长链非编码 RNA SNHG12 在神经系统疾病中研究进展

钟应强,赵世光 哈尔滨医科大学附属第一医院,黑龙江 哈尔滨 150001

摘 要:小核仁 RNA 宿主基因 12 (small nucleolar RNA host gene 12, SNHG12),其表达水平的异常常改变体内细胞的增殖、自噬及凋亡,与肿瘤及某些特定疾病的发生发展明显相关,可作为这些疾病筛查与诊断的生物标记物。本文结合 SNHG12 的结构及功能,阐述 SNHG12 的表达水平上调或下调在脑胶质瘤细胞生长、缺血性脑卒中的病理生理的作用机制。

关键词:缺血性卒中;神经胶质瘤;SNHG12;生物标志物

中图分类号: R730.264; R743

DOI: 10.16636/j. cnki. jinn. 2020. 02. 023

Research advances in long non-coding RNA small nucleolar RNA host gene 12 in nervous system diseases

ZHONG Ying-Qiang, ZHAO Shi-Guang. The First Affiliated Hospital of Harbin Medical University, Harbin, Heilongjiang 150001, China Abstract: Abnormal expression of small nucleolar RNA host gene 12 (SNHG12) often changes the proliferation, autophagy, and apoptosis of cells in vivo and is significantly associated with the development and progression of tumors and some specific diseases, and therefore, it can be used as a biomarker for the screening and diagnosis of these diseases. With reference to the structure and function of SNHG12, this article elaborates on the mechanism of upregulation or downregulation of SNHG12 expression in the growth of glioma cells and the pathophysiology of ischemic stroke.

Key words: ischemic stroke; glioma; small nucleolar RNA host gene 12; biomarker

长链非编码 RNA (long non-coding RNA, LncR-NAs)是一类长度超过 200 多个核苷酸的转录产物,不编码蛋白质,但与多种生物学功能有关,如表观遗传调控、免疫监视和胚胎干细胞多能性[1-3]。根据其相对于蛋白质编码基因的位置被分为5类:①在基因编码链上与编码 mRNAs 重叠的感觉 LncRNAs;②在基因非编码链上与编码 mR-NAs 重叠的反义 LncRNAs;③在相反链上与编码基因共享其转录起始位点的双向 LncRNAs;④从编码基因的电子区转录的内含子 LncRNAs;⑤位于编码基因之间的基因间 LncRNAs^[4]。它们的生物学贡献表现为:①顺式或反式转录调控因子;②mRNA 处理、转录后控制和蛋白质活性调控因子;③核结构域的组织^[5-6]。LncRNA SNHG12 作为一种新发现的 LncRNA,与许多癌症发生及发展有关,如乳腺

癌、胃癌、胶质瘤。研究发现, SNHG12 表达异常与肿瘤细胞的增殖、侵袭、自噬及凋亡等过程有关,影响肿瘤患者的预后和生存期。此外, SNHG12 在缺氧缺糖(OGD)损伤的脑微血管内皮细胞(BMEC)和闭塞的脑血管中均能促进血管生成,减轻缺血性卒中损害。因此, LncRNA SNHG12 在肿瘤及某些已知疾病的发生与发展、诊断及靶向药物治疗、预后评估等方面具有很好的潜在应用前景。该文主要针对 LncRNA SNHG12 的结构功能及在神经系统疾病方面的研究现状作一综述。

1 Lnc SNHG12 的结构及功能

小核仁宿主基因 12 (small nucleolar host gene 12, SNHG12),又称 LNC04080,是位于 1 号染色体上p35.3 区域的 LncRNA,包含 1 867 个碱基^[7],通过它的剪接内含子编码四个小的核仁 RNA (SNORA66、SNO-

基金项目:国家科技支撑计划课题:项目编号:2013BAH06F04。

收稿日期:2019-11-14;修回日期:2020-03-03

作者简介:钟应强(1989-),男,硕士,研究方向:脑胶质瘤及脑血管病的基础研究。

通信作者:赵世光(1959 -),男,医学博士,教授,主任医师,神经外科主任,硕博士研究生导师,博士后指导教师,研究方向:脑胶质瘤及脑血管病的基础研究;E-mail;guangsz@hotmail.com

