



岩藻糖基转移酶8抑制剂2FF在多柔比星治疗 肿瘤中的协同增效作用与机制*

谢志东1,2) 章晓联1,2)**

(1) 武汉大学泰康医学院(基础医学院)免疫学系,过敏及免疫相关疾病湖北省重点实验室,武汉 430071; 2) 武汉大学中南医院过敏科, 武汉 430071)

摘要 目的 化疗是当前癌症治疗的重要手段之一,但化疗过程中多药耐药性的产生及副反应的发生严重限制了其应用, 因此化疗常与其他药物或疗法联合应用。在已经鉴定的13个人类岩藻糖基转移酶(focosyltransferases, FUTs)中, FUT8 (alpha-(1,6)-fucosyltransferase) 是唯一负责核心岩藻糖基化的酶。核心岩藻糖基化在癌症的发生、转移及化疗耐药中有着重 要作用,抑制 FUT8 是一种潜在逆转多药耐药的方法。本研究旨在探究 FUT8 的小分子抑制剂 2FF (2-deoxy-2-fluoro-Lfucose) 联合化疗药物多柔比星(doxorubicin, DOX)治疗恶性肿瘤的可行性。方法 凝集素印迹实验检测2FF、DOX或二 者联合对肿瘤细胞核心岩藻糖基化水平的影响。通过 CCK-8法、Transwell 侵袭实验探究 2FF 与 DOX 联合作用对人肝癌细胞 HepG2 及小鼠结肠癌细胞 CT26 细胞活性或侵袭的影响;通过流式细胞术检测 2FF、DOX 或二者联合对 HepG2 细胞表面程 序性死亡受体配体1(programmed death-ligand 1, PD-L1)表达的影响;构建BABL/c小鼠结肠癌细胞皮下荷瘤模型以探究 2FF与DOX联合作用对肿瘤生长的抑制作用。结果 在本研究中,证实FUT8的抑制剂2FF能有效抑制HepG2及CT26细胞 核心岩藻糖基化水平,而DOX可增强HepG2细胞核心岩藻糖基化水平,并且2FF可抑制这一作用。2FF能够有效增强 HepG2及CT26细胞对DOX的敏感性。此外,2FF联合DOX可协同抑制HepG2细胞的侵袭能力。在体内水平,2FF联合 DOX可增强对BALB/c 小鼠 CT26 皮下荷瘤模型的疗效,但二者联合造成小鼠体重的下降。此外,DOX 可引起 HepG2 细胞 PD-L1表达上调,而2FF可削弱这一作用。结论 FUT8抑制剂2FF可抑制DOX对肿瘤细胞的核心岩藻糖修饰和PD-L1表达 的促进作用,并增强 DOX 的抗癌作用。

关键词 核心岩藻糖基化, FUT8抑制剂, 化疗, 多柔比星, 多药耐药

中图分类号 R730.53 **DOI:** 10.16476/j.pibb.2024.0280 CSTR: 32369.14.pibb.20240280

恶性肿瘤已经成为危害人类生命健康、制约社 会经济发展的一大类疾病,是全世界人口死亡的重 要因素之一。根据中国国家癌症中心2022年发布 的统计数据[1], 2022年中国恶性肿瘤新发病例估 计为482.47万,平均每分钟就有7人确诊,且近十 几年来恶性肿瘤的发病死亡率均呈持续上升趋势, 每年由于恶性肿瘤所产生的医疗消费超过2200亿, 防控形势严峻。

化疗仍是目前治疗癌症的主要方法之一。多柔 比星 (doxorubicin, DOX) 是许多化疗方案的重要 组成部分,在临床上广泛应用于乳腺癌、肝癌、肺 癌及神经母细胞瘤等多种恶性肿瘤的治疗[2]。然 而, 化疗的严重不良反应和耐药性的出现极大限制 了其应用及疗效。因此, 迫切需要开发新的治疗策 略以提高癌症患者的生存率。

异常糖基化是肿瘤细胞的普遍特征,参与肿瘤 的进展、转移和免疫逃逸等过程[3-4]。肿瘤糖基化中 的一个关键变化是岩藻糖基化的增加。岩藻糖基化 可分为末端岩藻糖基化和核心岩藻糖基化。岩藻糖 基化由一系列岩藻糖基转移酶(fucosyltransferases, FUTs)催化,在已经鉴定的13个FUTs中,FUT8 (alpha-(1,6)-fucosyltransferase) 是唯一负责核心岩 藻糖基化的酶,它催化α-1,6-岩藻糖转移到N-聚糖 最内层的乙酰氨基葡萄糖残基,核心岩藻糖基化水 平可受其底物岩藻糖二磷酸鸟苷(guanosine

