

خون

فصلنامه علمی پژوهشی
دوره ۵ شماره ۴ زمستان ۸۷ (۲۰۹-۲۲۳)

تأثیر اینترون ۱ ژن بتاگلوبین انسانی بر روی بیان موقع فاکتور ۹ انعقادی فعال انسانی در رده‌ای از سلول‌های پستانداران

علی اکبر حداد مشهدی‌ریزه^۱، دکتر علیرضا زمردی‌پور^۲، دکتر سید جواد حسینی^۳، دکتر فرزانه صابوئی^۴

چکیده سابقه و هدف

تأثیر حضور اینترون‌ها در افزایش بیان ژن‌ها در سلول‌های پستانداران نشان داده شده است. در این مطالعه کارایی اینترون ۱ ژن بتاگلوبین انسانی بر بیان موقع cDNA فاکتور ۹ انسانی در رده سلولی تخدمان هامستر چینی (CHO) تحت کنترل پرومودر سیتومگالوویروس نشان داده شد.

مواد و روش‌ها

مطالعه انجام شده از نوع تجربی بود. در این پژوهش اینترون ۱ ژن بتاگلوبین انسانی بین اگزون‌های ۱ و ۲ cDNA فاکتور ۹ انسانی وارد شد. در پلاسمید بیانی pcDNA3 در دو نوترکیب ساخته شده برای ترانسفکشن سلول‌های CHO مورد استفاده قرار گرفتند. محیط کشت سلول‌های ترانسفکت شده به منظور آشکارسازی بیان پروتئین نوترکیب فاکتور ۹ انسانی، جمع‌آوری و مورد آزمون یک مرحله‌ای انعقاد بر روی پلاسمای فاقد فاکتور ۹ قرار گرفت. سپس به منظور تایید صحت بیان cDNA فاکتور ۹ در سلول‌های نوترکیب، حضور آن با آزمون رونوشت‌برداری معکوس تایید شد.

یافته‌ها

مقایسه اولیه زمان‌های انعقاد به دست آمده از محیط‌های کشت سلول‌های ترانسفکت شده با هر دو پلاسمید نوترکیب در مقایسه با نمونه‌های کنترل منفی، بیانگر فاکتور ۹ به میزان ۱۶ تا ۶۲ درصد توسط هر دو گروه سلول‌های دگرگون شده بود. هم چنین مقایسه نتایج حاصل از فعالیت انعقادی سلول‌های واجد سازه‌های نوترکیب، نشانگر افزایش فعالیت فاکتور ۹ بیان شده به میزان ۱ تا ۲۸ درصد در محیط کشت سلول‌های دگرگون شده با سازه واجد اینترون نسبت به سلول‌های دگرگون شده با سازه فاقد اینترون بود. هم چنین آزمون رونوشت‌برداری معکوس، صحت فرآیند اسپلایسینگ و بیان فاکتور ۹ از سلول‌های نوترکیب را تایید نمود.

نتیجه‌گیری

در این تحقیق تاثیر مثبت حضور اینترون ۱ بتاگلوبین بر میزان بیان فاکتور ۹ انسانی نشان داده شد. در عین حال با ساخت پلاسمیدهای بیان کننده فاکتور ۹ انسانی، ابزار مناسبی برای بررسی پایداری سلول‌های ترانسفکت شده برای تولید فاکتور ۹ در محیط انتخابی به صورت سیستماتیک فراهم شد.

