二甲双胍通过调节 PPARγ 介导的脂肪酸代谢抑制 结直肠癌的肿瘤转移

谢远萍

(深圳市龙华区中心医院 药学部,广东 深圳 518100)

【摘 要】目的探讨二甲双胍(MET)通过调节过氧化物酶体增殖物激活受体 γ (PPAR γ)介导的脂肪酸代谢 抑制结直肠癌(CRC)的肿瘤转移。方法人CRC细胞系LoVo用75和150µM的MET处理细胞48h,作为MET 低剂量组和MET高剂量组,溶媒水作为对照组。对于拯救实验,MET+GW9662组细胞用PPAR γ 拮抗剂GW9662 持续处理24h,再用150µMMET处理48h。通过试剂盒测定游离脂肪酸(FFA)、ATP和NADPH水平,和克隆形 成试验、伤口愈合试验、Transwell侵袭试验检测细胞存活、迁移和侵袭。免疫印迹分析MET对FAO相关蛋白 (CPT1A、PPAR α 、PPAR γ)表达影响。通过皮下移植LoVo细胞建立了一个皮下异种移植小鼠模型,以进一步评估 MET对CRC细胞体内生长的影响。结果与对照组相比,MET低剂量组和MET高剂量组中FFA、ATP和NADPH 水平显著降低,差异有统计学意义(P<0.05),而NADP+NADPH比率显著增加,差异有统计学意义(P<0.05)。MET 低剂量组和MET高剂量组的细胞克隆数、迁移率和侵袭细胞数显著低于对照组,差异有统计学意义(P<0.05)。在经 MET处理的LoVo细胞中,PPAR γ 在蛋白水平上的表达有强烈的上调,差异有统计学意义(P<0.05)。ELISA分析显 示,与对照组相比,高剂量组LoVo细胞中 PPAR γ DNA结合活性增加,差异有统计学意义(P<0.05)。与MET组 相比,MET+GW9662组细胞克隆数(32.5±3.0 vs. 94.6±4.2)、迁移(39.5±4.2% vs. 77.5±3.3%)、侵袭(113.5±11.4 vs. 249.8±23.6)显著增加,差异有统计学意义(P<0.05)。体内分析显示,与对照组相比,MET组显著抑制肿瘤生 长(P<0.001),并且肿瘤组织中PPAR γ 蛋白表达显著增加,差异有统计学意义(P<0.05)。5 给MET通过调节 PPAR γ 介导的脂肪酸代谢抑制CRC的肿瘤转移。

【关键词】二甲双胍;过氧化物酶体增殖物激活受体γ;结直肠癌;转移 中图分类号: R735.3 文献标识码: B 文章编号:2095-512X(2023)04-0392-06

结直肠癌(colorectal cancer, CRC)作为全球常 见的恶性肿瘤之一,在发病率和病死率方面排名第 二和第三^{III}。近年来,CRC的发病率逐年增加,尤其 是在50岁以下的年轻人中四。因此,进一步揭示 CRC发生发展的发病机制和关键因素变得越来越 重要。能量代谢的重新编程被认为是癌症的标 志^[2]。研究表明^[3],脂质代谢的改变与CRC的发生有 关。一项代谢组学图谱分析显示,可能存在活性脂 肪酸β-氧化促进CRC的发展[™]。最近的研究强调 了脂肪酸氧化(fatty acid oxidation, FAO)在提供三磷 酸腺苷(adenosine triphosphate, ATP)、烟酰胺腺嘌呤 二核苷酸磷酸 (nicotinamide adenine dinucleotide phosphate,NADPH)和癌细胞中其他重要合成代谢 物质方面的关键作用题。过氧化物酶体增殖物激活 受体 (peroxisome proliferator- activated receptors, PPARs)是FAO最重要的调节因子,由三种亚型 PPARα、PPARβ/δ和PPARγ组成。其中,PPARγ调 节基因表达和与脂质代谢相关的生物过程,对调节 FAO至关重要⁽⁶⁾。二甲双胍(metformin,MET)作为 治疗2型糖尿病的一线药物,近年来研究发现其具 有抗肿瘤的功效⁽⁷⁾。值得注意的是,脂肪酸转运到 线粒体进行后续β-氧化的部分过程存在MET的抑 制位点⁽⁷⁾。然而,目前尚不清楚MET是否通过调节 脂肪酸代谢参与CRC的迁移和侵袭。在本研究中, 我们探讨了MET在体外和体内对LoVo结肠癌细胞 的作用,并讨论了PPARγ介导的脂肪酸代谢是否与 MET作用机制有关。