Tel: 027-68781587, E-mail: zhangxiaolian@whu.edu.cn 收稿日期: 2024-06-30, 接受日期: 2024-09-03

^{*}国家自然科学基金(82230078, 22077097)和国家重点研发计划 (2022YFA1303500) 资助项目。

^{**} 通讯联系人。

diphosphate focus, GDP-Fuc) 水平的影响^[4]。

目前多项研究表明, FUT8的过度激活与多药 耐药的产生存在紧密联系。丙肝病毒可诱导 Huh7.5.1 细胞的 FUT8 表达上调, 并通过 MEK 1/2/ NF-κB信号通路上调P-糖蛋白 (P-glycoprotein, P-gp),导致其对5-氟尿嘧啶耐药[5]; FUT8可上调 PI3K/AKT信号通路及P-糖蛋白的表达,导致人肝 细胞癌多药耐药的产生[6]。此外,表皮生长因子 受体 (epidermal growth factor receptor, EGFR) 的 核心岩藻糖基化水平升高能够增强其与EGF结合 的能力^[7], 而EGFR及其下游信号通路的激活(包 括 JAK-STAT、PI3K-AKT 和 MAPK 等信号通路) 也可促进多药耐药的产生^[8]。因此, FUT8抑制剂 可能逆转多药耐药的产生并增强肿瘤细胞对化疗药 物的敏感性。目前一些FUT8抑制剂已经被开发并 应用, 其中2FF (2-deoxy-2-fluoro-L-fucose) 是一 种小分子抑制剂,可经被动运输进入细胞,在细胞 中经过一系列反应后转变为 GDP-Fuc 的类似物, 从而抑制 GDP-Fuc 的合成并竞争性抑制 FUT8,有 效降低细胞膜蛋白N-糖链的岩藻糖基化水平 [9]。

本研究旨在探究FUT8抑制剂联合化疗药物DOX治疗恶性肿瘤的可行性,并探索一种新的治疗策略,以逆转肿瘤耐药性并提高恶性肿瘤患者的治疗效果。这种联合治疗策略有望提高肿瘤细胞对化疗药物的敏感性,增强治疗效果,并可能降低肿瘤复发和转移的风险。

1 材料与方法

1.1 实验材料

HepG2(人肝癌细胞)、CT26(鼠结肠癌细胞)购买于中国典藏培养物保藏中心; 野生型(wild-type, WT)BALB/c小鼠购买于湖北省疾病控制中心; DOX购买于陶束生物; 2FF购买于MedChemExpress公司; Transwell购买于Servicebio公司; CCK-8试剂购买于Servicebio公司。

1.2 细胞培养

CT26及HepG2细胞系用含10%的胎牛血清的DMEM完全培养基在37°C、5% CO_2 恒温培养箱中培养。

1.3 检测2FF联合DOX对HepG2及CT26细胞活性的影响

2FF 对细胞活性的影响: CT26或 HepG2 细胞铺96孔板,5000细胞/孔,贴壁后,每组用不同浓度 2FF 处理细胞,48 h后,每孔加入10%体积的

CCK-8 溶液,37°C培养箱中孵育 $1\sim4$ h后,酶标仪 检测 A_{4500} 每组重复 5次。

2FF 联合 DOX 对细胞活性的影响:用 $50 \mu mol/L 2FF$ 预处理 72 h的 CT26 或 HepG2 细胞铺 96 孔板,5000 细胞/孔,贴壁后,分别用不同浓度 DOX 处理细胞,24 h后,CCK-8 法检测细胞活性,具体方法同上。细胞活力(cell viability)=(实验组 A 值—空白组 A 值)/(对照组 A 值—空白组 A 值)×100%。

1.4 凝集素印迹(Lectin blot)检测细胞核心岩藻 糖基化水平

将 HepG2 细胞预先接种于6孔板中, 50 μmol/L 2FF 处理 72 h后,用预冷 PBS 洗涤 3次 后,加入200 μl/孔细胞裂解液 RIPA (预先加入蛋 白酶抑制剂和磷酸酶抑制剂),冰上裂解20 min, 直至不可见明显细胞团块; 12 000g 离心 5 min, 收 集上清, Bradford 法测定蛋白质浓度; 加入等体积 2×SDS上样缓冲液混匀后,95℃煮沸变性5 min。 样品冷却后,经SDS-PAGE胶电泳后,将蛋白质转 移至 PVDF 膜 (转膜条件为恒流 200 mA, 2 h 30 min)。用5% BSA溶液室温封闭1h后加入凝集 素 Bio-AOL (1:2000)、抗体 β-actin 或 GAPDH (1:1000), 4℃过夜; 用TBST 置于摇床上洗涤 5 min, 共 3 次; Bio-AOL 处理的膜加入链霉亲 和素-HRP (1:10 000), 室温孵育45 min, β-actin 或GAPDH处理的膜加入HRP标记的羊抗兔或羊抗 鼠二抗(1:10000)室温孵育1h; TBST洗涤 5 min/次, 共5次后, ECL显色化学发光检测。