کلمات کلیدی: فاکتور ۹ ، بتاگلوبین‌ها، اینترون‌ها، سلول‌های CHO

تاریخ دریافت: ۴/۱۰/۸۶

تاریخ پذیرش: ۳/۱۲/۸۷

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد علوم سلولی و مولکولی - پژوهشگاه ملی مهندسی ژنتیک و زیست فناوری و مرکز تحقیقات ایمونولوژی، آسم و آلرژی دانشگاه علوم پزشکی تهران

۲- مؤلف مسؤول: PhD ژنتیک مولکولی - دانشیار پژوهشگاه ملی مهندسی ژنتیک و زیست فناوری - صندوق پستی: ۱۴۱۵۵-۶۳۴۳

۳- PhD علوم سلولی و مولکولی - استادیار دانشگاه خلیج فارس بوشهر

۴- PhD بیوشیمی - استادیار پژوهشگاه ملی مهندسی ژنتیک و زیست فناوری

نقش مفید ایترون‌ها در سلول است. تاثیر پلی‌مورفیسم برخی از نواحی ایترونی با سبب‌شناسی بیماری‌ها نیز نشان داده شده است(۱۲). گزارش‌ها نشان می‌دهد که بیان ژن در مواردی در حضور ایترون می‌تواند ۸ تا ۵۰۰ برابر افزایش یابد(۱۳). لذا استفاده از ایترون‌ها در جهت بالا بردن بیان پروتئین‌های نوترکیب، مورد توجه محققان زیادی قرار گرفته است(۱۴، ۱۵). تغییرات بیانی یک ژن که به حضور ایترون نسبت داده می‌شود، به عوامل جنبی متعددی چون موقعیت فیزیکی ایترون در ژن بومی از نظر فاصله آن از دو انتهای ۵' یا ۳' ژن وابسته است(۱۶). نتایج بسیاری از آزمایش‌ها نشان داده است که ایترون نزدیک به پروموتور، کارایی بیشتری در تنظیم بیان ژن دارد(۱۵، ۱۳-۱۶). حضور توالی‌های افزاینده بیان ژن و نیز توالی‌های مربوط به جایگاه‌های اتصال فاکتورهای رونویسی در ایترون‌ها، از جمله عوامل تاثیرگذار این توالی‌ها بر بیان ژن هستند(۱۲، ۱۵). تاثیر ایترون‌ها بر خروج محصول رونویسی از هسته به سیتوپلاسم نیز بر میزان بیان ژن تاثیرگذار است، در این رابطه در حضور ایترون، مجموعه‌ای پروتئینی به نام EJC (Exon Junction Complex) تشکیل می‌شود، این مجموعه به کمک برهمکنش با ناقل‌های انتقالی غشای هسته، خروج محصول رونویسی را تسهیل می‌کند(۱۷، ۱۸). برهمکنش مجموعه EJC با ناقل‌های غشایی در گروهی از ژن‌ها قوی بوده و خروج محصول رونویسی را بسیار تحت تاثیر قرار می‌دهد، بیان ژن‌های واجد این گونه ایترون‌ها به شدت وابسته به وجود ایترون است(۱۹، ۲۰). بیان ژن‌هایی نظری ژن بتاگلوبین به شدت وابسته به حضور ایترون است به طوری که در غیاب ایترون، محصول رونویسی توانایی بسیار کمی در خروج از هسته دارد و علی‌رغم تولید در هسته باقی مانده و ترجمه نمی‌شود(۱۹، ۲۰). ژن بتاگلوبین انسانی دارای دو ایترون به طول‌های ۱۳۰ و ۸۵۰ جفت باز است(۲۱). به طور نسبی میزان تراکم عناصر اتصالی به فاکتورهای رونویسی در ایترون ۱ این ژن بیشتر از ایترون ۲ است که می‌تواند انعکاسی از اهمیت ایترون ۱ این ژن در بالا بردن بیان ژن باشد(۲۲). به این ترتیب ایترون‌های ژن بتاگلوبین انسانی از نظر توانمندی در خروج محصول رونویسی به سیتوپلاسم، گرینه‌های مناسبی جهت بررسی