- 1 材料与方法
- 1.1 CRC细胞系

人CRC细胞系LoVo购自中国科学院上海生物

作者简介:谢远萍(1986一),女,本科,主管药师。研究方向:高警示药品。E-mail:descent1995@163.com

收稿日期:2022-11-11;修回日期:2023-04-25

科学研究所。LoVo细胞维持在补充有10%胎牛血 清(FBS)的RPMI-1640培养基(美国Gibco公司)中, 培养在37℃的湿润环境中。

1.2 MET治疗的MTT分析

将 3000 个 LoVo 细胞移液到 96 孔板中生长 24 h, 然后用不同浓度 MET(美国 Sigma-Aldrich 公司,0 µM、 25 µM、50 µM、75 µM、100 µM、150 µM 和 200 µM, 在纯水中稀释)处理 24 h、48 h、72 h。在每个孔中加 入 20 µL MTT 后,在 37 ℃下孵育 4 h,弃培养基并将 沉淀物溶解在 150 µL DMSO 中,通过酶标仪(美国 Molecular Devices 公司)检测 490 nm 处的吸光度。

对于拯救实验中PPARγ拮抗剂的预处理,LoVo 细胞首先孵育24h,然后用PPARγ拮抗剂GW9662 (美国Sigma-Aldrich公司,终浓度为40μM,在DMSO 中稀释),持续处理24h。接下来,将细胞用150μM MET再处理48h,然后收集细胞用于以下实验。

1.3 游离脂肪酸、ATP和NADPH测定

通过游离脂肪酸定量试剂盒(美国 Sigma-Aldrich 公司)测定细胞的游离脂肪酸(free fatty acid, FFA)水平。分别使用 ATP 测定试剂盒(上海 Beyotime 公司)和 NADP/NADPH 定量比色试剂盒[安诺 伦(北京)生物科技有限公司]测定细胞的 ATP 和 NADPH水平。

1.4 气相色谱-火焰离子化检测脂肪酸

细胞样品分别用5%浓硫酸甲醇和0.2%丁基化 羟基甲苯甲醇在冰水浴中超声15 min进行匀浆。 混合后,在90~95℃的恒温水浴中提取1.5 h,冷却 至室温,加入饱和NaCl和正己烷涡旋1 min。然后进行 以下步骤:在4℃和3500 rpm下离心5 min,将上清液 转移到新的离心管中,并与十九烷酸甲酯涡旋10 s。 然后用Agilent DB-225毛细管柱(10 m × 0.1 mm内 径,0.1 m膜厚度)在7890A GC-5975C FID气相色谱 仪(美国安捷伦公司)上鉴定和定量脂肪酸。载气 为氦气。柱的初始温度设定为50℃,然后以30℃/min 的速率升至205℃,保持1 min,再次升至230℃,然 后保持恒温。入口和FID温度为250℃,分流比为 1:15。

1.5 细胞克隆存活试验

将总共800个LoVo细胞/孔加到六孔板中,生长 7~10d以形成集落。除去培养基,用4%多聚甲醛溶 液固定细胞,然后用结晶紫染色30min,接着照相和 计数。

1.6 伤口愈合试验

细胞在六孔板中培养,用尖刮和PBS洗涤。加

人含有不同浓度的 MET 的培养基,通过显微镜在 0h和48h拍摄结果。对迁移率进行统计分析。

1.7 Transwell分析

将 200 µL 无血清培养基(含1 × 10⁵ LoVo 细胞)接种在预涂 ECM 基质凝胶溶液的上部 Transwell 室(美国 Corning公司)中,在下部室中含有 10% FBS 的 600 µL培养基以诱导细胞迁移。在 37 ℃下孵育 24 h后,用棉签擦去上室中的非跨膜细胞,用 PBS 轻 轻冲洗 Transwell 室并用 4%多聚甲醛固定 30 min,用 1%结晶紫染色膜底部的细胞,然后通过显微镜对侵 袭的细胞进行拍照和计数。

