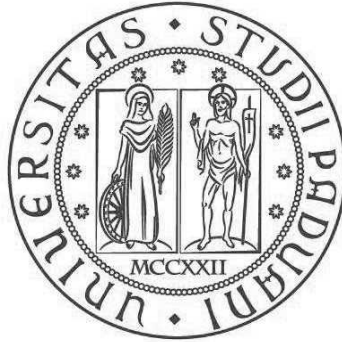


UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI PADOVA

DIPARTIMENTO DI BIOLOGIA

Corso di Laurea in Biologia Molecolare



ELABORATO DI LAUREA

**TNF-alfa induce la transizione endotelio-
mesenchimale promuovendo lo sviluppo dello
stroma nell'adenocarcinoma pancreatico**

**Tutor: Prof. Luigi Leanza
Dipartimento di Biologia**

Co-tutor: Dott.ssa Valentina Brillo

Laureando: Riccardo Pegoraro

ANNO ACCADEMICO 2021/2022

Indice

	Pag.
Abstract	1
1. Introduzione	3
1.1 Adenocarcinoma del dotto pancreatico	3
1.2. Lo stroma nel PDAC	3
1.2.1. Matrice extracellulare (ECM)	4
1.2.2. Vascolarizzazione dell'ambiente tumorale	4
1.2.3. CAF	4
1.3. La transizione endotelio-mesenchimale (EndMT)	5
1.4. TNF- α e pathway di signaling	6
2. Materiali e Metodi	9
2.1. Linee cellulari	9
2.2. Western blot	9
2.3. Real-time PCR	10
2.4. Saggio di tubulogenesi	10
2.5. Saggio di migrazione cellulare	11
2.6. RNA interference	11
2.7. Sovra-espressione di TIE-1	11
2.8. Co-immunoprecipitazione	12
3. Risultati	13
3.1. TNF- α induce l'EndMT	13
3.2. L'EndMT è mediato dai fattori di trascrizione della famiglia SNAIL e ZEB	15
3.3. La riduzione del recettore TIE1 è responsabile della transizione	16
3.4. Capacità secretorie dopo trattamento con TNF- α	18
3.5. L'EndMT indotto da TNF- α è reversibile	19
4. Discussione	21
5. Bibliografia	23
Appendice	25

Abstract

L'adenocarcinoma del dotto pancreatico (PDAC) è un tipo di tumore al pancreas con elevato tasso di mortalità e per il quale non sono stati ancora approvati efficaci trattamenti terapeutici. Questo si presenta con uno stroma molto denso caratterizzato dalla presenza di fibroblasti (CAF), periciti, cellule del sistema immunitario e proteine della matrice extracellulare (ECM). Tutti questi elementi giocano un ruolo fondamentale nella comunicazione con le cellule le tumorali, nell'espansione e metastasi tumorale. Nel lavoro da me analizzato si dimostra come fattore di necrosi tumorale (TNF- α) sia in grado di indurre una transizione endotelio-mesenchimale (EndMT). Questa è probabilmente responsabile dell'abbondanza di CAF che si ritrovano nel microambiente tumorale (TME). Si sono poi indagati i pathway che inducono l'EndMT e i fattori di trascrizione coinvolti (FT). La down regolazione del recettore endoteliale TIE1 indotta dal TNF- α è sicuramente coinvolta nel processo perché la sua sovra espressione previene parzialmente questa transizione, ipotizzando quindi un modello d'azione del TNF- α in questo processo. La transizione può essere anche invertita, caratteristica sfruttabile per possibili strategie terapeutiche.

1. Introduzione

1.1 Adenocarcinoma del dotto pancreatico

Tra i vari tipi di tumore al pancreas l'adenocarcinoma del dotto pancreatico (PDAC) è il più frequente in quanto rappresenta il 90% di tutti i casi di tumore a questo organo. Possiamo dividere i tumori al pancreas in due categorie, neuroendocrini ed esocrini. I tumori neuroendocrini iniziano a svilupparsi dalle cellule che producono ormoni che sono situate nelle isole di Langerhans; mentre quelli esocrini si sviluppano a partire dalle cellule che producono gli enzimi digestivi. Il PDAC è un tipo di tumore esocrino che si sviluppa a partire dalle cellule epiteliali dei dotti pancreatici, cioè quei dotti deputati al trasporto degli enzimi digestivi e del bicarbonato al di fuori dell'organo. Il 60-70% parte dalla testa del pancreas. Esso si presenta con abbondante stroma e capacità di invasione metastatica. Il tasso di sopravvivenza a 5 anni varia tra il 2 e il 10% in base alla regione del mondo considerata, un tasso più alto nei paesi occidentali ma in aumento generale. Per assicurare un'efficace prognosi è necessario identificare il tumore negli stadi precoci o quando si presenta ancora in forme non maligne; tuttavia, non esistono ancora dei test di screening efficaci. La rimozione chirurgica è la migliore strategia che può essere però adottata se non siamo in presenza di stadi avanzati. Purtroppo, nell'80% dei pazienti si ritrova uno stadio avanzato con anche metastasi, per cui non operabile; in questi casi si adotta una strategia a base di chemioterapici come la gemcitabina e il 5-fluorouracile. Questi trattamenti di chemioterapia risultano spesso inefficaci, si rende quindi necessario lo sviluppo di nuove terapie e nuovi target terapeutici. Il PDAC si sviluppa a partire dal tessuto normale attraverso un accumulo di progressive mutazioni a geni specifici come KRAS, CDKN2A, SMAD4 e TP53. Infatti, esso si sviluppa da lesioni precancerose non invasive, come la neoplasia intraepiteliale pancreaticata (PanIN), che acquisiscono poi la capacità invasiva fino a divenire PDAC. Oltre alle cellule cancerose si ritrova uno stroma denso, il quale è stato visto giocare un ruolo essenziale nell'espansione e metastasi [1].

1.2. Lo stroma nel PDAC

Le cellule tumorali sono in grado di dirottare l'espressione genica delle cellule circostanti, attivando alcune vie di segnale in modo aberrante e andando a creare uno specifico microambiente tumorale (TME). Il tumore è in grado di fornire uno stimolo che è seguito da una reazione desmoplastica in cui il tessuto connettivo cresce riuscendo ad invadere i tessuti sani. I componenti principali di questo microambiente sono fibroblasti associati al cancro (CAF), cellule immunitarie, matrice extracellulare (ECM) e il sistema vascolare tumorale. I CAF sono cellule fusiformi di origine mesenchimale che mancano di marker delle cellule epiteliali ed endoteliali come CD31 e sono i componenti cellulari non neoplastici più rappresentati. Essi sono in grado di produrre e secernere i componenti della matrice extracellulare come collagene, proteoglicani, enzimi proteolitici e fattori di crescita ma anche citochine come il TGF- β e l'IL-6.

Tutte queste componenti hanno un ruolo attivo nel determinare l'andamento del tumore e possono di conseguenza essere dei target terapeutici.

1.2.1. Matrice extracellulare (ECM)

L'ECM è ricca di collagene tipo I, III e IV, acido ialuronico e anche fibronectina.

Si è visto come i recettori transmembrana della famiglia delle integrine presenti sulle cellule tumorali prendano contatto con questi componenti della ECM senza i quali risultano inefficaci nella migrazione e invasione dei tessuti sani. L'ECM fornisce anche energia alle cellule tumorali; infatti, le cellule tumorali del PDAC sono in grado di catabolizzare il collagene per ricavarne prolina, la quale viene convertita in glutammina dalla prolina deidrogenasi 1 (PRODH1). La glutammina entra nel ciclo dell'acido citrico e fornisce così energia. La matrice extracellulare, insieme alla ipovascolarizzazione, è anche responsabile dell'inefficace penetrazione dei chemioterapici nel tumore. Si pensa che ciò sia dovuto alla presenza dell'acido ialuronico che aumenta di 10 volte la pressione del liquido interstiziale nel TME rispetto a quello del pancreas normale. Questa pressione causa anche del collasso dei vasi. Esistono quindi strategie dirette alla modifica di questa ECM per renderla più permeabile ai chemioterapici come, per esempio, la degradazione dell'acido ialuronico tramite ialuronidasi.

1.2.2. Vascolarizzazione dell'ambiente tumorale

Il TME è caratterizzato da vasi con scarsa penetrazione nella massa tumorale che porta conseguentemente ad un ambiente ipossico e totalmente inefficiente nel trasporto di chemioterapici. Al contrario di altri tumori nessun approccio anti-angiogenesi sembra avere efficacia nel ridurre il tumore, anzi un ambiente ipossico è correlato ad una maggiore capacità di metastasi e resistenza generale del tumore alla chemioterapia. La strategia migliore sembra quella di ripristinare la normale struttura e funzionalità dei vasi, andando ad aumentare la copertura che offrono i periciti alle cellule endoteliali.

1.2.3. CAF

I CAF sono cellule con ruolo attivo in tutti i processi che riguardano il tumore; forniscono supporto strutturale e hanno la capacità di secernere fattori solubili e matrice extracellulare. Il risultato è quello di promuoverne la crescita. Questo ruolo è stato mostrato anche da esperimenti di co-iniezione di cellule tumorali insieme a precursori dei CAF in topi. Questi esperimenti hanno mostrato chiaramente un'espansione tumorale nelle cavie co-iniettate rispetto a quello che ricevevano soltanto le cellule tumorali. Per caratterizzarli possiamo dire che mancano di marcatori epiteliali (CD326) ed endoteliali (CD31), mentre hanno quelli specifici per le cellule mesenchimali actina alfa del muscolo liscio (α -SMA) e proteina S100-A4 (S100A4), hanno morfologia a spina di pesce e non presentano le mutazioni tipiche delle cellule tumorali.

I meccanismi attraverso cui i CAF favoriscono la crescita tumorale sono vari. In primis abbiamo la deposizione della matrice extracellulare (collagene, glicoproteine e proteoglicani) che fornisce un supporto metabolico, rende l'ambiente ipossico, fattore responsabile di una resistenza delle cellule tumorali ed inoltre costituisce una barriera al passaggio dei chemioterapici. La produzione

di metalloproteasi (MMP), enzimi proteolitici che richiedono uno ione zinco come cofattore, facilita l'invasione delle cellule portando a metastasi. Inoltre, rilasciano una serie di fattori di crescita e citochine come IL-6, TGF- β , fattore di crescita dei fibroblasti (FGF) e il fattore derivante dalle cellule stromali (CXCL12). Queste hanno un effetto di immunosoppressione verso i macrofagi, T regolatori e T CD8.

All'interno dei CAF è presente, tuttavia, una grande variabilità che riguarda la loro origine e la loro funzionalità.

Tramite colture tridimensionali *in vitro*, sono stati descritti due sottotipi di CAF in particolare, più uno scoperto invece recentemente, i quali hanno funzionalità diverse. Essi si ritrovano con posizioni spaziali diverse rispetto alle cellule tumorali. A ridosso delle cellule tumorali troviamo i CAF con fenotipo cosiddetto 'miofibroblasti' (myCAF) mentre più in periferia troviamo quelli con fenotipo pro-infiammatorio (iCAF).

L'origine dei CAF è molto eterogenea per quanto riguarda le cellule da cui si differenziano, necessitando quindi altrettanti meccanismi che portano all'acquisizione del fenotipo. Una fonte di CAF importante sono sicuramente i fibroblasti del tessuto residente, le cellule staminali mesenchimali (MSC) e gli adipociti. Un altro tipo cellulare che contribuisce al pool di CAF sono le cellule epiteliali ed endoteliali; queste possono andare incontro ad un processo denominato transizione epitelio-mesenchimale (EMT) o transizione endotelio-mesenchimale (EndMT). Nel caso del PDAC la maggior parte deriva dai fibroblasti residenti del tessuto interessato, che nel caso del pancreas sono le cellule stellate pancreatiche (PSC) che grazie ai segnali rilasciati dalle cellule tumorali diventano CAF. Si pensa che solo il 15% dei CAF presenti nel TME derivino dalle PSC, ad indicare che l'esistenza di altre fonti di CAF in questo tumore. Nell'articolo che io ho analizzato si è studiato come il TNF- α possa portare a transizione endotelio-mesenchimale generando quindi CAF nel TME. Si sono cercati anche i meccanismi con cui questa transizione avviene, proponendo un modello con cui esso potrebbe portare alla transizione [1,2].

1.3. La transizione endotelio-mesenchimale (EndMT)

Prima di poter studiare come il TNF- α possa indurre la transizione epitelio-mesenchimale bisogna capire come questa funzioni dal punto di vista biologico. È stato studiato estensivamente come l'EndMT sia un processo fondamentale nella formazione del cuore a livello embrionale tanto che la maggior parte delle conoscenze che si hanno derivano da questi studi. Tuttavia, si è compreso come sia coinvolto in diversi stati patologici come i tumori, dove fornisce una sorgente di CAF, o la fibrosi cardiaca.

L'EndMT è classificabile come un tipo particolare di transizione epitelio-mesenchimale (EMT) processo fondamentale che avviene durante l'embriogenesi per modellare l'embrione. L'EndMT coinvolge tutta la serie di eventi che porta le cellule endoteliali, che formano un foglietto organizzato a singolo strato che riveste l'interno dei vasi sanguigni, a perdere molte delle loro caratteristiche e adottarne di tipo mesenchimale. Durante questo processo le cellule vanno incontro a de-laminazione e acquisiscono un fenotipo

mesenchimale caratterizzato da perdita delle giunzioni cellulari, dei marker endoteliali tipici come CD31 e acquisto di quelli mesenchimali come l' α -SMA presente in fibroblasti con capacità contrattili. Anche l'EMT porta ad un risultato molto simile per quanto riguarda il fenotipo delle cellule mesenchimali, tuttavia esistono delle differenze chiave che permettono di distinguere i due processi, sia per quanto riguarda le cellule di partenza sia per i meccanismi di signaling che inducono la transizione. Vediamo come le cellule epiteliali presentino nelle giunzioni aderenti le E-caderine, mentre le cellule endoteliali presentino le VE-caderine e manchino anche della presenza dei desmosomi [3].

1.4. TNF- α e pathway di signaling

Il TNF- α è una citochina che può agire attivando diversi pathway di segnale all'interno delle cellule. Lo troviamo coinvolto nell'apoptosi, nella sopravvivenza cellulare, ma anche nelle reazioni immunitarie dove ha perlopiù attività pro-infiammatoria. Esso è prodotto principalmente da macrofagi attivati, linfociti T e cellule natural killer (NK), in misura minore da fibroblasti e cellule tumorali.

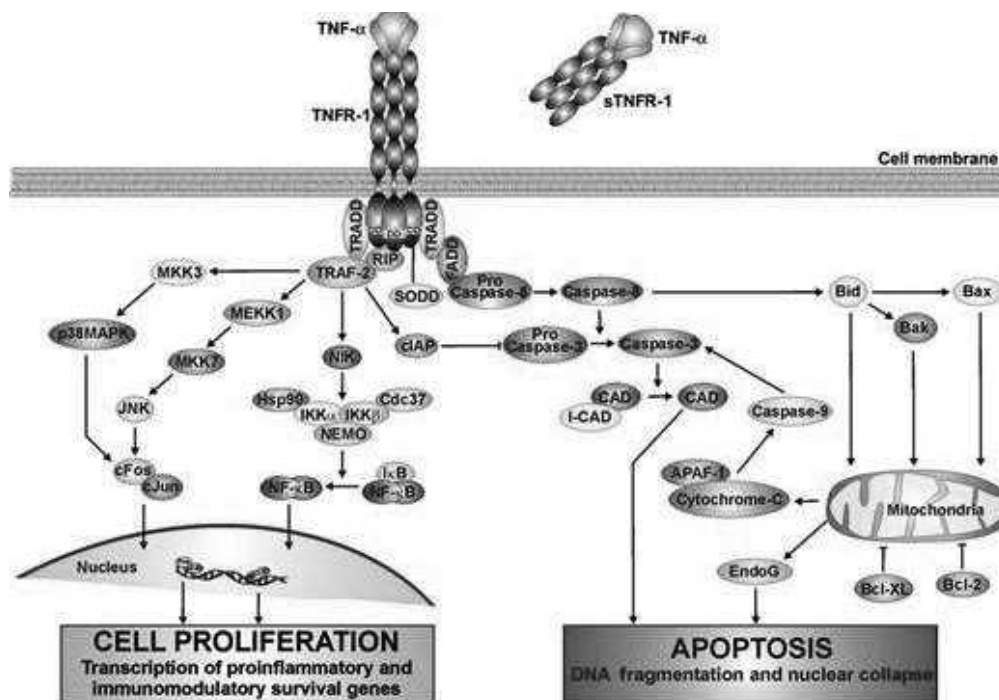


Figura 1. Pathway di segnale di TNFR-1. Il TNF- α può attivare sia il pathway così come quello di sopravvivenza cellulare attraverso l'interazione con TNFR-1. Rimane poco chiaro cosa faccia prevalere uno rispetto all'altro.

Agisce attraverso l'endotelio andando ad aumentare permeabilità e vasodilatazione; se presente in modo sistemico porta a calo della volemia e shock settico. Il TNF- α agisce attraverso due recettori che sono il recettore del TNF- α 1 (TNFR-1) e 2 (TNFR-2). Il secondo è quello presente esclusivamente nelle cellule immunitarie mentre il primo, pur avendo minore affinità, lo ritroviamo in tutti i tipi cellulari dove attiva diversi pathway. Il TNFR-1 è un

recettore con un ruolo doppio in quanto è in grado di attivare la morte cellulare attraverso l'apoptosi ma allo stesso tempo può attivare anche il pathway di sopravvivenza e proliferazione cellulare. Nonostante si conoscano molto bene i pathway attivati rimane poco chiaro cosa faccia prevalere uno o l'altro.

Vediamo quali sono i passaggi che avvengono quando TNF- α si lega al recettore. Questo trimerizza e nel momento in cui si lega il suo ligando viene rilasciato il silenziatore della morte cellulare (SODD). Quindi si associa al dominio di morte (DD) di TNFR-1 il dominio di morte associato a TNFR-1 (TRADD) che è importante per reclutare le proteine adattatrici RIP, TRAF-2 e FADD. A questo punto vengono attivate proteine diverse a seconda del pathway attivato; nel caso dell'apoptosi FADD attiva la pro-caspasi-8 che porta all'apoptosi. Mentre nel caso della sopravvivenza cellulare sono coinvolti TRAF-2 e RIP che attivano una serie di step di fosforilazione portando all'attivazione dei fattori di trascrizione NF- κ B e cFos/cJun che andranno ad attivare specifici geni (Figura 1) [4].

2. Materiali e Metodi

2.1. Linee cellulari

Negli esperimenti di questo lavoro sono state utilizzate principalmente le cellule endoteliali microvascolari umane (HMVEC). Questa linea è stata resa immortale grazie ad un editing genetico dell'enzima telomerasi umana che permette di prevenire la senescenza cellulare. La proteina ad attività catalitica telomerasica umana (hTERT) è stata inserita nella linea pHMVEC. Grazie alla produzione di vettori retrovirali contenenti il gene hTERT è stato possibile infettare queste cellule e trasdurre all'interno il gene. È stato dimostrato come questa linea mantenga i marker specifici delle cellule endoteliali e capacità di angiogenesi simili alle HMEC [5].

Per confermare i risultati e assicurarsi che questi siano dovuti alla natura endoteliale delle cellule sono stati eseguiti anche esperimenti in parallelo con le cellule endoteliali umane della vena ombelicale (HUVEC) questi hanno sempre mostrato risultati concordanti con quelli ottenuti con le HMVEC.

2.2. Western blot

Il Western blot è una tecnica che combinando l'elettroforesi proteica e l'immunochimica, permette di separare le proteine sulla base delle loro dimensioni e poi riconoscerle in modo specifico attraverso l'uso di anticorpi specifici. Tramite la rilevazione è possibile riconoscere la presenza della proteina di interesse e ottenere anche una quantificazione relativa confrontando il segnale ottenuto con una proteina di riferimento housekeeping. Infatti, l'interazione antigene-anticorpo sarà proporzionale alla quantità di proteina presente.

Prima di poter procedere con il Western blot, è necessario estrarre le proteine lisando le cellule tramite, per esempio, il RIPA buffer nel quale sono aggiunti degli inibitori di proteasi per non rovinare i campioni.

Viene poi eseguito un SDS-PAGE che è un tipo di corsa elettroforetica in condizioni denaturanti che consente la separazione delle proteine in base alle dimensioni. L'SDS è importante perché denatura le proteine linearizzandole e formando una sfera di solvatazione che mantiene la carica uniforme negativa tra le proteine. Si prosegue poi con il trasferimento delle proteine dal gel alla membrana di polivinilidifluoride (PVDF) grazie all'azione di un campo elettrico, si esegue il blocking della membrana per evitare legami aspecifici con la membrana con Tris-buffer salino a cui è aggiunto 0.5% di latte (o 1% di BSA) e 0.1% di Tween-20.