RA61、SNORA16A 和 SNORD99)[8]。SNHG12 通过隐 藏多个 miRNA 结合位点而作为竞争性内源性 RNA (ceRNA),通过"海绵化"这些 miRNA 来调控其下 游靶点。包括 LncRNA、miRNA、伪基因和环状 RNA (circRNAs)在内的各种 LncRNA 分子共享共同的 miRNA 响应元件(miRNA response element, MREs), 从而通过复杂的 RNA 网络及细胞过程相互调 控^[9]。MREs 分别存在于基因的 5 'UTRs、编码序列 和 3 'UTRs 中[10-11]。据报道, LncRNA SNHG12 具有 更高的靶向 miRNA 的 MREs 密度,从而增加了共享 和滴定 miRNAs 的可能性,并阻止其与其他转录本 结合[12]。研究揭示, SNHG12 在肿瘤或某些特定疾 病的发生及演变过程中发挥主要作用: SNHG12 通 过与类似于"海绵状"的 miRNAs 结合, 调控下游靶 点基因的表达水平,进而通过特定的表达途径调节 靶点组织细胞的增殖、侵袭、自噬、凋亡或血管的 生成等复杂过程。

2 LncRNA SNHG12 在神经系统疾病的研究进展2.1 LncRNA SNHG12 与胶质瘤

脑胶质瘤(glioma),是颅内常见原发性中枢神经系统恶性肿瘤,由于发病率高、恶性程度高、呈侵袭性生长,手术很难做到肿瘤组织全切,目前临床上最常用的治疗方法为手术切除肿瘤组织、术后联合放化疗。WHO分级较高(Ⅲ-Ⅳ级)胶质瘤,由于存在高度间变的生长特点,因此普遍存在肿瘤全切难度更大、术后复发时间更早、总体疗效欠佳。针对现有诊断手段的局限性,亟待确定新的方法来提高胶质瘤患者的早期诊断水平。LncRNAs作为肿瘤的生物标记物在肿瘤中表达量大且稳定、可以在肿瘤发展的所有阶段都能检测到,可作为一种新型的肿瘤诊治的生物标记物和靶点。研究证实,LncRNA SNHG12表达水平上调与胶质瘤的发生、发展密切相关,在胶质瘤的诊断、靶向治疗及预后评估等方面具有潜在的应用价值。

Liu 等^[13] 研究发现, SNHG12 在胶质瘤细胞中表达明显上调,且 SNHG12 的表达升高与神经胶质瘤病理分级呈正相关。在胶质瘤细胞中 miR-195 的表达与 SNHG12 的表达相反。动物实验证明上调 miR-195 的表达后可以明显抑制胶质瘤细胞的生长速度并延长其生存时间。进一步研究发现,SOX5 在胶质瘤细胞中高表达,SOX5 的表达下降后细胞 凋亡 明显增加。miR-195 通过靶向作用SOX5,使其表达水平下降,抑制胶质瘤细胞增殖。

这表明 SNHG12 通过下调 miR-195 的表达增加 SOX5 的水平来促进胶质瘤细胞的增殖。Sun 等[14] 研究证实 SNHG12 在胶质瘤临床组织样本和细胞 系中的高表达,在高级别胶质瘤临床样本中尤为明 显。SNHG12 的过度表达与患者的总体生存率低 及临床病理特征有关,如年龄、WHO 分级和 Karnofsky 表现评分(KPS)。研究其功能时发现,在做体 外实验与动物体内实验时, 敲除 SNHG12 基因后均 可抑制肿瘤细胞的增殖,诱导细胞凋亡。进一步机 理研究发现, SNHG12 与 miR-101-3p 在 3~UTR 处 有互补的结合位点,充当 miRNA 的"海绵"。miR-101-3p 以 FOXP1 的 3'-UTR 为靶点 mRNA。这三个 基本部分构成 SNHG12 miR-101-3 p/FOXP1 轴。研 究证实在胶质瘤细胞中 SNHG12 与 miR-101-3p 调 节 FOXP1 表达的功能性调控途径,形成了 SNHG12 miR-101-3 p/FOXP1 途径。研究其作用机 制时发现, SNHG12 竞争性结合 miR-101-3p 从而 上调 miR-FOXP1 的表达促进胶质瘤的发生、发展。 Lei 等[15] 在 对 胶 质 瘤 组 织 分 析 时, 同 样 发 现 SNHG12 的高表达。通过生存分析发现 SNHG12 的 表达与患者的总体生存期呈负相关。胶质瘤细胞 中 SNHG12 表达上调后,细胞的增殖能力明显增 强。进一步研究发现,在胶质瘤细胞中人为上调 RNA 结合蛋白 Hu 抗原 R(HuR)后 SNHG12 的表达 也随之增加,沉默 HuR 的基因后 SNHG12 的表达 也随之下降。众所周知, HuR 参与调节 mRNA 的稳 定性、剪接和翻译,可通过编码和调节与细胞内炎 症、血管生成、细胞周期、迁移、侵袭、以及化疗敏 感性蛋白质的靶基因的相互作用,促进肿瘤的发 生、发展,提示它具有致癌作用。研究表明 HuR 可 能通过调节 SNHG12 及其下游 miRNA 导致胶质瘤 的发生,但未对其具体分子机制进行深入研究。

