA1上存在连续的miR-185-5p结合位点。荧光素酶报告实验结果(图3)显示,miR-185 mimic能显著降低UCA1野生质粒的荧光素酶活性( $P<0.05$ ),但对UCA1突变质粒荧光素酶活性无明显影响( $P>0.05$ )。表明UCA1和miR-185-5p之间存在靶向调控关系。

### 2.3 sh-UCA1能通过促进miR-185-5p的表达抑制A549细胞生长

与sh-Ctrl组比较,细胞转染后96 h,sh-UCA1组A549细胞生长速度明显降低( $P<0.05$ ,图4),miR-

185 inhibitor组细胞生长速度明显升高( $P<0.05$ ,图4);sh-UCA1+inhibitor组细胞生长速度与sh-UCA1组比较显著升高,差异具有统计学意义( $P<0.05$ ,图3)。

### 2.4 sh-UCA1通过促进miR-185-5p的表达而降低A549细胞的侵袭能力

Transwell实验结果(图5)显示,sh-UCA1组侵袭细胞数与sh-Ctrl组比较明显较少;与sh-UCA1组比较,sh-UCA1+inhibitor组侵袭细胞数显著增多( $P<0.05$ )。表明sh-UCA1能通过miR-185-5p的表达从而降低A549细胞的侵袭能力。

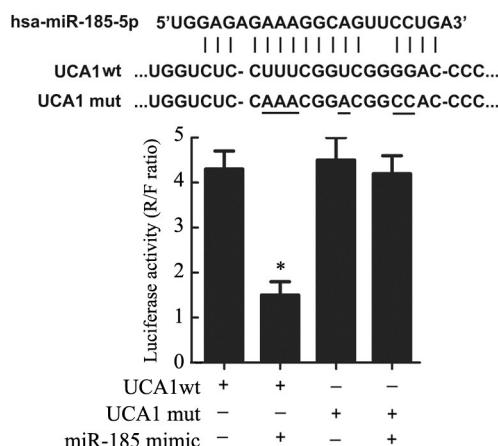


图3 荧光素酶报告实验验证UCA1和miR-185-5p的靶向关系

Fig. 3 Luciferase report assay validated the targeting relationship between UCA1 and miR-185-5p

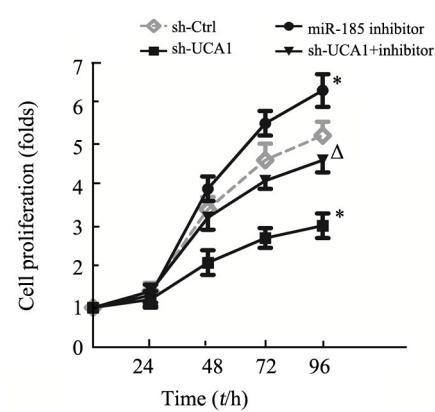
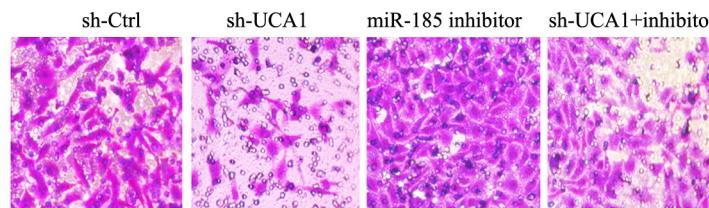


图4 沉默UCA1对A549细胞增殖的影响  
Fig. 4 Effect of silencing UCA1 on the proliferation of A549 cells



\*P<0.05 vs sh-Ctrl group; ^P<0.05 vs sh-UCA1 group

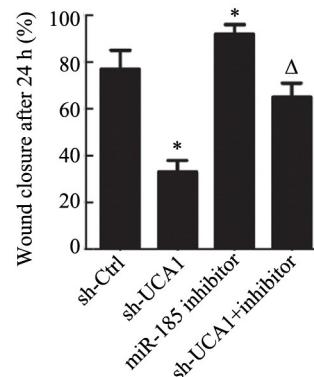
图5 沉默UCA1对NSCLC细胞侵袭能力的影响(H-E, ×200)

Fig. 5 Effect of silencing UCA1 on the invasive ability of NSCLC cells (H-E, ×200)

## 2.5 沉默UCA1通过促进miR-185-5p的表达降低A549细胞的迁移能力

划痕实验检测结果(图6)显示,与sh-Ctrl组比较, sh-UCA1组A549细胞划痕愈合速度明显减慢( $P<$

0.05),miR-185 inhibitor组细胞划痕愈合速度明显加快( $P<0.05$ ),sh-UCA1+inhibitor组划痕愈合速度显著高于sh-UCA1组( $P<0.05$ )。