هموفیلی B یا کریسمس، از بیماری‌های مورد توجه درمان با استفاده از ژن درمانی است. هموفیلی B یکی از بیماری‌های مسیر انعقادی است که در نتیجه اختلال و با کمبود فاکتور ۹ حاصل می‌شود. این بیماری به صورت مغلوب وابسته به کروموزوم X به ارث می‌رسد و میزان تواتر آن ۱/۳۰۰۰۰ مرد در جهان است(۱). درمان این بیماری به وسیله تزریق فاکتور ۹ استخراج شده از پلاسمای طبیعی انسانی و اخیراً نوع نوترکیب آن رایج است. مطالعات در راستای افزایش بیان پروتئین‌های نوترکیب در سیستم‌های یوکاریوتی با هدف ژن درمانی به صورت *in vivo* و *ex vivo* یا تولید پروتئین در *شرایط in vitro* در دستور کار آزمایشگاه‌های متعددی در دنیا قرار گرفته است. بالا بردن بیان پروتئین‌های نوترکیب، نیازمند استفاده از پلاسمیدهای بیانی مجهز به عناصر تنظیمی با نقش افزاینده است(۲). به طور کلی عناصر تنظیمی در نواحی غیر کدکننده ژنی قرار گرفته‌اند(۳-۵). بیش از ۹۰٪ از توالی‌های ژنومی در انسان و دیگر مهره‌داران متعلق به توالی‌های غیر کدکننده و یا توالی‌های کدکننده با فعالیت نامعلوم است(۷، ۶). عناصر ژنتیکی شناخته شده یوکاریوتی که نقش کلیدی در تنظیم میزان بیان ژن‌ها دارند، به طور عمده شامل پرموتورها در بالادست ژن‌ها، افزاینده‌های (Enhancers) در بالادست یا پایین دست ژن‌ها، توالی‌های خاتمه دهنده رونویسی و نیز توالی‌های موثر در فرایند پلی‌آدنیلیسیون در پایین دست ژن‌ها هستند.

هم چنین می‌توان به برخی عناصر مجاور ژن اشاره کرد که تنظیم بعد از نسخه‌برداری را به عهده دارند و در نواحی غیر قابل ترجمه ۵' و ۳' در دو انتهای ژن قرار دارند(۱۰-۸). در نواحی داخلی ژن، ایترون‌ها در رابطه با دارا بودن عوامل تنظیمی، جایگاه ویژه‌ای را به خود اختصاص می‌دهند. این توالی‌ها بخشی از نواحی غیر کدکننده داخل ژنی هستند که عموماً نسبت به نواحی کدکننده ژنی طول بزرگتری را به خود اختصاص می‌دهند. تعداد و طول ایترون‌ها در ژن‌های مختلف به ترتیب از صفر تا ۷۵ و از ۶۵ تا چند هزار جفت باز متغیر است(۱۱). صرف مقادیر زیاد انرژی و مواد برای تکثیر و حفظ ایترون‌ها، موید

جدول ۱: آغازگرهای استفاده شده و کاربرد آنها

شماره PCR	کاربرد جفت آغازگر	توالی آغازگرها	نام آغازگرها
۱	تکثیر اگزون ۱ از cDNA فاکتور ۹	۵'-GGATCC GTT ATG CAG CGC GTG AAC ATG ATC-3' ۵'- AAC CTT GAT ACC AAC CTG TAC ATT CAG CAC TGA GTA GAT ATC CTA-3'	hFIXE1-F hFIXE1-R
۲	تکثیر ایترنون ۱ بتاگلوبین از زنوم انسانی	۵'- AGT GCT GAA TGT ACA GGT TGG TAT CAA GGT TAC AAG ACA GG 3' ۵'- ATG ATC AAG AAA AAC TAA GGG TGG GAA AAT AGA CCA ATA G 3'	hBI1-F hBI1-R
۳	تکثیر اگزونهای ۲ تا ۴ از cDNA فاکتور ۹	۵'- TTT TCC CAC CCT TAG TTT TTC TTG ATC ATG AAA ACG CCA AC 3'	hFIXE2-F
۴	اتصال قطعات حاصل از PCR (SOE-Mediated PCR ۱) و PCR (SOE-Mediated PCR ۲)	۵'- GGATCC GTT ATG CAG CGC GTG AAC ATG ATC 3' ۵'- ATG ATC AAG AAA AAC TAA GGG TGG GAA AAT AGA CCA ATA G 3'	hFIXE1-F hBI1-R
۵	اتصال محصولات PCR ۳ و PCR (SOE-Mediated PCR ۲)	۵'- GGATCC GTT ATG CAG CGC GTG AAC ATG ATC 3'	hFIXE1-F
۶	انجام فرآیند کلونی PCR	۵'- CCT TGC AAC TGC CGC CA[TTTAAA]C 3' ۵'- GC GGGCGCAGTGATTAGTTAGTGAGAGGCC 3' ۵'- GCC ATGGCCCCCTTGGATTGAAAGGAAAGAACT 3'	hFIXE4-R hIX-R1 hFIX-F2
	انجام فرآیند RT-PCR	۵'- G[AAGCTT]TCTCCCTTTGTGGAAGACTCTTCCC-3' ۵'- CCT TGC AAC TGC CGC CA[TTTAAA]C 3' ۵'- GGATCC GTT ATG CAG CGC GTG AAC ATG ATC 3'	hFIXE2-R hFIXE4-R hFIXE1-F