此外, SNHG12 的过度表达与端粒酶逆转录酶 (TERT) 基因突变及异柠檬酸脱氢酶 (IDH1/2) 基因突变、1p/19q 共缺失和 O-6-甲基鸟嘌呤-DNA 甲基转移酶 (MGMT) 的甲基化相关[16]。在多种癌症中, SNHG12 被发现作为 ceRNA, 可对作为肿瘤抑制因子的 miRNA 进行应答[17-19]。由此可知, SNHG12 有望作为一种新型的胶质瘤诊治和预后判断的生物标记物, 在胶质瘤筛查与治疗中有很好的应用潜能。

2.2 LncRNA SNHG12 与缺血性脑卒中

缺血性卒中是成年人致死和残疾的主要病因

之一。缺血性卒中出现严重的局灶性低灌注,并导 致兴奋性毒性和氧化损伤,进而引起微血管损伤、 血脑屏障功能障碍和炎症开始。这些事件会进一 步恶化,导致永久性脑损伤甚至死亡[20-23]。因此, 研究脑缺血后微血管损伤、血脑屏障功能障碍和炎 症反应的分子机制,对改进缺血性脑卒中治疗方法 具有重要意义。近年来,关于 LncRNAs 参与脑血管 病理生理的研究,如脑卒中的研究越来越多[24-26]。 Long 等[27] 基于一系列细胞体外实验探究 SNHG12 在 OGD/R 损伤过程中及损伤后的作用时证实,在 氧葡萄糖剥夺和再灌注(OGD/R)条件下,SNHG12 通过抑制 Mir-199a 的表达,抑制脑微血管内皮细 胞(BMECs) 死亡及炎性细胞因子 E-选择素、 MCP1、IL6的表达,促进血管生成因子 VEGFA 和 FGFb 的表达。此外, SNHG12 还促进了 OGD/R 后 毛细血管样管的形成。这些结果表明 SNHG12 在 OGD/R 条件下能抑制 BMECs 死亡和炎症反应,促 进 OGD/R 损伤后 BMEC 血管生成,改善缺血性中 风患者的预后。进一步探究 SNHG12 在 BMECs 中 发挥作用的分子机制时证实, SNHG12 可以直接靶 向 mir-199a, 并且 mir-199a 的过度表达可以减轻 BMEC 的死亡、炎症反应和血管生成。这些结果证 实 SNHG12 通过抑制 miR-199a 而发挥其对 BMECs 的作用。这些研究表明, SNHG12 通过抑制 mir-199a 在 OGD/R 期间和之后的病理生理过程,对 BMECs 具有保护作用。这为了解缺血性脑卒中后 微血管损伤、血脑屏障功能障碍及炎症的分子机制 提供了新的线索,对于改进缺血性脑卒中治疗具有 重要意义。但是, SNHG12/mir-199a 在体内是否也 具有此功能还需要进一步研究证实。

SNHG12 被认为是脑缺血后脑微血管内皮中上调最高的 LncRNA 之一^[28]。研究已证实,脑缺血可导致自噬样细胞死亡,自噬抑制有助于脑缺血再灌注损伤的神经保护^[29-31]。研究证实,自噬激活可防止缺血损伤后神经元死亡^[32-33]。研究发现,自噬途径作为一种适应性反应被激活,能促进 OGD/R 条件下脑微血管内皮细胞(BMEC)的存活^[34]。Yao等人^[35]在小鼠中建立了大脑中动脉闭塞/再灌注(MCAO/R)模型,并采用了 OGD/R SH-SY5Y 细胞模型来模拟体外脑缺血/再灌注(I/R)损伤,探究 SNHG12 在调节 I/R 损伤过程中自噬的分子机制。研究发现 SNHG12 的表达被 OGD/R 后的小鼠和 SH-SY5Y 细胞模型中的脑 I/R 上调。上调的