1.5 Transwell侵袭实验检测细胞侵袭能力

将 Matrix-Gel™基质胶(标准型)置于冰中并在4℃融化,将基质胶用无血清培养液按照1:8的比例进行稀释。取 60 μl上述混合溶液垂直加入Transwell迁移小室中,使其均匀平铺在底部。置于 37℃孵育 3 h 后吸出未结合的基质胶。加入100 μl不含血清培养液,将培养板置于 37℃培养箱孵育 30 min,进行水化。将 HepG2 细胞(1×10⁵)重悬于含有 0.1% 血清的 200 μl 培养基中,然后添加到 Transwell 迁移小室。底部腔室添加 600 μl 含 10% 胎牛血清细胞培养基。共培养 72 h 后,细胞用 4% 多聚甲醛固定,用 0.1% 结晶紫染色。

1.6 BALB/c小鼠CT26皮下荷瘤模型的构建

所有动物实验已经过武汉大学 A3 动物实验中心 批准,实验动物福利和伦理批件号: WP20240336。6~8周大小约20~25g的SPF级雌性

BALB/c 共 24 只,在小鼠右腋下皮下注射 1×10⁶个 CT26 小鼠结肠癌细胞。肿瘤平均体积达 100 mm³ (第 7 天)后,随机分为 4 组,6 只/组。Mock 组:注射与实验组同剂量的生理盐水;DOX 组:腹腔注射 DOX 2 mg/kg,每 2 天 1 次;2FF 组:尾静脉注射 2FF 5 mg/kg,每 2 天 1 次;2FF 联合 DOX (DOX+2FF)组:腹腔注射 DOX 2 mg/kg及尾静脉注射 2FF 5 mg/kg,每 2 天 1 次。每日观察,隔日用游标卡尺测量并记录每组小鼠肿瘤大小,肿瘤测量时进行盲测,肿瘤大小计算公式为:V/mm³=(长径/mm)×(短径/mm)²/2。

1.7 流式细胞术检测HepG2细胞PD-L1表达水平

HepG2 细胞经 50 μmol/L 2FF 处理 72 h后,再加 200 μg/L DOX 处理 48 h。PBS 洗 2 次后加入胰酶在 37°C消化 1 min,将细胞吹打下来后再次用 PBS 洗 2 次,加入 PC7 anti-PD-L1 抗体于 4°C环境下放置 30 min。加入适量 PBS 洗涤细胞后上机检测。使用 Flow Jo 流式分析软件分析结果。

1.8 统计学分析

本研究所有数据均呈现为均值±标准差 (Mean±SD),并采用GraphPad Prism 9.0进行分析。两样本均数之间差异比较采用Student's t 检验。多样本之间比较采用方差分析,然后以Neuman-Keuls 检验分析多组内两组之间差异。本研究中,*P<0.05,**P<0.01,****P<0.001,*****P<0.0001,

"NS"代表无统计学意义。

2 结 果

2.1 2FF可抑制DOX诱导的肿瘤细胞膜N-糖链岩藻糖修饰水平增加

为探究 2FF 是否能够有效抑制肿瘤细胞的核心 岩藻糖基化水平,用 50 μmol/L 2FF 处理 HepG2 或 CT26 细胞 72 h后,提取细胞总蛋白质,利用米曲 霉凝集素(Aspergillus oryzae lectin,AOL)进行 Lectin blot 实验,其中 AOL 是一种特殊的凝集素, 能特异性识别并结合核心岩藻糖。结果表明, 50 μmol/L 2FF 可显著降低 CT26 及 HepG2 细胞核心 岩藻糖基化水平(图 1a,b)。

DOX 为蒽环类抗癌药物,能破坏肿瘤细胞的 DNA 结构,而 HepG2 细胞的 P53 基因为野生型,因此 DOX 作用于 HepG2 细胞可引起 P53 的表达上调。据文献报道,p53 可作为 FUT8 基因的特异性转录因子 [10],因此 DOX 可能促进 HepG2 细胞 FUT8 的表达。经 200、400、800 μg/L DOX 处理 48 h后,HepG2 细胞核心岩藻糖基化水平升高,其中 200 μg/L DOX 增强 HepG2 的核心岩藻糖基化水平最强,而 50 μmol/L 2FF 与上述不同浓度 DOX 共同作用时,HepG2 细胞核心岩藻糖基化水平显著降低(图 1b)。

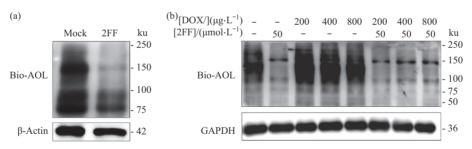


Fig. 1 The effect of 2FF and DOX on the core fucosylation of tumor cells

2FF significantly decreases the fucosylation level of CT26 (a) and HepG2 cells (b), while DOX can enhance the fucosylation level of HepG2 cells (b).

