

DOI: 10.3969/j.issn.1005-8982.2022.20.007

文章编号: 1005-8982(2022)20-0041-08

实验研究·论著

## 姜黄素对脂多糖诱导肺细胞损伤的作用及其机制研究\*

邹国涛, 曾毅文, 钟绍文, 潘云波

(重庆医科大学附属永川医院 儿科, 重庆 402160)

**摘要:** 目的 探究姜黄素通过介导长链非编码RNA THRIL(lncRNA THRIL)表达对脂多糖(LPS)诱导的人正常肺上皮细胞(BEAS-2B)损伤的影响。方法 LPS诱导BEAS-2B细胞复制体外急性肺损伤细胞模型,并加入姜黄素处理。采用Lipofectamine<sup>®</sup>2000转染试剂将lncRNA THRIL过表达/敲降载体或空载体转染到BEAS-2B细胞中。通过实时荧光定量聚合酶链反应和酶联免疫吸附试验检测lncRNA THRIL及炎症细胞因子[白细胞介素1β(IL-1β)、白细胞介素6(IL-6)、肿瘤坏死因子-α(TNF-α)]水平;CCK-8法和流式细胞术分别检测LPS、姜黄素及THRIL对细胞活性和细胞凋亡的影响。结果 姜黄素组与对照组lncRNA THRIL相对表达量比较,差异无统计学意义( $P>0.05$ ),LPS组较对照组升高( $P<0.05$ ),LPS+姜黄素2.5 μmol/L组、LPS+姜黄素5 μmol/L组、LPS+姜黄素7.5 μmol/L组较LPS组降低( $P<0.05$ )。姜黄素组与对照组细胞凋亡率比较,差异无统计学意义( $P>0.05$ ),LPS组较对照组升高( $P<0.05$ ),LPS+姜黄素2.5 μmol/L组、LPS+姜黄素5 μmol/L组、LPS+姜黄素7.5 μmol/L组较LPS组降低( $P<0.05$ )。姜黄素组与对照组IL-1β、IL-6和TNF-α相对表达量及浓度比较,差异无统计学意义( $P>0.05$ ),LPS组较对照组升高( $P<0.05$ ),LPS+姜黄素2.5 μmol/L组、LPS+姜黄素5 μmol/L组、LPS+姜黄素7.5 μmol/L组较LPS组降低( $P<0.05$ )。姜黄素组与对照组细胞活性比较,差异无统计学意义( $P>0.05$ ),LPS组较对照组降低( $P<0.05$ ),LPS+姜黄素2.5 μmol/L组、LPS+姜黄素5 μmol/L组、LPS+姜黄素7.5 μmol/L组较LPS组升高( $P<0.05$ )。敲降THRIL组lncRNA THRIL的相对表达量较敲降阴性对照组降低( $P<0.05$ )。LPS+敲降阴性对照组与LPS组细胞凋亡率比较,差异无统计学意义( $P>0.05$ ),LPS组较对照组升高( $P<0.05$ ),LPS+敲降THRIL组较LPS+敲降阴性对照组降低( $P<0.05$ )。LPS+敲降阴性对照组与LPS组IL-1β、IL-6和TNF-α的相对表达量及浓度比较,差异无统计学意义( $P>0.05$ ),LPS组较对照组升高( $P<0.05$ ),LPS+敲降THRIL组较LPS+敲降阴性对照组降低( $P<0.05$ )。LPS+敲降阴性对照组与LPS组细胞活性比较,差异无统计学意义( $P>0.05$ ),LPS组较对照组降低( $P<0.05$ ),LPS+敲降THRIL组较LPS+敲降阴性对照组升高( $P<0.05$ )。过表达THRIL组lncRNA THRIL相对表达量较过表达阴性对照组升高( $P<0.05$ )。LPS+姜黄素+过表达阴性对照组与LPS+姜黄素组细胞活性比较,差异无统计学意义( $P>0.05$ ),LPS组较对照组降低( $P<0.05$ ),LPS+姜黄素组较LPS组升高( $P<0.05$ ),LPS+姜黄素+过表达THRIL组较LPS+姜黄素+过表达阴性对照组降低( $P<0.05$ )。LPS+姜黄素+过表达阴性对照组与LPS+姜黄素组细胞凋亡率比较,差异无统计学意义( $P>0.05$ ),LPS组较对照组升高( $P<0.05$ ),LPS+姜黄素组较LPS组降低( $P<0.05$ ),LPS+姜黄素+过表达THRIL组较LPS+姜黄素+过表达阴性对照组升高( $P<0.05$ )。LPS+姜黄素+过表达阴性对照组与LPS+姜黄素组IL-1β、IL-6和TNF-α的相对表达量及浓度比较,差异无统计学意义( $P>0.05$ ),LPS组较对照组升高( $P<0.05$ ),LPS+姜黄素组较LPS组降低( $P<0.05$ ),LPS+姜黄素+过表达THRIL组较LPS+姜黄素+过表达阴性对照组升高( $P<0.05$ )。结论 姜黄素通过抑制THRIL表达,改善LPS诱导的BEAS-2A细胞凋亡和炎症反应。

**关键词:** 急性肺损伤; 姜黄素; 长链非编码RNA; 炎症**中图分类号:** R563.8**文献标识码:** A

## Mechanism of curcumin in alleviating LPS-induced lung cell injury\*

收稿日期: 2022-05-09

\*基金项目: 重庆市教育委员会科学技术研究项目(No: KJQN201900420); 重庆市科学基金项目(No: cstc2021jcyj-jqX0035)

[通信作者] 潘云波, E-mail: panyb198112@163.com

Guo-tao Zou, Yi-wen Zeng, Shao-wen Zhong, Yun-bo Pan  
(Department of Pediatrics, Yongchuan Hospital of Chongqing Medical University,  
Chongqing 402160, China)