asherishiyakli (استراتژن - آمریکا) برای مراحل همسانه‌سازی استفاده شد. رده سلولی CHO خریداری شده از بانک سلولی ایران، به عنوان میزبان سلولی پستانداران ایجاد شد. رده سلولی ایران، به عنوان میزبان سلولی pK14hFIX ۹ مورد استفاده قرار گرفت. سازه نوترکیب فاکتور ۹ به عنوان منبع pK14hFIX ۹ به کار گرفته شد (۲۳). پلاسمید pET26+ (نوواژن - آلمان) به عنوان وکتور حد واسطه برای مراحل همسانه‌سازی استفاده شد. در این تحقیق پلاسمید pcDNA3 (اینوریتوژن - آمریکا) به عنوان وکتور پایه برای طراحی سازه‌های بیانی فاکتور ۹ در سلول‌های پستانداران مورد استفاده قرار گرفت. سازه‌های بیانی ساخته شده واحد ژن مقاومت به آنتی‌بیوتیک جتیسین به عنوان شاخص انتخابی هستند. آغازگرهای استفاده شده در این تحقیق توسط شرکت آلمانی MWG ساخته شدند (جدول ۱).

افزایش بیان پروتئین‌های نوترکیب در سلول‌های پستانداران هستند. تراکم انبوه توالی‌های اتصال به فاکتورهای رونویسی در ایترنون ۱ این ژن، این ایترنون را کاراتر از ایترنون ۲ نشان می‌دهد، از طرفی به دلیل کوتاه بودن طول آن نسبت به سایر ایترنون‌ها و ایترنون ۲ زن بتاگلوبین، دستورزی سازه نوترکیب آن آسان‌تر خواهد بود، همچنین کوتاه بودن این ایترنون امکان استفاده از طول کامل آن در حد واسطه دو اگزون در جهت تشکیل کمپلکس EJC را فراهم می‌سازد. بر این اساس استفاده از ایترنون ۱ ژن بتاگلوبین انسانی (IIB)، با هدف افزایش بیان cDNA فاکتور ۹ در سلول‌های CHO در دستور کار این پژوهش قرار گرفت. در این مطالعه مراحل همسانه‌سازی IIB بین اگزون‌های ۱ و ۲ cDNA فاکتور ۹ انسانی و نیز تاثیر این ایترنون بر میزان بیان موقت cDNA فاکتور ۹ انسان مورد بررسی قرار گرفته است.