2.2 2FF可增强HepG2及CT26细胞对DOX的敏感性

化疗药物可通过多种机制杀伤肿瘤细胞,但由于化疗药物多难以靶向肿瘤细胞,在杀伤肿瘤细胞时也对体内正常细胞造成损伤,并带来严重的不良反应,因此在临床应用中需要严格控制化疗药物的使用剂量^[11]。而FUT8介导的核心岩藻糖基化及FUT家族的其他成员介导的非核心岩藻糖基化在肿瘤耐药的产生中有重要作用。因此,本文探究通

过2FF抑制肿瘤细胞岩藻糖基化后是否能够增强 HepG2或CT26细胞对DOX的敏感性。

用 50 μ mol/L 2FF 处理 HepG2 或 CT26 细胞 72 h 后,移除含 2FF 的培养基,更换为含不同浓度 DOX 的培养基,检测 24 h 后细胞活性的变化。研究发现,经 2FF 预处理后,DOX 对 HepG2 或 CT26 细胞活性的抑制作用显著增强,其对 HepG2 细胞的 IC_{50} 从 897.2 μ g/L 降低至 377.8 μ g/L,其对 CT26 细胞的 IC_{50} 由 726.8 μ g/L 降至 403.3 μ g/L(图 2)。

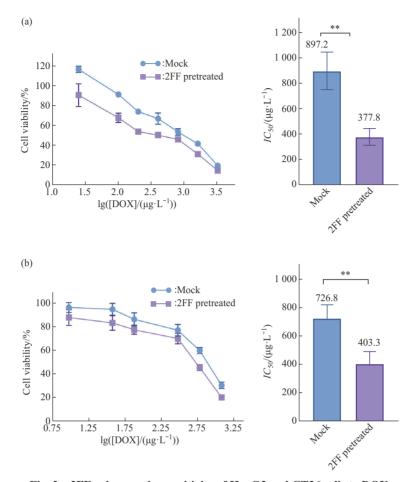


Fig. 2 $\,$ 2FF enhances the sensitivity of HepG2 and CT26 cells to DOX

(a) HepG2; (b) CT26 cells. The data are representative of five independent experiments, **P<0.01.

2.3 2FF联合DOX可显著抑制HepG2细胞的侵袭能力

通过 Transwell 细胞侵袭实验表明,相较于未 经药物处理的 Mock 组,50 μmol/L 2FF 使 72 h 后发 生侵袭的 HepG2 细胞数量显著降低。此外, $200~\mu g/L~DOX$ 和 $50~\mu mol/L~2FF$ 联合进一步使发生 侵袭的 HepG2 细胞数量降低(图 3)。

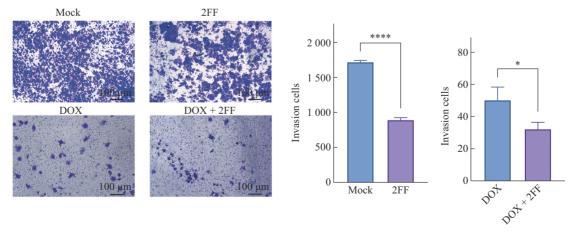


Fig. 3 2FF in combination with DOX can significantly inhibit the invasive ability of HepG2 cells *P < 0.05, ****P < 0.000 1.

2.4 2FF可增强DOX对BALB/c小鼠CT26皮下荷瘤模型的疗效

由前所述,2FF在体外可增强DOX的抗癌作用。因此构建BALB/c小鼠CT26皮下荷瘤模型,以探究在体内水平,2FF能否增强DOX的抗癌作用。研究发现,2FF及DOX均抑制了肿瘤在小鼠

体内的生长,且两者联合的抑制效果更加显著,但 2FF与DOX联合治疗使小鼠体重明显下降(图4), 这可能与2FF增强了DOX对体内正常细胞的毒性 作用有关,因此为降低二者联合所引起的毒副作 用,应当采取相应方法以增强DOX对肿瘤的靶 向性。

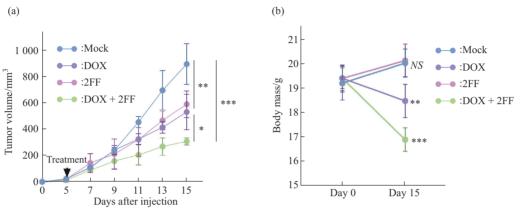


Fig. 4 2FF can enhance the anti-tumor efficacy of COX in BALB/c mice bearing CT26 tumor cells (a) Tumor volume; (b) Mouse body mass. *P<0.05, **P<0.01, ***P<0.001, NS, non-significant.

