

ارزیابی الگوی متیلاسیون در نواحی پروموتوری دو ژن P15 و P16 و وضعیت بیان این فاکتورها در سلول‌های بنیادی CD34⁺ خون بند ناف

مهدی آزاد^۱، سعید کاویانی^۲، یوسف مرتضوی^۳، مهرداد نوروزی‌نیا^۴، مسعود سلیمانی^۵، سعید آبرون^۶، زهرا ذنوبی^۷، امیر آتشی^۸

چکیده

سابقه و هدف

عناصر پیامدهی داخل سلول نظیر P15 و P16، نقش به‌سزایی در تمایز سلول‌های اولیه به گونه‌های سلولی متنوع، ایفا می‌کنند. فاکتورهای مذکور توسط مکانیسم‌های مختلفی در کنترل بیان ژن دخیلند که در بین آن‌ها، اپی‌ژنتیک به خصوص متیلاسیون قابل ذکر است. اهداف اصلی در این مطالعه، پی بردن به وضعیت بیان ژن‌های مورد نظر در سلول‌های بنیادی CD34⁺ بند ناف و تعیین تغییرات متیلاسیون ژن‌های مورد نظر در همین مرحله بود.

مواد و روش‌ها

مطالعه انجام شده از نوع تجربی بود. پس از جمع‌آوری کیسه‌های خون بند ناف و تخلیص و ازدیاد سلول‌های بنیادی، ژنوم سلولی جدا شد. در مراحل بعد به ترتیب از RNA و DNA سلول‌های اولیه، cDNA و Bisulfite treated DNA ساخته شد. در ادامه نیز برای هر دو ژن، واکنش‌های PCR و Methylation Specific PCR انجام گرفت.

یافته‌ها

پس از انجام MSP، مشخص شد که P15 دارای متیلاسیون و بیان نسبی در سلول‌های بنیادی CD34⁺ بوده و ژن دیگر یعنی P16 نیز فاقد متیلاسیون در این مرحله و دارای بیان کامل است. نتایج PCR، نشان‌دهنده بیان هر دو ژن انتخاب شده، در سلول‌های بنیادی CD34⁺ می‌باشد.

نتیجه‌گیری

همواره، الگوی بیان ژن توسط هر بافت یا هر سلول، متناسب با عملکردهای آن می‌باشد. بیان مشخص P15 و P16 نیز، می‌تواند بیانگر نقش آن‌ها در بیولوژی سلول‌های بنیادی CD34⁺ خون بند ناف باشد. همواره هم‌خوانی قابل توجهی میان بیان یک ژن و تغییرات اپی‌ژنتیک وجود دارد.

کلمات کلیدی: متیلاسیون، سلول‌های بنیادی، بند ناف

تاریخ دریافت: ۹۱/۱/۱۹

تاریخ پذیرش: ۹۱/۴/۲۸

- ۱- دانشجوی دکترای هماتولوژی و بانک خون - دانشکده پزشکی دانشگاه تربیت مدرس - تهران - ایران
- ۲- مؤلف مسؤل: PhD هماتولوژی و بانک خون - دانشیار دانشکده علوم پزشکی دانشگاه تربیت مدرس - تهران - ایران - صندوق پستی: ۱۴۱۱۵-۳۳۱
- ۳- PhD هماتولوژی - دانشیار دانشگاه علوم پزشکی زنجان - زنجان - ایران
- ۴- PhD ژنتیک پزشکی - دانشیار دانشکده پزشکی دانشگاه تربیت مدرس - تهران - ایران
- ۵- PhD هماتولوژی - دانشیار دانشکده علوم پزشکی دانشگاه تربیت مدرس - تهران - ایران
- ۶- PhD هماتولوژی - استادیار دانشکده پزشکی دانشگاه تربیت مدرس - تهران - ایران
- ۷- متخصص زنان و زایمان - استادیار دانشکده پزشکی دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی - تهران - ایران

مقدمه

مطالعه‌های انجام شده روی مکانیسم‌های شکل‌گیری گونه‌های مختلف سلولی در محیط‌های آزمایشگاهی خارج از بدن، منجر به دست‌یابی بشر به مفاهیم پایه در ارتباط با مکانیسم‌های عمومی کنترل نسخه‌برداری و تنظیم بیان ژن شده است (۵-۱). در واقع، فرآیندهای تمایزی در سلول‌های ابتدایی، شدیداً وابسته به کنترل بیان ژن و نظارت دقیق بر پیامدهی داخل سلول می‌باشند که مرتبط با آن، نیاز مبرم و مسجل سلول به فاکتورهای کنترلی خاص نظیر سیتوکین‌ها، فاکتورهای نسخه‌برداری ویژه، عناصر کنترل‌کننده چرخه سلولی، تکثیر و آپوپتوز، کاملاً موجه خواهد بود (۸-۶).