محیط کشت، آنزیمهای مواد شیمیایی و کیت‌ها
محیط کشت LB (Luria-Bertani) به عنوان محیط کشت باکتری استفاده شد. آمپیسیلین، کانامایسین، ایزوپروپیل تیوگالاکتوزید (IPTG) و X-gal به ترتیب با غلظت ۳۰

مواد و روش‌ها

سوش باکتری، رده سلولی پستانداران، پلاسمیدها و آغازگرهای مطالعه انجام شده از نوع تجربی بود. سوш باکتری

آغازگر hFIXE₁-F/hBI₁-R به هم‌دیگر متصل شدن(PCR4). محصولات واکنش‌های PCR4 و PCR3 با انجام دومین واکنش SOE-Mediated PCR و با استفاده از زوج آغازگر R-hFIXE₄-R به یکدیگر متصل شده و به این ترتیب ایترنون ۱ ژن بتاگلوبین بین اگزون‌های ۱ و ۲ ژن فاکتور ۹ قرار گرفت(PCR5). محصول PCR5 پس از همسانه‌سازی در PTZ57RT و هضم با زوج آنزیم BamHI و Dra1 در سازه حداوصله pET26-hFIX وارد گردید و سازه نوترکیب pET26-hFIX-I که واجد ایترنون ۱ است به دست آمد. سرانجام به وسیله آنزیم‌های BamHI/NotI، cDNA فاکتور ۹ انسانی که حاوی ایترنون ۱ ژن بتاگلوبین است(I-hFIX-I) به پلاسمید pcDNA3 منتقل و سازه نوترکیب-I pcDNA3-hFIX-I ساخته شد.

تعیین توالی

قطعات کلون شده در سازه‌های نوترکیب-pTZ57R/T-E1-I1-E2-4 (به عنوان سازه‌ای حداوصله شامل ایترنون ۱ ژن بتاگلوبین و اگزون‌های ۱ تا ۴ ژن فاکتور ۹)، pcDNA3-hFIX-I (شامل cDNA ژن فاکتور ۹) و pcDNA3-hFIX (شامل ایترنون ۱ ژن بتاگلوبین و cDNA ژن فاکتور ۹) از هر دو رشته کاملاً تعیین توالی شد. توالی‌های مذکور با استفاده از دستگاه ABI 373 (آلمان – MWG) و با استفاده از آغازگرهای اختصاصی تعیین گردید. مقایسه توالی‌های حاصله با استفاده از برنامه BLAST بر علیه بانک ژنی انجام شد(۲۵).

کشت سلول و ترانسفکشن سلول‌های CHO در دمای ۳۷ درجه سانتی‌گراد، فشار CO₂ ۵٪ و در محیط کشت ترکیبی Hams-F12 و DMEM با نسبت ۱/۱ حاوی ۱۰٪ سرم جنین گوساله، ۱۰۰ U/ml پنی‌سیلین G و ۱۰۰ µg/ml استرپтомایسین غنی، رشد داده شدن. ترانسفکشن با دو روش کلسلیم – فسفات و فیوژن - ۶ در پلیت‌های شش خانه‌ای صورت گرفت. برای این منظور سلول‌های CHO حدود ۲۴ ساعت قبل از واکنش ترانسفکشن در تراکم ۱۳۰,۰۰۰ - ۱۱۰,۰۰۰ سلول به ازای هر خانه کشت داده شدند. برای انجام ترانسفکشن با

۱۰۰، ۲۰ و ۲۰ میکروگرم در یک میلی‌لیتر محیط کشت در صورت نیاز به وجود محیط کشت انتخابی استفاده شدند. آنزیم‌های EcoRV، DraI، NotI و T4 DNA Ligase، جنتیسین(G-418)، کیت‌های تخلیص محصول PCR، پلاسمید، RNA و عامل ترانسفکشن فیوژن - ۶ و آنزیم رونوشتبردار معکوس M-Mulv از شرکت روش(آلمان) خریداری گردیدند. آنزیم BamHI و Hinfl و پلاسمید PTZ57RT از سیناژن(ایران) خریداری شد. پلاسمای فاقد فاکتور ۹ انسانی از شرکت دیاگنوستیکا استاگو(فرانسه) خریداری شد. پلاسمای طبیعی انسان با هدف رسم نمودار استاندارد آزمایش انعقادی فاکتور ۹ به صورت اهدایی از سازمان انتقال خون ایران به دست آمد. Dulbecco's modified Eagle's)DMEM محیط کشت (medium) و Hams-F12 از شرکت جیبکو(آمریکا) جهت رشد سلول‌های CHO استفاده شد.