2.5 2FF可削弱DOX诱导的HepG2细胞PD-L1表达上调

由于核心岩藻糖基化在促进肿瘤细胞免疫逃逸中也发挥重要作用。肿瘤细胞表面的程序性死亡受体配体1(programmed death-ligand 1, PD-L1)是与T细胞程序性死亡受体1(programmed death-1, PD-1)结合的免疫检查点或免疫抑制分子,PD-L1/PD-1轴在抑制T细胞杀伤活性中发挥重要作用。

因此,本研究通过流式细胞术检测HepG2细胞PD-L1蛋白表达。结果表明,经200 µg/L DOX 处理24 h后,HepG2细胞膜表面PD-L1显著升高,而经50 µmol/L 2FF 预处理72 h后再用200 µg/L DOX 处理24 h,DOX 引起的HepG2细胞膜表面PD-L1表达增加的效应被削弱(图5)。这些结果表明,2FF可以抑制DOX 诱导的HepG2细胞PD-L1表达上调,从而可能在体内发挥活化T细胞的作用。

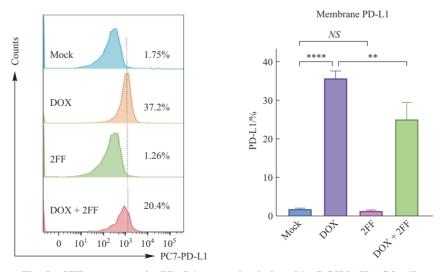


Fig. 5 2FF attenuates the PD–L1 expression induced by DOX in HepG2 cells **P<0.01, ****P<0.000 1, NS, non-significant.

3 讨 论

本研究探究了FUT8抑制剂2FF与化疗药物 DOX 在体内或体外是否存在联合效应。结果显示, 在细胞水平, 2FF能有效抑制肿瘤细胞膜N-糖链的 核心岩藻糖基化水平,而DOX可增强HepG2细胞 核心岩藻糖基化水平。此外,2FF能够显著增强 HepG2及CT26细胞对DOX的敏感性,并且2FF与 DOX 联合能够显著抑制 HepG2 细胞侵袭。在 BALB/c 小鼠 CT26 皮下荷瘤模型中, 2FF 及 DOX 均抑制了肿瘤在小鼠体内的生长,且2FF与DOX 联合的抑制效果更加显著。但与此同时,2FF与 DOX联合治疗使小鼠体重明显下降,这可能与2FF 增强了DOX对体内正常细胞的毒性作用有关,因 此为降低二者联合所引起的毒副作用,应当采取相 应方法增强 DOX 对肿瘤的靶向性。此外, DOX 可 引起HepG2细胞PD-L1表达上调,而2FF可削弱这 一作用。这些结果表明,2FF与DOX联合不仅能 够显著抑制 HepG2及CT26细胞侵袭和肿瘤细胞的 生长,还可能发挥活化T细胞的杀伤作用。

化疗是目前治疗恶性肿瘤的重要手段,但化疗过程中产生的多药耐药及化疗药物带来的全身副反应严重限制了其疗效及应用。因此,开发新的化疗策略以逆转化疗过程中肿瘤耐药性的产生并降低化疗所带来的严重不良反应具有重要的临床应用价值。许多研究尝试将化疗与其他药物或疗法联合治疗恶性肿瘤。由前所述,FUT8的过度激活与多药耐药产生的存在紧密联系。因此,化疗与FUT8抑制剂联合可能能够逆转多药耐药的产生。

此外,化疗与FUT8抑制剂的联合治疗是一种潜在的化疗联合免疫治疗策略。尽管长期以来人们认为化疗仅具有免疫抑制作用,但新的研究表明,化疗也能促进免疫功能^[12]。化疗主要通过阻滞细胞周期、抑制 DNA 复制、干扰细胞代谢、抑制微管组装等途径抑制肿瘤生长。此外,细胞毒性化疗药物可以诱导免疫原性细胞死亡,激发抗肿瘤免疫反应^[13-14]。免疫原性细胞死亡导致损伤相关分子模式(damage-associated molecular patterns,DAMPs)的上调,如I型干扰素(interferon-I,IFN-I)的分泌、钙网蛋白的暴露、ATP的泄漏和高迁移率族蛋白B1(high mobility group box 1 protein,HMGB1)的释放。这些释放的 DAMPs 增强了树突状细胞(dentritic cell,DC)的抗原捕获及呈递,从而增强特异性免疫应答。此外,DOX等化疗药物可直接