دو مورد از این فاکتورهای حیاتی که در گروه پروتئین‌های سرکوبگر تومور دسته‌بندی می‌شوند عبارتند از مهارگر کینازهای وابسته به سایکلین نوع 2A و 2B که به ترتیب P16 و P15 نامیده می‌شوند. P16، در دسته عناصر سرکوبگر تومور و نیز عوامل کنترل‌کننده چرخه سلولی قرار می‌گیرد (۹). پر رنگ شدن نقش P16 در خونسازی به یک مطالعه در سال ۲۰۰۳ توسط مینامی و همکارانش بر می‌گردد که در آن تحقیق، نشان داده شد که p16 قادر به کنترل تمایز و آپوپتوز در رده‌های اریتروئید می‌باشد (۱۰). پروتئین‌های کینازی CDK-4 و CDK-6، که توسط P16 مهار می‌شوند، قادرند پروتئینی به اسم mdm 2 را در حالت طبیعی فعال کنند. mdm 2، خود یک مهارگر بالقوه برای P53 می‌باشد و P53 نیز در واقع یکی از پروتئین‌های نظارت‌کننده بر چرخه سلولی است. بنابراین در حضور P16، به صورت زنجیره‌وار، P53 نیز سالم مانده و مانع از ایجاد تومور در بدن می‌شود (۱۱).

ژن‌های مربوط به P15 و P16، هم‌جوار با یکدیگر و روی کروموزوم ۹ قرار دارند و حذف آن‌ها در اکثر تومورها با هم رخ می‌دهد (۱۳-۱۱). محصول ژن P15 نیز، یک پروتئین سرکوبگر تومور می‌باشد که به طور بالقوه، کمپلکس سایکلین D را با کینازهای CDK4 و CDK6 مهار کرده و به این ترتیب، چرخه سلولی را در نقطه G₁ کنترل می‌نماید (۱۵، ۱۴).

این دو فاکتور، با توجه به بیان آن‌ها، می‌بایست نقش

مهمی در کنترل و تغییر الگوی ژنی سلول‌های بنیادی داشته باشند که از مکانیسم‌های کنترلی آن‌ها نیز می‌توان اپی‌ژنتیک را نام برد. اپی‌ژنتیک مساله مهمی است که امروزه به عنوان یکی از مسیرهای کنترل بیان ژن معرفی شده و به تغییر در بیان ژن بدون تغییر پایه در سکونسینگ اطلاق می‌گردد (۱۸-۱۶).

یکی از مکانیسم‌های مهم و تاثیرگذار اپی‌ژنتیک، متیلاسیون نواحی پروموتوری ژن‌هاست که خاموش شدن ژن‌های مورد نظر را در پی دارد (۲۰، ۱۹).

اپی‌ژنتیک و مکانیسم‌های آن نظیر متیلاسیون و استیلاسیون، در واقع قادرند مراحل تکثیر و تمایز را در گروهی از سلول‌ها و بافت‌های ویژه، دست‌کاری کنند (۲۲، ۲۱).

با توجه به این که الگوی متیلاسیون و وضعیت بیان P15 و P16 به عنوان فاکتورهای مؤثر در کنترل تکثیر و تمایز سلولی، در سلول‌های بنیادی CD34⁺ جدا شده از خون بند ناف، تاکنون مشخص نشده است، در این مطالعه به این امر پرداخته و الگوی بیان ژن‌های ذکر شده در سلول‌های بنیادی تخلیص شده از خون بند ناف، مورد ارزیابی قرار گرفت و در مرحله دوم نیز الگوی متیلاسیون این دو فاکتور سرکوبگر تومور مورد بررسی و آزمون قرار گرفت.

مواد و روش‌ها**جداسازی و تکثیر سلول‌های بنیادین CD34⁺:**

در یک مطالعه تجربی، در چندین مرحله کیسه‌های خون بند ناف از بیمارستان صارم و سازمان انتقال خون تهران تهیه شد. در گام بعدی، سلول‌های CD34⁺ با استفاده از کیت Indirect CD34 MicroBead شرکت میلتن بیوتک و روش جداسازی سلولی با آنتی‌بادی منوکلونال (MACS) و طبق دستورالعمل کیت، تخلیص شد.

سپس با استفاده از محیط Stem Span که از قبل به آن فاکتورهای رشد Flt3، TPO و SCF، با غلظت نهایی ۵۰ ng/mL اضافه شده بود، سلول‌های جدا شده را یک تا دو روز تکثیر داده و در نهایت پس از شست و شو با بافر PBS، جهت ادامه آزمون‌ها از محیط جداسازی کردیم.

جدول ۱: توالی آغازگرهای مورد استفاده در روش RT-PCR

توالی	Oligo name
GGGAAAGAAGGGAAGAGTGTCTCGTT	P15-F
GCATGCCCTTGTCTCCTCG	P15-R
GGGGGACCAGAGGCAGT	P16-F
GGTTGTGGCGGGGCGCAGTT	P16-R

جدول ۲: مشخصات آغازگرهای مورد استفاده در روش MSP

توالی 5' to 3'	نوع آغازگر	دما (درجه سانتی گراد)	چرخه	سایز (bp)	ژن
TGT GAT GTG TTT GTA TTT TGT GGT T CCA TAC AAT AAC CAA ACA ACC AA GCG TTC GTA TTT TGC GGT T CGT ACA ATA ACC GAA CGA CCG A	UF UR MF MR	۵۰ ۶۰	۳۸ ۳۸	۲۴۹ ۲۳۷	P15
TTA TTA GAG GGT GGG GTG GAT TGT CAA CCC CAA ACC ACA ACC ATA A TTA TTA GAG GGT GGG GCG GAT CGC GAC CCC GAA CCG CGA CCG TAA	UF UR MF MR	۶۰ ۶۵	۳۵ ۳۵	۱۵۱ ۱۵۰	P16

استفاده از DNA پردازش شده، واکنش MSP برای هر ژن به طور جداگانه انجام شد (جدول ۲). دمای آنیلینگ مناسب برای این آغازگرها، از ۵۰ درجه سانتی گراد تا ۶۵ درجه سانتی گراد متغیر می باشد.