Quindi, viene eseguita l'incubazione con gli anticorpi primario e poi con il secondario. La rilevazione viene completata tramite l'attività della perossidasi associata all'anticorpo secondario che in presenza di luminolo e perossido di idrogeno è in grado di dare chemiluminescenza.

In questo lavoro questa è stata una tecnica fondamentale per poter ricercare e quantificare i marker molecolari cellulari e valutare se questi fossero tipici delle cellule endoteliali o mesenchimali. La quantificazione è stata eseguita con il

software ImageJ che permette di quantificare la densità di pixel nell'immagine di chemiluminescenza; infatti, il numero di pixel sarà proporzionale all'intensità del segnale.

2.3. Real-time PCR

La real-time PCR è una tecnica che deriva dalla normale PCR in cui si amplifica in modo specifico un template grazie alla capacità della DNA polimerasi di amplificare un filamento di DNA stampo e ad un breve innesco definito primer. Il processo di amplificazione prevede la reiterazione di tre step quali denaturazione, annealing dei primer ed estensione. L'utilizzo di due primer uno *forward* ed uno *reverse* permette che l'amplificazione sia esponenziale, ma la quantità di prodotto finale non è proporzionale alla quantità di template presente inizialmente a causa di componenti limitanti della reazione. Grazie alla real-time è invece possibile determinare il rapporto di quantità tra template differenti. Viene aggiunto un intercalante direttamente all'interno delle piastre in cui è svolto l'esperimento e viene quantificato ciclo per ciclo la quantità di amplicone generatosi che sarà proporzionale alla fluorescenza emessa dal fluoroforo. La rilevazione della fluorescenza è permessa dallo strumento che va a determinare il ciclo soglia (C_T) che corrisponde al ciclo di PCR al quale la fluorescenza diventa rilevabile allo strumento; tanto più template era presente inizialmente e tanto prima si raggiungerà il ciclo soglia.

Nel lavoro analizzato è stata utilizzata per valutare l'espressione genica di specifici geni e confrontare quindi le quantità relative di mRNA tra diverse condizioni di trattamento. Il protocollo prevede l'estrazione dell'RNA totale tramite il metodo del TRIzol, retrotrascrizione a cDNA tramite l'utilizzo di kit commerciali; il prodotto ottenuto può essere utilizzato come stampo per la real-time. Anche nel caso della real-time è necessario un gene di riferimento per poter confrontare la quantità relative tra campioni diversi, in questo caso si è utilizzata la TBP. Infatti, se confrontassi tra loro valori riferiti a campioni differenti potrei avere un errore dovuto a quantità di campione iniziale diverso, invece utilizzo un gene housekeeping, che si assume essere espresso sempre allo stesso livello, per normalizzare i risultati di espressione relativa ottenuti.

2.4. Saggio di tubulogenesi

Il saggio di tubulogenesi basato su membrana Matrigel permette di dare una misura quantitativa dell'angiogenesi *in vitro*, tramite la quantificazione della tubulizzazione delle cellule endoteliali. Queste cellule hanno la capacità di formare strutture simil-tubulari quando coltivate in una matrice ricavata da un estratto di membrana basale; al centro presentano un lume con intorno le cellule che sono mantenute assieme dai complessi giunzionali. Le cellule endoteliali sono state seminate in piastra da 96 pozzetti sopra ad una membrana di Matrigel. Questa membrana simula la membrana basale, ricca in laminina e collagene IV, permettendo alle cellule endoteliali che vengono poi seminate sopra di formare i tubuli. La soluzione di Matrigel è solubile quando viene versata sopra ai pozzetti a 4°C, ma polimerizza una volta posta a 37°C. Una volta che le

piastre sono poste in incubatore per 13h vengono acquisite le immagini. Grazie alla conta dei nodi, cioè le zone in cui si connettono tubuli diversi si ottiene la quantificazione dell'angiogenesi che va confrontata fra i diversi campioni in analisi.

2.5. Saggio di migrazione cellulare

Il saggio di migrazione cellulare è stato utilizzato per valutare la capacità invasiva e migratoria delle cellule. In questo saggio viene utilizzata una camera di chemiotassi divisa in due compartimenti, uno superiore ed uno inferiore, da una membrana di policarbonato con pori da 8 μ m. La membrana è stata ricoperta con una soluzione di fibronectina e gelatina in PBS che viene fatta essiccare sopra. Le cellule vengono seminate nel compartimento superiore mentre in quello inferiore è stato posto un medium con 0.1% di BSA. A questo punto sono state lasciate migrare nell'altro lato della membrana verso il compartimento inferiore per 3h. Dopo il periodo di incubazione alcune cellule avranno migrato mentre altre no. Viene rimosso il filtro nel cui lato superiore sono presenti le cellule che non hanno migrato e che vengono rimosse grazie ad un raschietto di gomma. Il filtro è fissato con metanolo e le cellule colorate con coomassie blue. La quantificazione del numero di cellule permette di determinare quante hanno migrato.

2.6. RNA interference

L'RNA interference è una tecnica che permette di sfruttare un meccanismo di silenziamento genico endogeno delle cellule e silenziare selettivamente dei geni target. Non è necessario eliminare fisicamente il gene tramite un knock-out genico ma permette di spegnere il gene post-trascrizionalmente tramite la degradazione dello specifico mRNA. In questo lavoro le cellule endoteliali sono state trasfettate direttamente con i siRNA grazie al metodo del calcio-fosfato. Questo metodo di trasfezione permette di inserire acidi nucleici esogeni nelle cellule. Dal punto di vista metodologico una soluzione tampone contenente ioni fosfato viene mescolata ad una di cloruro di calcio contenente il materiale genetico da inserire. Una volta mescolate le due soluzioni verrà a formarsi un precipitato di fosfato di calcio a cui è legato l'acido nucleico. Si procede recuperando il precipitato e lo si risospende nel terreno di coltura delle cellule che può così essere fornito alle stesse. Le cellule andranno così ad assorbire il precipitato e con esso anche l'RNA. Dopo 6h di trasfezione le cellule sono state lavate e il giorno seguente si è eseguita un'altra trasfezione. Dopo altre 6h di trasfezione le cellule sono state trattate o non trattate con TNF- α . Questa tecnica si è rilevata utile per poter silenziare i geni SNAI1, SNAI2 e ZEB2 che sono fattori di trascrizione potenzialmente responsabili dell'EndMT indotto dal TNF- α .

2.7. Sovra-espressione di TIE-1

Poiché nell'EndMT è implicata la riduzione del recettore TIE-1 per verificare se anche nell'EndMT indotto dal TNF- α fosse implicato questo recettore si sono create delle linee cellulari che lo sovra-esprimessero in modo stabile. Sono state

ottenute 3 linee cellulari indipendenti di HMVEC che grazie ad un vettore lentivirale hanno TIE-1 integrato nel genoma rendendo la trasfezione stabile. Partendo dal cDNA full-length di TIE-1 è stato amplificato con PCR nella quale sono stati utilizzati dei primer che contenessero al loro interno il sito di riconoscimento dell'enzima di restrizione EcoRI. Il prodotto di PCR è stato corso in gel di agarosio e successivamente si è purificata la banda relativa tramite un kit apposito. A questo punto si è eseguita una reazione di digestione con l'enzima EcoRI sia del template ottenuto sia del vettore pCCL-6HF in modo da creare le estremità compatibili per una reazione di ligazione tramite DNA ligasi. Si è ottenuto così un costrutto contenente al suo interno la sequenza di TIE-1, la presenza è stata verificata grazie ad un sequenziamento. Dopodiché si è trasfettato con lipofectamina in cellule della linea 293T i 3 plasmidi necessari per la produzione delle particelle lentivirali. La lipofectamina è un agente trasfettante che incorporando all'interno di droplet lipidici i plasmidi riesce a veicolarli al nucleo dove vengono poi espressi. I 3 plasmidi inseriti e le relative proporzioni sono 1/3 di pCCL-6HF-TIE-1, 1/3 di Δ Helper contiene i geni gag-pol che codificano per le proteine del core, gli enzimi quali trascrittasi inversa e integrasi e 1/3 del plasmide pVsVg plasmide contenente le informazioni per l'espressione delle glicoproteine dell'envelope. Il giorno seguente alla trasfezione è stato raccolto il surnatante delle cellule che contiene quindi le particelle lentivirali complete ed è stato usato per infettare le HMVEC da cui sono stati selezionati 3 cloni i quali hanno così integrato il DNA target. Queste linee sono state denominate ST1.

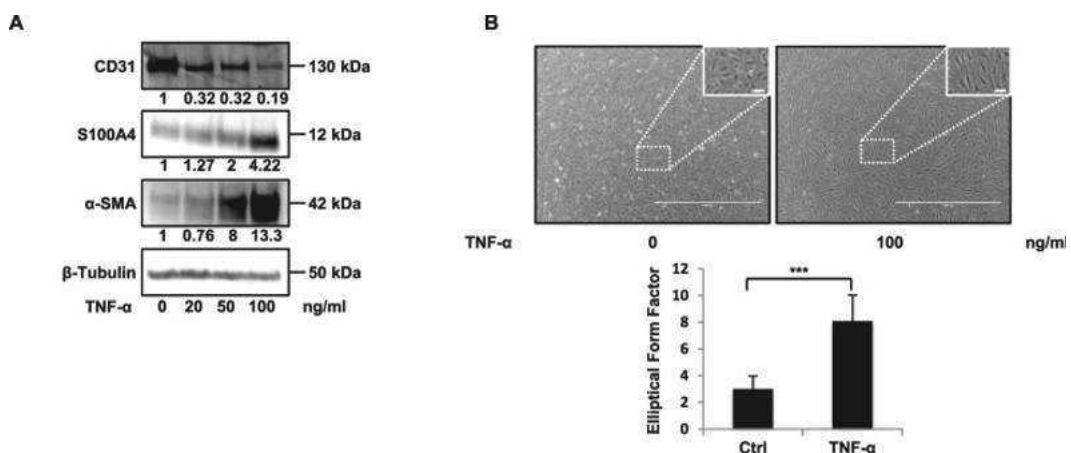
2.8. Co-immunoprecipitazione

La co-immunoprecipitazione è una tecnica permette di studiare le interazioni proteina-proteina sfruttando l'immunoprecipitazione di una proteina, la quale quando precipita lo farà assieme a ciò con cui sta interagendo. L'analisi viene poi fatta a valle tramite western blot. Le cellule dei diversi campioni sono state lisate tramite un buffer di lisi contenente inibitori di proteasi. Dopo quantificazione, per assicurare che i diversi campioni contengano la stessa quantità di proteina, i lisati sono stati incubati con anticorpo anti-TIE-2 per 2h in agitazione. L'aggiunta di beads associate a proteina G con successiva centrifugazione ha permesso di recuperare gli immunoprecipitati. Dopo lavaggio con il buffer di lisi e PBS i campioni sono stati analizzati con western blot in cui si è ricercato invece TIE-1 in modo da quantificare quanto fosse co-precipitato con TIE-2. In parallelo si è eseguito un esperimento in cui si è immunoprecipitato con l'anticorpo anti-MYC questo esperimento consiste in un controllo per verificare che non ci sia TIE-1, né TIE-2 co-precipitati insieme a MYC.

3. Risultati

3.1. TNF- α induce l'EndMT

Gli autori hanno trattato le cellule endoteliali con diverse concentrazioni di TNF- α e sono andati a valutare, attraverso western blot, se ci fosse una riduzione dei marker endoteliali ed un aumento di quelli mesenchimali. In particolare, hanno valutato la proteina CD31 come marker endoteliale, mentre α -SMA e S100A4 come marker del fenotipo mesenchimale. Le cellule HMVEC sono state trattate con concentrazioni crescenti di TNF- α pari a 20, 50 e 100ng/mL. Dopo 96h le cellule sono state lisate e analizzate le proteine tramite western blot. I risultati ottenuti mostrano una diminuzione di CD31 e un aumento di α -SMA e S100A4. Oltre alle proteine sono stati valutati anche le differenze di espressione degli mRNA relativi ai marcatori CD31, CD34 e VE-cadherin, COL1A1, N-cadherin, S100A4 e α -SMA tramite la real-time PCR, con risultati concordi a quelli ottenuti con western blot (Figura 2). Per la normalizzazione dei dati è stata usata la β -tubulina nel western blot e la TBP per la PCR, mentre i valori sono ottenuti facendo la media di tre repliche biologiche indipendenti. Il trattamento con TNF- α causa anche un evidente cambiamento morfologico delle cellule che assumono una forma allungata e affusolata, questo si può vedere con una semplice osservazione al microscopio. Per poter fornire un valore quantitativo di questi cambiamenti è stato misurato il fattore di forma ellittica (EFF). Esso corrisponde al rapporto tra la lunghezza dell'asse maggiore e quello minore, ottenendo un valore di 2 nel controllo e 8 in quelle con TNF- α . Per valutare gli effetti fenotipi su migrazione ed angiogenesi sono stati eseguiti rispettivamente un saggio della camera di Boyden e un saggio di tubulogenesi. Il primo ha mostrato un incremento della migrazione di tre volte. Tramite il test di tubulogenesi si è rilevato una diminuzione nella formazione dei tubuli del 76% sempre nel campione trattato comparato ad un controllo non trattato (Figura 3).



C

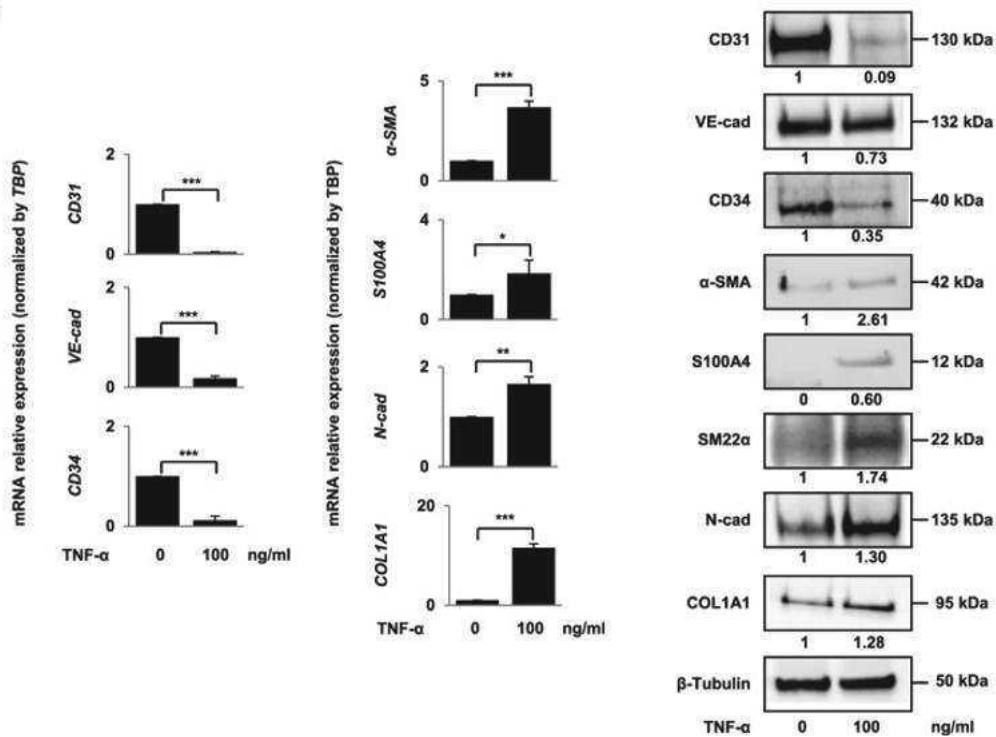


Figura 2. Il trattamento con TNF- α induce EndMT. **A** Il TNF- α riduce i livelli di espressione dei marker endoteliali (CD31) e aumenta quelli mesenchimali (S100A4 e α -SMA). **B** Cambiamenti morfologici indotti dal trattamento con TNF- α . **C.** Il TNF- α induce la riduzione dei marker endoteliali e l'aumento di quelli mesenchimali sia a livello di mRNA sia di proteina.

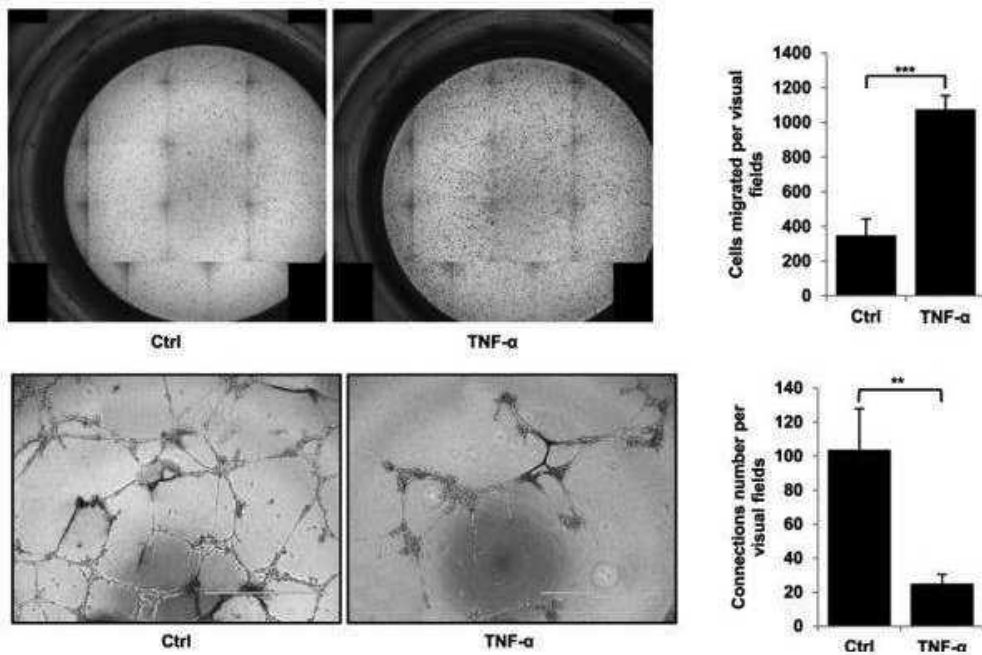


Figura 3. Il TNF- α aumenta la capacità di migrazione delle cellule HMVEC. Sono stati confrontati un campione trattato con TNF- α ed uno non trattato attraverso un saggio di migrazione cellulare. Il TNF- α riduce invece la capacità di angiogenesi in un saggio di angiogenesi.

3.2. L'EndMT è mediato dai fattori di trascrizione della famiglia SNAIL e ZEB

Appurato che il TNF- α è in grado di attivare i *pathway* che portano alla transizione EndMT si è voluto indagare quali fattori di trascrizione vengano coinvolti in questo processo. Sono di fatto i fattori di trascrizione che attivano un determinato profilo trascrizionale permettendo l'espressione di specifici geni e non di altri. In particolare, nel processo di EMT e EndMT sono coinvolti i fattori di trascrizione della famiglia SNAIL e ZEB che devono promuovere l'espressione dei geni mesenchimali e reprimere quelli epiteliali. Come avvenga questa regolazione trascrizionale risulta molto complesso: SNAI 1 si lega alla regione promotoriale, in particolare nella E-box, dei geni delle E-caderine e qui recluta tutta una serie di rimodellatori della cromatina modificandola e reprimendo la trascrizione degli stessi. SNAI 1 agisce anche attivando i geni coinvolti nel fenotipo mesenchimale. Anche i fattori di trascrizione ZEB, ZEB1 e ZEB2 possono legare le sequenze E-box dei geni delle E-caderine [7].

Tramite western blot e trasfezione con siRNA è stato valutato se i livelli di questi geni variassero in risposta al trattamento da TNF- α . Come si può notare nella parte alta della figura 4 il trattamento con TNF- α in cellule in cui è stato transfettato l'siRNA di controllo, i livelli di espressione delle proteine SNAI1, SNAI2 e ZEB2 rispetto a tutti gli altri trattamenti.

Sempre dalla stessa figura si evince come il livello di proteine SNAI1, SNAI2 e ZEB2 sia molto simile confrontando campioni trattati con siRNA siSNAI1, siSNAI2 e siZEB2 sia che siano stati trattati con TNF- α sia che non lo siano stati, questo è indice del fatto che gli siRNA funzionino e siano specifici per il loro target; infatti poi quando valutiamo il trattamento con TNF- α associato agli siRNA di controllo il livello di queste proteine aumenta risultando come l'aumento sia necessariamente dovuto al trattamento con TNF- α e non all'assenza dei siRNA specifici. La conferma dell'importanza di questi fattori di trascrizione nel determinare l'EndMT può essere ottenuta solo valutando se la loro soppressione riduca effettivamente la transizione stessa. Per cui si è allestito un altro esperimento in cui, utilizzando gli stessi siRNA, si è valutato la quantità di marker CD31 e COL1A1, rispettivamente come marker endoteliale o mesenchimale. Il risultato mostra una quantità doppia di CD31 nel campione transfettato con gli siRNA rispetto a quello non transfettato, e anche il marcatore COL1A1 è compatibile con questi risultati, in quanto risulta una maggiore quantità il campione transfettato con siRNA controllo (figura 4).