**Abstract: Objective** To explore the effect of curcumin on lipopolysaccharide (LPS)-induced lung epithelial injury by mediating the expression of long non-coding RNA THRIL. **Methods** The BEAS-2B cells were subject to LPS to establish the acute lung epithelial injury cell models in vitro, and they were treated with curcumin. LncRNA THRIL overexpression/knockdown vectors or empty vectors were transfected into BEAS-2B cells via Lipofectamine 2000. The expression levels of lncRNA THRIL and inflammatory cytokines (IL-1 $\beta$ , IL-6, and TNF- $\alpha$ ) were detected by quantitative real-time polymerase chain reaction (qRT-PCR) or enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA). The effects of LPS, curcumin and lncRNA THRIL on cell viability and apoptosis were measured by flow cytometry and CCK-8. **Results** There was no difference in the expression of lncRNA THRIL between the curcumin group and the control group ( $P > 0.05$ ). However, the expression of lncRNA THRIL was higher in the LPS group than in the control group ( $P < 0.05$ ), whereas it was lower in the LPS + 2.5  $\mu$ mol/L curcumin group, LPS + 5  $\mu$ mol/L curcumin group and LPS + 7.5  $\mu$ mol/L curcumin group than in the LPS group ( $P < 0.05$ ). There was no difference in the levels of IL-1 $\beta$ , IL-6, and TNF- $\alpha$  between the curcumin group and the control group ( $P > 0.05$ ). In contrast, the levels of IL-1 $\beta$ , IL-6, and TNF- $\alpha$  were higher in the LPS group than in the control group ( $P < 0.05$ ), while they were lower in the LPS + 2.5  $\mu$ mol/L curcumin group, LPS + 5  $\mu$ mol/L curcumin group and LPS + 7.5  $\mu$ mol/L curcumin group than in the LPS group ( $P < 0.05$ ). The expression of lncRNA THRIL was lower in the THRIL knockdown group than that in the knockdown negative control group ( $P < 0.05$ ). There was no difference in the apoptosis rate between the LPS + knockdown negative control group and the LPS group ( $P > 0.05$ ), while the apoptosis rate was higher in the LPS group compared with the control group ( $P < 0.05$ ) and was lower in the LPS + THRIL knockdown group compared with the LPS + knockdown negative control group ( $P < 0.05$ ). The levels of IL-1 $\beta$ , IL-6, and TNF- $\alpha$  were not different between the LPS + THRIL knockdown group and the LPS group ( $P > 0.05$ ), while they were higher in the LPS group than those in the control group ( $P < 0.05$ ) and were lower in the LPS + THRIL knockdown group than those in the LPS + knockdown negative control group ( $P < 0.05$ ). The cell viability was not different between the LPS + knockdown negative control group and the LPS group ( $P > 0.05$ ), but was lower in the LPS group than that in the control group ( $P < 0.05$ ) and was higher in the LPS + THRIL knockdown group than that in the LPS + knockdown negative control group ( $P < 0.05$ ). The expression of lncRNA THRIL was higher in the THRIL overexpression group than that in the overexpression negative control group ( $P < 0.05$ ). There was no difference in the cell viability between the LPS + curcumin + overexpression negative control group and the LPS + curcumin group ( $P > 0.05$ ), while the cell viability was lower in the LPS group than that in the control group ( $P < 0.05$ ) and was higher in the LPS + curcumin group than that in the LPS group ( $P < 0.05$ ). Besides, the cell viability was lower in the LPS + curcumin + THRIL overexpression group than that in the LPS + curcumin + overexpression negative control group ( $P < 0.05$ ). There was no difference in the apoptosis rate between the LPS + curcumin + overexpression negative control group and the LPS + curcumin group ( $P > 0.05$ ), whereas the apoptosis rate was higher in the LPS group than that in the control group ( $P < 0.05$ ) and was lower in the LPS + curcumin group than that in the LPS group ( $P < 0.05$ ). Compared with the LPS + curcumin + overexpression negative control group, the apoptosis rate was higher in the LPS + curcumin + THRIL overexpression group ( $P < 0.05$ ). The levels of IL-1 $\beta$ , IL-6, and TNF- $\alpha$  were not different between the LPS + curcumin + overexpression negative control group and the LPS + curcumin group ( $P > 0.05$ ), while they were higher in the LPS group than those in the control group ( $P < 0.05$ ), were lower in the LPS + curcumin group than those in the LPS group ( $P < 0.05$ ), and were higher in the LPS + curcumin + THRIL overexpression group than those in the LPS + curcumin + overexpression negative control group ( $P < 0.05$ ). **Conclusions** Curcumin ameliorates the apoptosis and inflammatory response induced by LPS in BEAS-2A cells by inhibiting the expression of lncRNA THRIL.

**Keywords:** acute lung injury; curcumin; long non-coding RNA; inflammation

急性肺损伤(acute lung injury, ALI)是一种危及生命的疾病,发病率和病死率较高,严重影响患者

的生活质量<sup>[1]</sup>。重症监护病房ALI患者病死率达35%~40%<sup>[2]</sup>。其特征是肺内过度炎症反应、肺泡-

毛细血管屏障破坏及肺水肿导致的气体交换严重受损<sup>[3]</sup>。大量研究表明,革兰阴性菌感染是引起ALI的重要原因之一,而革兰阴性菌外膜的主要成分脂多糖(Lipopolysaccharide, LPS)可引起肺损伤和炎症反应<sup>[4]</sup>。因此,深入探究LPS诱导的ALI炎症发生机制将有助于确定新的治疗靶点。

长链非编码RNA(lncRNA)是一类长度>200 nt的非编码RNA,其在转录沉默/激活、染色体修饰、核内运输等方面具有重要作用<sup>[5]</sup>。有研究表明,一些lncRNAs能够通过调节炎性介质的表达水平来增强或抑制炎症反应<sup>[6]</sup>,例如lncRNA THRIL在脓毒症小鼠的肺中高表达,对其敲降可减轻脓毒症小鼠肺部炎症反应,减少促炎细胞因子的产生<sup>[7]</sup>。最近研究表明,姜黄素能够缓解ALI中炎症反应对ALI具有一定的保护作用<sup>[8]</sup>。然而目前关于姜黄素在ALI中的作用机制还有待进一步探究。本研究拟采用体外实验探讨姜黄素通过介导THRIL表达对LPS诱导的ALI的调控机制。