\*P<0.05 vs sh-Ctrl group; ^P<0.05 vs sh-UCA1 group

图6 沉默UCA1对NSCLC细胞迁移能力的影响(×40)

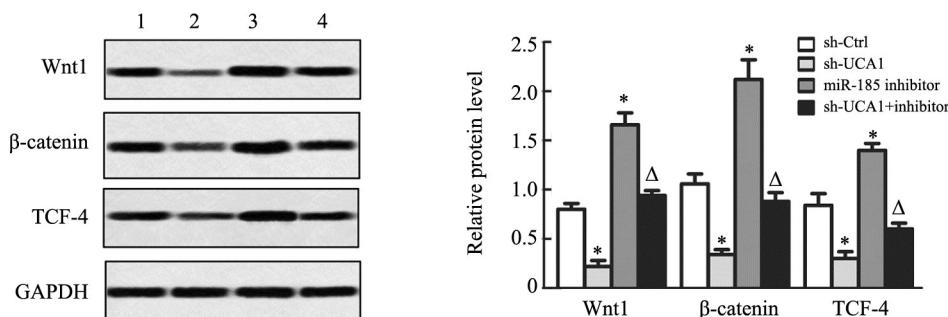
Fig. 6 Effect of silencing UCA1 on migration ability of NSCLC cells (×40)

## 2.6 沉默sh-UCA1可激活Wnt1/β-catenin信号通路

Western blotting检测结果(图7)显示,sh-UCA1

能显著抑制 A549 细胞 Wnt1、 $\beta$ -catenin 和 TCF-4 的表达(均  $P < 0.05$ ) ; miR-185 inhibitor 能显著提高 Wnt1、 $\beta$ -catenin 和 TCF-4 蛋白表达水平(均  $P < 0.05$ ) ; miR-185 inhibitor 能明显减弱 sh-UCA1 对 Wnt1、 $\beta$ -catenin

和 TCF-4 表达的抑制作用(均  $P < 0.05$ )。表明 sh-UCA1 可通过上调 miR-185-5p 表达抑制 Wnt1 / $\beta$ -catenin 信号通路激活。



\* $P < 0.05$  vs sh-Ctrl group;  $\Delta P < 0.05$  vs sh-UCA1 group

1: sh-Ctrl; 2: sh-UCA1; 3: miR-185 inhibitor; 4: sh-UCA1+ihbitor

图 7 沉默 UCA1 对 Wnt1/ $\beta$ -catenin 信号通路的影响

Fig. 7 Effect of silencing UCA1 on Wnt1/ $\beta$ -catenin signaling pathway

### 3 讨 论

肺癌是全球发病率和致死率最高的一类恶性肿瘤, 大多数肺癌患者在确诊时都已属于晚期, 癌细胞已经出现了远端转移, 无法接受手术根治<sup>[2]</sup>。虽然目前针对晚期肺癌的化疗及靶向治疗等已经取得了一定的进展, 但肺癌致死率仍居高不下<sup>[6-7]</sup>。因此探究肺癌发生机制、寻找新的治疗靶标是提高肺癌患者存活率的关键。近年来 lncRNA 在癌症发生发展中的异常表达受到广泛关注。研究<sup>[16-18]</sup>表明, lncRNA 的异常表达与癌症的发生发展密切相关。如 lncRNA CARLo-5、XIST、HIF1A-AS1 和 MVIH 等在 NSCLC 中均呈高表达状态, 能够促进癌细胞的增殖、抑制癌细胞凋亡。也有 lncRNA 在 NSCLC 中低表达, 促进其表达能减缓癌症的发展, 如 GAS5、MEG3、GAS6-AS1 和 BANCR 等<sup>[19-22]</sup>。因此, 探究 lncRNA 调控癌症发展的机制可能对发现新的癌症治疗靶点具有积极意义。

lncRNA UCA1 是近年来发现于尿路上皮癌中的一类 lncRNA, UCA1 高表达与癌细胞的转移密切相关<sup>[10]</sup>。已有研究<sup>[23]</sup>表明, UCA1 在肺癌细胞中呈高表达状态, 可以作为肺癌的预测标记物。本研究也表明, UCA1 在 NSCLC 细胞 A549 中表达明显增高。lncRNA 是一类竞争性内源 RNA, 可通过靶向调控下游 miRNA 的表达影响癌症的发生发展。UCA1 可通过抑制 miR-135a 的表达促进胰腺癌细胞增殖和转移, 还可通过调控 miR-203 表达促进肝细胞癌发展<sup>[24-25]</sup>。WEI 等<sup>[26]</sup>研究发现, UCA1 的致癌作用与下调 miR-