杀死免疫抑制细胞,增强效应细胞功能,尤其是低 于最大耐受剂量的化疗剂量[14]。例如,低剂量环 磷酰胺可清除循环和肿瘤浸润中的调节性T细胞 (Tregs)[15], DOX、5-氟尿嘧啶、吉西他滨和多西 他赛等化疗药物在小鼠模型中减少了髓源性抑制细 胞[16]。PD-1是一种重要的免疫抑制分子,通过抑 制T细胞炎症活动来调节免疫系统并促进自身耐 受。PD-1包含两个主要的N-糖基化位点,它们高 度核心岩藻糖基化,这些翻译后修饰是PD-1表达 的重要调节因子,抑制FUT8可降低T细胞表面 PD-1的表达,并增强T细胞活化[17]。此外,肿瘤 组织中耗竭的T细胞也含有高度核心岩藻糖基化的 结构[3]。这些发现表明,靶向核心岩藻糖基化可 以减弱PD-1与PD-L1相互作用,抑制肿瘤的免疫 逃逸,增强T细胞活化。此外,PD-L1也被高度糖 基化修饰,并且PD-L1的功能与稳定性与其糖基化 修饰密切相关。PD-L1的N192、N200及N219位点 的糖基化修饰可抑制 PD-L1 与糖原合成酶激酶 3B (glycogen synthase kinase-3, GSK3β) 相互作用, 而 GSK3β 可将 PD-L1 磷酸化并促进其通过蛋白酶 体途径降解[18]; PD-L1的N-糖基化修饰可阻碍抗 PD-L1 抗体对其的识别^[19]; PD-L1 的 S195 位点的 磷酸化可导致PD-L1糖基化修饰异常,并导致其通 过内质网相关蛋白降解 (ER-associated protein degradation, ERAD) 途径降解^[20]。但目前尚未报 道过核心岩藻糖基化修饰对PD-L1功能及稳定性的 影响。本研究发现,2FF可削弱DOX诱导的 HepG2细胞PD-L1表达上调,2FF可能通过抑制 PD-L1的核心岩藻糖基化修饰而在蛋白质水平降低 PD-L1,也可能通过其他途径调节PD-L1基因的表 达水平, 其分子机制还需进一步研究, 如可能与 EGFR及TGF-β信号通路相关。EGFR信号通路可 抑制 GSK3β的活化,从而抑制 GSK3β导致的 PD-L1降解等^[18],因此EGFR信号通路的激活可增强 PD-L1的稳定性。在胰腺导管腺癌中, non-SMAD-TGF-β信号通路可增加肿瘤细胞 PD-L1 的表达 [21]。 抑制 FUT8 能有效抑制 EGFR 及 TGF-β 信号通 路^[7,22],进而抑制肿瘤细胞PD-L1的表达。因此, 当化疗与FUT8抑制剂联合治疗肿瘤时,FUT8抑 制剂在增强肿瘤细胞对DOX等化疗药物的敏感性 的同时,也可能通过抑制PD-L1/PD-1轴增强体内 免疫系统对肿瘤的清除,从而在体内水平表现出更 强的联合效应。

综上, FUT8抑制剂与化疗两者间存在可能的

协同机制以增强对癌细胞杀伤能力。本研究发现,FUT8抑制剂在降低 DOX 对肿瘤细胞膜 N-糖链的 岩藻糖修饰水平的增加,同时也增强肿瘤细胞对 DOX 等化疗药物的敏感性,可能会抑制 FUT8 从而逆转化疗过程中多药耐药的产生,并且与化疗药物协同作用增强体内免疫反应杀伤肿瘤细胞。但需采取相应方法增强 DOX 对肿瘤的靶向性以避免二者联合所带来的毒副作用。

4 结 论

本研究探究了FUT8抑制剂2FF与化疗药物 DOX 在体内或体外是否存在联合效应。结果显示, 在细胞水平,2FF能有效抑制肿瘤细胞膜N-糖链的 核心岩藻糖基化水平,而DOX可增强HepG2细胞 核心岩藻糖基化水平。此外,2FF能够显著增强 HepG2及CT26细胞对DOX的敏感性,并且2FF与 DOX 联合能够显著抑制 HepG2 细胞侵袭。在 BALB/c 小鼠 CT26 皮下荷瘤模型中, 2FF 及 DOX 均抑制了肿瘤在小鼠体内的生长,且2FF与DOX 联合的抑制效果更加显著。但与此同时,2FF与 DOX 联合治疗使小鼠体重明显下降,这可能与 2FF增强了DOX对体内正常细胞的毒性作用有关, 因此为降低二者联合所引起的毒副作用,应当采取 相应方法增强 DOX 对肿瘤的靶向性。此外, DOX 可引起HepG2细胞PD-L1表达上调,而2FF可削弱 这一作用,说明其还可能通过抑制 PD-L1/PD-1 轴 增强T细胞的杀伤功能。这些结果表明, 2FF与 DOX联合不仅能够显著抑制HepG2及CT26细胞侵 袭和肿瘤细胞的生长,还可能发挥活化T细胞的杀 伤作用。