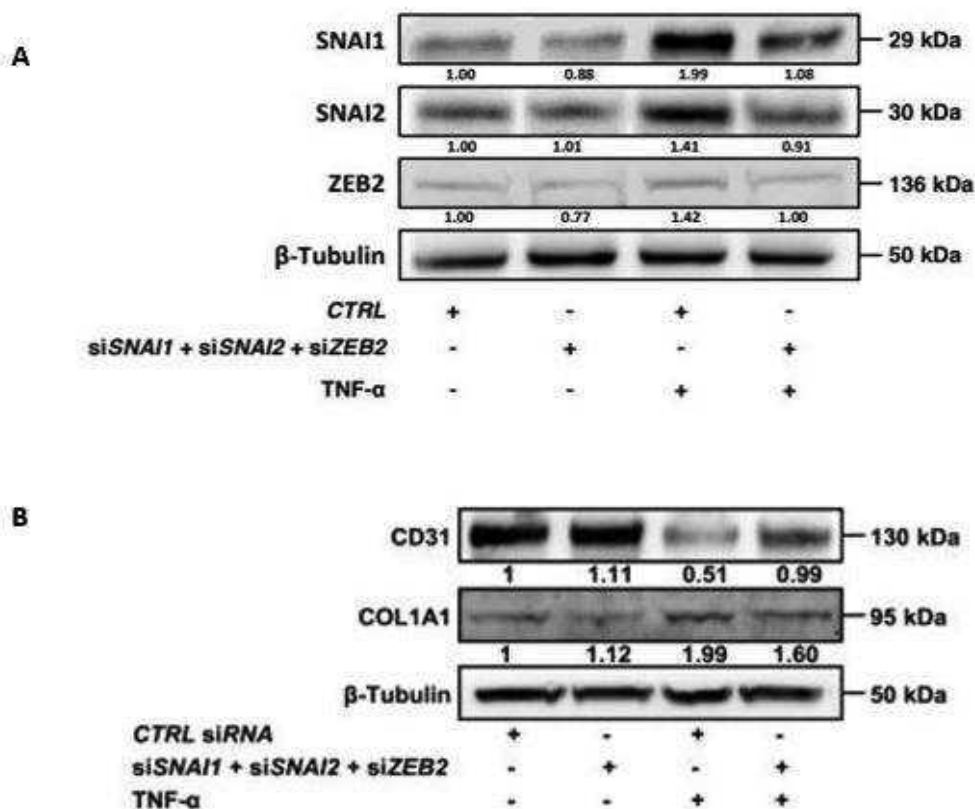


Figura 4. A La trasfezione con siRNA siSNAI1, siSNAI2, siZEB2 riduce la quantità di SNAI1, SNAI2 e ZEB2 sia in presenza sia in assenza di TNF- α rispetto alla trasfezione con siRNA CTRL. **B** La degradazione degli mRNA dei geni SNAI1, SNAI2 e ZEB2 previene parzialmente le modificazioni indotte dal TNF- α relativamente all'espressione dei marker CD31 e COL1A1.

3.3. La riduzione del recettore TIE1 è responsabile della transizione

Per il mantenimento dell'integrità strutturale dei vasi e la capacità angiogenica, cioè la formazione di nuovi vasi sanguigni a partire da altri già esistenti, è necessario il *signaling* indotto dal sistema TIE/Angiopoietina. Questo è composto da due recettori tirosin chinasi TIE-1 e TIE-2 e da tre ligandi Ang-1, Ang-2 e Ang-4. TIE-1 è un recettore orfano per cui al momento non è stato identificato alcun ligando in grado di legarsi. TIE-2 invece è il principale responsabile della trasduzione del segnale per cui è stato il più studiato ma nuove ricerche stanno portando alla luce come anche TIE-1 giochi un ruolo fondamentale nel modulare questa trasduzione tramite la formazione di etero-dimeri TIE1/TIE-2. Ricordiamo che i recettori tirosin chinasi funzionano spesso attraverso la dimerizzazione. Ciò che emerge è il ruolo fondamentale nel mantenimento e dell'integrità dei vasi di TIE-1 rispetto allo sviluppo. Infatti, è stato dimostrato come TIE-1 sia necessario per la sopravvivenza e la proliferazione delle cellule endoteliali [6]. Visto che il processo di EndMT è stato dimostrato essere dovuto dalla mancanza di TIE-1, si è andati a misurare se il TNF- α ne riducesse i livelli. Per cui dopo aver

trattato un campione di cellule HMVEC con TNF- α si è misurata sia la quantità di mRNA sia la quantità di proteina presente rispetto ad un campione di cellule non trattate mostrando un evidente calo di quantità in entrambe le misurazioni mentre la quantità di TIE-2 è rimasta invece costante (figura 5). Si è andati poi a determinare se il calo di mRNA fosse dovuto ad un calo della trascrizione genica o all'emivita dei trascritti. Ciò è stato possibile attraverso un saggio che prevede l'utilizzo di actinomicina D, un inibitore della trascrizione. I risultati mostrano che in presenza di TNF- α e actinomicina D il calo della quantità di mRNA è maggiore rispetto alla sola presenza dell'actinomicina D o del solo TNF- α , questo sta ad indicare come il TNF- α agisca prevalentemente nel regolare l'emivita del trascritto piuttosto che la trascrizione del gene. In letteratura è stato mostrato come citochine pro-infiammatorie inducano il taglio proteolitico del recettore tra la parte extracellulare e quella transmembrana. Il frammento intracellulare viene poi degradato via proteasoma. Per cui la diminuzione del livello di TIE-1 potrebbe avvenire ad opera di entrambi i meccanismi.

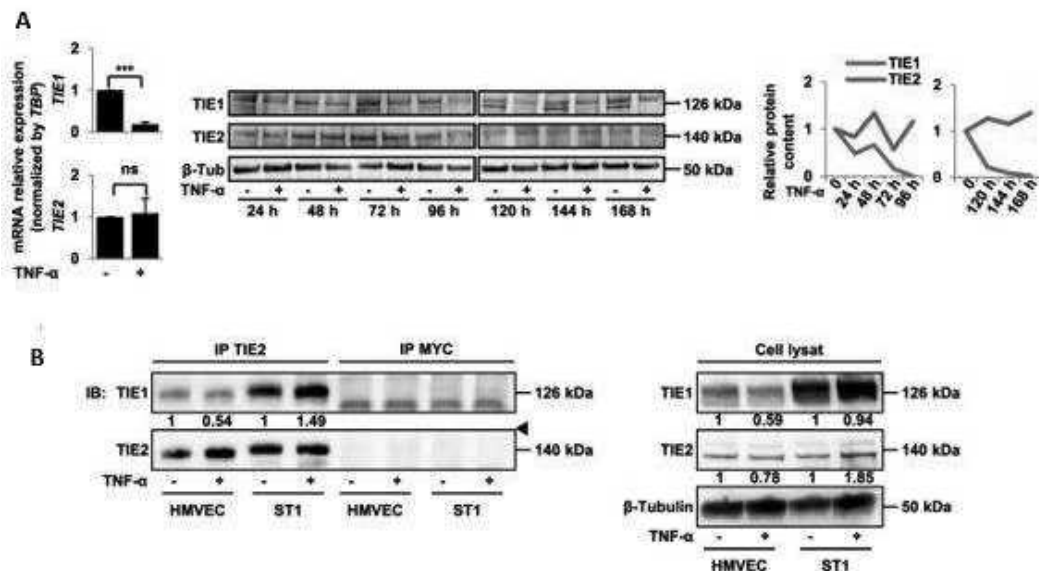


Figura 5. A Il TNF- α riduce i livelli di espressione sia dell'mRNA sia delle proteine relative al gene TIE-1 ma non ha effetti su TIE-2. **B** Co-immunoprecipitazione con anticorpo anti-TIE-2 e anti-MYC sia della linea HMVEC sia della ST1 che sovra-esprime TIE-1 dopo trattamento o non trattamento con TNF- α .

A questo punto, si sono create delle linee di cellule endoteliali che sovra-esprimessero il recettore TIE-1, denominate ST1, in modo da verificare se questo potesse impedire la transizione. Si è visto come le linee ST1 trattate con TNF- α subissero un ritardo nell'acquisizione delle caratteristiche morfologiche mesenchimali, lo stesso vale per i marker CD31 e N-cad in cui si vede un minor decremento di CD31 e un minor guadagno di N-cad. Tuttavia, la sovra-espressione di TIE1 non è in grado di bloccare totalmente la transizione indotta da TNF- α .

Il recettore TIE-2 può formare sia eterodimeri con TIE-1 sia omodimeri con TIE-2 stesso. Nelle cellule tumorali e nelle cellule endoteliali del TME è presente un livello di espressione del recettore TIE-1 superiore a quello presente nelle altre cellule. Questa sovra-regolazione determina la formazione di eterodimeri TIE-1/TIE-2.

Esperimenti di co-immunoprecipitazione hanno mostrato come TIE-1 co-precipiti con TIE-2, ma quando le cellule endoteliali vengono trattate con TNF- α la quantità di co-precipitato cala. Mentre nelle linee ST1 il trattamento con TNF- α aumenta le interazioni di TIE-1/TIE-2 (figura 5).

3.4. Capacità secretorie dopo trattamento con TNF- α

È stata analizzata anche la capacità secretoria delle cellule dopo trattamento con TNF- α ; infatti, la capacità di secernere fattori e molecole della matrice è una funzione essenziale dei fibroblasti così come dei CAF. Essi partecipano nel generare quell'ambiente pro-tumorale secernendo fattori di crescita, citochine ma anche componenti della matrice extracellulare. Anche i CAF generati dall'EndMT indotta da TNF- α possiedono questa capacità. Dal punto di vista sperimentale si sono trattati dei campioni di cellule HMVEC con TNF- α per 48h. Dopodiché si è recuperato il surnatante e si sono rimossi i detriti cellulari tramite centrifugazione. L'analisi seguente tramite spettrometria di massa ha portato all'identificazione di 602 proteine secrete di cui 15 specifiche del controllo, cioè cellule non trattate con TNF- α e 80 specifiche per quelle trattate.

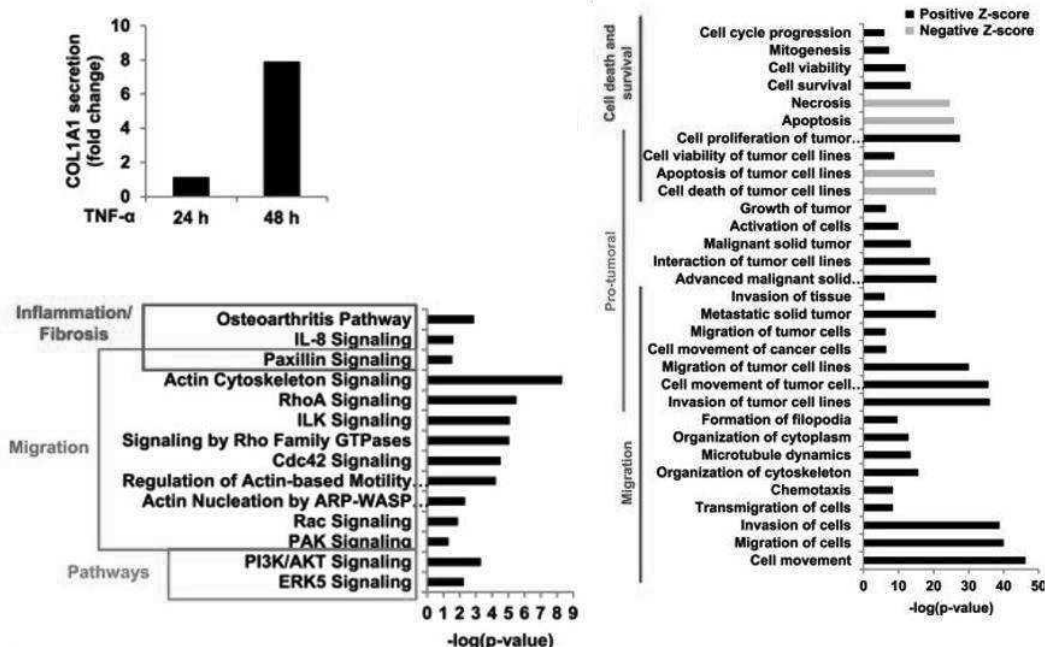


Figura 6. Analisi della capacità secretoria delle cellule che hanno subito EndMT dopo trattamento con TNF- α . Vi è un incremento di quasi 8 volte. Analisi dei *Pathway* coinvolti nelle proteine secrete.

Oltre alla diversa tipologia di proteine secrete è stato valutato anche il diverso livello di espressione delle proteine trovando che circa 20 proteine non mostrano livelli diversi di espressione mentre 36 e 409 mostrano un livello di espressione significativamente diverso rispettivamente al controllo e al trattamento.

La capacità di secrezione aumentata delle cellule trattate con TNF- α è ben visibile dal grafico di figura 6 che mostra come la quantità di collagene COL1A1 secreta sia quasi 8 volte superiore rispetto al campione di controllo. Per avere informazioni circa in quali *pathway* fossero coinvolte le proteine ritrovate, si sono utilizzati diversi software di analisi. I risultati mostrano come siano attivi quelli implicati nella migrazione, attività pro-tumorale tra cui quelli che portano a metastasi e infine quelli che regolano la progressione del ciclo cellulare. I *pathway* di necrosi e apoptosi invece sono fortemente sotto-regolati ad indicare come ci sia uno *switch* verso il *pathway* di proliferazione invece di quello di morte cellulare.

3.5. L'EndMT indotto da TNF- α è reversibile

Visto che la capacità di assumere il fenotipo mesenchimale può essere indotta dalla presenza del TNF- α , risulta interessante capire se questo processo possa essere revertito dalla sua rimozione. Questo processo di reversione si chiama transizione mesenchimale-endoteliale (MEndT) ed è un processo analogo alla transizione mesenchimale-epiteliale (MET) la quale avviene diverse volte durante la morfogenesi e l'organogenesi. Attraverso la MET le cellule stabiliscono la polarità apico-basale e la formazione delle giunzioni strette che mantengono le cellule insieme potendo formare un epitelio vero e proprio. In letteratura non sono ancora presenti *review* che descrivano il MEndT per cui sono sconosciuti i *pathway* che permettono la transizione. Nell'articolo gli autori si sono limitati ad osservare se la rimozione del TNF- α prevenisse il processo, senza addentrarsi nei meccanismi molecolari. Dopo aver trattato le HMVEC con TNF- α sono state incubate per 72h, in modo tale che acquisissero il fenotipo mesenchimale, e successivamente è stato rimosso, le cellule sono rimaste in coltura in modo da analizzarle a diverse tempistiche dalla sua rimozione. Per analizzare se vi fosse inversione si sono utilizzate le stesse tecniche usate per valutare il processo di EndMT. Tramite un semplice visualizzazione a microscopio ottico si sono valutati i cambiamenti morfologici: è stata osservata una reversione totale del fenotipo da fibroblasto a endoteliale solamente dopo 168h dalla rimozione.

L'analisi con western blot (figura 7) ha mostrato come i livelli di CD31 vengono riportati a valori uguali a quelli di cellule che non sono mai state trattate già dopo 48h; al contrario del marcatore α -SMA che rimane a livelli comparabili a cellule trattate anche dopo 120h, ma appare più che dimezzato dopo 144h. Anche il saggio dell'angiogenesi mostra risultati concordanti nel mostrare un ri-acquisto della capacità angiogenica (figura 7).

Questi risultati mostrano che il processo di reversione del fenotipo avviene.

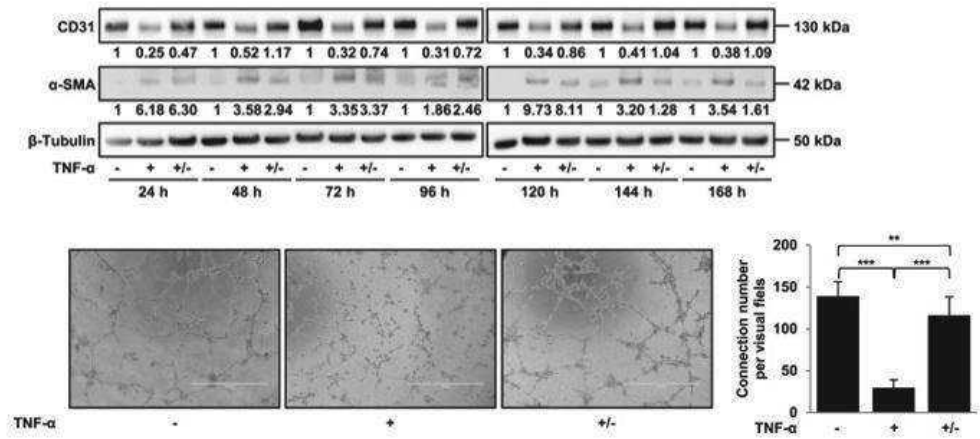


Figura 7. L'EndMT indotto dal TNF- α è reversibile. La rimozione del TNF- α reverte la sotto-regolazione di CD31 dopo 48h dalla rimozione mentre α -SMA richiede 144h per decrescere sensibilmente.

4. Discussione

I risultati di questo lavoro indicano chiaramente come il trattamento con TNF- α di cellule endoteliali porti queste ad acquisire un fenotipo tipico dei fibroblasti sia dal punto di vista della morfologia che dei marker di superficie valutati sia a livello di mRNA che di proteina. Inoltre, anche la capacità di migrazione fortemente incrementata è tipica dei fibroblasti così come dei CAF, mentre i test per l'angiogenesi ne mostrano una drastica riduzione, come dimostrazione della perdita della propria natura endoteliale. La capacità di secrezione in seguito al trattamento con TNF- α cambia sia per quanto riguarda la quantità, molto maggiore nei fibroblasti, sia per quanto riguarda il tipo di proteine secrete. I principali fattori di trascrizione che operano in questa transizione sembrano essere SNAI1, SNAI2 e ZEB2 mentre ZEB1 non sembra venir sovra-regolato da TNF- α .

L'EndMT avviene tramite sotto-regolazione del recettore TIE-1, fattore già dimostrato essere coinvolto in questo processo. La quantità di TIE-2 invece non viene modificata dalla presenza del TNF- α . Gli autori hanno trovato che il calo di TIE-1 avviene principalmente attraverso la riduzione dell'emivita dei suoi mRNA. La riduzione dell'emivita non può tuttavia essere l'unica spiegazione della riduzione di TIE-1 indotta da TNF- α . In letteratura è descritto un meccanismo in cui il recettore viene tagliato in due frammenti e tra le molecole che inducono questo taglio troviamo proprio il TNF- α [6]. Per cui entrambi i meccanismi sembrano essere coinvolti nel ridurre la quantità di TIE-1. La sovra espressione di TIE-1 porta ad un ritardo dell'acquisizione del fenotipo mesenchimale, senza però impedire totalmente la transizione.

TIE-1 agisce formando etero-dimeri con TIE-2, il calo di TIE-1 si riflette per questo nel calo della proporzione di etero-dimeri TIE-1/TIE-2 rispetto agli omo-dimeri TIE-2/TIE2 che aumentano.

Poiché l'EndMT è un importante fonte di CAF, i quali rappresentano la maggioranza delle cellule presenti nello stroma del PDAC, con capacità di promuoverne la crescita e l'espansione tumorale, una strategia che sembra essere percorribile sta nell'indurre il processo inverso visto che la rimozione del TNF- α conduce al ripristino del fenotipo endoteliale. Questa strategia può quindi portare a migliorare la vascolarizzazione che è molto povera nel PDAC e diminuire la massa stromatica. In figura 8 è schematizzato il modello d'azione del TNF- α proposto dagli autori.

Come detto l'azione di TNF- α non dovrebbe alterare la quantità di TIE-2; è presente nel blot di figura 5 nel pannello B però una quantità quasi doppia di TIE-2 nel confronto tra la linea ST1 trattata con TNF- α e quella non trattata, mentre nel caso di linee HMVEC il trattamento porta ad una piccola riduzione di TIE-2. Questi due elementi non sono spiegati dagli autori, non risultando chiaro se sia un semplice errore dell'operatore che ha svolto gli esperimenti o se invece sia un risultato che ha un qualche significato biologico.