1.8 蛋白质分析

LoVo细胞或肿瘤组织在包括蛋白酶抑制剂 (Sigma-Aldrich)和磷酸酶抑制剂的RIPA缓冲液中 被裂解并在冰上超声处理约30min。然后在 12000×g下离心10~15min后,收集上清液。蛋白 质用7.5%~12.5%的SDS/PAGE凝胶分离,并转移到 PVDF膜(美国Millipore公司)上,然后用5%的无脂 牛奶(美国BD Biosciences公司)阻断,将膜与针对 CPT1A(1:1000)、PPARa(1:500)、PPARγ(1:1000) 和GAPDH(1:2000,均购自英国Abcam公司)一抗在 4℃下孵育过夜。在室温下将印迹在辣根过氧化物 酶偶联的兔IgG(1:5000;美国Proteintech公司)二抗 中孵育2h。通过ECL试剂盒[安诺伦(北京)生物科 技有限公司]的化学发光试剂对膜进行显影并用 VersaDoc 4000MP系统(美国Bio-Rad公司)可视化。 1.9 酶联免疫吸附试验

根据制造商的说明,使用PPARγ转录因子检测 试剂盒(美国 Thermo Scientific 公司)独立检测 PPARγ DNA结合活性。使用核和细胞质提取试剂 从LoVo细胞中制备核部分。然后,根据说明书进行 一级和二级抗体的耦合。用酶标仪检测450 nm 处 的吸光度。

1.10 小鼠异种移植研究

BALB/c 裸鼠(雄性;年龄范围4~6周)购自上海 SLAC实验动物有限公司。将小鼠饲养在标准的无 病原体环境中。将 BALB/c 裸鼠皮下注射悬浮在 200 μL磷酸盐缓冲盐水中的5×10⁶个LoVo细胞, 12 d后,将具有大约3 mm × 3 mm肿瘤的小鼠按随 机数表法分配到对照组和MET组(每组6只小鼠), 并开始治疗。对照组每隔一天腹膜内注射载体和 MET组每隔一天腹膜内MET(200 mg/kg)^[8],连续治 疗 42 d。定期监测小鼠,用数字游标卡尺测量皮下 肿瘤,计算肿瘤体积:肿瘤体积(mm³)=0.5×长× 宽²。治疗后6周,对小鼠实施安乐死并收集肿瘤。 用4%多聚甲醛固定肿瘤,用于进一步的苏木精-伊 红(H&E)染色和蛋白质分析。

1.11 数据处理

通过 SPSS 18.0 软件进行所有的统计学分析。 所有数据均以平均值±标准差(\bar{x} ±s)表示。细胞研 究的结果至少重复了3次,而动物实验每组至少有 6个重复。单向方差分析(ANOVA)和双尾 t 检验 用于评估亚组间差异的统计学意义。检验水准为 $\alpha = 0.05, P < 0.05$ 为差异具有统计学意义。

2 结果

2.1 MET抑制FAO,减少CRC细胞的增殖

用不同浓度(分别为0 μM、25 μM、50 μM、75 μM、 100 µM、150 µM、200 µM)的 MET 处理 LoVo 细胞 24 h、48 h、72 h, 发现 MET 可以以剂量依赖性方式 抑制LoVo细胞的活力(见图1A)。基于MTT测定, 在以下实验中,用75 μM和150 μM的MET处理细 胞48h,作为MET低剂量组和MET高剂量组,溶媒 水作为对照组。MET 治疗增加了 LoVo 细胞中的 FFA水平(见图1B)。与对照组相比,MET低剂量组 和 MET 高剂量组中 ATP 和 NADPH 水平显著降低, 差异有统计学意义(P < 0.05)(见图 1C、D),而 NADP+/NADPH比率显著增加,差异有统计学意义 (*P* < 0.05)(见图 1E)。克隆形成存活试验显示, MET低剂量组和MET高剂量组的细胞克隆数显著

低于对照组,差异有统计学意义(P<0.05)(见图1F)。 通过气相色谱-火焰离子化检测器(GC-FID)与脂 肪酸标准品进行比较,在经MET处理的LoVo细胞 中对脂肪酸组成进行定量分析(见表1)。三组的 脂肪酸变化存在显著差异,与对照组相比,MET高剂 量组C16:0、C18:0、C18:2n6t、C20:2和C20:3n3显著 增加,差异有统计学意义(P<0.05),和C12:0和C20: 4n6显著降低,差异有统计学意义(P<0.05)。