## 1 材料与方法

### 1.1 细胞与主要试剂

人正常肺上皮细胞(BEAS-2B)购自美国ATCC细胞库,LPS购自美国Sigma公司,姜黄素购自上海生工生物工程股份有限公司,lncRNA THRIL敲降和过表达载体购自广州瑞宝生物科技有限公司,DMEM培养基、胎牛血清购自美国Gibco公司,流式双染试剂盒(Annexin V-FITC/PI)购自日本TaKaRa株式会社, RNA提取试剂盒购自北京全式金生物科技有限公司,逆转录试剂和SYBR Green PCR Master Mix检测试剂盒由北京索莱宝公司提供,DH-5 $\alpha$ 大肠杆菌和T4连接酶购自北京擎科生物科技有限公司;Lipofectamine<sup>®</sup>2000转染试剂和pcDNA3.1载体购自美国Invitrogen公司,CCK-8检测试剂盒购自美国Med Chem Express公司,ELISA试剂盒购自美国Abcam公司。

### 1.2 载体构建

根据NCBI基因数据库中提供的人lncRNA THRIL(NR\_110375.1)的序列,设计引物及酶切位点(结合pcDNA3.1载体上的酶切位点),选择限制性内切酶Xba I和Hind III。提取人BEAS-2B全基因组DNA,通过聚合酶链反应(polymerase chain reaction,

PCR)扩增lncRNA THRIL,全长1 978 bp。PCR引物序列正向:5'-ACAAACCTAATATCCCCACTCG-3',反向:5'-CGCCCAGGTGTCAATGGTCGTG-3',均22 bp。随后PCR产物和pcDNA3.1载体使用限制性内切酶Xba I和Hind III酶切,利用T4连接酶4℃过夜。连接后产物使用热激法转大肠杆菌DH-5 $\alpha$ ,接种于含有氨苄青霉素的LB平板中,置于37℃培养箱中过夜,次日挑取5个菌落测序验证。挑选测序正确的菌落扩增培养,摇菌过夜,提取重组质粒用于后续的研究。THRIL敲降载体的构建同上。

### 1.3 细胞培养及处理

将BEAS-2B细胞接种在含有10%胎牛血清、100 u/mL青霉素和100  $\mu$ g/mL链霉素的DMEM培养基中,置于37℃、5%二氧化碳培养箱中,细胞融合度>90%时用胰蛋白酶消化、传代。培养细胞至稳定传代,分组并进行以下处理:对照组细胞使用DMSO溶剂处理;LPS组使用1  $\mu$ g/mL LPS刺激细胞24 h;姜黄素组使用5  $\mu$ mol/L的姜黄素处理24 h;先使用2.5  $\mu$ mol/L、5  $\mu$ mol/L和7.5  $\mu$ mol/L的姜黄素处理2 h,再使用1  $\mu$ g/mL的LPS处理细胞22 h,并分别作为LPS+姜黄素2.5  $\mu$ mol/L组、LPS+姜黄素5  $\mu$ mol/L组、LPS+姜黄素7.5  $\mu$ mol/L组。lncRNA THRIL过表达载体、敲降载体及空载体(阴性对照)均使用Lipofectamine<sup>®</sup>2000转染进入细胞,分为过表达阴性对照组、过表达THRIL组、敲降阴性对照组、敲降THRIL组。在转染24 h后按照上述LPS和姜黄素的处理条件进一步处理,分为LPS+姜黄素组、LPS+姜黄素+过表达阴性对照组、LPS+姜黄素+过表达THRIL组、LPS+敲降阴性对照组、LPS+敲降THRIL组。

### 1.4 实时荧光定量聚合酶链反应检测lncRNA THRIL及炎症因子表达

实时荧光定量聚合酶链反应(quantitative real-time polymerase chain reaction, qRT-PCR)检测lncRNA THRIL、肿瘤坏死因子- $\alpha$ (tumor necrosis factor- $\alpha$ , TNF- $\alpha$ )、白细胞介素1 $\beta$ (Interleukin-1 $\beta$ , IL-1 $\beta$ )、白细胞介素6(Interleukin-6, IL-6)表达。收集各组细胞,用TRIzol提取总RNA,随后测定RNA的浓度,参照逆转录试剂盒说明书将2  $\mu$ g总RNA合成cDNA,使用SYBR Green PCR Master Mix检测试剂盒在ABI 7500仪器上进行qRT-PCR。实验所得数据用 $2^{-\Delta\Delta Ct}$ 法分析,以GAPDH为内参计算各基因

mRNA 相对表达量。所有引物由生工生物工程(上海)股份有限公司合成,引物序列见表1。

表1 qRT-PCR引物序列

基因	引物序列	引物长度/bp
<i>THRIL</i>	正向: 5'-AACAGGTGCACGTTTCAGG-3'	20
	反向: 5'-CCAGGTCTCAGTTGGAGAAGA-3'	22
<i>IL-1β</i>	正向: 5'-CGATGCACCTGTACGATCAC-3'	20
	反向: 5'-TCTTTCAACACCGCAGGACAG-3'	20
<i>IL-6</i>	正向: 5'-ACAGGGAGAGGGAGCGATAA-3'	20
	反向: 5'-GAGAAGGCAACTGGACCGAA-3'	20
<i>TNF-α</i>	正向: 5'-CCCCAGGGACCTCTCTCAA-3'	20
	反向: 5'-TGAGGTACAGGCCCTCTGAT-3'	20
<i>GAPDH</i>	正向: 5'-CCAGGTGGTCTCCTCTGA-3'	18
	反向: 5'-GCTGTAGCCAAATCGTTGT-3'	19

### 1.5 流式细胞术检测细胞凋亡

各组细胞在6孔板中采用胰蛋白酶消化、收集, PBS洗涤,添加300 μL缓冲液重悬细胞,在细胞悬液中分别加入15 μL Annexin V-FITC和5 μL PI,避光反应15 min,加入200 μL的缓冲液,上机,利用Flow Jo软件分析细胞凋亡情况。