参考文献

- [1] 郑荣寿, 陈茹, 韩冰峰, 等. 2022 年中国恶性肿瘤流行情况分析. 中华肿瘤杂志, 2024, **46**(3): 221-231

 Zheng R S, Chen R, Han B F, *et al.* Chin J Oncol, 2024, **46**(3): 221-231
- [2] Hellmann M D, Li B T, Chaft J E, et al. Chemotherapy remains an essential element of personalized care for persons with lung cancers. Ann Oncol, 2016, 27(10): 1829-1835
- [3] Rodrigues J G, Duarte H O, Reis C A, *et al.* Aberrant protein glycosylation in cancer: implications in targeted therapy. Biochem Soc Trans, 2021, **49**(2): 843-854
- [4] Pijnenborg J F A, Visser E A, Noga M, et al. Cellular fucosylation inhibitors based on fluorinated fucose-1-phosphates. Chemistry, 2021, 27(12): 4022-4027
- [5] Li S, Liu X Y, Pan Q, et al. Hepatitis C virus-induced FUT8 causes

- 5-FU drug resistance in human hepatoma Huh7.5.1 cells. Viruses, 2019, 11(4): 378
- [6] Cheng L, Luo S, Jin C, et al. FUT family mediates the multidrug resistance of human hepatocellular carcinoma via the PI3K/Akt signaling pathway. Cell Death Dis, 2013, 4(11): e923
- [7] Wang X, Gu J, Ihara H, et al. Core fucosylation regulates epidermal growth factor receptor-mediated intracellular signaling. J Biol Chem, 2006, 281(5): 2572-2577
- [8] Jiang L, Wang P, Sun Y J, *et al.* Ivermectin reverses the drug resistance in cancer cells through EGFR/ERK/Akt/NF-κB pathway. J Exp Clin Cancer Res, 2019, **38**(1): 265
- [9] Bastian K, Scott E, Elliott D J, et al. FUT8 Alpha- (1, 6) fucosyltransferase in cancer. Int J Mol Sci, 2021, 22(1): 455
- [10] Okagawa Y, Takada K, Arihara Y, et al. Activated p53 with histone deacetylase inhibitor enhances L-fucose-mediated drug delivery through induction of fucosyltransferase 8 expression in hepatocellular carcinoma cells. PLoS One, 2016, 11(12): e0168355
- [11] Weingart S N, Zhang L, Sweeney M, *et al.* Chemotherapy medication errors. Lancet Oncol, 2018, **19**(4): e191-e199
- [12] Mathew M, Enzler T, Shu C A, et al. Combining chemotherapy with PD-1 blockade in NSCLC. Pharmacol Ther, 2018, 186: 130-137
- [13] Zhu H, Shan Y, Ge K, et al. Oxaliplatin induces immunogenic cell death in hepatocellular carcinoma cells and synergizes with immune checkpoint blockade therapy. Cell Oncol (Dordr), 2020, 43(6): 1203-1214
- [14] Gotwals P, Cameron S, Cipolletta D, et al. Prospects for combining targeted and conventional cancer therapy with immunotherapy. Nat Rev Cancer, 2017, 17(5): 286-301
- [15] Barbon C M, Yang M, Wands G D, et al. Consecutive low doses of cyclophosphamide preferentially target Tregs and potentiate T cell responses induced by DNA PLG microparticle immunization. Cell Immunol, 2010, 262(2): 150-161
- [16] Yi M, Zheng X, Niu M, et al. Combination strategies with PD-1/ PD-L1 blockade: current advances and future directions. Mol Cancer, 2022, 21(1): 28
- [17] Dai X, Gao Y, Wei W. Post-translational regulations of PD-L1 and PD-1: mechanisms and opportunities for combined immunotherapy. Semin Cancer Biol, 2022, **85**: 246-252
- [18] Li C W, Lim S O, Xia W, et al. Glycosylation and stabilization of programmed death ligand-1 suppresses T-cell activity. Nat Commun, 2016, 7: 12632
- [19] Lee H H, Wang Y N, Xia W, et al. Removal of N-linked glycosylation enhances PD-L1 detection and predicts anti-PD-1/ PD-L1 therapeutic efficacy. Cancer Cell, 2019, 36(2): 168-178.e4
- [20] Cha J H, Yang W H, Xia W, et al. Metformin promotes antitumor immunity via endoplasmic-reticulum-associated degradation of PD-L1. Mol Cell, 2018, 71(4): 606-620.e7
- [21] Hussain S M, Kansal R G, Alvarez M A, et al. Role of TGF-β in pancreatic ductal adenocarcinoma progression and PD-L1 expression. Cell Oncol (Dordr), 2021, 44(3): 673-687
- [22] Tu C F, Wu M Y, Lin Y C, et al. FUT8 promotes breast cancer cell invasiveness by remodeling TGF-β receptor core fucosylation. Breast Cancer Res, 2017, 19(1): 111