图1 MET抑制FAO减少LoVo细胞的增殖 A、使用 MTT 测定不同浓度 MET 处理的细胞的存活力;B、 MET导致LoVo细胞中的FFA水平升高;C-E、LoVo细胞中ATP(C)、 NADPH(D) 和 NADP+/NADPH 比值(E); F、通过克隆形成试验检测 MET对细胞存活的影响。与对照组相比,*P < 0.05、***P < 0.001。

表1 通过GL-+1D检测脂肪酸含量的变化(X±S)							
组别	脂肪酸(µg/mg细胞)						
	C12:0	C16:0	C18:0	C18:2n6t	C20:0	C20:3n3	C20:4n6
对照组	0.22 ± 0.02	15.42 ± 0.84	14.06 ± 0.77	0.58 ± 0.05	0.41 ± 0.03	0.72 ± 0.04	1.82 ± 0.11
MET低剂量组	$0.06 \pm 0.01^{**}$	17.73 ± 1.56	18.51 ± 1.22	0.96 ± 0.11	$0.82 \pm 0.08^{*}$	0.93 ± 0.15	1.44 ± 0.09
MET高剂量组	$0.05 \pm 0.01^{**}$	$23.46 \pm 1.13^{*}$	$24.82 \pm 1.15^{*}$	$1.28 \pm 0.10^{*}$	$1.04 \pm 0.12^{**}$	$1.13 \pm 0.10^{*}$	1.35 ± 0.08
F	8.742	3.716	3.809	3.506	7.536	3.277	5.462

0.038

0.033

MET抑制LoVo细胞迁移、侵袭 2.2

< 0.001

P

通过伤口愈合和 Transwell 迁移试验检测细胞 迁移、侵袭。 孵育48h后,在LoVo细胞中计算伤口 愈合的迁移率(见图2A),发现MET低剂量组(50.2± 5.5%)和MET高剂量组(37.4±4.2%)的迁移率显著 低于对照组(68.5±6.2%),差异有统计学意义(P<0.05)。 Transwell 侵袭试验表明(见图 2B), MET 低剂量组 (213.8 ± 22.7)和 MET 高剂量组(107.5 ± 10.8)的侵 袭细胞数显著低于对照组(326.3 ± 34.6),差异有统 计学意义(P<0.05)。

0.036

2.3 PPARy拮抗剂挽救了MET诱导的细胞克隆 数、迁移和侵袭

0.041

0.001

< 0.001

接下来,研究考察了MET是否改变了LoVo细 胞中FAO相关蛋白表达。我们没有观察到CPT1A、 PPARα 在蛋白质水平上的显著变化。在经 MET 处 理的LoVo细胞中, PPARy在蛋白水平上的表达有 强烈的上调(见图 3A)。ELISA 分析显示,与对照组 相比,高剂量组LoVo细胞中PPARy DNA结合活性 增加(见图3B)。为了进一步确认MET是否通过PPARy 抑制细胞克隆、迁移、侵袭,我们采用PPARy拮抗剂 GW9662 阻断了 PPARγ活性。与MET组相比, MET+GW9662 组细胞克隆数(32.5±3.0 vs. 94.6± 4.2)、迁移(39.5±4.2% vs. 77.5±3.3%)、侵袭 (113.5±11.4 vs. 249.8±23.6)显著增加,差异有统 计学意义(P<0.05)(见图3C-E)。







图 3 PPARγ拮抗剂 GW9662 挽救了 MET 诱导的细胞克隆数、 迁移和侵袭

A、免疫印迹分析 MET 对 FAO 相关蛋白(CPT1A、PPARa、 PPARy)表达影响; B、ELISA分析 PPARy DNA结合活性; C、通过 克隆形成试验检测 GW9662 挽救 MET 对细胞存活的影响; D、通 过伤口愈合试验检测 GW9662 挽救 MET 对细胞迁移的影响; E、 通过 Transwell 侵袭试验检测 GW9662 挽救 MET 对细胞侵袭的影 响。与对照组相比, *P < 0.05、**P < 0.01。