یافته‌ها

نتایج فلوسیتومتری برای میزان خلوص سلول‌های هماتوپوییتیک جدا شده از خون بند ناف با استفاده از آنتی‌بادی منوکلونال CD34 و دستگاه فلوسیتومتر BD، به دست آمد (شکل ۱). رنگ فلورسنت مورد استفاده برای نشاندار کردن آنتی‌بادی در این مرحله برای CD34، فیکو اریتین می باشد. نرم افزار مورد استفاده برای تفسیر داده‌های فلوسیتومتری، Cyflogic است. تصویر ۱-A مربوط به کنترل ایزوتیپ و تصویر ۱-B نیز مربوط به آنتی‌بادی CD34 می باشد. تصویر ۱-C میزان خلوص ۸۰ درصدی را در سلول‌های جدا شده از خون بند ناف نشان می دهد.

در ادامه، cDNA تهیه شده از ژنوم سلول‌های بنیادی، با روش RT-PCR جهت سنجش بیان یا عدم بیان ژن‌های مورد مطالعه در سلول‌های هماتوپوییتیک بند ناف، پس از تخلیص و تکثیر، مورد آزمون قرار گرفتند. طول باند DNA برای محصولات PCR برای P15 و P16 تقریباً در یک

جداسازی DNA و RNA سلول‌های تکثیر شده:

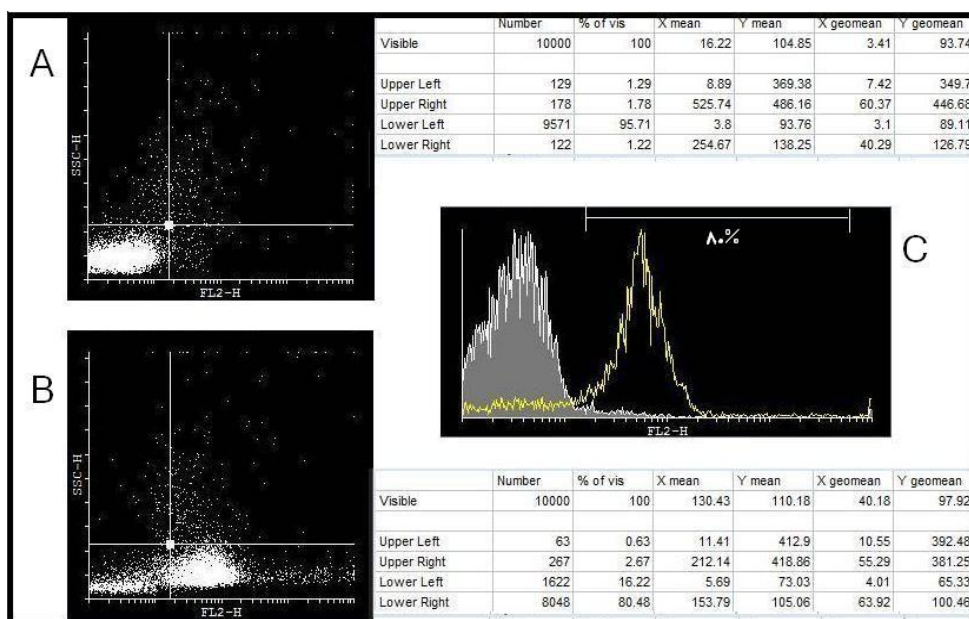
DNA و RNA سلول‌های مورد نظر با کیت‌های تخلیص DNA و RNA کیاژن، بر اساس دستورالعمل‌های کیت، جداسازی شده و جهت ادامه آزمون‌ها در فریزر -۲۰ درجه سانتی گراد نگهداری شد.

سنجش بیان ژن‌های مورد مطالعه با روش RT-PCR:

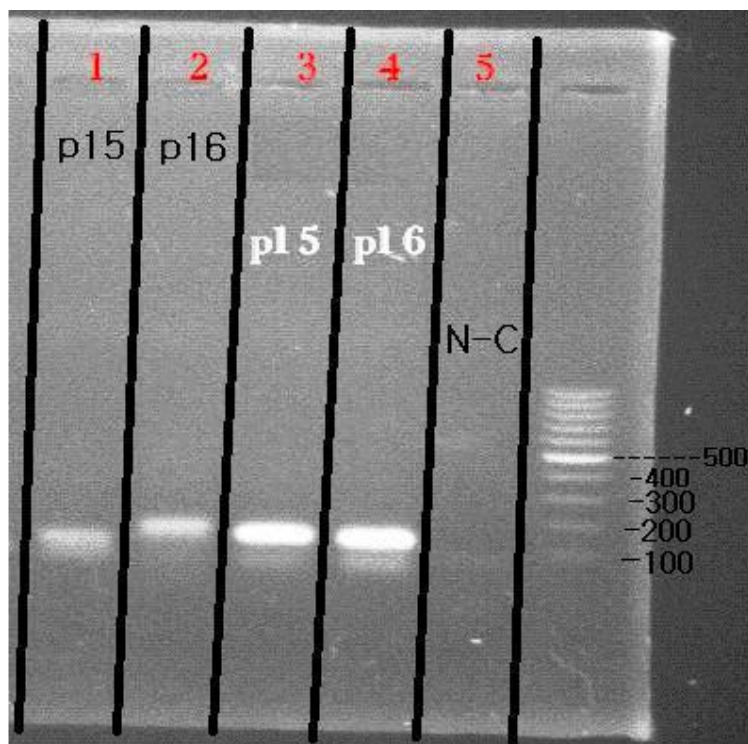
در این مرحله، سنتز cDNA با کیت کیاژن و با استفاده از RNA ذخیره شده در مراحل قبلی بر اساس دستورالعمل کیت، انجام شد و با آغازگرهای سفارش داده شده جهت بررسی بیان ژن، واکنش PCR برای هر ژن به طور جداگانه انجام گرفت (جدول ۱). دمای آنیلینگ مناسب برای این آغازگرها، ۵۷-۶۰ درجه سانتی گراد می باشد و برای دیگر مواد مورد نیاز هم از Taq PCR Master mix کیاژن استفاده شد.

پردازش DNA و انجام واکنش MSP جهت سنجش الگوی متیلاسیون:

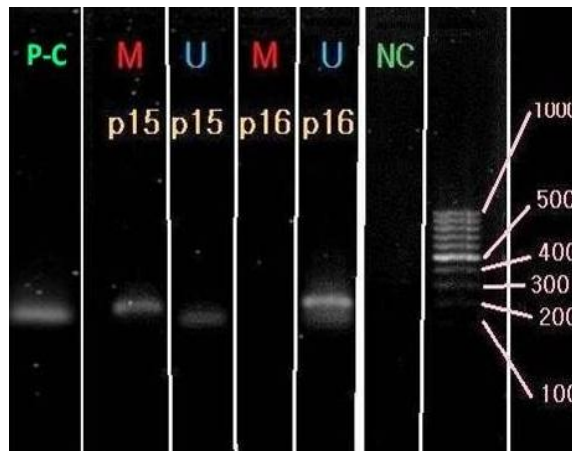
در مرحله اول، DNA ذخیره شده از مراحل قبل با کیت EpiTect® Bisulfite کیاژن و طبق دستورالعمل کیت تحت پردازش قرار گرفت و برای استفاده در MSP (Methylation-Specific PCR) آماده شد. در مرحله بعد، با



شکل ۱: میزان بیان مارکر CD34، بر روی سلول‌های هماتوپویتیک که از خون بند ناف جدا شده است.



شکل ۲: ژل آگاروز ۱/۱۰۰ است که باندهای قابل مشاهده در آن نشان‌دهنده محصولات واکنش PCR برای ژن‌های مورد مطالعه در این تحقیق می‌باشد. N-C بیانگر کنترل منفی می‌باشد (واکنشی که در آن از نمونه cDNA استفاده نشده است). باندهای مربوط به خانه‌های یک و سه مربوط به ژن P15 می‌باشند که در دو دمای آنیلینگ متفاوت به صورت گرادیان گذاشته شده است. باندهای مربوط به خانه‌های دو و چهار نیز مربوط به ژن P16 می‌باشند که در دو دمای آنیلینگ متفاوت به صورت گرادیان گذاشته شده است. با توجه به شکل، هر دو فاکتور مورد مطالعه در این تحقیق، در سلول‌های بنیادی مورد نظر، کم و بیش بیان می‌شوند.



شکل ۳: ژل آگاروز ۱/۵٪ که باندهای قابل مشاهده در آن نشان‌دهنده محصولات واکنش PCR برای حالت‌های متیله یا غیر متیله ژن‌های مورد مطالعه در این تحقیق است.

در این مطالعه نیز مدت زمان زیادی جهت این منظور اختصاص یافت که در مدت حدود چند ماه، نتایج و تصاویر زیادی ثبت شد. اندازه باند DNA برای محصولات MSP برای ژن‌های مختلف مورد مطالعه، باز هم تقریباً در یک محدوده و به طور دقیق از این قرار بود:

Methylated P16 Gene – 150 bp
Unmethylated P16 Gene – 151 bp
Methylated P15 Gene – 148 bp
Unmethylated P15 Gene – 154 bp

بر اساس یکی از بهترین و گویاترین تصاویر ثبت شده در این مرحله، می‌توان نتایج را به این صورت تفسیر کرد (شکل ۳):