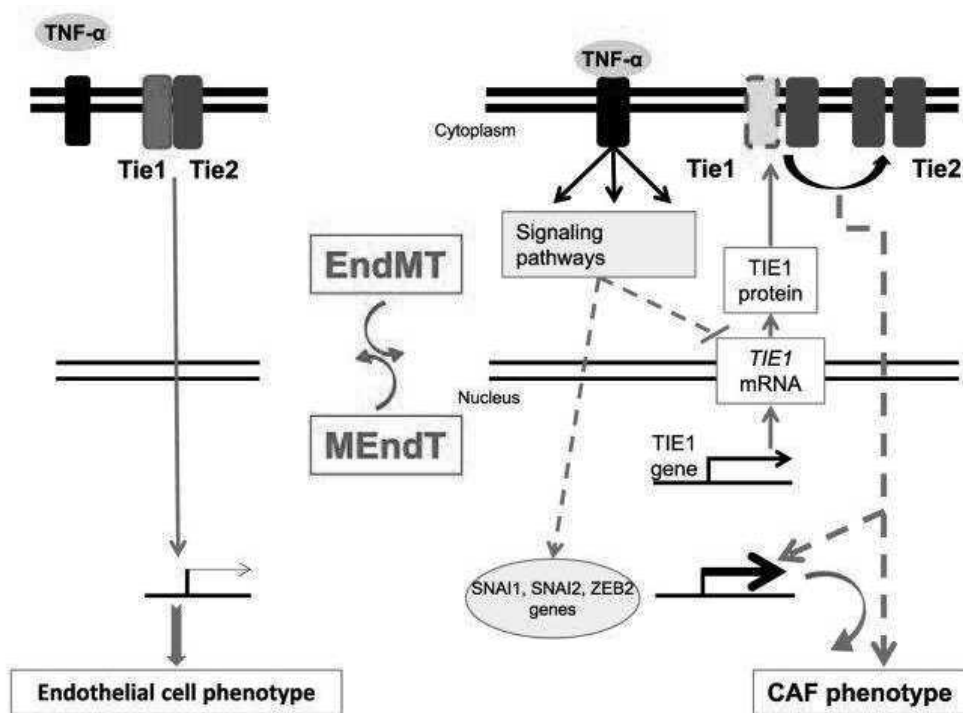


Figura 8. Modello di azione del TNF- α . Induzione dell'EndMT da parte del TNF- α attraverso la sotto-espressione del di TIE-1 e attivazione dei fattori di trascrizione SNAI1, SNAI2, e ZEB2.

5. Bibliografia

1. Hosein AN, Brekken RA, Maitra A. Pancreatic cancer stroma: an update on therapeutic targeting strategies. *Nat Rev Gastroenterol Hepatol*. 2020 Aug;17(8):487-505. doi: 10.1038/s41575-020-0300-1. Epub 2020 May 11. PMID: 32393771; PMCID: PMC8284850.
2. Vaish U, Jain T, Are AC, Dudeja V. Cancer-Associated Fibroblasts in Pancreatic Ductal Adenocarcinoma: An Update on Heterogeneity and Therapeutic Targeting. *Int J Mol Sci*. 2021 Dec 14;22(24):13408. doi: 10.3390/ijms222413408. PMID: 34948209; PMCID: PMC8706283.
3. Potenta S, Zeisberg E, Kalluri R. The role of endothelial-to-mesenchymal transition in cancer progression. *Br J Cancer*. 2008 Nov 4;99(9):1375-9. doi: 10.1038/sj.bjc.6604662. Epub 2008 Sep 16. PMID: 18797460; PMCID: PMC2579683.
4. van Horssen R, Ten Hagen TL, Eggermont AM. TNF-alpha in cancer treatment: molecular insights, antitumor effects, and clinical utility. *Oncologist*. 2006 Apr;11(4):397-408. doi: 10.1634/theoncologist.11-4-397. PMID: 16614236.
5. Shao R, Guo X. Human microvascular endothelial cells immortalized with human telomerase catalytic protein: a model for the study of in vitro angiogenesis. *Biochem Biophys Res Commun*. 2004 Sep 3;321(4):788-94. doi: 10.1016/j.bbrc.2004.07.033. PMID: 15358096.
6. Yang P, Chen N, Jia JH, Gao XJ, Li SH, Cai J, Wang Z. Tie-1: A potential target for anti-angiogenesis therapy. *J Huazhong Univ Sci Technolog Med Sci*. 2015 Oct;35(5):615-622. doi: 10.1007/s11596-015-1479-1. Epub 2015 Oct 22. PMID: 26489611.
7. Lamouille S, Xu J, Derynck R. Molecular mechanisms of epithelial-mesenchymal transition. *Nat Rev Mol Cell Biol*. 2014 Mar;15(3):178-96. doi: 10.1038/nrm3758. PMID: 24556840; PMCID: PMC4240281.

Appendice

Adjuto-Saccone M, Soubeyran P, Garcia J, Audebert S, Camoin L, Rubis M, Roques J, Binétruy B, Iovanna JL, Tournaire R. TNF- α induces endothelial-mesenchymal transition promoting stromal development of pancreatic adenocarcinoma. *Cell Death Dis.* 2021 Jun 25;12(7):649. doi: 10.1038/s41419-021-03920-4. PMID: 34172716; PMCID: PMC8233393.

ARTICLE OPEN



TNF- α induces endothelial–mesenchymal transition promoting stromal development of pancreatic adenocarcinoma

Marjorie Adjuto-Saccone¹, Philippe Soubeyran¹, Julie Garcia¹, Stéphane Audebert^{1,2}, Luc Camoin^{1,2}, Marion Rubis¹, Julie Roques¹, Bernard Binétruy³, Juan Lucio Iovanna¹ and Roselyne Tournaire¹✉

© The Author(s) 2021

Endothelial–mesenchymal transition (EndMT) is an important source of cancer-associated fibroblasts (CAFs), which facilitates tumour progression. PDAC is characterised by abundant CAFs and tumour necrosis factor- α (TNF- α). Here, we show that TNF- α strongly induces human endothelial cells to undergo EndMT. Interestingly, TNF- α strongly downregulates the expression of the endothelial receptor TIE1, and reciprocally TIE1 overexpression partially prevents TNF- α -induced EndMT, suggesting that TNF- α acts, at least partially, through TIE1 regulation in this process. We also show that TNF- α -induced EndMT is reversible. Furthermore, TNF- α treatment of orthotopic mice resulted in an important increase in the stroma, including CAFs. Finally, secretome analysis identified TNFSF12, as a regulator that is also present in PDAC patients. With the aim of restoring normal angiogenesis and better access to drugs, our results support the development of therapies targeting CAFs or inducing the EndMT reversion process in PDAC.

Cell Death and Disease (2021)12:649; <https://doi.org/10.1038/s41419-021-03920-4>

INTRODUCTION

Pancreatic ductal adenocarcinoma (PDAC) represents >90% of all pancreatic tumours. It is the fourth leading cause of cancer-related death, with 5-year survival rates remaining less than 8% [1–3]. Although the use of combined chemotherapies has improved responses, survival gains in patients remain limited [4–6], underlining the urgent requirement of new therapeutic targets to improve PDAC patient survival. PDAC is characterised by a desmoplastic stroma that represents 90% of the tumour and compresses blood vessels leading to hypovascularisation [4, 7] and poorly perfused tumours [8], thereby preventing efficient delivery of chemotherapeutic drugs [9].

Apart from the extracellular matrix (ECM), infiltrated immune cells and endothelial cells, the most abundant cells present in this tumour microenvironment (TME) are cancer-associated fibroblasts (CAFs) [10, 11]. CAFs are key components of PDAC because they facilitate tumour progression by secreting ECM and soluble factors that stimulate cancer progression, invasion and metastasis [10, 12]. CAFs are also responsible for suboptimal drug delivery to tumour cells and equally involved in drug resistance [12–15].

Zeisberg et al. demonstrated, in mouse models of cancer, that endothelial–mesenchymal transition (EndMT) is an important source of CAFs [16, 17]. We have previously demonstrated that EndMT occurs in human tumours [18]. EndMT, a form of epithelial–mesenchymal transition (EMT) [19–23], is a process in which cells lose their polarity and expression of endothelial markers and instead acquire mesenchymal markers and invasive and migratory properties [16–18, 22–24]. EndMT plays an important role in embryonic heart formation and is involved in

a variety of tissue fibrosis [22, 25] and other uncommon diseases such as fibrodysplasia ossificans progressive (FOP) and cerebral cavernous malformation [26].

We investigate the factors that, in PDAC, induce EndMT and CAF production. We especially focus on the pro-inflammatory cytokine tumour necrosis factor- α (TNF- α) because it induces an acute and chronic inflammation directly linked to various steps involved in tumorigenesis [20, 27–29] and, explore the hypothesis that the TNF- α , abundantly present in PDAC, induces EndMT.

RESULTS

TNF- α induces endothelial–mesenchymal transition

Human microvascular endothelial cells (HMVECs) were treated with 20, 50 or 100 ng/ml of TNF- α added once (Fig. 1A) or daily for 4 days (Supplemental Fig. 1A). After 96 h, cells were lysed and protein expression was analysed by western blot. Results show that TNF- α reduced the protein expression of the vascular endothelial marker CD31 and reciprocally augmented the expression of the mesenchymal markers α -SMA and S100A4. Dose-dependent these effects were very strong already from 20 ng/ml of TNF- α . At 100 ng/ml, we observed a strong morphological change, from epithelioid to an elongated and spindle-shaped fibroblast-like appearance (Fig. 1B), suggesting an EndMT process. To quantify these morphological differences between TNF- α -treated and untreated cells, we measured the elliptical form factor EFF. Results show that TNF- α -treated cells are much more elongated than untreated cells (Fig. 1B). For further experiments, we chose the concentration of 100 ng/ml. Analysis of additional

¹Centre de Recherche en Cancérologie de Marseille (CRCM), INSERM U1068, CNRS UMR 7258, Aix-Marseille Université and Institut Paoli-Calmettes, Parc Scientifique et Technologique de Luminy, Marseille, France. ²Centre de Recherche en Cancérologie de Marseille (CRCM), INSERM U1068, CNRS UMR 7258, Marseille Protéomique, Aix-Marseille Université and Institut Paoli-Calmettes, Marseille, France. ³INMED, INSERM U1249, Aix-Marseille Université, Parc Scientifique et Technologique de Luminy, Marseille, France ✉email: roselyne.tournaire@inserm.fr. Edited by M Dugaard

Received: 4 February 2021 Revised: 6 June 2021 Accepted: 8 June 2021
Published online: 25 June 2021

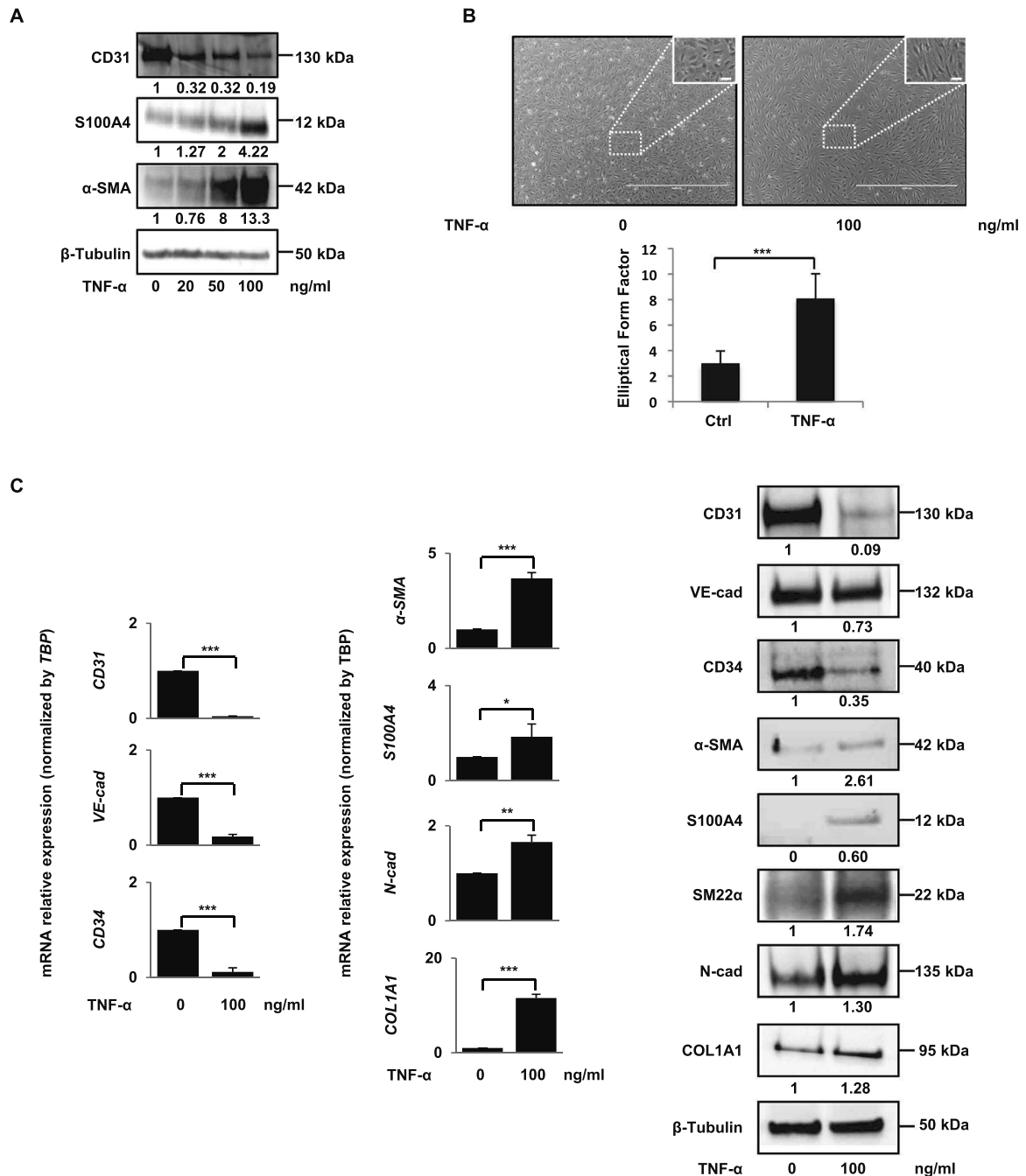


Fig. 1 **TNF- α induces endothelial-mesenchymal transition.** **A** TNF- α decreases the protein expression of vascular endothelial marker (CD31) and increases the protein expression of mesenchymal markers (S100A4, α -SMA). HMVECs were treated for 96 h with 0, 20, 50 or 100 ng/ml of TNF- α . Protein expressions were analysed by western blot. **B** Morphological changes induced by a 100 ng/ml TNF- α treatment (photographs). The histogram shows ImageJ software analysis of cell morphology by calculating the elliptical form factor EFF (the major axis divided by minor axis). Results are the average of 100 cells. **C** TNF- α decreases the mRNA (left panel) and protein (right panel) expression of vascular endothelial markers (CD31, CD34, VE-cadherin) and increases the mRNA (left panel) and protein (right panel) expression of mesenchymal markers (COL1A1, N-cadherin, S100A4, α -SMA, SM22- α). mRNA levels were quantified by RT-qPCR. *TBP* for RT-qPCR and β -tubulin for western blot analysis were used as controls. RT-qPCR histograms show the mean of three independent biological experiments and western blots are representative of three independent biological experiments. Significant differences are indicated by solid lines (* $P < 0.1$, ** $P < 0.05$, *** $P < 0.005$ by *t* test). Scale bars, 100 μ m (inset) or 2000 μ m. HMVEC human microvascular endothelial cell, TNF- α tumour necrosis factor- α , α -SMA α -smooth muscle actin, VE-cad VE-cadherin, COL1A1 collagen type I α 1, N-Cad N-cadherin, Ctrl control, mRNA messenger RNA, *TBP* TATA-box binding protein.

endothelial and mesenchymal markers confirmed these results (Fig. 1C). Furthermore, FACS analysis demonstrates that the TNF- α -induced decrease of CD31 protein expression affects a large majority of endothelial cells (Supplemental Fig. 1B).

Various incubation times were then tested (Supplemental Fig. 1C), showing that the downregulation of CD31 began at 24 h, the upregulation of α -SMA began at 48 h and that these effects were maintained up to at least 168 h.

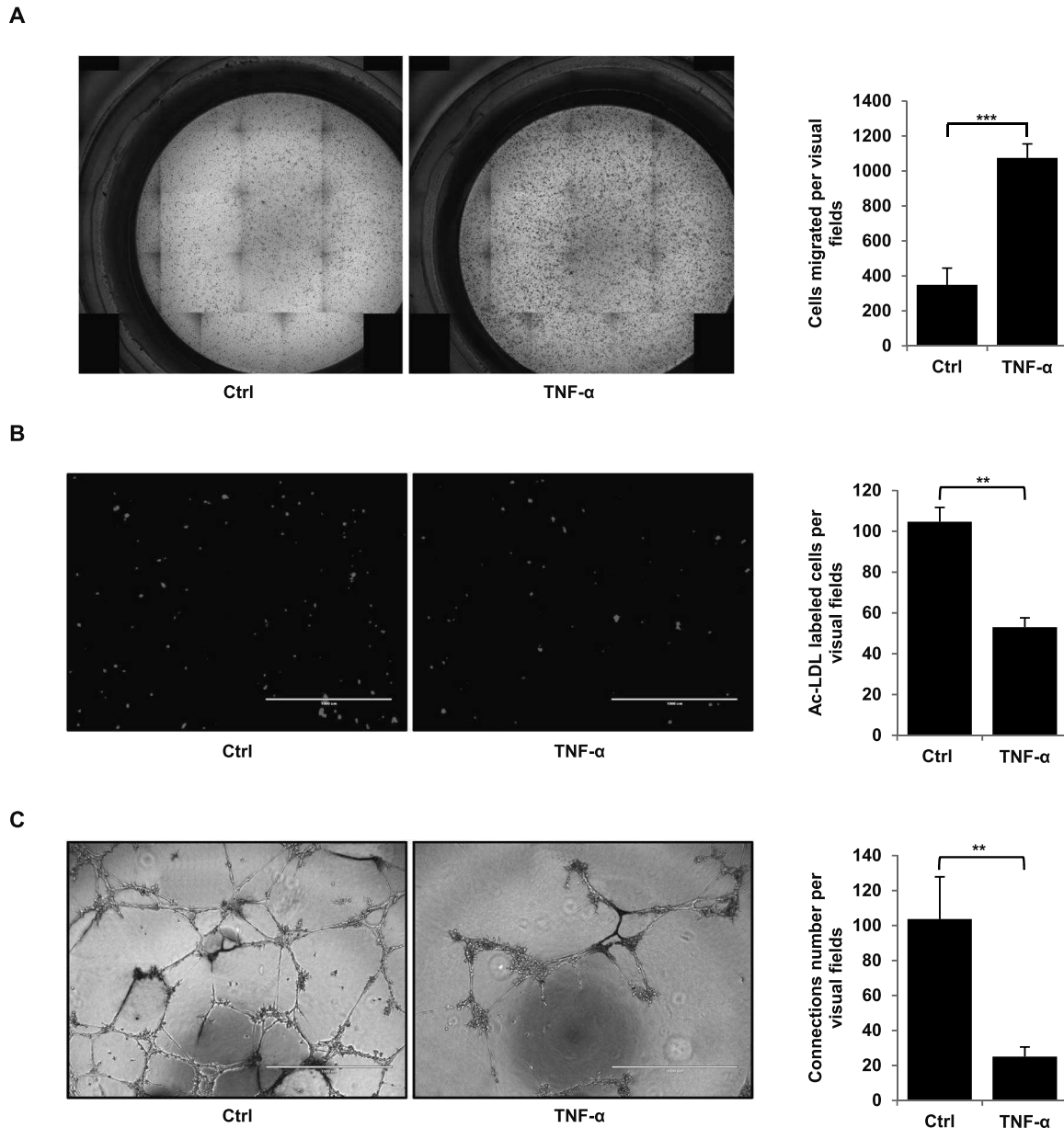


Fig. 2 Effects of TNF- α on cellular migration and angiogenesis. **A** TNF- α increases HMVECs migration. HMVECs were treated or not for 96 h with 100 ng/ml of TNF- α and were allowed to migrate in a modified Boyden chamber assay for an additional 3 h30. **B** TNF- α decreases the number of Ac-LDL-labelled endothelial cells. **C** TNF- α induces a reduction in tubules formation in a matrigel-based tube-formation assay. Tube formation and Ac-LDL scores were measured for three fields. Scale bars, 1000 μ m. Migration was measured for six fields. Similar results were obtained in three different experiments. Significant differences are indicated by solid lines (** $P < 0.05$, *** $P < 0.005$ by t test). HMVEC human microvascular endothelial cell, Ctrl control, TNF- α tumour necrosis factor- α .