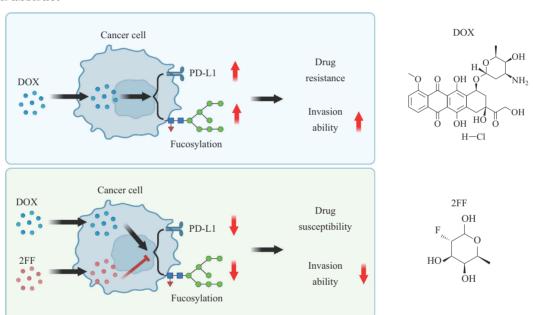
Synergistic Effect and Mechanism of FUT8 Inhibitor 2FF With DOX for Cancer Treatment*

XIE Zhi-Dong^{1,2)}, ZHANG Xiao-Lian^{1,2)**}

(1) Hubei Key Laboratory of Allergy and Immune-related Diseases, Department of Immunology, Wuhan University Taikang Medical School (School of Basic Medical Sciences), Wuhan 430071, China;

²⁾Department of Allergy, Zhongnan Hospital Wuhan University, Wuhan 430071, China)

Graphical abstract



Abstract Objective Chemotherapy is one of the important therapeutic approaches for cancer treatment. However, the emergence of multidrug resistance and side effects significantly limit its application. To address these challenges, chemotherapy is often combined with other drugs or therapies. Among the 13 human fucosyltransferases (FUTs) identified, FUT8 (alpha-(1,6)-fucosyltransferase) is the only enzyme responsible for core fucosylation. Core fucosylation plays an important role in cancer occurrence, metastasis and chemotherapy resistance, making the suppression of FUT8 a potential strategy for reversing multidrug resistance. This study aims to evaluate the feasibility of combining the small molecule FUT8 inhibitor 2FF (2-deoxy-2-fluoro-L-fucose) with the clinical chemotherapeutic drug doxorubicin (DOX) for treating malignant tumors. Methods The human hepatocellular carcinoma cell line HepG2 and mouse colon cancer cell line CT26 cells were treated with 2FF,

^{*} This work was supported by grants from The National Natural Science Foundation of China (82230078, 22077097) and National Key R&D Program of China (2022YFA1303500).

^{**} Corresponding author.

DOX or their combination and core fucosylation levels were assessed using Lectin blot. HepG2 and CT26 cells were exposed to 50 µmol/L 2FF for 72 h, followed by treatment with a gradient concentration of DOX for 24 h. Cell viability and IC₅₀ values were determined via the CCK-8 assay. Transwell invasion assays were conducted to evaluate the combined effect of 2FF and DOX on the invasion ability of HepG2 cells. Flow cytometry was performed to analyze the impact of 2FF, DOX and their combination on membrane PD-L1 expression of HepG2 cells. To assess the in vivo effect, 6- to 8-week-old female BALB/c mice (20-25 g), were subcutaneously injected with 1×10⁶ CT26 cells into the right axilla (four groups, six mice in each group). After the average tumor volume reached 100 mm³, mice were treated with DOX, 2FF, their combination, or saline (mock group) every other day. DOX was administrated intraperitoneally (2 mg/kg), 2FF intravenously (5 mg/kg), and the combination group, received the both treatment. Tumor size was measured every other day using a vernier caliper. Results This study demonstrated that DOX upregulates the core fucosylation levels in HepG2 and CT26 cells, while 2FF effectively inhibits this DOX-induced effect. Furthermone, 2FF enhanced the sensitivity of HepG2 and CT26 cells to DOX. The combination of 2FF and DOX synergistically inhibited the invasion ability of HepG2 cells, and enhanced the anti-tumor efficacy of CT26 subcutaneous tumor model in BALB/c mice. However the combination treatment led to weight loss in mice. In addition, DOX increased the cell surface PD-L1 expression in HepG2 cells, which was effectively suppressed by 2FF. Conclusion The FUT8 inhibitor 2FF effectively suppresses DOX-induced upregulation of core fucosylation and PD-L1 levels in tumor cells, and 2FF synergistically enhances the anticancer efficacy of DOX.

Key words core fucosylation, FUT8 inhibitor, chemotherapy, doxorubicin, multidrug resistance

DOI: 10.16476/j.pibb.2024.0280 **CSTR:** 32369.14.pibb.20240280