در مورد ژن P15 با توجه به مشاهده باند در هر دو واکنش مربوط به آغازگرهای متیله و غیر متیله، یک متیلاسیون نسبی در پروموتور این ژن در این مرحله قابل پیشگویی می‌باشد که نشان‌دهنده بیان نسبی ژن است. در مورد ژن دیگر یعنی P16، فقط در خانه‌های مربوط به آغازگر غیر متیله، باند دیده می‌شود که بیانگر عدم متیلاسیون ژن فوق در این مرحله و بنابراین بیان آن می‌باشد. در شکل ۳، خانه‌هایی که با حرف M (قرمز رنگ) نشان داده شده است، مربوط به واکنش‌هایی است که در آن‌ها از آغازگرهای مربوط به ژن مورد نظر در حالت متیله استفاده شده است و خانه‌هایی که با حرف U (آبی رنگ) نشان داده شده است، مربوط به واکنش‌هایی است که در آن‌ها از آغازگرهای مربوط به ژن مورد نظر در حالت غیر

محدوده و به ترتیب ۱۰۴ bp و ۱۵۹ bp می‌باشد. در این مرحله از تحقیق، محصولات PCR برای ثبت باند مربوط به هر ژن، روی ژل تهیه شده از پودر آگاروز بارگذاری شد. سپس ژل مورد نظر برای مشاهده باند، زیر نور UV قرار گرفت. شکل ۲، که توسط دستگاه Biometra Gel Doc ثبت شده است، مشخص‌کننده وجود باند در همه چاهک‌های ژل بوده و بیان ژن‌های مربوطه را در سلول‌های بنیادی مورد نظر نشان می‌دهد.

همان‌طور که ذکر شد، با آغازگرهای طراحی شده جهت استفاده در Real Time PCR و نیز cDNA سنتز شده از ژنوم سلول‌های بنیادی پس از تکثیر، واکنش PCR برای هر دو ژن انجام شد. با توجه به مشروحات بالا، مشاهده باند در این مرحله در هر صورت نشان‌دهنده بیان ژن مورد نظر در سلول هماتوپوییتیک است و با توجه به این که در همه خانه‌های ژل در این مرحله، باند DNA، در همان محدوده قابل انتظار مشاهده می‌شود، می‌توان به این نتیجه رسید که هر دو فاکتور مورد مطالعه در این تحقیق، در الگوی بیان ژنی سلول‌های بنیادی CD34⁺ بند ناف وجود دارند.

در بخش دیگر تحقیق، DNA از سلول‌های هماتوپوییتیک بند ناف، پس از تخلیص و تکثیر و پردازش برای بررسی الگوی متیلاسیون، با روش MSP مورد آزمون قرار گرفت. از مشکلات مرتبط با MSP، در واقع دشواری قابل توجه مرحله تنظیم، برای این روش است و

پرداخته شده است. در واقع مکانیسم‌های تنظیم بیان ژن، الگوی بیان و جزئیات دقیق آن در سلول‌های هماتوپوئیتیک بند ناف، هنوز تا حدود زیادی ناشناخته باقی مانده است (۳-۵).

متیلاسیون جزایر غنی از سیتوزین و گوانین، پدیده اپی‌ژنتیکی شایعی است که در ارتباط با بیان اکثریت پروتئین‌های سرکوبگر تومور در بدن رخ می‌دهد و از مسیرهای اصلی تنظیم بیان، برای این ژن‌ها محسوب می‌گردد. تعدادی از مسیرهای سلولی که توسط متیلاسیون، غیر فعال یا کنترل می‌شوند عبارتند از: تعمیر DNA آسیب‌دیده (hMLH1 و MGMT)، چرخه سلولی (P14، P15 و P16)، آپوپتوز (DAPK)، چسبندگی سلولی (CDH1-13)، سمیت‌زدایی (GSTP1) و ... (۱۲). اگر چه هنوز در این رابطه، ناگفته‌های زیادی باقی مانده است، این که همه ژن‌های مذکور، در تنظیم فرآیندهای مختلف سلولی، چگونه ایفای نقش می‌کنند و این تنظیمات تا چه حد با متیلاسیون این ژن‌ها ارتباط دارد، هنوز مجهول و ناگفته است. ولی با همه این تفاسیر، از زمانی که روش‌های بررسی متیلاسیون ژن‌ها نظیر MSP شناخته شده، به گروهی از این سؤالات نیز پاسخ داده شده است. در این مطالعه برای بررسی الگوی متیلاسیون از MSP و برای تایید نتایج آن، از بررسی بیان ژن بهره برده شده است.

در سال ۱۹۸۶ به این نکته اشاره شد که معمولاً متیلاسیون یک ژن در نواحی پروموتوری آن رخ می‌دهد و این متیلاسیون به طور دقیق مربوط به جزایر CpG (نواحی غنی از سیتوزین و گوانین) می‌باشد (۲۰). در آن زمان مشخص شد که نواحی CpG، عمدتاً در انتهای ۵' قسمت غیرقابل ترجمه ژن‌ها قرار دارد که گاهی در اولین آگزون نیز گزارش شده است (۱۹). از نظر تاریخچه، متیلاسیون یک ژن سرکوبگر تومور، برای اولین بار در سال ۱۹۸۹ و در مورد رتینوبلاستوما مطرح شد (۱۵). در ادامه در سال ۱۹۹۴، هیپرمتیلاسیون ژن vHL (فون هیپل لیندا) و غیر فعال شدن آن در بدخیمی‌های انسانی گزارش شد (۱۸). یک سال بعد یعنی در ۱۹۹۵، غیر فعال شدن ژن P16، در بدخیمی‌ها توسط متیلاسیون نواحی پروموتوری، نشان داده شد و به این ترتیب، نقش متیلاسیون در نواحی پروموتوری