In addition, we obtain similar results on primary cultures of endothelial cells: human umbilical vein endothelial cells (HUVECs) (Supplemental Fig. 1C), suggesting that these effects represent a systematic response of endothelial cells to TNF- α .

During EndMT, endothelial cells acquire a mesenchymal phenotype characterised by the acquisition of invasive and migratory properties [17]. We thus tested the effects of TNF- α on endothelial cell migration. TNF- α is found to increase cell migration by more than threefold compared with untreated control (Fig. 2A).

We also tested the effects of TNF- α on angiogenesis using two angiogenic tests. Firstly, we incubated cells with TNF- α and Ac-LDL (acetylated low-density lipoprotein), an agent specifically metabolised by endothelial cells, thus allowing their identification (Fig. 2B). Results show firstly that TNF- α does not interfere with the

proliferation of HMVEC cells (Supplemental Fig. 1D), and subsequently that Ac-LDL-labelled endothelial cells drastically decreased by 44% compared to untreated control. Secondly, we performed a Matrigel-based tube-formation assay to assess the vasculogenic activity of cells treated or not with TNF- α (Fig. 2C). Results show a dramatic reduction (76%) in the formation of tubules in the presence of TNF- α .

Therefore, following our investigations of various criteria, we can conclude unambiguously that TNF- α induces EndMT.

TNF- α activates intracellular signalling pathways and TNF- α -induced EndMT is SNAI1-, SNAI2- and ZEB2-dependent

To get insights in the molecular mechanisms involved in this TNF- α -induced EndMT, we investigated signalling pathways and

transcription factors known to be involved in EndMT. We focus on PI3K/Akt, Erk1/2 and Erk5 pathways because they are upregulated by the activation of EMT or EndMT in cells [18, 22]. Moreover, JNK and NFκB pathways are known to be activated by TNF-α [30, 31]. As shown in Fig. 3A, compared with control, TNF-α treatment increased Erk1/2, Erk5, Akt, JNK, IκB and p65 phosphorylation with slight kinetic differences (Fig. 3A), Akt, ERK5 and IκB being activated as early as 5 min, whereas the other pathways are activated only after 10–15 min. Altogether these results show that all these pathways are induced by TNF-α during EndMT, suggesting a potential role in this process.

It is known that EndMT and EMT activation by signalling pathways leads to an increased expression of the *SNAIL* and *ZEB* gene families of transcription factors [17]. We investigated whether the expression of these transcriptional factors was altered by TNF-α during EndMT. *SNAIL1* mRNA is induced as early as 15 min after TNF-α stimulation, while its protein appears upregulated only after 24 h, suggesting a complex post-transcriptional control (Fig. 3B and Supplemental Fig. 2A). *SNAIL2* mRNA and protein are induced as 5 min and after 2 h, respectively, whereas *ZEB1* expression shows no regulation. Interestingly, *ZEB2* expression shows induction of its protein already after 15 min of stimulation, whereas its mRNA is induced only after 2 h, suggesting the hypothesis of a dual effect of TNF-α on *ZEB2* expression, a first rapid effect on *ZEB2* protein stability, followed later on by a transcriptional stimulatory effect. Altogether, these results show that *SNAIL1*, *SNAIL2* and *ZEB2* transcription factors are activated after TNF-α stimulation.

To investigate the role of these transcription factors in the TNF-α effect, we transfected cells with *SNAIL1*, *SNAIL2* and *ZEB2* siRNAs. We found a decrease in the corresponding expression of these genes in TNF-α-treated cells (Supplemental Fig. 2B) and importantly the TNF-α stimulatory effect was almost abolished (Fig. 3C). Transfected independently none of the siRNAs was able to inhibit TNF-α-induced EndMT (not shown), however concomitant transfection of *SNAIL1*, *SNAIL2* or *ZEB2* siRNAs, partially prevented the morphological changes induced by TNF-α (Fig. 3C, top), strongly increased CD31 expression and repressed mesenchymal expression of COL1A1 (Fig. 3C, bottom).

TIE1 is implicated in TNF-α-induced EndMT

Mechanistically, we have shown previously that EndMT is mediated by deficiency of the receptor tyrosine kinase TIE1 in human endothelial cells [18]. TIE1 is an endothelial receptor essential for the development and maintenance of the vascular system [32].

Therefore, we hypothesised that TNF-α-induced EndMT could depend on TIE1 regulation. We found that TNF-α decreases the mRNA and protein expression of TIE1 (Fig. 4A), whereas it has no effect on TIE2 expression, the other member of the TIE receptor family [33] (Fig. 4A). FACS analyses showed that the TNF-α-induced decrease of TIE1 expression concerns all endothelial cells (Supplemental Fig. 3A). To characterise whether TNF-α acts on *TIE1* transcription or degradation, we incubated HMVECs with TNF-α in the presence or absence of actinomycin D. Results show that in the presence of actinomycin D and TNF-α, the decrease in *TIE1* mRNA is greater than with actinomycin D or TNF-α alone (Supplemental Fig. 3B), suggesting that TNF-α acts mainly by regulating its TIE1 half-life rather than its transcription. In order to determine whether *TIE1* deficiency is involved in the induction of EndMT by TNF-α, we stably overexpressed TIE1 in HMVECs using a *TIE1* lentivirus vector. Overexpression of TIE1 was obtained in three independent cell clones (Supplemental Fig. 3C). Remarkably, compared to TNF-α-treated control HMVECs, we observed a delay in the occurrence of EndMT-related morphological features in TNF-α-treated cells overexpressing TIE1 (ST1) (Fig. 4B). This delay was also observed by the analysis of EndMT markers at 24 h; whereas TNF-α induces a 47% decrease in CD31 and a 24.2%

increase in N-cadherin in HMVECs, signing the EndMT, this effect is much lower in ST1 cells with only 11% decrease in CD31 and 15.7% increase in N-cadherin (Fig. 4B). Nevertheless, overexpression of TIE1 did not completely prevent TNF-α-induced EndMT (Fig. 4B).

It has been shown that TIE1 modulates TIE2 signalling by forming heterodimers [34, 35]. We, therefore, studied the effects of TNF-α on TIE1/TIE2 heterodimers in HMVECs and ST1 cells (Fig. 4C). Co-immunoprecipitation experiments revealed that TIE1 co-precipitates with TIE2 in HMVECs. In agreement with the TNF-α-induced decrease in TIE1 expression, TIE1/TIE2 heterodimers are decreased in TNF-α-treated HMVECs. In contrast, in ST1 cells, TNF-α has no effect on ectopic TIE1 expression, probably due to the lack of TNF-α-targeted regulatory sequences in the lentivirus vector, and we found that TNF-α induced a 50% increase in TIE1/TIE2 interactions in ST1 cells. Altogether our results suggest a role for TIE1/TIE2 heterodimers in TNF-α-induced EndMT.

TNF-α-induced EndMT is reversible

Reversing the CAF phenotype may provide a strategy for developing therapeutic approaches to prevent fibrotic complications and increase vascularity in tumours. MET, the reverse process of EMT [19, 20, 22, 23], has been widely described during embryogenesis. Furthermore, MET is recognised as critical for the later stages of tumour metastasis by allowing cancerous cells to regain epithelial properties and integrate into distant organs [36].

In contrast to MET, MEndT (mesenchymal–endothelial transition) is very poorly described. We investigated potential MEndT by removing TNF-α after TNF-α-induced EndMT. HMVECs were incubated with TNF-α for 72 h, then cells were washed (+/– TNF-α) or not (+ TNF-α) and cultured for various times. Morphological changes were analysed at various time points (Fig. 5A and Supplemental Fig. 4A). Whereas all cells display a fibroblast cell-like phenotype in + TNF-α cultures at any time points, we observed two types of cell populations 72 h after TNF-α removal in +/– TNF-α cultures: fibroblast cell-like phenotypes and a few endothelial cell-like phenotypes. At 96 h, we observed three populations in +/– TNF-α cultures: fibroblast cell-like phenotypes, endothelial/fibroblast cell-like phenotypes and endothelial cell-like phenotypes; finally, at 168 h, we observed only endothelial cell-like phenotypes. Figure 5B shows that the strong decrease in CD31 expression following TNF-α treatment was reversed 24 h after TNF-α removal; the expression of CD31 was identical to that found in the untreated control. FACS analysis confirmed that the whole cell population re-expresses CD31 at 168 h after removal of TNF-α (Supplemental Fig. 4B). Downregulation of α-SMA in +/– TNF-α cultures is found from 48 h, delayed as compared to CD31 regulation found already from 24 h (Fig. 5B). This result could explain the persistence of fibroblasts-like phenotypes at early time points in +/– TNF-α cultures (Fig. 5A and Supplemental Fig. 4A). This reversion persisted until at least 168 h after removing TNF-α. We then examined the effects of TNF-α removal on the formation of tubules in a Matrigel-based tube-formation assay. A tubule restoration capacity was observed 72 h after TNF-α removal (Fig. 5C).

Altogether our results show that fibroblasts undergo MEndT to generate de novo endothelial cells.

Analysis of the protein secretome induced by TNF-α

CAFs are known to have important secretory capacities promoting tumour progression [37]. In order to find out whether TNF-α modifies the secretory capacities of treated cells, we performed a comparative analysis of HMVEC secretomes treated or not treated with TNF-α for 24 and 48 h (Fig. 6).

Mass spectrometry led to the identification of 602 secreted proteins at 48 h, among which 15 were specific to untreated and 80 were specific to treated cells (Fig. 6A). A MaxQuant analysis was performed to determine differentially expressed proteins. At 48 h,

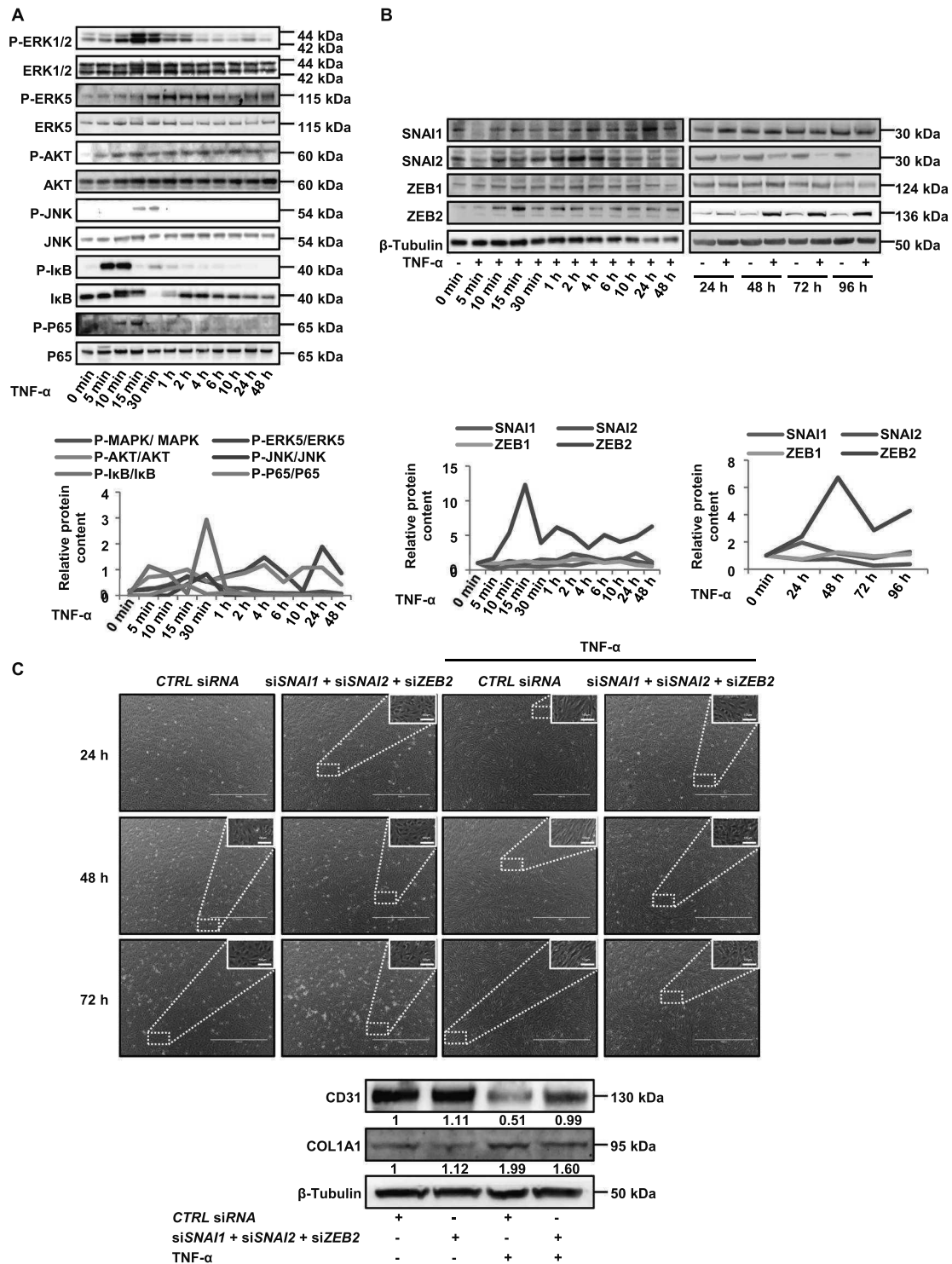


Fig. 3 Effects of TNF- α on signal transduction. **A, B** TNF- α increases Erk1/2, Erk5, Akt, JNK, I κ B and P65 phosphorylations (**A**) and protein expression of SNAI1, SNAI2 and ZEB2 (**B**) analysed by western blot. HMVECs were treated for various times with 100 ng/ml of TNF- α . Western blot quantifications are plotted on the graphs below. **C** SNAI1, SNAI2 and ZEB2 deficiencies partially prevented the morphological changes induced by TNF- α (upper panel) and abrogated or partially reverted the modifications induced by TNF- α on the expression of vascular endothelial marker (CD31) and mesenchymal markers (COL1A1) (lower panel). HMVECs were transfected with SNAI1, SNAI2 and ZEB2 or CTRL siRNA and treated for various times with 100 ng/ml of TNF- α . Total ERK1/2, ERK5, Akt, JNK, I κ B, P65 and β -tubulin were used as controls for western blots. Data are representative of three independent experiments. Scale bars, 100 μ m (inset) or 1000 μ m. HMVEC human microvascular endothelial cell, TNF- α tumour necrosis factor- α , Erk1/2, 5 extracellular signal-regulated kinase 1/2, 5, COL1A1 collagen type I α 1, Ctrl control, siRNA short-interfering RNA.

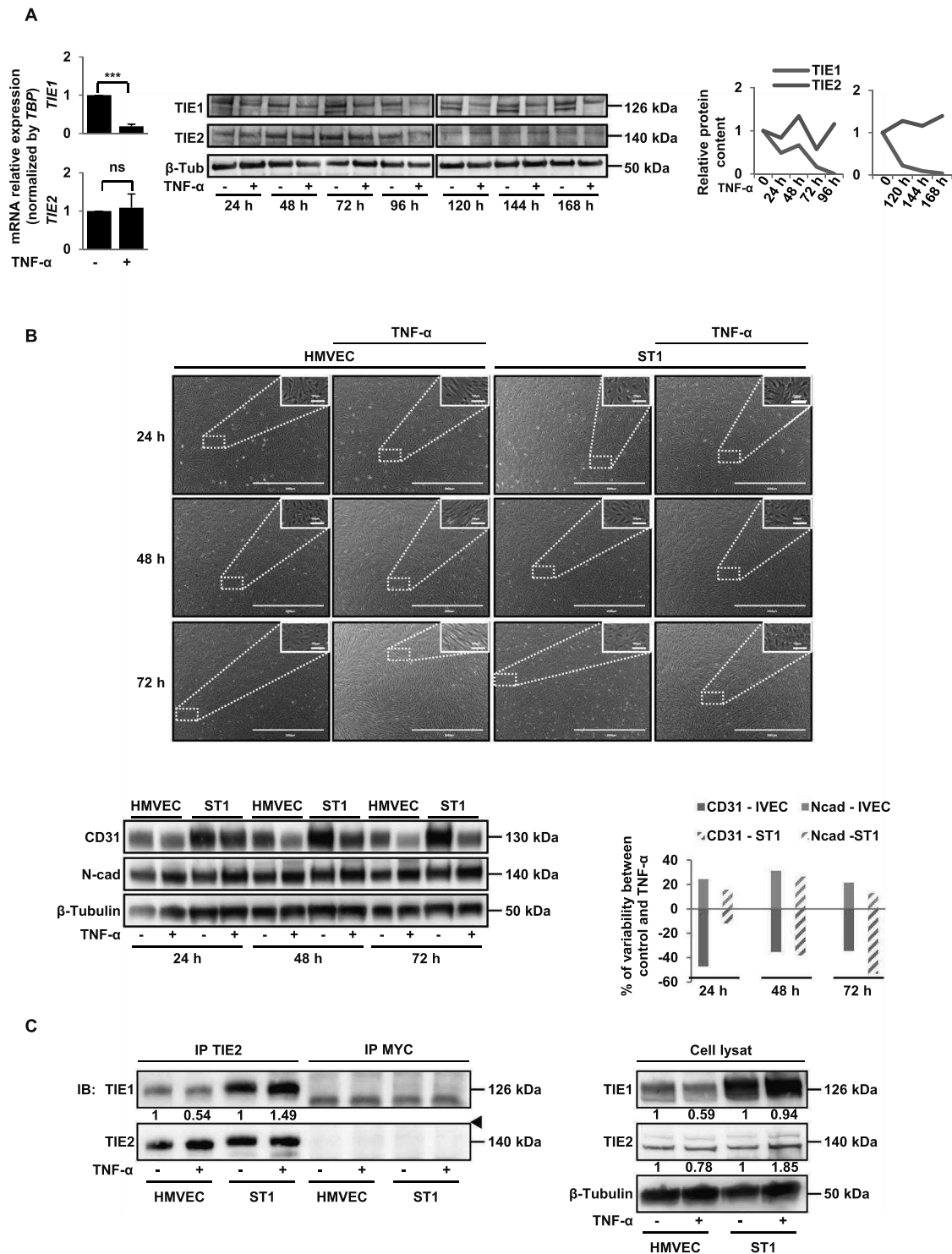


Fig. 4 Effects of TNF- α on TIE1 and TIE2 receptors. **A** TNF- α decreases the mRNA and protein expression of TIE1 and had no effect on TIE2 expression. HMVECs were treated various times with 100 ng/ml of TNF- α . mRNA and protein levels were quantified by RT-qPCR and western blot, respectively; graphs represent protein quantifications. RT-qPCR histograms show the mean of three independent biological experiments, and western blots are representative of three independent biological experiments. **B**, **C** The overexpression of TIE1 induces a delay of TNF- α -induced EndMT (**B**) and increases TIE1/TIE2 interactions (**C**). Control HMVECs and TIE1-encoding lentivirus infected clone (ST1) were treated various times with 100 ng/ml of TNF- α . Scale bars, 100 μ m (inset) or 2000 μ m. The graph represents the variation rate of proteins in presence of TNF- α . Lysates from control HMVECs and overexpressing TIE1 ST1 cells were subjected to immunoprecipitation with an anti-TIE2 or anti-MYC antibody, and TIE1 was detected by western blot. The arrow shows an aspecific band. TBP for RT-qPCR and β -tubulin for western blot analysis were used as controls. Data are representative of three independent experiments. Significant differences are indicated by solid lines ($***P < 0.005$ by *t* test). HMVEC human microvascular endothelial cell, EndMT endothelial-mesenchymal transition, TNF- α tumour necrosis factor- α , ST1 cells overexpressing TIE1, N-Cad N-cadherin, Ctrl control, mRNA messenger RNA, TBP TATA-box binding protein.