### 1.6 CCK-8检测细胞活性

将对数生长期细胞消化并制备细胞悬液,在96孔板中接种细胞悬液(100 μL/孔),将培养板放在培养箱中预培养24 h,按照1.4的方法处理细胞后再培养24 h,向每孔加入10 μL CCK-8溶液,将培养板置于培养箱内孵育4 h,用酶联免疫检测仪(美国赛默飞世尔科技公司)测定450 nm处的吸光度。

### 1.7 酶联免疫吸附试验检测炎症因子水平

取各组处理后的细胞培养基上清,4 200 r/min离心10 min,离心直径20 cm,收集上清液。按照酶联免疫吸附试验(enzyme linked immunosorbent assay, ELISA)试剂盒说明书要求操作,将50 μL上清液加入板孔中,再加入50 μL抗体溶液,密封并在振荡器上室温孵育1 h。然后清洗每个孔并加入100 μL TMB显影液,暗室孵育10 min后每孔加入100 μL终止液,在振荡器上摇匀,测定450 nm处的吸光度值。

### 1.8 统计学方法

数据分析采用SPSS 22.0统计软件。计量资料以均数±标准差( $\bar{x} \pm s$ )表示,比较用方差分析,进

一步两两比较用LSD-t检验。 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

## 2 结果

### 2.1 姜黄素对LPS诱导的BEAS-2B细胞中lncRNA THRIL表达的影响

对照组lncRNA THRIL mRNA相对表达量为( $1.05 \pm 0.16$ ),LPS组为( $2.97 \pm 0.21$ ),姜黄素组为( $1.11 \pm 0.13$ ),LPS+姜黄素2.5 μmol/L组为( $2.46 \pm 0.25$ ),LPS+姜黄素5 μmol/L组为( $1.58 \pm 0.33$ ),LPS+姜黄素7.5 μmol/L组为( $1.28 \pm 0.24$ ),经方差分析,差异有统计学意义( $F = 36.870, P = 0.000$ )。姜黄素组与对照组比较,差异无统计学意义( $P > 0.05$ ),LPS组较对照组升高( $P < 0.05$ ),LPS+姜黄素2.5 μmol/L组、LPS+姜黄素5 μmol/L组、LPS+姜黄素7.5 μmol/L组较LPS组降低( $P < 0.05$ ),并呈剂量依赖性降低。

### 2.2 不同浓度姜黄素处理对LPS诱导的BEAS-2B细胞损伤的影响

对照组细胞凋亡率为( $4.43 \pm 1.76\%$ ),LPS组为( $34.87 \pm 1.55\%$ ),姜黄素组为( $9.90 \pm 2.76\%$ ),LPS+姜黄素2.5 μmol/L组为( $32.90 \pm 2.75\%$ ),LPS+姜黄素5 μmol/L组为( $26.83 \pm 3.25\%$ ),LPS+姜黄素7.5 μmol/L组为( $23.50 \pm 3.32\%$ ),经方差分析,差异有统计学意义( $F = 65.160, P = 0.000$ )。姜黄素组与对照组比较,差异无统计学意义( $P > 0.05$ ),LPS组较对照组升高( $P < 0.05$ ),LPS+姜黄素2.5 μmol/L组、LPS+姜黄素5 μmol/L组、LPS+姜黄素7.5 μmol/L组较LPS组降低( $P < 0.05$ ),并呈剂量依赖性降低。见图1。

各组IL-1β、IL-6和TNF-α mRNA相对表达量比较,差异有统计学意义( $P < 0.05$ )。姜黄素组与对照组比较,差异无统计学意义( $P > 0.05$ ),LPS组较对照组升高( $P < 0.05$ ),LPS+姜黄素2.5 μmol/L组、LPS+姜黄素5 μmol/L组、LPS+姜黄素7.5 μmol/L组较LPS组降低( $P < 0.05$ ),并呈剂量依赖性降低。见表1。

对照组细胞活性为( $100.00 \pm 3.08\%$ ),LPS组为( $67.33 \pm 3.58\%$ ),姜黄素组为( $96.38 \pm 2.07\%$ ),LPS+姜黄素2.5 μmol/L组为( $73.49 \pm 4.49\%$ ),LPS+姜黄素5 μmol/L组为( $79.16 \pm 4.55\%$ ),LPS+姜黄素7.5 μmol/L组为( $85.92 \pm 5.10\%$ ),经方差分析,差异有统计学意义( $F = 31.750, P = 0.000$ )。姜黄素组与对照组比较,差异无统计学意义( $P > 0.05$ ),LPS组较对照组降低