SNHG12 减轻了 OGD/R 诱导的 SH-SY5 Y 细胞损伤,并诱导了自噬激活,如 LC3 II/I 和 Beclin-1 的比例增加,p62 降低。在 OGD/R 后,SNHG12 的下调加剧了 SH-SY5 Y 细胞的损伤,并抑制了自噬。此外,自噬激活剂雷帕霉素或抑制剂 3-MA 分别部分逆转了 OGD/R 诱导的 SH-SY5 Y 细胞损伤中SNHG12 效应的下调或上调。这些发现表明,SNHG12 可以作为自噬诱导物可减轻脑 I/R 损伤,SNHG12 高表达的保护作用机制可能是其作为自噬诱导剂减轻 SH-SY5 Y 细胞对 OGD/R 损伤的保护作用。这些研究发现有望为脑 I/R 损伤引起的缺血性卒中治疗提供一种新思路。

研究证实, LncRNA SNHG12 在调节间充质干细 胞(MSCs)功能中发挥重要作用; MSCs 在脑 I/R 损 伤中起着关键的抗炎和神经保护作用[36-38]。然 而, LncRNA SNHG12 对受损脑组织间充质干细胞 的作用机制尚未见报道。Li 等[39]研究 LncRNA SNHG12 修饰间充质干细胞(MSCs)治疗脑缺血再 灌注损伤(I/R)的作用及其机制时发现,经 I/R 处理后, SNHG12 表达显著上调; 与 MSCs 共培养后 SNHG12表达显著降低。此外, I/R 可显著降低脑 微血管内皮细胞(BMECs)的增殖,增加其凋亡和自 噬,与 MSCs 共培养可部分逆转 I/R 诱导的 BMECs 增殖、凋亡和自噬的变化。这些结果提示 SNHG12 的上调可能与 I/R 后 BMECs 的凋亡和自噬相关, MSCs 通过靶向 SNHG12 减轻 BMECs 的损伤。在 MSCs 中敲除 SNHG12, 然后与 BMECs 共培养时发 现,沉默 SNHG12 对 I/R 诱导的 MSCs 增殖减少、凋 亡和自噬增加有明显的抑制作用,明显优于传统 MSCs 的作用。MSCs 可以减少 MACO 大鼠脑组织 的凋亡和梗死体积,而 MSCs 中 SNHG12 的沉默比 传统 MSCs 具有更好的改善作用。由此可知,骨髓 间充质干细胞中的 SNHG12 沉默明显增强这些骨 髓间充质干细胞治疗脑 I/R 损伤的疗效。进一步 研究发现,I/R 处理显著降低 PI3K、AKT 和 MTOR 蛋白的磷酸化, MSCs 显著抑制 PI3K、AKT 和 MTOR 蛋白的磷酸化。MSCs 中 SNHG12 的沉默显著增强 了 MSCs 在体内外激活 PI3 K/AKT/MTOR 信号通路 的作用。结果证实, MSCs 中 SNHG12 的沉默通过 激活 PI3 K / AKT / MTOR 信号通路, 明显增强了 MSCs 减轻 I/R 损伤的能力,促进细胞增殖、减少细 胞凋亡和自噬的作用。因此,下调 MSCs 中 SNHG12 的表达可能是治疗脑 I/R 损伤的一种新 的治疗方法,但仍需进一步的研究来证实。

3 总结与展望

近年来,关于长链非编码 RNA SNHG12 在临床常见恶性肿瘤及某些特定疾病研究方面不断有新的发现,在神经系统疾病中的研究也取得了新的进展,尤其是在探究脑胶质瘤、缺血性脑卒中等神经系统疾病的发病及分子作用机制方面,为提高相关疾病的早期诊疗、预后评价等方面提供一种新型的治疗靶点及生物标记物,进一步提升这些疾病的综合诊治水平,在更好地服务广大患者方面具有重要的临床应用价值。