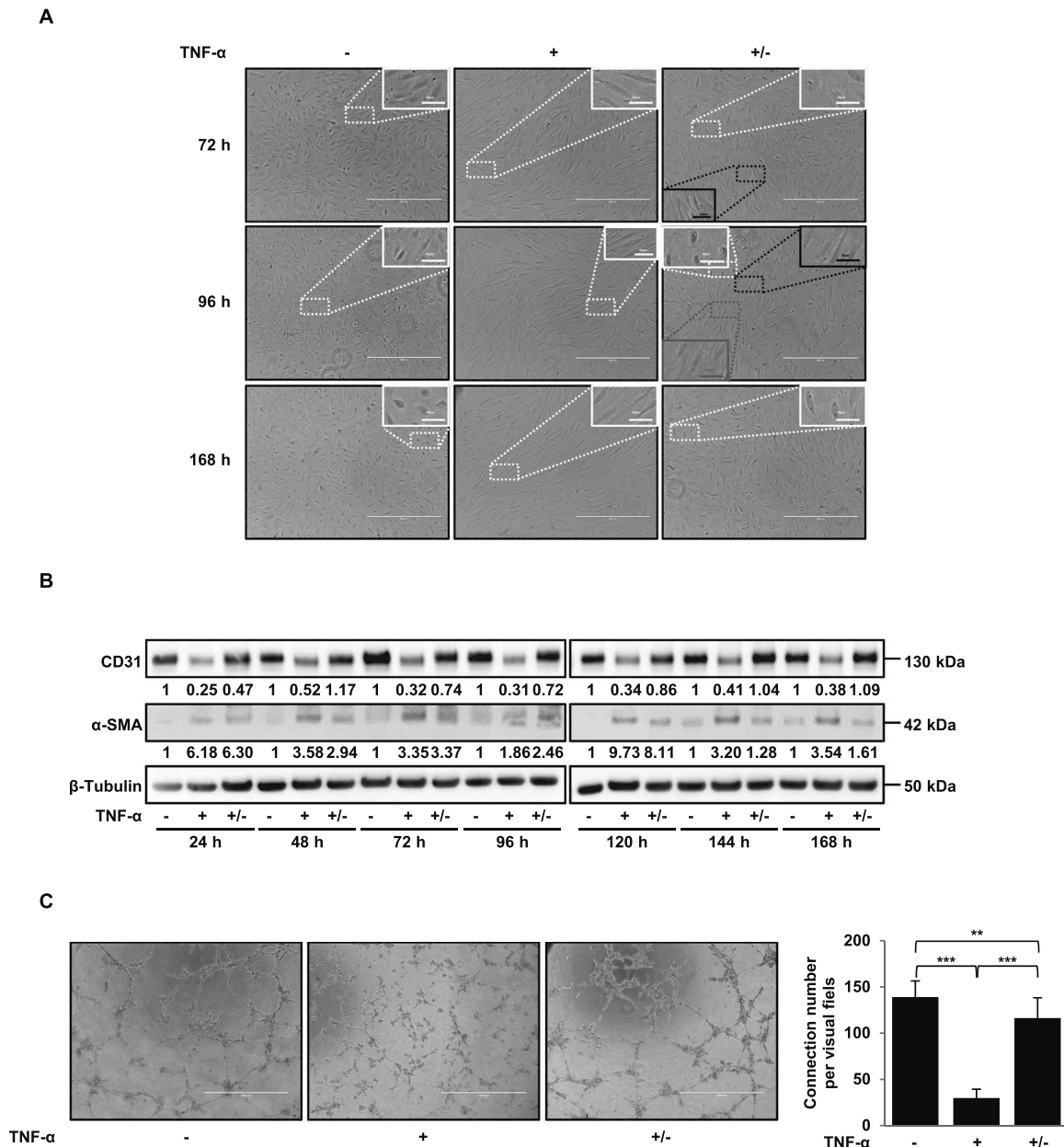


Fig. 5 TNF- α -induced EndMT is reversible. **A, B** TNF- α removal reverses the spindle-shaped phenotype induced by TNF- α (**A**) and TNF- α removal reverses the CD31 marker downregulation induced by TNF- α , restoring CD31 levels present in untreated controls (**B**). Reciprocal reversion is observed for the expression of the mesenchymal marker α -SMA. HMVECs were treated or not (–) for 72 h with 100 ng/ml of TNF- α then, cells were washed (+/–TNF- α) or not (+TNF- α) and cultured for various times. Scale bars, 50 μ m (inset) or 400 μ m. Protein expressions were analysed by western blot. **C** TNF- α induces a reduction in the formation of tubules in a matrigel-based tube-formation assay (+TNF- α), and a tubule restoration is observed from 168 h after removal of TNF- α (+/–TNF- α). Scale bars, 1000 μ m. β -tubulin was used as loading Ctrl for western blot analysis. Tube-formation scores were measured for three fields. Similar results were obtained in three different experiments. Significant differences are indicated by solid lines (** $P < 0.05$, *** $P < 0.005$ by t test). HMVEC human microvascular endothelial cell, TNF- α tumour necrosis factor- α , α -SMA α -smooth muscle actin, Ctrl control.

only 20 proteins showed no significant differences between the two secretomes (Fig. 6B and Supplemental Fig. 5B). These results show an important specific secretion by treated cells. Next, secretory capacity was determined using the intensity-based absolute quantification (iBAQ). Compared with control at 24 h and 48 h, TNF- α induced a 1.9- and threefold increase in secreted proteins, respectively (Fig. 6C). This increase is also directly detected on PAGE gel (Supplemental Fig. 5A).

CAFs are characterised by their pro-inflammatory signature [38] and by the production of high levels of collagen [39]. Table 1 in Supplemental Fig. 5C shows that pro-inflammatory proteins are

upregulated in the secretome of treated cells. Likewise, cells treated with TNF- α for 48 h produce 7.9-fold more Col1a1 than untreated cells (Fig. 6D). These results are in agreement with the fibroblastic features of TNF- α -treated endothelial cells.

We analysed all the secreted proteins detected at 48 h of treatment using the Ingenuity Pathway Analysis (IPA) software. Among pathways significantly affected by the changes in protein secretion and predicted to be activated, several are implicated in migration, inflammation and fibrosis, supporting the fibroblastic nature of treated cells (Fig. 6E). In agreement with our results (Figs. 3A and 2A), AKT and ERK5 pathways are predicted to be activated

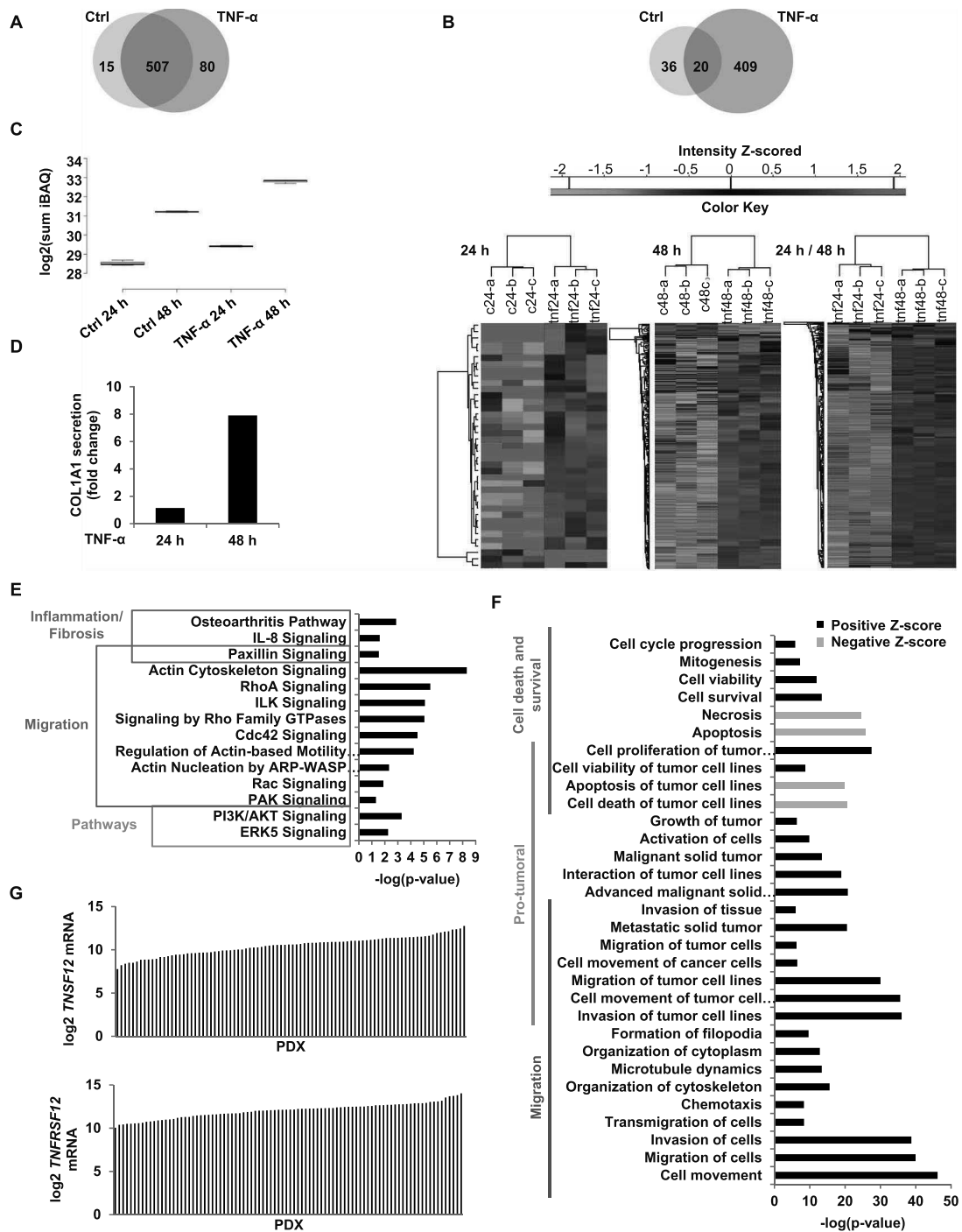


Fig. 6 Analysis of HMVECs secretome induced by TNF- α . HMVECs were treated for 24 h and 48 h with 100 ng/ml of TNF- α and supernatants were analysed by mass spectrometry. **A** The Venn diagram presents proteins detected in HMVECs secretome treated or not with TNF- α . In total, 602 proteins were detected whose 15 only in HMVECs secretome, 80 only in HMVEC's secretome treated with TNF- α and 507 were common to both. **B** The Venn diagram depicting total protein distribution, 20 proteins were not significantly different between subpopulations, 36 and 409 were significantly elevated in the endothelial and mesenchymal subpopulations, respectively, using a 1.5 cut-off for significant differences. Heatmap of proteins differentially expressed between Ctrl and TNF- α at 24 h and 48 h and between TNF- α 24 h and TNF- α 48 h. Results were obtained with three technical replicates. **C, D** TNF- α induces an increase of secretory capacity of HMVECs as revealed by the sum of abundance intensity (iBAQ) for all identified proteins (**C**) and an increase of COL1A1 secretion (**D**). **E, F** All proteins detected at 48 h of TNF- α treatment were analysed with IPA. Pathways (**E**) and functions (**F**) significantly affected are represented by the graphs. **G** mRNA expression levels of *TNFSF12* and *TNFRSF12* in PDXs. HMVECs human microvascular endothelial cells, TNF- α tumour necrosis factor- α , Ctrl control, COL1A1 collagen type I α 1, *TNFSF12* tumour necrosis factor ligand superfamily member 12, *TNFRSF12* tumour necrosis factor receptor superfamily member 12, PDXs patient-derived xenografts.

in treated cells (Fig. 6E), as well as processes related to migration (Fig. 6F). It is known that TNF- α can induce apoptosis, necrosis or invasion of tumoural cells. Interestingly, necrosis and apoptosis pathways are, on the contrary, inhibited in our assay, while cell survival, viability and cycle progression pathways are activated (Fig. 6F). Furthermore, Fig. 6F shows 16 pro-tumoural processes activated. We conclude that TNF- α -treated endothelial cells displayed the pro-tumoural characteristics of CAFs. Table 2 in Supplemental Fig. 5C presents the regulators of signal transduction and inflammation predicted to be activated. Confirming the results presented in Fig. 3, the NF κ B complex, JNK, ERK and PI3K are predicted to be activated. Among the activated upstream regulators, we focused our attention on TNFSF12 (tumour necrosis factor ligand superfamily member 12) (Table 2 in Supplemental Fig. 5C). Indeed, excessive activation of the TNFSF12 receptor pathway has been described as promoting pathological fibrosis in chronic liver disease by inducing the proliferation of hepatic stellate cells [40, 41]. In order to determine whether TNFSF12 and its receptor were present in PDAC patients, PDX (patient-derived xenografts) were analysed. Results obtained by RNA-seq demonstrate that tumours from all patients examined exhibited high levels of *TNFSF12* and *TNFRSF12* (Fig. 6G), suggesting the activation of this pathway and pointing at its importance in PDAC.

TNF- α induces CAFs in pancreatic tumours in vivo

We examined whether TNF- α induces the formation of CAFs and fibrosis in pancreatic tumours and thereby whether TNF- α may be responsible for the strong desmoplastic reaction characteristic of PDAC. PK4A mouse pancreatic tumour cells from spontaneous tumours were implanted orthotopically in syngeneic *Ink4a/Arf^{fl/fl}; LSL-Kras^{G12D}* transgenic mice. The following day, we began injecting TNF- α every day for 4 weeks and analysed the impact of TNF- α on stroma organisation. Collagen fibres and fibrosis were revealed by Masson's trichrome (MT) staining.

In agreement with the known elevated TNF- α secretion of pancreatic cells, collagen fibrosis (bright blue staining) was observed in tumour sections of untreated mice, however, quantification of the intensity of the staining revealed that TNF- α -treated mice present a twofold increase in fibrosis compared with untreated mice (Fig. 7A).

The activated fibroblast (myofibroblast or CAF) marker α -SMA [42, 43] was also quantified in both groups. We found that the percentage of α -SMA-positive cells was significantly ($P < 0.05$) higher in TNF- α -treated mice (Fig. 7B), possibly reflecting an increase in the number of EndMT-derived fibroblasts. Importantly, these results indicate that TNF- α induces an increase in CAFs also in vivo in murine pancreatic tumours.

DISCUSSION

CAF is one of the most crucial components of the microenvironment which promotes tumour growth and invasion [10, 12]. Furthermore, the abundant fibrotic stroma produced by CAFs constitutes a physical barrier against effective drug delivery, contributing strongly to chemoresistance in pancreatic cancer [7].

We show that TNF- α , abundantly present in PDAC, induces EndMT, acts, at least partially, through TIE1 regulation and participates in the CAF generation process in murine pancreatic tumours. In addition, secretome analysis identified TNFSF12 as a regulator, which is present in all PDAC of PDX.

We first show here that TNF- α induces the phenotypic conversion of endothelial cells into fibroblasts. We observed the reduction of vascular endothelial markers and the expression of mesenchymal markers [44]. In accordance with previous studies, this EndMT is accompanied by an increase in cell migration [18].

We find that TNF- α also increases SNAI1, SNAI2 and ZEB2 mRNA and protein expression. These transcription factors are known to repress the expression of VE-cadherin [45]. They very probably act

synergistically, since several studies suggest that they regulate each other. Indeed, SNAI1 can upregulate *ZEB1* and *ZEB2* [46] and SNAI2 indirectly upregulates *SNAI1* [47]. All this is in agreement with our results, where *SNAI1*, *SNAI2* and *ZEB2* deficiencies partially prevented TNF- α -induced EndMT. This partial inhibition of the TNF- α effect could be due to residual expression of the transcription factors or, alternatively, to other transcription factors implicated in TNF- α -induced EndMT.

Several studies show that either vascular endothelial growth factor (VEGF) overexpression [49] or inflammatory molecules specific to PDAC [44, 48] induce a decrease in TIE1 protein by activating its ectodomain cleavage. Here, we found that TNF- α downregulates TIE1 by degrading *TIE1* mRNA, revealing an unknown TIE1 targeting molecular mechanism. Therefore, TNF- α can be expected to act on both *TIE1* mRNA and TIE1 protein cleavage. We show that overexpression of TIE1 partially prevents EndMT, these results suggest that in addition to TIE1 downregulation, TNF-induced EndMT necessitates the activation of additional pathways.

With regard to the receptor TIE2, we show that TNF- α does not change TIE2 expression, contrasting with the strong decrease in TIE1 expression. This result is in agreement with our previous results showing that, in PDAC, TIE2 expression persists in cells that had undergone EndMT in the absence of TIE1 [18]. These results are also in accordance with previous study in FOP showing that TIE2 does not decrease when endothelial cells become mesenchymal following EndMT [24]. Consequently to the TNF- α -induced diminution of TIE1 expression, which leads to the decrease in the proportion of TIE1/TIE2 heterodimers versus TIE2/TIE2 homodimers, our results show that there is a correlation between EndMT induction and TIE1/TIE2 heterodimers. Indeed, forced TIE1 overexpression in ST1 cells leads to a heterodimer increase and to a delay of EndMT after TNF- α treatment. However, we cannot exclude that this is the homodimer level that is important for TNF- α -induced EndMT. Further works are required to discriminate between these two hypotheses. Altogether our results are schematically summarised in the model presented in Fig. 7C. TNF- α has two types of receptors, TNFR1 (tumour necrosis factor receptor 1 or p55), expressed ubiquitously, and TNFR2 (tumour necrosis factor receptor 2 or p75), mainly expressed by immune and endothelial cells. In order to know which TNF- α receptors are involved during TNF- α -induced EndMT, it would be interesting to study the expressions of these receptors and to use neutralising antibodies or siRNA directed against them.

The desmoplastic and hypovascular nature of PDAC strongly contribute to its therapeutic resistance [12, 14, 49]. EndMT is very likely involved in the fact that PDAC are hypovascularized, with an 80% reduction in microvascular density compared with normal pancreases [48]. A loss of endothelial cells due to EndMT may contribute to microvascular rarefaction. To increase drug delivery, several approaches can be considered. Vessel normalisation is emerging as an opportunity to improve the efficacy of anti-angiogenic therapies [50–52], which can also transiently “normalise” the abnormal vessels [9, 53, 54]. In PDAC, the strategy of reversing CAF in endothelial cells seems more promising because of the highly desmoplastic nature of the tumour. Here, we show that EndMT can be reversed, with MEndT occurring rapidly after removing TNF- α . MEndT has been very poorly described. Ubil et al. demonstrated that cardiac fibroblasts undergo MEndT to generate endothelial cells in the injured heart and showed that MEndT can be augmented to contribute to neovascularization and enhance cardiac repair [55]. These exciting findings reveal a novel mechanism for new blood vessel formation: MEndT could contribute to neovascularization in PDAC and represents a potential therapeutic target for enhancing drug delivery.

Interestingly, anti-TNF- α therapy is currently used for inflammatory diseases as rheumatoid arthritis, and other pathologies. Accordingly to our results, previous study shows that inhibition of

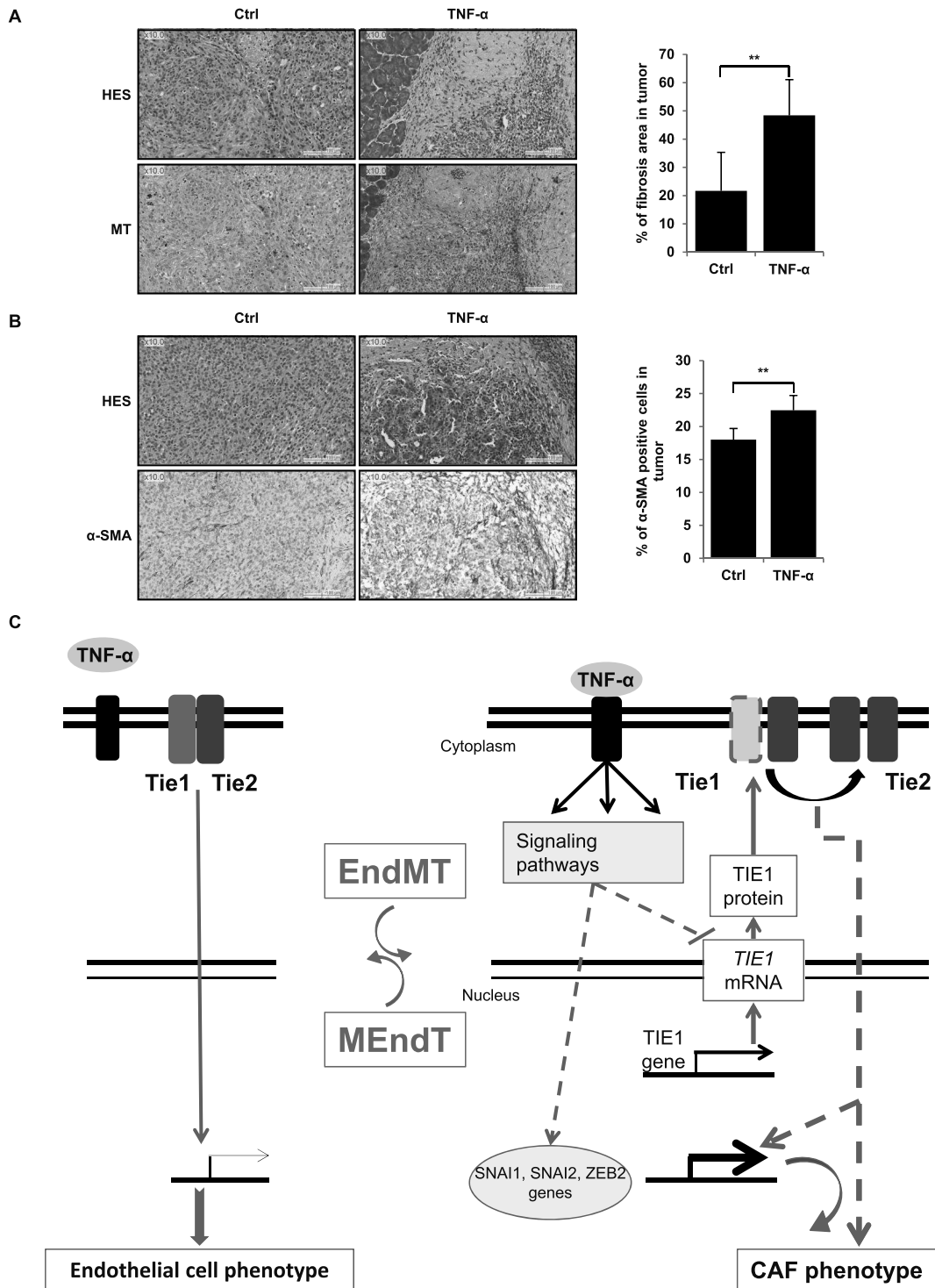


Fig. 7 In vivo effect of TNF- α and schematic model of its action. TNF- α increases CAFs in pancreatic tumour in vivo (A, B) and schematic model of the reversible TNF- α -induced EndMT involving Tie1 downregulation (C). A, B. TNF- α induces an increase of fibrosis (A) and an increase of CAFs α -SMA positives (B). PK4A tumoral cells were orthotopically injected in mice which were treated daily for 27 days with injections of NaCl (Ctrl) or TNF- α ($n = 6$ for each condition). Then, pancreases were collected and sections of tissue were subjected to HES staining, Masson's trichrome (MT) staining and α -SMA staining. Fibrosis and α -SMA staining were analysed and quantified by calopix. Significant differences are indicated by solid lines (** $p < 0.05$, by t test). Scale bars, 100 μ m. CAF cancer-associated fibroblast, TNF- α tumour necrosis factor- α , Ctrl control, HES haematoxylin eosin saffron, MT Masson's trichrome MT, α -SMA α -smooth muscle actin.