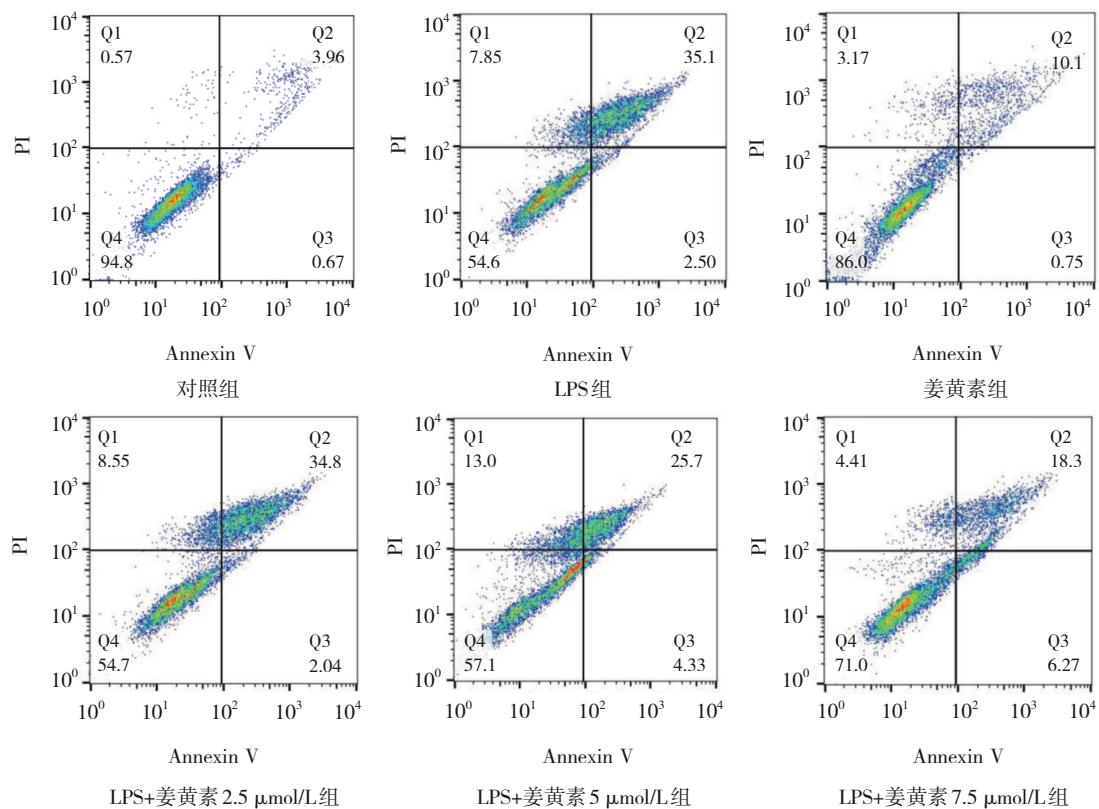


图1 流式细胞术检测细胞凋亡

表1 各组IL-1 $\beta$ 、IL-6和TNF- $\alpha$ 相对表达量比较 ( $\bar{x} \pm s$ )

组别	IL-1 $\beta$	IL-6	TNF- $\alpha$
对照组	1.00 ± 0.08	1.05 ± 0.17	1.13 ± 0.23
LPS组	3.32 ± 0.66	3.17 ± 0.35	3.55 ± 0.31
姜黄素组	1.29 ± 0.18	1.13 ± 0.21	1.08 ± 0.16
LPS+姜黄素2.5 μmol/L组	2.94 ± 0.43	2.84 ± 0.38	2.92 ± 0.56
LPS+姜黄素5 μmol/L组	1.95 ± 0.35	1.90 ± 0.47	1.86 ± 0.45
LPS+姜黄素7.5 μmol/L组	1.52 ± 0.28	1.58 ± 0.21	1.60 ± 0.28
F值	18.220	23.300	26.260
P值	0.000	0.000	0.000

( $P < 0.05$ ) , LPS + 姜黄素 2.5 μmol/L 组、LPS + 姜黄素 5 μmol/L 组、LPS + 姜黄素 7.5 μmol/L 组较 LPS 组升高( $P < 0.05$ ) , 并呈剂量依赖性升高。

各组 IL-1 $\beta$ 、IL-6 和 TNF- $\alpha$  质量浓度比较, 差异有统计学意义( $P < 0.05$ )。姜黄素组与对照组比较, 差异无统计学意义( $P > 0.05$ ) , LPS 组较对照组升高( $P < 0.05$ ) , LPS+姜黄素 2.5 μmol/L 组、LPS+姜黄素 5 μmol/L 组、LPS+姜黄素 7.5 μmol/L 组较 LPS 组降低( $P < 0.05$ ) , 并呈剂量依赖性降低。见表2。

### 2.3 敲降THRIL对LPS诱导的BEAS-2B细胞损

表2 各组IL-1 $\beta$ 、IL-6和TNF- $\alpha$ 质量浓度比较 (pg/mL,  $\bar{x} \pm s$ )

组别	IL-1 $\beta$	IL-6	TNF- $\alpha$
对照组	169.06 ± 30.32	52.34 ± 10.34	76.03 ± 6.32
LPS组	706.89 ± 54.74	208.46 ± 26.48	428.96 ± 36.64
姜黄素组	177.74 ± 35.47	64.31 ± 12.27	83.37 ± 12.78
LPS+姜黄素2.5 μmol/L组	639.27 ± 54.98	188.78 ± 16.58	397.96 ± 29.22
LPS+姜黄素5 μmol/L组	438.49 ± 49.37	139.43 ± 12.74	271.08 ± 28.98
LPS+姜黄素7.5 μmol/L组	319.59 ± 36.97	96.65 ± 17.58	162.33 ± 29.76
F值	78.490	43.350	103.300
P值	0.000	0.000	0.000

### 伤的影响

敲降阴性对照组 lncRNA THRIL mRNA 的相对表达量为 ( $1.00 \pm 0.06$ ) , 敲降 THRIL 组为 ( $0.31 \pm 0.09$ ) , 经  $t$  检验, 差异有统计学意义 ( $t = 11.680$ ,  $P = 0.000$ ) , 敲降 THRIL 组较敲降阴性对照组降低( $P < 0.05$ )。

流式细胞术结果显示, 对照组细胞凋亡率为

( $4.47 \pm 1.13\%$ ) , LPS组为( $34.73 \pm 2.31\%$ ) , LPS+敲降阴性对照组为( $33.13 \pm 4.35\%$ ) , LPS +敲降THRIL组为( $25.17 \pm 1.03\%$ ) , 经方差分析, 差异有统计学意义 ( $F=87.380, P=0.000$ ) , LPS +敲降阴性对照组与LPS

组比较, 差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ) , LPS组较对照组升高 ( $P<0.05$ ) , LPS +敲降THRIL组较LPS+敲降阴性对照组降低 ( $P<0.05$ ) 。见图2。