متیله استفاده شده است. N-C و P-C، به ترتیب بیانگر وضعیت کنترل منفی و کنترل مثبت MSP می‌باشند. در کنترل مثبت، از نمونه DNA استفاده می‌شود که از قبل، با یک آنزیم متیلاز نظیر Sss1، پردازش شده و از متیلاسیون آن، اطمینان خاطر وجود دارد. بنابراین در واکنش MSP، باید مثبت شود تا صحت باندهای دیگر، مورد تایید قرار بگیرد. در وضعیت کنترل منفی نیز، از نمونه DNA پردازش نشده استفاده شد که طبیعتاً نباید محصولی نیز در MSP داشته باشد.

بحث

همان‌طور که شرح داده شد، اپی‌ژنتیک، علم تغییر بیان ژن بدون تغییر در توالی نوکلئوتیدی می‌باشد. مکانیسم‌های مختلف اپی‌ژنتیک، به خصوص متیلاسیون، قادر است همه مراحل رشد و تمایز سلولی را تحت تاثیر قرار دهد (۲۰-۱۶).

بر مبنای تحقیقات فراوان بر روی مکانیسم‌های تکوینی مختلف، تمایز به گروه‌های سلولی، در سطح بالایی وابسته به کنترل دقیق بیان ژن و عناصر متنوع پیامدهی داخل سلول نظیر فاکتورهای نسخه‌برداری و سرکوبگر تومور است که دو مورد از این عناصر حد واسط عبارتند از فاکتورهای (P16 INK 4a) و (P15 INK 4b) که به ترتیب P16 و P15 نامیده می‌شوند. این دو فاکتور از پروتئین‌های سرکوبگر تومور هستند که از نقش‌های دیگر آن‌ها مهار CDK-4، CDK-6 و کنترل چرخه سلولی در نقطه G₁ می‌باشد (۱۰-۶).

سلول‌های بنیادی با توجه به این که در تمام طول عمر خود دارای قدرت خود نوسازی می‌باشند، از سلول‌های دیگر و پروژنیاتورهای خود، متفاوت بوده و دارای الگوی بیان ژن به صورت مجزا و منحصر به فرد هستند. قدرت خودنوسازی سلول‌های بنیادی با ظرفیت تمایزی آن‌ها همواره در تعدیل است. الگوی بیان ژن در سلول‌های اولیه عموماً مرتبط با گروهی از ژن‌هاست که در فرآیندهای نسخه‌برداری عمومی، تنظیم سیکل سلولی و مرگ برنامه‌ریزی شده سلول دخیل هستند. دو مورد از این ژن‌ها، P15 و P16 هستند که در این مطالعه به بررسی آن‌ها

نیز برای مورد فوق مثبت است که می‌توان هم‌خوانی داده‌های به دست آمده را نتیجه‌گیری کرد.

از طرف دیگر برای ژن‌های P16 نیز، نتایج MSP بیانگر عدم متیلاسیون در این مرحله و نتایج آنالیز بیان ژن نشان‌دهنده وجود محصول قابل انتظار در PCR و در نهایت بیان مثبت ژنی می‌باشد که مجدداً هم‌خوانی داده‌ها قابل مشاهده است.

نتیجه‌گیری

نتایج به دست آمده در مراحل مختلف مطالعه حاضر نشان می‌دهد که متیلاسیون نواحی پرموتوری ژن‌های مورد مطالعه (P15-P16)، یکی از مسیرهای قطعی و مهم کنترل بیان فاکتورهای مورد نظر هستند. در واقع بیان هیچ کدام از فاکتورهای مورد بحث در سلول‌های هماتوپویتیکی منفی نمی‌باشد و گویای این نکته است که هر دو ژن، در متابولیسم سلول‌های بنیادی $CD34^+$ ، دارای نقش مشخص هستند. در میزان بیان فاکتورهای مورد نظر و نیز الگوی متیلاسیون در نواحی پرموتوری فاکتورهای فوق نیز، هم‌خوانی قابل قبولی دیده می‌شود اگر چه وجود مغایرت در این رابطه نیز دور از انتظار نخواهد بود چرا که می‌توان گفت نتایج متیلاسیون در این تحقیق با استفاده از روش MSP به دست آمده است که قادر به گزارش تفاوت‌های کمی متیلاسیون نیست و به مقایسه الگوهای متیلاسیون به صورت کیفی می‌پردازد. ضمناً در تنظیم میزان بیان ژن‌ها فقط یک مکانیسم ویژه ایفای نقش نمی‌کند و برآیند گروهی از مکانیسم‌های مختلف است که سطوح بیان هر ژن را در سلول، تعیین می‌نماید.

تشکر و قدردانی

بدین وسیله از خانم دکتر مهین نیکوگفتار و آقای دکتر کامران عطاردی که در جمع‌آوری خون بند ناف به این گروه، یاری و کمک رساندند نهایت تشکر را داریم.