2.4 MET抑制CRC细胞的体内生长

通过皮下移植 LoVo 细胞建立了一个皮下异种 移植小鼠模型,以进一步评估 MET 对 CRC 细胞体内 生长的影响。结果表明,与对照组相比,MET 组显著 抑制肿瘤生长,差异有统计学意义(P<0.05)(见图 4A)。H&E 染色观察肿瘤切片的组织学变化。对照 组肿瘤组织结构清晰,细胞排列整齐,出现核裂变。 相反,在MET组中明显检测到组织结构和细胞排列紊 乱以及核固缩(见图4B)。此外,免疫印迹显示,MET 组肿瘤组织中PPARγ蛋白表达较对照组显著增加, 差异有统计学意义(P<0.05)(见图4C)。



图4 MET抑制 CRC 细胞的体内生长(n = 6) A、BALB/c 裸鼠皮下注射 LOVo 细胞,使其生长6周。然后 每隔一天腹膜内注射 MET 和载体。6周后,从小鼠身上解剖 肿瘤组织(左)和肿瘤生长曲线(右);B、H&E 染色的肿瘤组织 的组织学检查;C、免疫印迹分析 MET 对 PPARy表达的代表性图 像(左)和定量分析(右)。与对照组相比,*P <0.05、***P <0.001。

3 讨论

重新编程能量代谢被认为是癌症的标志^四。 Ganapathy等¹⁰指出,癌细胞转向有氧糖酵解而不是 氧化磷酸化来维持能量供应。然而,最近的研究表 明[4.5],其他底物如谷氨酰胺和脂肪酸对癌细胞存活 也至关重要。乳腺癌表现出葡萄糖利用率低和脂 肪酸摄取率高^{10]}。此外,B细胞淋巴瘤和恶性神经 胶质瘤的生长和存活高度依赖 FAO^{III}。目前还不清 楚 FAO 是否参与了 CRC 的发展。相关代谢组学分 析和研究¹⁵表明,脂肪酸代谢失调有望用于CRC的 治疗和诊断。因此,在此基础上,我们假设FAO与 CRC密切相关。MET是FAO的抑制剂,长期以来被 开发用于治疗心脏病和糖尿病®。相关研究凹报告 称,MET对CPT1A表达有影响。然而,在本研究中, 我们没有在CRC细胞中发现CPT1A在蛋白水平的 表达有显著变化,这可能是因为酶活性抑制,而不 是MET的转录调节。尽管最近一些研究确定了 MET的脱靶效应^[13],但我们仍然可以在研究中观察 到MET对FAO的抑制作用,包括MET组细胞中FFA 水平增加以及 ATP、NADPH水平降低。此外, MET 可以抑制长链脂肪酸转运到线粒体进行β-氧化,从 而增加长链脂肪酸的水平。我们还观察到C12:0显 著降低,这可能是长链FAO抑制的补偿性结果。

研究¹⁴¹表明,抑制FAO通过减少ATP可以抑制 肿瘤细胞增殖。Panina等¹⁴⁴报告称,对CPT1A进行 药物抑制可能会损害急性髓性白血病的细胞增 殖。我们的结果表明,MET通过抑制FAO可以抑制 LoVo细胞在体外和体内的生长、转移。此外,研究 报告¹¹⁵¹称,FAO激活是肿瘤细胞产生耐药性的重要 机制。Galicia等¹¹⁵¹报告称,慢性淋巴细胞白血病的 伊布替尼耐药细胞对FAO表现出代谢重构,通过抑 制FAO可以使耐药细胞重新敏感。化疗药物是 CRC的重要辅助治疗方法,但是CRC的5年复发率 仍然较高¹¹¹。因此,MET与化疗药物组合可能有助 于改善CRC患者预后。然而,本研究还没有检测 MET与化疗药物组合对CRC细胞的抑制作用,我们 拟在未来的研究中对二者合用效果进行考察。

代谢核转录因子PPARy在CRC的细胞脂质和 葡萄糖代谢中起着关键作用,并介导CRC中的几种 抗肿瘤机制^{116]}。PPARy被认为是一种肿瘤抑制因 子,可作为CRC惰性亚群的标志。一些研究发现, 在癌症恶病质的过程中,内脏脂肪组织中PPARγ的 mRNA 和蛋白水平显著降低,证明脂质代谢中PPARy 信号通路的紊乱加重了恶病质的发展¹⁰¹。此外,最 近的数据显示^[18,19], PPARy在荷瘤小鼠骨骼肌中的 表达水平显著降低,表明它参与了肌肉萎缩的过 程。在这项研究中,我们注意到在经MET处理的 LoVo细胞中, PPARy上调。此外, 在用 MET 处理 LoVo细胞后, PPARy的蛋白水平上调,并且PPARy 的DNA结合活性也显著增加。因此,我们用PPARy 拮抗剂 GW9662 预处理细胞,发现 GW9662 可以挽 救由 MET 诱导的细胞克隆数、迁移和侵袭抑制。我 们认为MET通过介导PPARy上调可作为CRC防治 的一个有希望的药物。