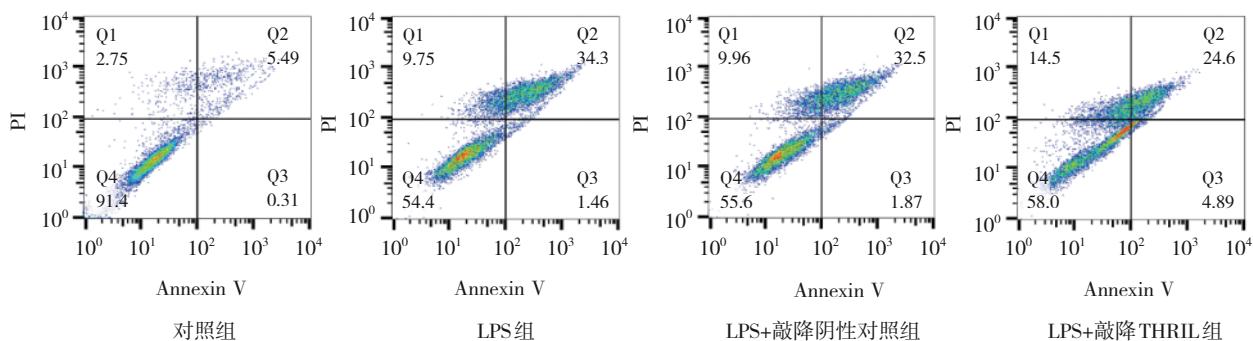


图2 流式细胞术检测细胞凋亡

各组 IL-1 $\beta$ 、IL-6 和 TNF- $\alpha$  mRNA 相对表达量比较, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ) , LPS +敲降阴性对照组与 LPS组比较, 差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ) , LPS组较对照组升高 ( $P<0.05$ ) , LPS+敲降THRIL组较LPS+敲降阴性对照组降低 ( $P<0.05$ ) 。见表3。

表3 各组IL-1 $\beta$ 、IL-6和TNF- $\alpha$ mRNA相对表达量比较  
( $\bar{x} \pm s$ )

组别	IL-1 $\beta$	IL-6	TNF- $\alpha$
对照组	$1.06 \pm 0.15$	$1.08 \pm 0.14$	$1.06 \pm 0.23$
LPS组	$3.20 \pm 0.68$	$2.65 \pm 0.35$	$3.52 \pm 0.58$
LPS+敲降阴性对照组	$3.08 \pm 0.45$	$2.71 \pm 0.25$	$3.56 \pm 0.35$
LPS+敲降THRIL组	$1.89 \pm 0.16$	$1.83 \pm 0.33$	$2.32 \pm 0.45$
F值	17.530	22.560	23.710
P值	0.000	0.000	0.000

CCK-8结果显示, 对照组细胞活性为( $100.00 \pm 2.94\%$ ) , LPS组为( $67.86 \pm 4.55\%$ ) , LPS+敲降阴性对照组为( $66.70 \pm 3.84\%$ ) , LPS +敲降THRIL组为( $81.90 \pm 5.55\%$ ) , 经方差分析, 差异有统计学意义 ( $F=38.700, P=0.000$ ) , LPS+敲降阴性对照组与 LPS组比较, 差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ) , LPS组较对照组降低 ( $P<0.05$ ) , LPS+敲降THRIL组较LPS+敲降阴性对照组升高 ( $P<0.05$ ) 。

各组 IL-1 $\beta$ 、IL-6 和 TNF- $\alpha$  的质量浓度比较, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ) , LPS+敲降阴性对照组与 LPS组比较, 差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ) , LPS组较

对照组升高 ( $P<0.05$ ) , LPS+敲降THRIL组较LPS+敲降阴性对照组降低 ( $P<0.05$ ) 。见表4。

表4 各组IL-1 $\beta$ 、IL-6和TNF- $\alpha$ 的质量浓度比较 (pg/mL,  
 $\bar{x} \pm s$ )

组别	IL-1 $\beta$	IL-6	TNF- $\alpha$
对照组	$172.00 \pm 24.30$	$54.41 \pm 13.56$	$75.25 \pm 11.82$
LPS组	$698.83 \pm 52.70$	$208.00 \pm 19.54$	$411.98 \pm 36.69$
LPS+敲降阴性对照组	$709.78 \pm 65.97$	$214.88 \pm 27.22$	$420.74 \pm 45.51$
LPS+敲降THRIL组	$382.93 \pm 64.21$	$135.43 \pm 21.92$	$217.03 \pm 35.38$
F值	69.070	37.780	71.800
P值	0.000	0.000	0.000

#### 2.4 过表达THRIL对LPS诱导的BEAS-2B细胞损伤的影响

过表达阴性对照组 lncRNA THRIL mRNA 相对表达量为( $1.02 \pm 0.12$ ) , 过表达THRIL组为( $3.23 \pm 0.33$ ) , 经 t 检验, 差异有统计学意义 ( $t=11.000, P=0.000$ ) , 过表达THRIL组较过表达阴性对照组升高 ( $P<0.05$ ) 。

CCK-8结果显示, 对照组细胞活性为( $100.00 \pm 3.29\%$ ) , LPS组为( $66.37 \pm 3.51\%$ ) , LPS+姜黄素组为( $80.56 \pm 4.62\%$ ) , LPS+姜黄素+过表达阴性对照组为( $81.21 \pm 2.93\%$ ) , LPS+姜黄素+过表达THRIL组为( $67.98 \pm 4.63\%$ ) , 经方差分析, 差异有统计学意义 ( $F=36.710, P=0.000$ ) , LPS+姜黄素+过表达阴性对照组与LPS+姜黄素组比较, 差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ) , LPS组较对照组降低 ( $P<0.05$ ) , LPS+姜黄素

组较 LPS 组升高 ( $P < 0.05$ ) , LPS+姜黄素+过表达 THRIL 组较 LPS+姜黄素+过表达阴性对照组细胞活性降低 ( $P < 0.05$ )。

流式细胞术结果显示,对照组细胞凋亡率为  $(3.87 \pm 0.92)\%$ , LPS 组为  $(34.43 \pm 4.27)\%$ , LPS+姜黄素组为  $(21.43 \pm 3.73)\%$ , LPS+姜黄素+过表达阴性对照组为  $(21.37 \pm 2.44)\%$ , LPS+姜黄素+过表达 THRIL