193a-3p 表达有关, 抑制 UCA1 表达能减少 NSCLC 细胞集落的形成。本文通过生物信息预测发现, UCA1 序列上存在连续的 miR-185-5p 结合位点。miR-185-5p 被认为是一类抑癌基因, miR-185-5p 可通过增强 NSCLC 细胞对化疗药物顺铂的敏感性减缓 NSCLC 的发展<sup>[27-28]</sup>。本研究表明, UCA1 过表达能显著抑制 A549 细胞 miR-185-5p 的表达, miR-185 mimic 能减弱其对 miR-185-5p 表达的抑制作用; 沉默 UCA1 后, miR-185-5p 表达水平明显升高, 其抑制剂可减弱 sh-UCA1 对 miR-185-5p 的促进作用, 提示 UCA1 可能可通过靶向结合 miR-185-5p, 从而抑制其表达, 促进癌症发展。荧光素酶报告实验进一步验证了 UCA1 与 miR-185-5p 的靶向调控关系。

癌细胞无限增殖是癌症发生发展的重要机制之一, 癌症的转移则是导致癌症恶化和癌症病人死亡的重要原因<sup>[29]</sup>。本研究发现, 用 sh-UCA1 沉默 UCA1 表达能显著抑制 NSCLC 细胞生长, 并能减弱 A549 细胞的侵袭和迁移能力, 进一步表明 UCA1 是一类致癌基因, 临床可能可通过下调 UCA1 减缓 NSCLC 的发展。本研究结果表明, UCA1 可靶向调控 miR-185-5p 表达, 但 UCA1 对 NSCLC 的作用是否与调控 miR-185-5p 表达有关还未知。进一步研究发现, 抑制 miR-185-5p 表达能显著减弱 sh-UCA1 对 A549 细胞增殖、侵袭和迁移的抑制作用, 提示 UCA1 促进 NSCLC 细胞增殖、侵袭和迁移的作用与其抑制 miR-185-5p 的表达有关。

研究<sup>[30-31]</sup>表明, Wnt1/ $\beta$ -catenin 信号通路与癌症的发生密切相关, Wnt1 高表达可与 Frizzled 家族成员结

合形成稳定的受体复合物,该受体复合物可抑制GSK-3 $\beta$ 合成,从而抑制 $\beta$ -catenin磷酸化,导致细胞质 $\beta$ -catenin堆积。 $\beta$ -catenin积累过多时可转移至细胞核并与TCF-4结合,从而上调细胞周期相关蛋白基因cyclin D1、cyclin D2表达,延长细胞S期,从而促进细胞增殖,诱导癌症的发生<sup>[30, 33]</sup>。研究<sup>[34]</sup>发现,Wnt1/ $\beta$ -catenin信号通路在调控NSCLC发生发展过程中发挥了重要作用。本研究发现,沉默UCA1能显著抑制Wnt1、 $\beta$ -catenin和TCF-4表达,抑制miR-185-5p表达能明显减弱sh-UCA1对Wnt1/ $\beta$ -catenin信号通路的抑制作用,提示UCA1可通过抑制miR-185-5p表达促进Wnt1/ $\beta$ -catenin信号通路激活,从而促进NSCLC细胞增殖、侵袭和迁移。

综上所述,UCA1可通过下调miR-185-5p表达促进NSCLC细胞生长、侵袭和迁移,其机制与其通过调控miR-185-5p表达促进Wnt1/ $\beta$ -catenin信号通路激活有关。提示抑制UCA1表达可通过靶向miR-185-5p抑制NSCLC细胞生长和转移,从而抑制NSCLC的发展。本研究进一步阐明了UCA1促进NSCLC发展的作用机制,可能为临床开发新的抗NSCLC药物提供了新的思路。