参考文献

- [1] Ahmed W, Liu ZF. Long Non-Coding RNAs: Novel players in regulation of immune response upon herpesvirus infection [J]. Front Immunol, 2018, 9:761.
- [2] Bernardes de Jesus B, Marinho SP, Barros S, et al. Silencing of the lncRNA Zeb2-NAT facilitates reprogramming of aged fibroblasts and safeguards stem cell pluripotency [J]. Nat Commun, 2018, 9(1):94.
- [3] Zhou Z, Lin Z, Pang X, et al. Epigenetic regulation of long non-coding RNAs in gastric cancer [J]. Oncotarget, 2018, 9 (27):19443-19458.
- [4] Rinn JL, Chang HY. Genome regulation by long noncoding RNAs [J]. Annu Rev Biochem, 2012, 81:145-166.
- [5] Geisler S, Coller J. RNA in unexpected places: long non-coding RNA functions in diverse cellular contexts [J]. Nat Rev Mol Cell Biol, 2013, 14 (11):699-712.
- [6] Ulitsky I, Bartel DP. lincRNAs: genomics, evolution, and mechanisms [J]. Cell, 2013, 154(1):26-46.
- [7] Zhai W, Li X, Wu S, et al. Microarray expression profifile of lncRNAs and the upregulated ASLNC04080 lncRNA in human endometrial carcinoma [J]. Int J Oncol, 2015, 46 (5): 2125-2137.
- [8] Lan T, Ma W, Hong Z, et al. Long non-coding RNA small nucleolar RNA host gene 12 (SNHG12) promotes tumorigenesis and metastasis by targeting miR-199a/b-5p in hepatocellular carcinoma [J]. J Exp Clin Cancer Res, 2017, 36 (1):11.
- [9] Qi X, Zhang DH, Wu N, et al. ceRNA in cancer: possible functions and clinical implications [J]. J Med Genet, 2015, 52(10):710-718.
- [10] Xia T , Liao Q , Jiang X , et al. Long noncoding RNA associated-competing endogenous RNAs in gastric cancer [J] . Sci Rep , 2014 , 4:6088.
- [11] Shuwen H, Qing Z, Yan Z, et al. Competitive endogenous RNA in colorectal cancer: a systematic review [J]. Gene,

- 2018, 645:157-162.
- [12] Tan JY , Marques AC . miRNA-mediated crosstalk between transcripts : The missing " linc " ? [J] . Bioessays , $\,2016$, $\,38\,(\,3\,)\,:295\,\text{-}301$.
- [13] Liu X, Zheng J, Xue Y, et al. Inhibition of TDP43-MediatedSNHG12-miR-195-SOX5 Feedback Loop Impeded Malignant Biological Behaviors of Glioma Cells [J]. Mol Ther Nucleic Acids, 2018, 10:142-158.
- [14] Sun Y, Liu J, Chu L, et al. Long noncoding RNA SNHG12 facilitates the tumorigenesis of glioma through miR-101-3p/FOXP1 axis [J]. Gene, 2018,676:315-321.
- [15] Lei W, Wang ZL, Feng HJ, et al. Long non-coding RNA SNHG12 promotes the proliferation and migration of glioma cells by binding to HuR[J]. Int J Oncol, 2018, 53 (3): 1374-1384.
- [16] Yin H, Sun Y, Wang X, et al. Progress on the relationship between miR-125 family and tumorigenesis [J]. Exp Cell Res, 2015, 339(2):252-260.
- [17] Zhou S, Yu L, Xiong M, et al. LncRNA SNHG12 promotes tumorigenesis and metastasis in osteosarcoma by upregulating Notch2 by sponging miR-195-5p [J]. Biochem Biophys Res Commun, 2018, 459 (2):1822-1832.
- [18] Jin XJ, Chen X J, Zhang ZF, et al. Long noncoding RNA SNHG12 promotes the progression of cervical cancer via modulating miR-125b/STAT3 axis[J]. J Cell Physiol, 2019, 234(5):6624-6632.
- [19] Wang Y , Zhang X , Zou C , et al. miR-195 inhibits tumor growth and angiogenesis through modulating IRS1 in breast cancer [J] . Biomed Pharmacother , 2016 , 80 : 95-101.
- [20] Lo E, Dalkara T, Moskowitz M. Mechanisms, challenges and opportunities in stroke [J]. Nat Rev Neurosci, 2003, 4 (5):399-415.
- [21] Sandoval K , Witt K . Blood-brain barrier tight junction permeability and ischemic stroke [J] . Neurobiol Dis , 2008 , 32 (2): 200-219 .
- [22] Brouns R , De Deyn P . The complexity of neurobiological processes in acute ischemic stroke [J] . Clin Neurol Neurosurg , 2009 , 111 (6) : 483-495 .
- [23] Lakhan SE, Kirchgessner A, Hofer M. Inflammatory mechanisms in ischemic stroke; therapeutic approaches [J]. J
 Transl Med, 2009, 7:97.
- [24] Wu Z , Wu P , Zuo X , et al. LncRNA-N1LR enhances neuroprotection against ischemic stroke probably by inhibiting p53 phosphorylation. Mol Neurobiol , 2016 , 54 (10) : 7670-7685.
- [25] Chen S, Wang M, Yang H, et al. LncRNA TUG1 sponges microRNA-9 to promote neurons apoptosis by up-regulated Bcl2ll1 under ischemia [J]. Biochem Bioph Res Commun 2017,485(1):167-173.