组为  $(32.83 \pm 2.97)\%$ , 经方差分析, 差异有统计学意义 ( $F = 46.950, P = 0.000$ ), LPS+姜黄素+过表达阴性对照组与 LPS+姜黄素组比较, 差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ ), LPS 组较对照组升高 ( $P < 0.05$ ), LPS+姜黄素组较 LPS 组降低 ( $P < 0.05$ ), LPS+姜黄素+过表达 THRIL 组较 LPS+姜黄素+过表达阴性对照组升高 ( $P < 0.05$ )。见图 3。

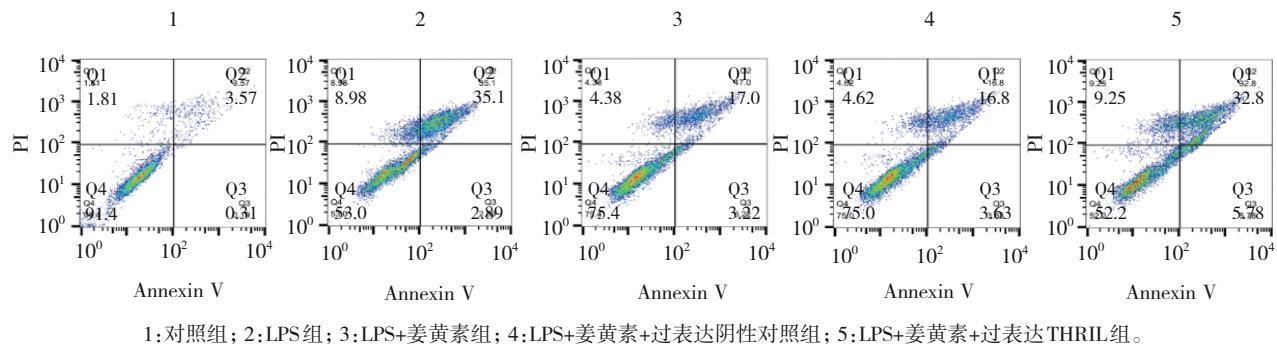


图3 流式细胞术检测细胞凋亡

各组 IL-1 $\beta$ 、IL-6 和 TNF- $\alpha$  mRNA 相对表达量比较, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ), LPS + 姜黄素 + 过表达阴性对照组与 LPS+姜黄素组比较, 差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ ), LPS 组较对照组升高 ( $P < 0.05$ ), LPS+姜黄素组较 LPS 组降低 ( $P < 0.05$ ), LPS+姜黄素+过表达 THRIL 组较 LPS + 姜黄素+过表达阴性对照组升高 ( $P < 0.05$ )。见表 5。

表5 各组IL-1 $\beta$ 、IL-6和TNF- $\alpha$ mRNA相对表达量比较  
( $\bar{x} \pm s$ )

组别	IL-1 $\beta$	IL-6	TNF- $\alpha$
对照组	$1.01 \pm 0.15$	$1.07 \pm 0.16$	$1.00 \pm 0.12$
LPS组	$3.29 \pm 0.68$	$3.01 \pm 0.47$	$3.83 \pm 0.27$
LPS+姜黄素组	$1.98 \pm 0.45$	$1.78 \pm 0.32$	$2.26 \pm 0.35$
LPS+姜黄素+过表达阴性对照组	$1.90 \pm 0.16$	$1.90 \pm 0.27$	$2.37 \pm 0.33$
LPS+姜黄素+过表达THRIL组	$3.04 \pm 0.16$	$2.83 \pm 0.24$	$3.30 \pm 0.40$
F值	5.500	20.230	37.510
P值	0.000	0.000	0.000

各组 IL-1 $\beta$ 、IL-6 和 TNF- $\alpha$  的质量浓度比较, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ), LPS+姜黄素+过表达阴性对照组与 LPS + 姜黄素组比较, 差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ ), LPS 组较对照组升高 ( $P < 0.05$ ), LPS + 姜黄素组较 LPS 组降低 ( $P < 0.05$ ), LPS+姜黄素+过

表达 THRIL 组较 LPS+姜黄素+过表达阴性对照组升高 ( $P < 0.05$ )。见表 6。

表6 各组IL-1 $\beta$ 、IL-6和TNF- $\alpha$ 的质量浓度比较 (pg/mL,  
 $\bar{x} \pm s$ )

组别	IL-1 $\beta$	IL-6	TNF- $\alpha$
对照组	$165.01 \pm 26.26$	$57.58 \pm 10.41$	$77.65 \pm 11.56$
LPS组	$695.17 \pm 52.38$	$203.29 \pm 24.16$	$416.89 \pm 36.74$
LPS + 姜黄素组	$314.60 \pm 37.20$	$123.81 \pm 19.36$	$180.74 \pm 35.40$
LPS + 姜黄素+过表达阴性对照组	$328.62 \pm 40.76$	$113.93 \pm 21.59$	$187.04 \pm 41.34$
LPS + 姜黄素+过表达THRIL组	$654.94 \pm 46.75$	$192.66 \pm 20.62$	$401.07 \pm 31.24$
F值	92.940	27.770	61.640
P值	0.000	0.000	0.000

### 3 讨论

ALI 和急性呼吸窘迫综合征是由多种肺损伤引起的肺部变化的连续体, 常导致严重的发病率和死亡率<sup>[9]</sup>。研究表明 LPS 能够显著刺激促炎因子的表达, 引起系统和全身性炎症反应综合征等炎症反应<sup>[10]</sup>。本研究利用 LPS 诱导了 BEAS-2B 细胞损伤并给予姜黄素干预, 结果表明, 姜黄素能通过抑制 lncRNA THRIL 的表达, 抑制 LPS 诱导细胞凋亡和炎症损伤。