TNF- α by anti-TNF- α antibodies reduces both growth of PDAC tumours in PDX model and the number of pancreatic stellate cells (PSCs) as well as the amount of collagen [56, 57], indicating the possible effects of anti-TNF- α on PDAC-induced desmoplasia.

However numerous studies suggest that anti-TNF- α treatments increase the risk for cancer [58], disqualifying this approach for PDAC. These apparent discrepancies could be due to the known pleiotropic downstream effects of TNF- α , and the dual nature of

TNF- α which is known to be pro or anti-tumoural. In view of our results, the EndMT reversion could be achieved with greater specificity by targeting the TIE1 and TIE2 receptors. As we show here, the balance between the TIE2/TIE2 homodimers and TIE1/TIE2 heterodimers seem critical in this process and interfering with this balance should therefore regulate the EndMT reversion. In the end, one possibility for reversing the EndMT would be to act at the level of the TIE1/TIE2 heterodimers. In this respect, the very recently ligand of TIE1 (LECT2), identified in a different cellular context, could play a role in the PDAC [59]. One therapeutic approach could be to find peptides that inhibit LECT2/TIE1 binding by the Phage Display technique [50, 51] to block the inhibition of TIE1/TIE2 heterodimers.

We report in this paper that TNF- α induces EndMT, partially through TIE1 downregulation and that a MEndT is obtained by removing TNF- α . We show that in vivo administration of TNF- α strongly increases the formation of CAFs and an abundant desmoplastic stroma in pancreatic tumours. Our results unravel some of the EndMT mechanisms involved in tumour development and have implications for therapeutic targeting of EndMT or for therapies inducing a reversible process known as MEndT. Such therapeutic approaches should restore normal angiogenesis and, consequently, favour better access to drugs and diminish drug resistance.

METHODS

Cell lines

HMVEC cell lines were kindly supplied by Dr Xing Guo (Duke University Medical Center, Durham, NC, USA) and were cultured according to Shao and Guo [60]. Cells were cultured in MCDB131 (Gibco) medium supplemented with 12% HyClone FBS (Healthcare Life Sciences), 10 mM glutamine (Invitrogen), 100 mg/ml heparin, 10 ng/ml FGF2 (Sigma), 10 ng/ml EGF (Corning), 1 μ g/ml hydrocortisone (Sigma). HMVECs were used until passage 20. Primary HUVEC (pHUVEC) were purchased (Gibco) and were cultured in Medium 200 supplemented with Low Serum Growth Supplement kit (LSGS, Gibco). pHUVECs were used until passage 5. PK4A cell lines were established from *Pdx1-Cre; LSL-Kras^{G12D}; Ink4a/Arf^{fl/fl}* tumours [61] and were cultivated in Glutamax 25 mM glucose DMEM (Gibco) medium supplemented with 10% FBS (Biosera), 1% antibiotic/antimycotic (anti/anti). PK4A were used at passage 23.

TNF- α treatment

In total, 1×10^6 cells were seeded into 100-mm dishes. Twenty-four hours later, cells were washed twice with PBS and treated with human recombinant TNF- α (100 ng/ml; Sigma). For the α -SMA expression studies, cells were cultivated in medium without hydrocortisone and FGF2 because these compounds inhibit the expression of α -SMA [62].

Signalling pathways

In total, 3×10^5 cells were seeded into 100-mm dishes. When they adhered, cells were washed twice with PBS and cultivated in depleted medium (MCDB131; 1% glutamine). The next day, cells were washed twice, cultivated in depleted medium and treated with TNF- α (100 ng/ml; Sigma).

RNA interference

SNAI1, *SNAI2* and *ZEB2* siRNAs were purchased from Eurogentec. Control siRNA was purchased from Eurofins (Supplemental Table 3). A non-relevant siRNA (Ctrl). Cells were transfected with siRNAs using the calcium phosphate method into 100-mm dishes containing 1×10^6 HMVECs. After 6 h of transfection, cells were washed and the day after a new transfection was performed. After 48 h, transfected cells were treated for 48 h or 72 h with TNF- α (100 ng/ml; Sigma) and analysed as described hereunder.

Quantitative real-time PCR

Total RNA was extracted using TRIzol (Invitrogen) and cDNAs were prepared using GoSCRIPT kit (Promega, Madison, WI, USA) following the manufacturer's instructions. Quantitative PCR was performed in an AriaMx[®] real-time PCR system (Agilent Technologies, Santa Clara, CA, USA), using the GoTaq[®] qPCR Master Mix kit (Promega, Madison, WI, USA). Quantisation

was performed using the Agilent AriaMx 1.6 software (Agilent Technologies, Santa Clara, CA, USA). Primer sequences are available in Supplemental Table 4.

Western blot analysis

Cells were lysed in RIPA buffer (Sigma) supplemented with an inhibitor cocktail. Equal amounts of protein were submitted to SDS-PAGE (10%, 7%, 4–12% or 3–8% NuPAGE Novex Mini Gels, Invitrogen), and electrophoretically transferred onto polyvinylidene difluoride membrane (Immobilon-P). Membranes were blocked in Tris-buffered saline (10 mM Tris-HCl, pH 7.6, 0.15 M NaCl) containing 0.5% non-fat milk (or 1% bovine serum albumin) and 0.1% Tween-20 for 1 h at room temperature. Membranes were probed using the SNAPid system with either anti-TIE1 antibody, anti-TIE2 antibody, anti-VE-cadherin antibody, anti-P-Tyr antibody, anti-ZEB1 antibody (Santa Cruz Biotechnology), anti-CD34 antibody, anti-SM22 α antibody, anti-col1a1 antibody (Abcam), anti-ERK1/2 antibody, anti-p-ERK1/2 antibody, anti-ZEB2 antibody (Sigma) or anti-CD31 antibody, anti- α -SMA antibody, anti-S100A4 antibody, anti-N-cadherin antibody, anti-SNAI1 antibody, anti-SNAI2 antibody, anti-ERK5 antibody, anti-p-ERK5 antibody, anti-AKT antibody, anti-p-AKT antibody, anti-JNK antibody, anti-p-JNK antibody, anti-IkB antibody, anti-p-IkB antibody, anti-P65 antibody, anti-p-P65 antibody (Cell Signaling Technology). An anti- β -tubulin antibody was used as a loading control. Immunoreactive bands (peroxidase activity) were visualised with the ECL system (Amersham Pharmacia Biotech) and analysed using a Fusion FX7 imager (Fisher Bioblocks Scientific).

Cell migration assay

Endothelial cell migration assays were performed using a 24-well chemotaxis chamber (Transwell, Falcon) as described [63]. Polycarbonate Membranes with a pore size of 8 μ m were coated with 50 μ g/ml fibronectin (Sigma) and 0.1% gelatin in phosphate-buffered saline (PBS) overnight. Cells were harvested by trypsinization, washed three times with serum-free MCDB131 medium containing 0.1% fatty acid-free BSA and were seeded at 2×10^5 cells per well. The lower wells contained serum-free medium with 0.1% BSA in the presence or absence of platelet-derived growth factor (PDGF)-BB (20 ng/ml; AbCys S.A.). The cell suspension was added to the upper chamber, and cells were allowed to migrate at 37 $^{\circ}$ C in a 5% CO₂ humidified incubator. After 3 h, the filter was removed, and the upper side of the filter containing the non-migrated cells was scraped with a rubber policeman. The filters were fixed with methanol and stained with coomassie blue. Migration was quantified by counting cells in six random high-power fields in each well.

Tubule-formation assay

Endothelial cell tubule-formation assays were performed using a 96-well plate. Wells were coated with Matrigel (Corning) 3 h at 4 $^{\circ}$ C. In total, 2×10^4 endothelial cells, treated or not with TNF- α (100 ng/ml; Sigma) during 96 h, were seeded per wells in a medium with 0.5% FCS (Hyclone) and without FGF2 and hydrocortisone. Cells were allowed to form tubules at 37 $^{\circ}$ C in a 5% CO₂ humidified incubator. After 13 h, each well is observed with an EVOS microscope.

Low-density lipoprotein (LDL) assay

Low-density lipoprotein assays were performed using a 24-well plate. In total, 5×10^4 endothelial cells, treated or not with TNF- α (100 ng/ml; Sigma) during 96 h, were seeded in a medium with 0.5% FBS (Hyclone) and without FGF2 and hydrocortisone. After cell adhesion, LDL (20 μ g/ml, Life Technology) were added to each well and the plate was incubated at 37 $^{\circ}$ C in a 5% CO₂ humidified incubator. After 13 h, each well is observed with an EVOS microscope.

Actinomycin D assay

In total, 1×10^6 cells were seeded into 60-mm dish. Twenty-four hours later, cells were washed twice, cultivated in medium without FGF2 and hydrocortisone and treated with Actinomycin D (5 μ g/ml; Sigma). After 2 h, cells were treated with TNF- α (100 ng/ml; Sigma) and analysed as described above.

TIE1 overexpression

TIE1 full-length cDNA (OriGene) was amplified by PCR with primers which include EcoRV restriction sites (Fo: **cgagat**atcgctgctggcggtgcccccctt; Re: **cgatgat**ctcaggcctcctcagctgtggcatc). PCR product was loaded on agarose

gel and the corresponding band was purified using Wizard SV kit (Promega, Madison, WI, USA) following the manufacturer's instructions. EcoRV restriction enzyme was used to digest PCR product and pCCL-6HF vector [64], then *TIE1* was subcloned into pCCL-6HF vector [64]. The pCCL-6HF-TIE1 construct was verified by DNA sequencing. 293T cells were transfected with a mix of 1/3 ΔHelper, 1/3 VsVg and 1/3 pCCL-6HF-TIE1 construct using Lipofectamine reagent 3000 (Invitrogen) following the manufacturer's instructions. The day after, the supernatant of transfected 293T containing lentiviral particles was added in a six-well plate containing 1×10^5 endothelial cells for 72 h. Infected cells were seeded in 25-cm² flasks to grow and three clones were selected. The TIE1 overexpression was verified by immunofluorescence and western blot (Supplementary Fig. 3).

Immunocytochemistry

In total, 2×10^4 endothelial cells were seeded on a sterile coverslip in a 12-wells plate. The next day, cells were washed twice with PBS, fixed with paraformaldehyde 4% for 10 min, washed twice and incubated with PBS1X NH₄CL 50 mM for 10 min, each at room temperature. After washing with PBS1X, cells were permeabilized with PBS1X Triton 0.2% for 10 min and after two washed cells were blocked in PBS1X FBS 5% (HyClone) for 1 h, each at room temperature. Cells were probed with TIE1-PE antibody (R&D Systems) for 2 h at room temperature. After wash, coverslips were mounted in ProLong[®] Gold Antifade reagent (Invitrogen) and observed with a Nikon Eclipse 90i microscope.

Co-immunoprecipitation

Cells were lysed in lysis buffer supplemented with an inhibitor cocktail. Equal amounts of protein were incubated with anti-TIE2 antibody (R&D Systems) for 2 h in agitation in a cold room. Recombinant Protein G agarose (Invitrogen) was added in each tube for 1 h in a cold room. After centrifugation, beads were washed twice with lysis buffer and once with PBS1X. A mix of Sample Reducing agent and LDS sample buffer 1× (Invitrogen) was added on beads and heated for 4 min at 95 °C. Each sample was submitted to western blot.

FACS analysis

In total, 5×10^5 endothelial cells were seeded in PBS1X-BSA1% in a 96-well plate. Cells were washed three times with PBS1X-BSA1% at 4 °C and incubated with anti-CD31 FITC antibody (BD Pharmingen[™]) or anti-TIE1-PE antibody or anti-TIE2 APC antibody (R&D Systems) for 1 h in agitation in a dark cold room. Cells were washed twice and suspended with PBS and analysed by MACSQuant[®] VYB flow cytometers (Miltenyi Biotech). Data were treated with Flow Jo software.

Mass spectrometry analysis

In total, 1×10^6 HMVECs were seeded into 100-mm dishes. Twenty-four hours later, cells were washed twice with PBS and treated with human recombinant TNF-α (100 ng/ml; Sigma) for 24 or 48 h. After the indicated time, 10 ml of each supernatant was collected and cells debris were removed by centrifugation (4000×g, 20 mn). Cleared supernatant was then dialysed against 100 mM ammonium bicarbonate using Amicon[®] Ultra 15-ml Centrifugal Filters (cut-off 3 kDa, Millipore) and concentrated until 2 ml. In total, 10% of the total volume was dried using a vacuum concentrator and kept apart for SDS-PAGE analysis (silver-stained gel for quality check of the sample). The remaining 90% was dried and protein pellets were solubilized in 8 M urea. After cysteine reduction in presence of 10 mM DTT and alkylation with 50 mM iodoacetamide, proteins were digested with high-sequencing-grade trypsin (Promega, Madison, WI). Peptides were further desalted, cleaned on Sep-Pak C18 Plus cartridge according to the manufacturer instructions (Waters, Milford, MA) and were dried down in a centrifugal vacuum system. Samples were reconstituted with 0.1% trifluoroacetic acid in 4% acetonitrile and analysed by liquid chromatography (LC)-tandem mass spectrometry (MS/MS) using an Orbitrap Fusion Lumos Tribrid Mass Spectrometer (Thermo Electron, Bremen, Germany) online with an Ultimate 3000RSLCnano chromatography system (Thermo Fisher Scientific, Sunnyvale, CA). Peptides were separated on a Dionex Acclaim PepMap RSLC C18 column. First peptides were concentrated and purified on a pre-column from Dionex (C18 PepMap100, 2 cm × 100 μm I.D., 100 Å of pore size, 5 μm of particle size) in solvent A (0.1% formic acid in 2% acetonitrile). In the second step, peptides were separated on a reverse-phase LC EASY-Spray C18 column from Dionex (PepMap RSLC C18, 50 cm × 75 μm I.D., 100 Å of pore size, 2 μm of particle size) at 300 nL/min flow rate. After column equilibration using 4% of solvent B (20%

water–80% acetonitrile–0.1% formic acid), peptides were eluted from the analytical column by a two steps linear-gradient (4–20% acetonitrile/H₂O; 0.1 % formic acid for 90 min and 20–45% acetonitrile/H₂O; 0.1% formic acid for 30 min). For peptide ionisation in the EASY-Spray nanosource, spray voltage was set at 2.2 kV and the capillary temperature at 275 °C. The Orbitrap Lumos was used in data-dependent mode to switch consistently between MS and MS/MS. The time between Masters Scans was set to 3 s. MS spectra were acquired with the Orbitrap in the range of *m/z* 400–1600 at a FWHM resolution of 120,000 measured at 400 *m/z*. AGC target was set at 4.0 e5 with a 50 ms of maximum injection time. For internal mass calibration, the 445.120025 ions were used as lock mass. The more abundant precursor ions were selected and collision-induced dissociation fragmentation was performed in the ion trap to have maximum sensitivity and yield a maximum amount of MS/MS data. The number of precursor ions was automatically defined along run in 3 s windows using the “Inject Ions for All Available parallelizable time option” with a maximum injection time of 300 ms. The signal threshold for an MS/MS event was set to 5000 counts. Charge state screening was enabled to exclude precursors with 0 and 1 charge states. Dynamic exclusion was enabled with a repeat count of 1 and a duration of 60 s.

Protein identification and quantification

Relative intensity-based label-free quantification (LFQ) and intensity-based absolute quantification (iBAQ) was processed using the MaxLFQ algorithm [61] from the freely available MaxQuant computational proteomics platform, version 1.5.3.8. [65, 66]. The acquired raw LC Orbitrap MS data were first processed using the integrated Andromeda search engine [67]. Spectra were searched against a UniProt *Human* database (date 2017.05; 20200 entries). This database was supplemented with a set of 245 frequently observed contaminants. The following parameters were used for searches: (i) trypsin allowing cleavage before proline; (ii) two missed cleavages were allowed; (iii) monoisotopic precursor tolerance of 20 ppm in the first search used for recalibration, followed by 4.5 ppm for the main search and 0.5 Da for fragment ions from MS/MS; (iv) cysteine carbamidomethylation (+57.02146) as a fixed modification and methionine oxidation (+15.99491) and N-terminal acetylation (+42.0106) as variable modifications; (v) a maximum of five modifications per peptide allowed and (vi) minimum peptide length was seven amino acids and a maximum mass of 4600 Da. The match between runs option was enabled to transfer identifications across different LC-MS/MS based on their masses and retention time within a match time window of 0.7 min and using an alignment time window of 20 min. The quantification was performed using a minimum ratio count of 1 (unique + razor) and the second peptide option to allow the identification of two co-fragmented co-eluting peptides with similar masses. The false discovery rate (FDR) at the peptide and protein levels were set to 1% and determined by searching a reverse database. For protein grouping, all proteins that cannot be distinguished based on their identified peptides were assembled into a single entry according to the MaxQuant rules. The statistical analysis was done with the Perseus programme (version 1.5.6.0) from the MaxQuant environment (www.maxquant.org). The LFQ normalised intensities were uploaded from the proteinGroups.txt file. First, proteins marked as a contaminant, reverse hits, and “only identified by site” were discarded. Quantifiable proteins were defined as those detected in at least 100% of samples in at least one condition. Protein LFQ normalised intensities were base 2 logarithmized to obtain a normal distribution. Missing values were replaced using data imputation by randomly selecting from a normal distribution centred on the lower edge of the intensity values that simulate signals of low abundant proteins using default parameters (a downshift of 1.8 standard deviations and a width of 0.3 of the original distribution). In this way, imputation of missing values in the controls allows statistical comparison of protein abundances that are present only in the inhibitors samples. To determine whether a given detected protein was specifically differential a two-sample *t* test were done using permutation-based FDR-controlled at 0.01 and 0.05 and employing 250 permutations. The *P* value was adjusted using a scaling factor *s*₀ with a value of 1 [68]. The mass spectrometry proteomics data, including search results, will be deposited to the ProteomeXchange Consortium (www.proteomexchange.org) [69] via the PRIDE partner repository with the dataset identifier PXD014488.