- [26] Mehta SL, Kim T, Vemuganti R. Long noncoding RNA Fos-DT promotes ischemic brain injury by interacting with RESTassociated chromatin-modifying proteins [J]. J Neurosci, 2015, 35 (50):16443-16449.
- [27] Long FQ, Su QJ, Zhou JX, et al. LncRNA SNHG12 ameliorates brain microvascular endothelial cell injury by targeting miR-199a [J]. Neural Regen Res, 2018, 13 (11): 1919-1926.
- [28] Zhang J, Yuan L, Zhang X, et al. Altered long non-coding RNA transcriptomic profifiles in brain microvascular endothelium after cerebral ischemia [J]. Exp Neurol, 2016, 277: 162-170.
- [29] Dong F, Yao R, Yu H, et al. Neuroprotection of ro25-6981 against ischemia/reperfusion-induced brain injury via inhibition of autophagy [J]. Cell Mol Neurobiol, 2017, 37 (4):743-752.
- [30] Xu F, Li J, Ni W, et al. Peroxisome proliferator-activated receptor-γ agonist 15d-prostaglandin J2 mediates neuronal autophagy after cerebral ischemia-reperfusion injury [J]. PLoS One, 2013, 8(1):e55080.
- [31] Wen YD, Sheng R, Zhang LS, et al. Neuronal injury in rat model of permanent focal cerebral ischemia is associated with activation of autophagic and lysosomal pathways [J]. Autophagy, 2008, 4(6):762-769.
- [32] Wang P, Guan YF, Du H, et al. Induction of autophagy contributes to the neuroprotection of nicotinamide phosphoribosyltransfer ase in cerebral ischemia [J]. Autophagy, 2012, 8 (1):77-87.
- [33] Su J, Zhang T, Wang K. et al. Autophagy activation con-

- tributes to the neuroprotection of remote ischemic perconditioning against focal cerebral ischemia in rats $[\ J\]$. Neurochem. Res , 2014,39(11):2068-2077.
- [34] Li H, Gao A, Feng D, et al. Evaluation of the protective potential of brain microvascular endothelial cell autophagy on blood-brain barrier integrity during experimental cerebral ischemia-reperfusion injury [J]. Transl Stroke Res, 2014, 5 (5):618-626.
- [35] Yao XX, Yao R, Huang FZ, et al. LncRNA SNHG12 as a potent autophagy inducer exerts neuroprotective effects against cerebral ischemia/reperfusion injury [J]. Biochem Biophys Res Commun, 2019, 514(2): 490-496.
- [36] Ma X , Liu L , Li KD , et al. Human mesenchymal stem cells increases expression of α -tubulin and angiopoietin 1 and 2 in focal cerebral ischemia and reperfusion [J] . Curr Neurovasc Res , 2013 , 10 (2) :103-111.
- [37] Xin H, Li Y, Cui Y, et al. Systemic administration of exosomes released from mesenchymal stromal cells promote functional recovery and neurovascular plasticity after stroke in rats [J]. J Cereb Blood Flow Metab, 2013, 33, (11):1711-1715.
- [38] Liu K, Ji K, Guo L, et al. Mesenchymal stem cells rescue injured endothelial cells in an in vitro ischemia-reperfusion model via tunneling nanotube like structure-mediated mitochondrial transfer [J]. Microvasc Res, 2014, 92:10-18.
- [39] Li Y, Guo S, Liu W, et al. Silencing of SNHG12 Enhanced the Effectiveness of MSCs in Alleviating Ischemia/Reperfusion Injuries via the PI3 K/AKT/mTOR Signaling Pathway [J]. Front Neurosci, 2019, 13:645.