## 参 考 文 献

- [1] SIEGEL R L, MILLER K D, JEMAL A. Cancer statistics, 2016[J]. CA Cancer J Clin, 2016, 66(1): 7-30. DOI:10.3322/caac.21332.
- [2] CHEN W, ZHENG R, ZENG H, et al. Annual report on status of cancer in China, 2011[J]. Chung-kuo Yen Cheng Yen Chiu, 2015, 27(1): 2-12. DOI:10.3978/j.issn.1000-9604.2015.01.06.
- [3] MOLINA J R, YANG P, CASSIVI S D, et al. Non-small cell lung cancer: epidemiology, risk factors, treatment, and survivorship[J]. Mayo Clin Proc, 2008, 83(5): 584-594. DOI:10.4065/83.5.584.
- [4] KIM A W, DETTERBECK F C, BOFFA D J, et al. Characteristics associated with the use of nonanatomic resections among medicare patients undergoing resections of early-stage lung cancer[J]. Ann Thorac Surg, 2012, 94(3): 895-901. DOI: 10.1016/j.athoracsur.2012.04.091.
- [5] SHER T, DY G K, ADJEI A A. Small cell lung cancer[J]. Mayo Clin Proc, 2008, 83(3): 355-367. DOI: 10.4065/83.3.355.
- [6] JANKU F, STEWART D J, KURZROCK R. Targeted therapy in non-small-cell lung cancer is it becoming a reality[J]. Nat Rev Clin Oncol, 2010, 7(7): 401-414. DOI: 10.1038/nrclinonc.2010.64.
- [7] RECK M, HEIGENER D F, MOK T, et al. Management of non-small-cell lung cancer: recent developments[J]. Lancet, 2013, 382(9893): 709-719. DOI: 10.1016/S0140-6736(13)61502-0.
- [8] SHI X, SUN M, LIU H, et al. Long non-coding RNAs: a new frontier in the study of human diseases[J]. Cancer Lett, 2013, 339(2): 159-166. DOI: 10.1016/j.canlet.2013.06.013.
- [9] HAEMMERLE M, GUTSCHNER T. Long non-coding RNAs in cancer and development: where do we go from here?[J]. Int J Mol Sci, 2015, 16(1): 1395-1405. DOI: 10.3390/ijms16011395.
- [10] WANG X S, ZHANG Z, WANG H C, et al. Rapid identification of UCA1 as a very sensitive and specific unique marker for human bladder carcinoma[J]. Clin Cancer Res, 2006, 12(16): 4851-4858. DOI: 10.1158/1078-0432.CCR-06-0134.
- [11] TUO Y L, LI X M, LUO J. Long noncoding RNA UCA1 modulates breast cancer cell growth and apoptosis through decreasing tumor suppressive miR-143[J]. Eur Rev Med Pharmacol Sci, 2015, 19(18): 3403-3411.
- [12] LI H J, LI X, PANG H, et al. Long non-coding RNA UCA1 promotes glutamine metabolism by targeting miR-16 in human bladder cancer[J]. Jpn J Clin Oncol, 2015, 45(11): 1055-1063. DOI: 10.1093/jjco/hyv132.
- [13] LI S, MA Y, HOU X, et al. miR-185 acts as a tumor suppressor by targeting AKT1 in non-small cell lung cancer cells[J]. Int J Clin Exp Pathol, 2015, 8(9): 11854-11862.
- [14] TAN Z, JIANG H, WU Y, et al. miR-185 is an independent prognosis factor and suppresses tumor metastasis in gastric cancer[J]. Mol Cell Biochem, 2014, 386(1/2): 223-231. DOI: 10.1007/s11010-013-1860-y.
- [15] TANG H, LIU P, YANG L, et al. miR-185 suppresses tumor proliferation by directly targeting E2F6 and DNMT1 and indirectly up-regulating BRCA1 in triple-negative breast cancer[J]. Mol Cancer Ther, 2014, 13(12): 3185-3197. DOI: 10.1158/1535-7163.MCT-14-0243.
- [16] NIE F Q, ZHU Q, XU T P, et al. Long non-coding RNA MVIH indicates a poor prognosis for non-small cell lung cancer and promotes cell proliferation and invasion[J]. Tumour Biol, 2014, 35(8): 7587-7594. DOI: 10.1007/s13277-014-2009-7.
- [17] TANTAI J, HU D, YU Y, et al. Combined identification of long non-coding RNA XIST and HIF1A-AS1 in serum as an effective screening for non-small cell lung cancer[J]. Int J Clin Exp Pathol, 2015, 8(7): 7887-7895. PMID: 26339353.
- [18] LUO J, TANG L, ZHANG J, et al. Long non-coding RNA CARLO-5 is a negative prognostic factor and exhibits tumor pro-oncogenic activity in non-small cell lung cancer[J]. Tumor Biol, 2014, 35(11): 11541-11549. DOI: 10.1007/s13277-014-2442-7.
- [19] SHI X, SUN M, LIU H, et al. A critical role for the long non-coding RNA GAS5 in proliferation and apoptosis in non-small-cell lung cancer[J]. Mol Carcinog, 2015, 54 Suppl 1(S1): 1-12. DOI: 10.1002/mc.22120.
- [20] PRENSNER J R, CHINNAIYAN A M. The emergence of lncRNAs in cancer biology[J]. Cancer Discov, 2011, 1(5): 391-407. DOI: 10.1158/2159-8290.CD-11-0209.
- [21] HAN L, KONG R, YIN D D, et al. Low expression of long noncoding RNA GAS6-AS1 predicts a poor prognosis in patients with NSCLC[J]. Med Oncol, 2013, 30(4): 694-699. DOI: 10.1007/s12032-013-0694-5.
- [22] CHEN J, WANG R, ZHANG K, et al. Long non-coding RNAs in non-small cell lung cancer as biomarkers and therapeutic targets[J]. J Cell Mol Med, 2014, 18(12): 2425-2436. DOI: 10.1111/jcmm.12431.
- [23] WANG H M, LU J H, CHEN W Y, et al. Upregulated lncRNA UCA1 contributes to progression of lung cancer and is closely related to clinical diagnosis as a predictive biomarker in plasma[J]. Int J Clin Exp Med, 2015, 8(7): 11824-11830.
- [24] ZHANG X, GAO F, ZHOU L, et al. UCA1 Regulates the growth