ژن‌های سرکوبگر تومور، به عنوان یکی از مسیرهای کنترل بیان ژن، پر رنگ شده و مورد توجه محافل علمی قرار گرفت (۱۲). در سال ۲۰۰۱ نشان داده شد در بافت‌هایی که دارای متیلاسیون در نواحی پرموتوری هستند، فعالیت آنزیم‌های متیل ترانسفراز نیز افزایش می‌یابد. در راستای این مطالعه‌ها، ژن‌هایی معرفی شد که کدکننده آنزیم‌های متیل ترانسفراز هستند (DNMT1، DNMT2، DNMT3a و DNMT3b) (۲۰).

در ادامه مطالعه‌های انجام شده، متیلاسیون ژن P15، در اکثریت لوسمی‌ها و متیلاسیون ژن P16، در طیف وسیعی از بدخیمی‌ها نشان داده شد (۱۱). نکته دیگری که قابل توجه و لازم به ذکر است، این است که متیلاسیون نواحی پرموتوری ژن‌های P15 و P16، به عنوان یک مسیر تنظیم بیان ژن، نسبت به دیگر ژن‌های سرکوبگر تومور، بسیار رایج‌تر هستند (۲۱).

ژن‌های مورد مطالعه در این تحقیق از دو جنبه مورد بررسی قرار گرفتند؛ یکی از این ابعاد، موضوع بیان ژن‌های مورد نظر در سلول‌های بنیادی $CD34^+$ می‌باشد. موضوع دیگر روشن شدن وضعیت متیلاسیون در نواحی پرموتور همین ژن‌هاست که از مکانیسم‌های تنظیم بیان ژن محسوب می‌شود. به زبان دیگر اگر یک ژن در نواحی پرموتوری خود دارای جزایر غنی از سیتوزین و گوانین (GpG) باشد، این بدین معنا است که وضعیت متیلاسیون نواحی مزبور می‌تواند منتهی به خاموش شدن یا روشن شدن بیان ژن مورد نظر شود (۲۲-۲۰). حال آن که ممکن است در برخی موارد، پرموتور ژن‌ها به طور نسبی دچار متیلاسیون شوند که طبیعتاً تحت این شرایط، بیان نسبی ژن مربوطه، پیامد قابل انتظار شرایط فوق خواهد بود. بنابراین بیان یک ژن (Gene Expression) در الگوی سلول مد نظر در مرحله نسخه‌برداری، با اصولی هم چون اپی‌ژنتیک و متیلاسیون می‌تواند دارای ارتباط تنگاتنگ باشد (۲۲-۱۶).

در واقع همان طور که ذکر شد، نتایج MSP برای ژن P15 به صورت متیلاسیون نسبی و نتایج بررسی بیان ژن

References :