总之,我们的结果表明,MET抑制FAO可以通 过PPARγ介导的脂肪酸代谢途径抑制CRC细胞增 殖、迁移和侵袭。

参考文献

- [1]田传鑫,赵磊.结直肠癌及结直肠癌肝转移流行病学特点[J]. 中华肿瘤防治杂志,2021,28(13):1033-1038
- [2]Hanahan D. Hallmarks of cancer: new dimensions[J]. Cancer Discov, 2022, 12(1):31-46
- [3]Fuhr L, El AR, Scrima R, et al. The circadian clock regulates metabolic phenotype rewiring via HKDC1 and modulates tumor progression and drug response in colorectal cancer[J].

EBioMedicine, 2018, 33: 105-121

- [4]Chen H,Zheng X,Zong X, et al. Metabolic syndrome, metabolic comorbid conditions and risk of early-onset colorectal cancer [J]. Gut, 2021,70(6): 1147-1154
- [5]高嘉敏, 冯群, 许晓燕, 等. 结直肠癌抗代谢药物及其代谢靶点研究进展[J]. 中国新药与临床杂志, 2020, 39(4): 134-140
- [6]Li D, Feng Y, Tian M, et al. Gut microbiota-derived inosine from dietary barley leaf supplementation attenuates colitis through PPARγ signaling activation[J]. Microbiome, 2021,9(1): 83
- [7]Kamarudin MNA, Sarker M, Rahman M, et al. Metformin in colorectal cancer: molecular mechanism, preclinical and clinical aspects[J]. J Exp Clin Cancer Res, 2019, 38(1): 491
- [8]Xia C, Liu C, He Z, et al. Metformin inhibits cervical cancer cell proliferation by modulating PI3K/Akt-induced major histocompatibility complex class I-related chain A gene expression [J]. J Exp Clin Cancer Res, 2020, 39(1): 127
- [9]Ganapathy KS. Molecular intricacies of aerobic glycolysis in cancer: current insights into the classic metabolic phenotype[J]. Crit Rev Biochem Mol Biol, 2018,53(6): 667–682
- [10]Keating E, Martel F. Antimetabolic effects of polyphenols in breast cancer cells: Focus on glucose uptake and metabolism[J]. Front Nutr, 2018,5: 25
- [11]Peeters R, Cuenca EJ, Zaal EA, et al. Fatty acid metabolism in aggressive B- cell lymphoma is inhibited by tetraspanin CD37[J]. Nat Commun, 2022, 13(1): 5371
- [12]Yuan T, Li J, Zhao WG, et al. Effects of metformin on metabolism of white and brown adipose tissue in obese C57BL/ 6J mice[J]. Diabetol Metab Syndr, 2019, 11(1): 96
- [13] ÖzdemIr A, Ark M. A novel ROCK inhibitor: off-target effects of metformin[J]. Turk J Biol, 2021, 45(1): 35-45
- [14]Panina SB, Pei J, Kirienko NV. Mitochondrial metabolism as a target for acute myeloid leukemia treatment[J]. Cancer Metab, 2021, 9(1):17
- [15]Galicia VZG, Aloyz R. Ibrutinib resistance is reduced by an inhibitor of fatty acid oxidation in primary CLL lymphocytes[J]. Front Oncol, 2018,8: 411
- [17]Zhang Y, Zhang Y, Li Y, et al. Preclinical investigation of alpinetin in the treatment of cancer-induced cachexia via activating PPARy[J]. Front Pharmacol, 2021, 12: 687491
- [18]Hajipour M, Mokhtari K, Mahdevar M, et al. Identification of a novel interplaying loop of PPARγ and respective lncRNAs are involved in colorectal cancer progress[J]. Int J Biol Macromol, 2022, 219: 779–787
- [19]Boeing T, Speca S, Souza P, et al. The PPARγ–dependent effect of flavonoid luteolin against damage induced by the chemotherapeutic irinotecan in human intestinal cells[J]. Chem Biol Interact, 2022,351: 109712