- and metastasis of pancreatic cancer by sponging miR-135a[J]. *Oncol Res*, 2017, 25(9): 1529-1541. DOI: 10.3727/096504017X14888987683152.
- [25] XIAO J N, YAN T H, YU R M, et al. Long non-coding RNA UCA1 regulates the expression of snail2 by miR-203 to promote hepatocellular carcinoma progression[J]. *J Cancer Res Clin Oncol*, 2017, 143 (6): 981-990. DOI: 10.1007/s00432-017-2370-1.
- [26] NIE W, GE H J, YANG X Q, et al. LncRNA-UCA1 exerts oncogenic functions in non-small cell lung cancer by targeting miR-193a-3p [J]. *Cancer Lett*, 2016, 371(1): 99-106. DOI: 10.1016/j.canlet.2015.11.024.
- [27] BRAZA-BOÏLS A, SALLOUM-ASFAR S, MARÍ-ALEXANDRE J, et al. Peritoneal fluid modifies the microRNA expression profile in endometrial and endometriotic cells from women with endometriosis[J]. *Hum Reprod*, 2015, 30(10): 2292-2302. DOI: 10.1093/humrep/dev204.
- [28] PEI K, ZHU J J, WANG C E, et al. MicroRNA-185-5p modulates chemosensitivity of human non-small cell lung cancer to cisplatin via targeting ABCC1[J]. *Eur Rev Med Pharmacol Sci*, 2016, 20 (22): 4697-4704.
- [29] POULLIS M, SHACKCLOTH M, PAGE R, et al. Metastatic index of non-small-cell lung cancer and long-term survival[J]. *Asian Cardiovasc Thorac Ann*, 2015, 23(2): 185-90. DOI: 10.1177/0218492314545833.
- [30] MIZUSHIMA T, NAKAGAWA H, KAMBEROV Y G, et al. Wnt-1 but not epidermal growth factor induces beta-catenin/T-cell factor-dependent transcription in esophageal cancer cells[J]. *Cancer Res*, 2002, 62(1): 277-282.
- [31] TAKAHASHIYANAGA F, KAHN M. Targeting wnt signaling: can we safely eradicate cancer stem cells?[J]. *Clin Cancer Res*, 2010, 16 (12): 3153-3162. DOI: 10.1158/1078-0432.CCR-09-2943.
- [32] TENG Y, WANG X, WANG Y, et al. Wnt/beta-catenin signaling regulates cancer stem cells in lung cancer A549 cells[J]. *Biochem Biophys Res Commun*, 2010, 392(3): 373-379. DOI: 10.1016/j.bbrc.2010.01.028.
- [33] MAO J, FAN S, MA W, et al. Roles of Wnt/β-catenin signaling in the gastric cancer stem cells proliferation and salinomycin treatment [J]. *Cell Death Dis*, 2014, 5(1): 1039-1045. DOI: 10.1038/cddis.2013.515.
- [34] STEWART D J. Wnt signaling pathway in non-small cell lung cancer[J]. *J Natl Cancer Inst*, 2014, 106(1):djt356[2018-01-03]. <https://academic.oup.com/jnci/article/106/1/djt356/2518008>.DOI: 10.1093/jnci/djt356.

[收稿日期] 2018-02-11

[修回日期] 2018-04-20

[本文编辑] 王映红