- 1- Pajerowski JD, Dahl KN, Zhong FL, Sammak PJ, Discher DE. Physical plasticity of the nucleus in stem cell differentiation. *Proc Natl Acad Sci U S A* 2007; 104(40): 15619-24.
- 2- Cui L, Johkura K, Takei S, Ogiwara N, Sasaki K. Structural differentiation, proliferation, and association of human embryonic stem cell-derived cardiomyocytes *in vitro* and in their extracardiac tissues. *J Struct Biol* 2007; 158(3): 307-17.
- 3- Migliaccio G, Migliaccio AR, Druzin ML, Giardina PJ, Zsebo KM, Adamson JW. Long-term generation of colony-forming cells in liquid culture of CD34⁺ cord blood cells in the presence of recombinant human stem cell factor. *Blood* 1992; 79(10): 2620-7.
- 4- Zhang WJ, Park C, Arentson E, Choi K. Modulation of hematopoietic and endothelial cell differentiation from mouse embryonic stem cells by different culture conditions. *Blood* 2005; 105(1): 111-4.
- 5- Young JC, Varma A, DiGiusto D, Backer MP. Retention of quiescent hematopoietic cells with high proliferative potential during *ex vivo* stem cell culture. *Blood* 1996; 87(2): 545-56.
- 6- Tran NT, Trinh QM, Lee GM, Han YM. Efficient differentiation of human pluripotent stem cells into mesenchymal stem cells by modulating intracellular signaling pathways in a feeder/serum-free system. *Stem Cells Dev* 2012; 21(7): 1165-75.
- 7- Cardozo AJ, Gómez DE, Argibay PF. Transcriptional characterization of Wnt and Notch signaling pathways in neuronal differentiation of human adipose tissue-derived stem cells. *J Mol Neurosci* 2011; 44(3): 186-94.
- 8- Draper JS, Fox V. Human embryonic stem cells: multilineage differentiation and mechanisms of self-renewal. *Arch Med Res* 2003; 34(6): 558-64.
- 9- Bertrand-Vallery V, Boilan E, Ninane N, Demazy C, Friguet B, Toussaint O, *et al.* Repeated exposures to UVB induce differentiation rather than senescence of human keratinocytes lacking p16(INK-4A). *Biogerontology* 2010; 11(2): 167-81.
- 10- Minami R, Muta K, Umemura T, Motomura S, Abe Y, Nishimura J, *et al.* p16(INK4a) induces differentiation and apoptosis in erythroid lineage cells. *Exp Hematol* 2003; 31(5): 355-62.
- 11- Hutter G, Scheubner M, Zimmermann Y, Kalla J, Katzenberger T, Hübler K, *et al.* Differential effect of epigenetic alterations and genomic deletions of CDK inhibitors [p16(INK4a), p15(INK4b), p14(ARF)] in mantle cell lymphoma. *Genes Chromosomes Cancer* 2006; 45(2): 203-10.
- 12- Siebert R, Willers CP, Opalka B. Role of the cyclin-dependent kinase 4 and 6 inhibitor gene family p15, p16, p18 and p19 in leukemia and lymphoma. *Leuk Lymphoma* 1996; 23(5-6): 505-20.
- 13- Miller CW, Aslo A, Campbell MJ, Kawamata N, Lampkin BC, Koeffler HP. Alterations of the p15, p16, and p18 genes in osteosarcoma. *Cancer Genet Cytogenet* 1996; 86(2): 136-42.
- 14- Kotake Y, Nakagawa T, Kitagawa K, Suzuki S, Liu N, Kitagawa M, *et al.* Long non-coding RNA ANRIL is required for the PRC2 recruitment to and silencing of p15(INK4B) tumor suppressor gene. *Oncogene* 2011; 30(16): 1956-62.
- 15- Liu J, Liu H, Zhang X, Gao P, Wang J, Hu Z. Identification and characterization of P15RS, a novel P15(INK4b) related gene on G1/S progression. *Biochem Biophys Res Commun* 2002; 299(5): 880-5.
- 16- Knowling S, Morris KV. Epigenetic regulation of gene expression in human cells by noncoding RNAs. *Prog Mol Biol Transl Sci* 2011; 102: 1-10.
- 17- Chou BK, Mali P, Huang X, Ye Z, Dowey SN, Resar LM, *et al.* Efficient human iPS cell derivation by a non-integrating plasmid from blood cells with unique epigenetic and gene expression signatures. *Cell Res* 2011; 21(3): 518-29.
- 18- Bottardi S, Aumont A, Grosveld F, Milot E. Developmental stage-specific epigenetic control of human beta-globin gene expression is potentiated in hematopoietic progenitor cells prior to their transcriptional activation. *Blood* 2003; 102(12): 3989-97.
- 19- Holliday R. DNA methylation and epigenetic mechanisms. *Cell Biophys* 1989; 15(1-2): 15-20.
- 20- Dansranjav T, Krehl S, Mueller T, Mueller LP, Schmoll HJ, Dammann RH. The role of promoter CpG methylation in the epigenetic control of stem cell related genes during differentiation. *Cell Cycle* 2009; 8(6): 916-24.
- 21- Zingg JM, Jones PA. Genetic and epigenetic aspects of DNA methylation on genome expression, evolution, mutation and carcinogenesis. *Carcinogenesis* 1997; 18(5): 869-82.
- 22- Shiota K, Kogo Y, Ohgane J, Imamura T, Urano A, Nishino K, *et al.* Epigenetic marks by DNA methylation specific to stem, germ and somatic cells in mice. *Genes Cells* 2002; 7(9): 961-9.

Original Article

Evaluation of methylation pattern in the promoter regions of P15 and P16 genes and the expression status of these factors in cord blood CD34⁺ stem cells

Azad M.¹, Kaviani S.¹, Mortazavi Y.², Norouzinia M.¹, Soleimani M.¹, Abroun S.¹, Zonoubi Z.³, Atashi A.¹

¹Faculty of Medical Sciences, Tarbiat Modares University, Tehran, Iran

²Zanjan University of Medical Sciences, Zanjan, Iran

³Faculty of Medical Sciences, Shahid Beheshti University of Medical Sciences, Tehran, Iran

Abstract

Background and Objectives

Cell signaling elements such as P15 and P16 play an important role in differentiation of primitive cells into various cell types. These factors are involved in controlling gene expression by different mechanisms, of which epigenetics especially methylation is noteworthy. The main objectives of this study were discovering the expression status of target genes in CD34⁺ cord blood stem cells and determining the methylation changes in the respective genes in this same stage.

Materials and Methods

After collection of cord blood bags and purification and proliferation of stem cells, cellular DNA was isolated. In later stages, cDNA and Bisulfite treated DNAs were synthesized from RNA and DNA of primary cells, respectively. Polymerase Chain Reaction and Methylation Specific PCR were later performed for both genes.

Results

After MSP, it was found that the P15 has partial methylation and expression in CD34⁺ stem cells, and P16 lacks methylation in this stage and is completely expressed. The results of PCR indicated expression of both genes in CD34⁺ stem cells.

Conclusions

Gene expression profile of each tissue or cell is in accordance with its functions; the specific expression of P15 and P16 can indicate a possible role of these genes in biology of CD34⁺ stem cells in umbilical cord blood. There is always substantial agreement between expression of a gene and its epigenetic changes.

Key words: Methylation, Stem Cells, Cord Blood

Received: 28 Mar 2012

Accepted: 18 Jul 2012

Correspondence: Kaviani S., PhD of Hematology. Associate Professor of Faculty of Medical Sciences, Tarbiat Modares University.

P.O.Box: 14115-331, Tehran, Iran. Tel: (+9821) 82883832; Fax: (+9821) 82884507

E-mail: kavianis@modares.ac.ir