姜黄素是一种天然多酚化合物,原产于姜科植物姜黄根茎中,具有多种生物和药物性质<sup>[1]</sup>。LIANG等<sup>[2]</sup>研究发现姜黄素能够通过降低miR-21的表达,减轻急性肺栓塞小鼠中的肺损伤和炎症反应。并且姜黄素下调ALI大鼠肺部炎症细胞因子TNF-α、IL-8和巨噬细胞抑制因子水平,使其存活率提高40%~50%,表明姜黄素对ALI具有保护作用<sup>[3]</sup>。本研究结果显示,姜黄素呈剂量依赖性抑制LPS诱导的炎症因子表达和细胞凋亡,这与前述结果一致,表明姜黄素对LPS引起的肺细胞损伤有保护作用。先前研究也表明姜黄素在较低浓度时不会产生细胞毒性,而20 μmol/L浓度的姜黄素则会显著降低细胞活性<sup>[4]</sup>。本研究也证实这一点,5 μmol/L浓度的姜黄素对细胞活性无显著影响,同时笔者均选用<10 μmol/L浓度的姜黄素处理细胞,以规避高浓度姜黄素的细胞毒性带来的影响。

最近研究已经揭示了lncRNA在ALI中发挥了重要作用,例如lncRNA CASC2通过调节miR-152-3p/PDK4通路改善LPS诱导的人肺上皮细胞损伤<sup>[5]</sup>;敲降lncRNA NEAT1降低了LPS诱导的炎症细胞因子的表达,减轻了LPS诱导的ALI<sup>[6]</sup>。本研究结果与上述研究一致,lncRNA THRIL在LPS诱导的肺细胞中表达显著升高,对其敲降显著抑制了LPS诱导的细胞凋亡以及炎症因子TNF-α、IL-6和IL-1β的表达。

综上所述,本研究显示姜黄素可以抑制LPS诱导的BEAS-2B细胞中lncRNA THRIL的表达,缓解LPS诱导的细胞凋亡和炎症损伤,表明姜黄素在ALI的治疗中具有重要作用,同时lncRNA THRIL可能是诊断和治疗ALI的重要靶点。但姜黄素在LPS诱导的ALI中还可能存在其他的调控机制或通路,其中更多、更详细的分子机制还有待进一步深入研究。

#### 参考文献:

- [1] LI Y C, CAO Y M, XIAO J, et al. Inhibitor of apoptosis-stimulating protein of p53 inhibits ferroptosis and alleviates intestinal ischemia/reperfusion-induced acute lung injury[J]. Cell Death Differ, 2020, 27(9): 2635-2650.
- [2] HAYES M, CURLEY G, ANSARI B, et al. Clinical review: stem cell therapies for acute lung injury/acute respiratory distress syndrome - hope or hype?[J]. Crit Care, 2012, 16(2): 205.
- [3] HEROLD S, GABRIELLI N M, VADÁSZ I. Novel concepts of acute lung injury and alveolar-capillary barrier dysfunction[J]. Am J Physiol Lung Cell Mol Physiol, 2013, 305(10): L665-L681.
- [4] KOLOMAZNIK M, NOVA Z, CALKOVSKA A. Pulmonary surfactant and bacterial lipopolysaccharide: the interaction and its functional consequences[J]. Physiol Res, 2017, 66(Suppl 2): S147-S157.
- [5] 林润,罗凌青,饶平,等. lncRNA A\_30\_P01029806减轻脓毒症急性肺损伤的机制研究[J]. 现代医学, 2021, 49(8): 897-903.
- [6] QIU N, XU X M, HE Y Y. LncRNA TUG1 alleviates sepsis-induced acute lung injury by targeting miR-34b-5p/GAB1[J]. BMC Pulm Med, 2020, 20(1): 49.
- [7] CHEN H B, HU X M, LI R T, et al. LncRNA THRIL aggravates sepsis-induced acute lung injury by regulating miR-424/ROCK2 axis[J]. Mol Immunol, 2020, 126: 111-119.
- [8] WANG Y, WANG Y J, CAI N, et al. Anti-inflammatory effects of curcumin in acute lung injury: in vivo and in vitro experimental model studies[J]. Int Immunopharmacol, 2021, 96: 107600.
- [9] BUTT Y, KURDOWSKA A, ALLEN T C. Acute lung injury: a clinical and molecular review[J]. Arch Pathol Lab Med, 2016, 140(4): 345-350.
- [10] 王利月,温洁霞,林洪羽,等.丹参酮IIA抑制LPS诱导人单核细胞促炎性分子的表达[J].河北农业大学学报, 2014, 37(6): 85-90.
- [11] NOUREDDIN S A, EL-SHISHTAWY R M, AL-FOOTY K O. Curcumin analogues and their hybrid molecules as multifunctional drugs[J]. Eur J Med Chem, 2019, 182: 111631.
- [12] LIANG D A, WEN Z G, HAN W L, et al. Curcumin protects against inflammation and lung injury in rats with acute pulmonary embolism with the involvement of microRNA-21/PTEN/NF-κB axis[J]. Mol Cell Biochem, 2021, 476(7): 2823-2835.
- [13] XIAO X F, YANG M S, SUN D, et al. Curcumin protects against sepsis-induced acute lung injury in rats[J]. J Surg Res, 2012, 176(1): e31-e39.
- [14] LI R H, FANG H T, SHEN J L, et al. Curcumin alleviates LPS-induced oxidative stress, inflammation and apoptosis in bovine mammary epithelial cells via the NFE2L2 signaling pathway[J]. Toxins (Basel), 2021, 13(3): 208.
- [15] ZHU L L, SHI D W, CAO J H, et al. LncRNA CASC2 alleviates sepsis-induced acute lung injury by regulating the miR-152-3p/PDK4 axis[J]. Immunol Invest, 2022, 51(5): 1257-1271.
- [16] CHEN J H, LIU Q, DING Z L, et al. LncRNA NEAT1 aggravates lipopolysaccharide-induced acute lung injury by regulating the miR-98-5p/TLR4 axis[J]. J Biochem Mol Toxicol, 2021, 35(12): e22927.

(李科 编辑)

**本文引用格式:** 邹国涛,曾毅文,钟绍文,等.姜黄素对脂多糖诱导肺细胞损伤的作用及其机制研究[J].中国现代医学杂志,2022,32(20): 41-48.

**Cite this article as:** ZHOU G T, ZENG Y W, ZHONG S W, et al. Mechanism of curcumin in alleviating LPS-induced lung cell injury[J]. China Journal of Modern Medicine, 2022, 32(20): 41-48.