Patient study

The study was approved by the local ethics committee (approval number 11-61) following patient informed consent. The PaCaOmics study is registered at www.clinicaltrials.gov with registration number

NCT01692873. All pancreatic adenocarcinoma (PDAC) xenograft samples were xenografted in immunocompromised mice producing patient-derived xenografts (PDX) samples that have been generated in our laboratory according to Nicolle et al. [70]. Animal experiments were approved by the local ethics committee and performed following the guidelines of our centre (CRCM). RNA was obtained from all PDX. Next-Generation Sequencing (RNA-seq) was performed on these samples using Illumina's TrueSeq Stranded RNA LT protocol to obtain 100 base paired-end reads. RNA-seq reads were mapped using STAR and SMAP on the human hg19 and mouse mmu38 genomes. RNA sequencing of PDAC xenograft samples accession number E-MTAB-5039. Characteristics of this cohort were recently published [71].

Animal study

All experimental protocols were carried out in accordance with the nationally approved guidelines for the treatment of laboratory animals. All experimental procedures on animals were approved by the Comité d'éthique de Marseille numéro 14 (C2EA-14). Mice were kept within the Experimental Animal House of the Centre de Cancérologie de Marseille, pôle Luminy (Centre de Recherche en Cancérologie de Marseille). In all, 5×10^5 PK4A cells were injected in orthotopic in 6-week-old males *Ink4a/Arf^{fl/fl}; LSL-Kras^{G12D}* mice under isoflurane anaesthesia [induction: 4% (vol/vol) and maintenance: 1.5% (vol/vol)]. The next day, mice were treated with an intraperitoneal injection of either NaCl for control mice or mouse recombinant TNF- α (5 μ g; Gibco) every day for 27 days. After mice sacrifice, tumours were fixed in paraformaldehyde 4% and included in paraffin.

Immunohistochemistry

The label was performed on Automate Discovery XT (Roche Ventana). In all, 5- μ m sections of tissue were deparaffinized with Néo Clear (Dako) and two baths of absolute ethanol. Antigenic sites were unmasked with cell conditioning 1 (CC1) pH 8 (Roche). Sections were incubated with an anti- α -SMA antibody (Abcam) 1 h at 37 °C and with an OmniMap anti-rabbit HRP (Multimer; Roche) 16 min for the detection. Sections were incubated in Haematoxylin II (Roche) 16 min and with Bluing reagent (Roche) 4 min. Sections were dehydrated in two baths of absolute ethanol 1 min and xylene substitute Néo Clear (Dako) and mounted in Pertex (Histolab). Sections were scanned and labelling was quantified with CaloPix software.

Histological analysis

Colorations were performed on automate Coverstainer (Dako). Sections of tissue were deparaffinized with Néo Clear (Dako) and two baths of absolute ethanol. For HES coloration, 5- μ m sections were incubated in the following baths: haematoxylin (Dako) 2 min, tap water 1 min, ethanol 70% 1 min, eosin (Dako) 3 min 30 s, ethanol 96% 1 min and saffron 4 min. For Masson's trichrome stain 3- μ m sections were probed using the Masson's trichrome kit (Ral Diagnostics) following the manufacturer's instructions. All sections were dehydrated in three baths of absolute ethanol 1 min and xylene substitute Néo Clear (Dako). Sections were mounted in Pertex (Histolab). They were scanned and labelling was quantified with CaloPix software.

Statistic

Significance of the differences between groups was calculated using a two-tailed Student's *t* test. Values are given as mean \pm s.d.

REFERENCES

- Siegel RL, Miller KD, Jemal A. Cancer statistics, 2018. *CA Cancer J Clin*. 2018;68:7–30.
- Kleeff J, Korc M, Apte M, La Vecchia C, Johnson CD, Biankin AV, et al. Pancreatic cancer. *Nat Rev Dis Prim*. 2016;2:16022.
- Bray F, Ferlay J, Soerjomataram I, Siegel RL, Torre LA, Jemal A. Global cancer statistics 2018: GLOBOCAN estimates of incidence and mortality worldwide for 36 cancers in 185 countries. *CA Cancer J Clin*. 2018;68:394–424.
- Erkan M, Hausmann S, Michalski CW, Fingerle AA, Dobritz M, Kleeff J, et al. The role of stroma in pancreatic cancer: diagnostic and therapeutic implications. *Nat Rev Gastroenterol Hepatol*. 2012;9:454–67.
- Ducreux M, Seufferlein T, Van Laethem JL, Laurent-Puig P, Smolenski C, Malka D, et al. Systemic treatment of pancreatic cancer revisited. *Semin Oncol*. 2019;46:28–38.
- Neoptolemos JP, Palmer DH, Ghaneh P, Psarelli EE, Valle JW, Halloran CM, et al. Comparison of adjuvant gemcitabine and capecitabine with gemcitabine monotherapy in patients with resected pancreatic cancer (ESPAC-4): a multi-centre, open-label, randomised, phase 3 trial. *Lancet*. 2017;389:1011–24.
- Olive KP, Jacobetz MA, Davidson CJ, Gopinathan A, McIntyre D, Honess D, et al. Inhibition of Hedgehog signaling enhances delivery of chemotherapy in a mouse model of pancreatic cancer. *Science*. 2009;324:1457–61.
- Feig C, Gopinathan A, Neesse A, Chan DS, Cook N, Tuveson DA. The pancreas cancer microenvironment. *Clin Cancer Res J Am Assoc Cancer Res*. 2012;18:4266–76.
- Stylianopoulos T, Jain RK. Combining two strategies to improve perfusion and drug delivery in solid tumors. *Proc Natl Acad Sci USA*. 2013;110:18632–7.
- Quail DF, Joyce JA. Microenvironmental regulation of tumor progression and metastasis. *Nat Med*. 2013;19:1423–37.
- Joyce JA, Pollard JW. Microenvironmental regulation of metastasis. *Nat Rev Cancer*. 2009;9:239–52.
- Kalluri R. The biology and function of fibroblasts in cancer. *Nat Rev Cancer*. 2016;16:582–98.
- Paraiso KHT, Smalley KSM. Fibroblast-mediated drug resistance in cancer. *Biochem Pharm*. 2013;85:1033–41.
- Wei L, Ye H, Li G, Lu Y, Zhou Q, Zheng S, et al. Cancer-associated fibroblasts promote progression and gemcitabine resistance via the SDF-1/SATB-1 pathway in pancreatic cancer. *Cell Death Dis*. 2018;9:1065.
- Heldin C-H, Rubin K, Pietras K, Östman A. High interstitial fluid pressure—an obstacle in cancer therapy. *Nat Rev Cancer*. 2004;4:806–13.
- Zeisberg EM, Potenta S, Xie L, Zeisberg M, Kalluri R. Discovery of endothelial to mesenchymal transition as a source for carcinoma-associated fibroblasts. *Cancer Res*. 2007;67:10123–8.
- Potenta S, Zeisberg E, Kalluri R. The role of endothelial-to-mesenchymal transition in cancer progression. *Br J Cancer*. 2008;99:1375–9.
- Garcia J, Sandi MJ, Cordelier P, Binétruy B, Pouyssegur J, Iovanna JL, et al. Tie1 deficiency induces endothelial-mesenchymal transition. *EMBO Rep*. 2012;13:431–9.
- Nieto MA, Huang RY-J, Jackson RA, Thiery JP. EMT: 2016. *Cell*. 2016;166:21–45.
- Hanahan D, Weinberg RA. Hallmarks of cancer: the next generation. *Cell*. 2011;144:646–74.
- Puisieux A, Brabletz T, Caramel J. Oncogenic roles of EMT-inducing transcription factors. *Nat Cell Biol*. 2014;16:488–94.
- Thiery JP, Acloque H, Huang RYJ, Nieto MA. Epithelial-mesenchymal transitions in development and disease. *Cell*. 2009;139:871–90.
- Kalluri R, Weinberg RA. The basics of epithelial-mesenchymal transition. *J Clin Invest*. 2009;119:1420–8.
- Medici D, Shore EM, Lounev VY, Kaplan FS, Kalluri R, Olsen BR. Conversion of vascular endothelial cells into multipotent stem-like cells. *Nat Med*. 2010;16:1400–6.
- Zeisberg EM, Tarnavski O, Zeisberg M, Dorfman AL, McMullen JR, Gustafsson E, et al. Endothelial-to-mesenchymal transition contributes to cardiac fibrosis. *Nat Med*. 2007;13:952–61.
- Maddaluno L, Rudini N, Cuttano R, Bravi L, Giampietro C, Corada M, et al. EndMT contributes to the onset and progression of cerebral cavernous malformations. *Nature*. 2013;498:492–6.
- Coussens LM, Werb Z. Inflammation and cancer. *Nature*. 2002;420:860–7.
- Baud V, Karin M. Signal transduction by tumor necrosis factor and its relatives. *Trends Cell Biol*. 2001;11:372–7.
- Locksley RM, Killeen N, Lenardo MJ. The TNF and TNF receptor superfamilies: integrating mammalian biology. *Cell*. 2001;104:487–501.
- Varfolomeev EE, Ashkenazi A. Tumor necrosis factor: an apoptosis JuNKie? *Cell*. 2004;116:491–7.
- Wicovsky A, Müller N, Daryab N, Marienfeld R, Kneitz C, Kavuri S, et al. Sustained JNK activation in response to tumor necrosis factor is mediated by caspases in a cell type-specific manner. *J Biol Chem*. 2007;282:2174–83.
- Sato TN, Tozawa Y, Deutsch U, Wolburg-Buchholz K, Fujiwara Y, Gendron-Maguire M, et al. Distinct roles of the receptor tyrosine kinases Tie-1 and Tie-2 in blood vessel formation. *Nature*. 1995;376:70–74.
- Dumont DJ, Yamaguchi TP, Conlon RA, Rossant J, Breitman ML. tek, a novel tyrosine kinase gene located on mouse chromosome 4, is expressed in endothelial cells and their presumptive precursors. *Oncogene*. 1992;7:1471–80.
- Marron MB, Hughes DP, Edge MD, Forder CL, Brindle NP. Evidence for heterotypic interaction between the receptor tyrosine kinases TIE-1 and TIE-2. *J Biol Chem*. 2000;275:39741–6.
- Leppänen V-M, Saharinen P, Alitalo K. Structural basis of Tie2 activation and Tie2/Tie1 heterodimerization. *Proc Natl Acad Sci USA*. 2017;114:4376–81.
- Yang J, Weinberg RA. Epithelial-mesenchymal transition: at the crossroads of development and tumor metastasis. *Dev Cell*. 2008;14:818–29.

37. Räsänen K, Vaheri A. Activation of fibroblasts in cancer stroma. *Exp Cell Res*. 2010;316:2713–22.
38. Erez N, Truitt M, Olson P, Hanahan D. Cancer-associated fibroblasts are activated in incipient neoplasia to orchestrate tumor-promoting inflammation in an NF- κ B-dependent manner. *Cancer Cell*. 2010;17:135–47.
39. Miles FL, Sikes RA. Insidious changes in stromal matrix fuel cancer progression. *Mol Cancer Res*. 2014;12:297–312.
40. Wilhelm A, Shepherd EL, Amatucci A, Munir M, Reynolds G, Humphreys E, et al. Interaction of TWEAK with Fn14 leads to the progression of fibrotic liver disease by directly modulating hepatic stellate cell proliferation. *J Pathol*. 2016;239:109–21.
41. Zhang Y, Zeng W, Xia Y. TWEAK/Fn14 axis is an important player in fibrosis. *J Cell Physiol*. 2021;236:3304–16.
42. Grinnell F. Fibroblasts, myofibroblasts, and wound contraction. *J Cell Biol*. 1994;124:401–4.
43. Tomasek JJ, Gabbiani G, Hinz B, Chaponnier C, Brown RA. Myofibroblasts and mechano-regulation of connective tissue remodelling. *Nat Rev Mol Cell Biol*. 2002;3:349–63.
44. Ai KX, Lu LY, Huang XY, Chen W, Zhang HZ. Prognostic significance of S100A4 and vascular endothelial growth factor expression in pancreatic cancer. *World J Gastroenterol*. 2008;14:1931–5.
45. Lopez D, Niu G, Huber P, Carter WB. Tumor-induced upregulation of Twist, Snail, and Slug represses the activity of the human VE-cadherin promoter. *Arch Biochem Biophys*. 2009;482:77–82.
46. Takkunen M, Grenman R, Hukkanen M, Korhonen M, García de Herreros A, Virtanen I. Snail-dependent and -independent epithelial-mesenchymal transition in oral squamous carcinoma cells. *J Histochem Cytochem*. 2006;54:1263–75.
47. Lee K, Gjorevski N, Boghaert E, Radisky DC, Nelson CMSnail1, Snail2, and E47 promote mammary epithelial branching morphogenesis. *EMBO J*. 2011;30:2662–74.
48. Erkan M, Reiser-Erkan C, Michalski CW, Kleeff J. Tumor microenvironment and progression of pancreatic cancer. *Exp Oncol*. 2010;32:128–31.
49. Paraiso KHT, Smalley KSM. Fibroblast-mediated drug resistance in cancer. *Biochem Pharm*. 2013;85:1033–41.
50. Tournaire R, Simon MP, le Noble F, Eichmann A, England P, Pouyssegur J. A short synthetic peptide inhibits signal transduction, migration and angiogenesis mediated by Tie2 receptor. *EMBO R*. 2004;5:262–7.
51. Binétruy-Tournaire R, Demangel C, Malavaud B, Vassy R, Rouyre S, Kraemer M, et al. Identification of a peptide blocking vascular endothelial growth factor (VEGF)-mediated angiogenesis. *EMBO J*. 2000;19:1525–33.
52. Ferrara N, Kerbel RS. Angiogenesis as a therapeutic target. *Nature*. 2005;438:967–74.
53. Park J-S, Kim IK, Han S, Park I, Kim C, Bae J, et al. Normalization of tumor vessels by Tie2 activation and Ang2 inhibition enhances drug delivery and produces a favorable tumor microenvironment. *Cancer Cell*. 2016;30:953–67.
54. Carmeliet P, Jain RK. Principles and mechanisms of vessel normalization for cancer and other angiogenic diseases. *Nat Rev Drug Discov*. 2011;10:417–27.
55. Ubil E, Duan J, Pillai IC, Rosa-Garrido M, Wu Y, Bargiacchi F, et al. Mesenchymal-endothelial-transition contributes to cardiac neovascularization. *Nature*. 2014;514:585–90.
56. Egberts J-H, Cloosters V, Noack A, Schniewind B, Thon L, Klose S, et al. Anti-tumor necrosis factor therapy inhibits pancreatic tumor growth and metastasis. *Cancer Res*. 2008;68:1443–50.
57. Zhao X, Fan W, Xu Z, Chen H, He Y, Yang G, et al. Inhibiting tumor necrosis factor- α diminishes desmoplasia and inflammation to overcome chemoresistance in pancreatic ductal adenocarcinoma. *Oncotarget*. 2016;7:81110–22.
58. Solomon DH, Mercer E, Kavanaugh A. Observational studies on the risk of cancer associated with tumor necrosis factor inhibitors in rheumatoid arthritis: a review of their methodologies and results. *Arthritis Rheum*. 2012;64:21–32.
59. Xu M, Xu HH, Lin Y, Sun X, Wang LJ, Fang ZP, et al. LECT2, a ligand for Tie1, plays a crucial role in liver fibrogenesis. *Cell*. 2019;178:1478. e20
60. Shao R, Guo X. Human microvascular endothelial cells immortalized with human telomerase catalytic protein: a model for the study of in vitro angiogenesis. *Biochem Biophys Res Commun*. 2004;321:788–94.
61. Guillaumond F, Leca J, Olivares O, Lavaut MN, Vidal N, Berthezène P, et al. Strengthened glycolysis under hypoxia supports tumor symbiosis and hexosamine biosynthesis in pancreatic adenocarcinoma. *Proc Natl Acad Sci USA*. 2013;110:3919–24.
62. Deissler H, Deissler H, Lang GK, Lang GE. TGF β 2 induces transdifferentiation of iBREC to α SMA-expressing cells. *Int J Mol Med*. 2006;18:577–82.
63. Witzensbichler B, Maisonpierre PC, Jones P, Yancopoulos GD, Isner JM. Chemotactic properties of angiopoietin-1 and -2, ligands for the endothelial-specific receptor tyrosine kinase Tie2. *J Biol Chem*. 1998;273:18514–21.
64. Bonacci T, Audebert S, Camoin L, Baudelet E, Bidaut G, Garcia M, et al. Identification of new mechanisms of cellular response to chemotherapy by tracking changes in post-translational modifications by ubiquitin and ubiquitin-like proteins. *J Proteome Res*. 2014;13:2478–94.
65. Cox J, Hein MY, Luber CA, Paron I, Nagaraj N, Mann M. Accurate proteome-wide label-free quantification by delayed normalization and maximal peptide ratio extraction, termed MaxLFQ. *Mol Cell Proteom*. 2014;13:2513–26.
66. Cox J, Mann M. MaxQuant enables high peptide identification rates, individualized p.p.b.-range mass accuracies and proteome-wide protein quantification. *Nat Biotechnol*. 2008;26:1367–72.
67. Cox J, Neuhauser N, Michalski A, Scheltema RA, Olsen JV, Mann M. Andromeda: a peptide search engine integrated into the MaxQuant environment. *J Proteome Res*. 2011;10:1794–805.
68. Tusher VG, Tibshirani R, Chu G. Significance analysis of microarrays applied to the ionizing radiation response. *Proc Natl Acad Sci USA*. 2001;98:5116–21.
69. Vizcaino JA, Csordas A, del-Toro N, Dianas JA, Griss J, Lavidas I, et al. update of the PRIDE database and its related tools. *Nucleic Acids Res*. 2016;44:D447–D456.
70. Nicolle R, Blum Y, Marisa L, Loncle C, Gayet O, Moutardier V, et al. Pancreatic adenocarcinoma therapeutic targets revealed by tumor-stroma cross-talk analyses in patient-derived xenografts. *Cell Rep*. 2017;21:2458–70.
71. Nicolle R, Blum Y, Duconseil P, Vanbrughe C, Brandone N, Poizat F, et al. Establishment of a pancreatic adenocarcinoma molecular gradient (PAMG) that predicts the clinical outcome of pancreatic cancer. *eBioMedicine*. 2020;57:102858.

ACKNOWLEDGEMENTS

We thank C. Gimond for reviewing this manuscript, S. Dou and N. Dusetti for help concerning PDX analysis, R. Tomasini, F. Guillaumond for advice on in vivo experiments, and D. Barea for help in histological techniques.

AUTHOR CONTRIBUTIONS

MAS designed and performed most of the experiments, analysed, interpreted the data and had an important role in the preparation of the manuscript. PS helped with the acquisition and analysis of data concerning Tie1 overexpression and Actinomycin D assay. JG participated in the acquisition of the data (Cell lines, TNF- α treatment). SA and LC performed the secretome experiments, MR and JR Immunohistochemistry experiments. BB participated in critical scientific discussions and performed manuscript correction. JLI provided financial support and participated in critical scientific discussions. RT designed, supervised the project, analysed the data and wrote the manuscript.

FUNDING STATEMENT

This work was supported by the Institut National de la Santé et de la Recherche Médicale (INSERM), the Association pour la Recherche sur le Cancer (ARC), the Ligue Nationale Contre le Cancer (“Equipe Labellisée”) and the Structural European Funds FEDER. MAS was granted by the Ligue Nationale Contre le Cancer. The mass spectrometry facility of Marseille Proteomics is supported by IBISA (Infrastructures Biologie Santé et Agronomie), Plateforme Technologique Aix-Marseille, the Cancéro-pôle PACA, the Provence-Alpes-Côte d’Azur Région, the Institut Paoli-Calmettes and the Centre de Recherche en Cancérologie de Marseille.

ETHICS STATEMENT

The study was approved by the local ethics committee (approval number 11-61) following patient informed consent. The PaCaOmics study is registered at www.clinicaltrials.gov with registration number NCT01692873. All samples were xenografted in immunocompromised mice producing PDX samples. Animal experiments were approved by the local ethics committee and performed following the guidelines of our centre (CRCM).

COMPETING INTERESTS

The authors declare no competing interests.

ADDITIONAL INFORMATION

Supplementary information The online version contains supplementary material available at <https://doi.org/10.1038/s41419-021-03920-4>.

Correspondence and requests for materials should be addressed to R.T.

Reprints and permission information is available at <http://www.nature.com/reprints>

Publisher’s note Springer Nature remains neutral with regard to jurisdictional claims in published maps and institutional affiliations.



Open Access This article is licensed under a Creative Commons Attribution 4.0 International License, which permits use, sharing, adaptation, distribution and reproduction in any medium or format, as long as you give appropriate credit to the original author(s) and the source, provide a link to the Creative Commons license, and indicate if changes were made. The images or other third party material in this article are included in the article's Creative Commons license, unless indicated otherwise in a credit line to the material. If material is not included in the

article's Creative Commons license and your intended use is not permitted by statutory regulation or exceeds the permitted use, you will need to obtain permission directly from the copyright holder. To view a copy of this license, visit <http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>.

© The Author(s) 2021