دستورزی‌های DNA

همه مراحل دست‌کاری DNA بر اساس روش‌های استاندارد کلونینگ انجام شد(۲۶). همسانه‌سازی cDNA فاکتور ۹ در پلاسمید pcDNA3 با استفاده از واکنش‌های هضمی سازه نوترکیب pK14hFIX انجام شد. کروموزومی استخراج شده از خون انسان و cDNA فاکتور ۹ حاصله از هضم سازه نوترکیب pK14hFIX به ترتیب به عنوان الگو برای تکثیر IIB و اگزون‌های ۱ تا ۴ فاکتور ۹ انسانی مورد استفاده قرار گرفتند. همسانه‌سازی ایترنون ۱ ژن بتاگلوبین در حد فاصل اگزون‌های ۱ و ۲ cDNA ۲ ژن فاکتور ۹ به وسیله سه واکنش PCR استاندارد و دو واکنش Splice Overlap extension (SOE-Mediated PCR mediated PCR) انجام پذیرفت. به این منظور DNA کروموزومی استخراج شده از خون انسان و cDNA فاکتور ۹ به ترتیب به عنوان الگو جهت تکثیر ایترنون ۱ بتاگلوبین(PCR2)، اگزون ۱ ژن فاکتور ۹ (PCR1) و اگزون‌های ۲ تا ۴ فاکتور ۹ (PCR3) مورد استفاده قرار گرفتند(جدول ۱).

اگزون ۱ ژن فاکتور ۹ و ایترنون ۱ ژن بتاگلوبین با استفاده از اولین واکنش SOE-Mediated PCR و جفت

سانتی گراد قرار داده شد. سپس $100 \mu\text{l}$ کلسیم کلرید MgCl_2 از قبل گرم شده در 37°C درجه سانتی گراد به آن اضافه و زمان انعقاد اندازه گیری شد و فعالیت انعقادی هر نمونه بر اساس نمودار استاندارد تعیین گردید.

آزمون RT-PCR

RNA تام از سلول‌های نوترکیب ترانسفکت شده با میکرو ایترنون ۱ ژن بتاگلوبین انسانی با استفاده از کیت تخلیص RNA استخراج شد. سپس cDNA توسط آنزیم رونوشتبردار معکوس m-MuLV با استفاده از RNA تیمار شده با DNAase عاری از RNAase به عنوان الگو و آغازگرهای هگزامر تصادفی (Random Hexamer) طبق روش استاندارد در دو مرحله متوالی ساخته شد. از محصول رونوشتبرداری معکوس به عنوان الگو جهت تغییر قطعاتی از cDNA ژن فاکتور ۹ با طول‌های ۳۱۰ و ۲۵۱ به ترتیب با کاربری جفت آغازگرهای hFIXE-F/hFIXE2-R و hFIXE1-F/hFIXE4-R استفاده شد.

یافته‌ها

ساخت سازه نوترکیب ساخت سازه نوترکیب pcDNA3-hFIX برای بیان cDNA فاکتور ۹ به عنوان کنترل مثبت پس از برش پلاسمیدهای pcDNA3 و pK14hFIX با آنزیم‌های BamHI/NotI و cDNA و cDNA فاکتور ۹ به عنوان کنترل منفی (hFIX-cDNA) و اتصال آنها انجام گرفت (شکل ۱). ساختار سازه نوترکیب مذکور با استفاده از آنالیز مولکولی به شرح زیر تایید گردید. از برش این پلاسمید با آنزیم‌های BamHI/NotI به طور انفرادی قطعه‌ای به طول 690n جفت باز به دست آمد و از هضم توأم آن با آنزیم‌های مذکور، دو قطعه با طول‌های ۵۳۸۸ و ۱۴۵۹ جفت باز حاصل شد که به ترتیب نشانگر فرم‌های خطی pcDNA3 و cDNA ژن فاکتور ۹ هستند (شکل ۲-الف).

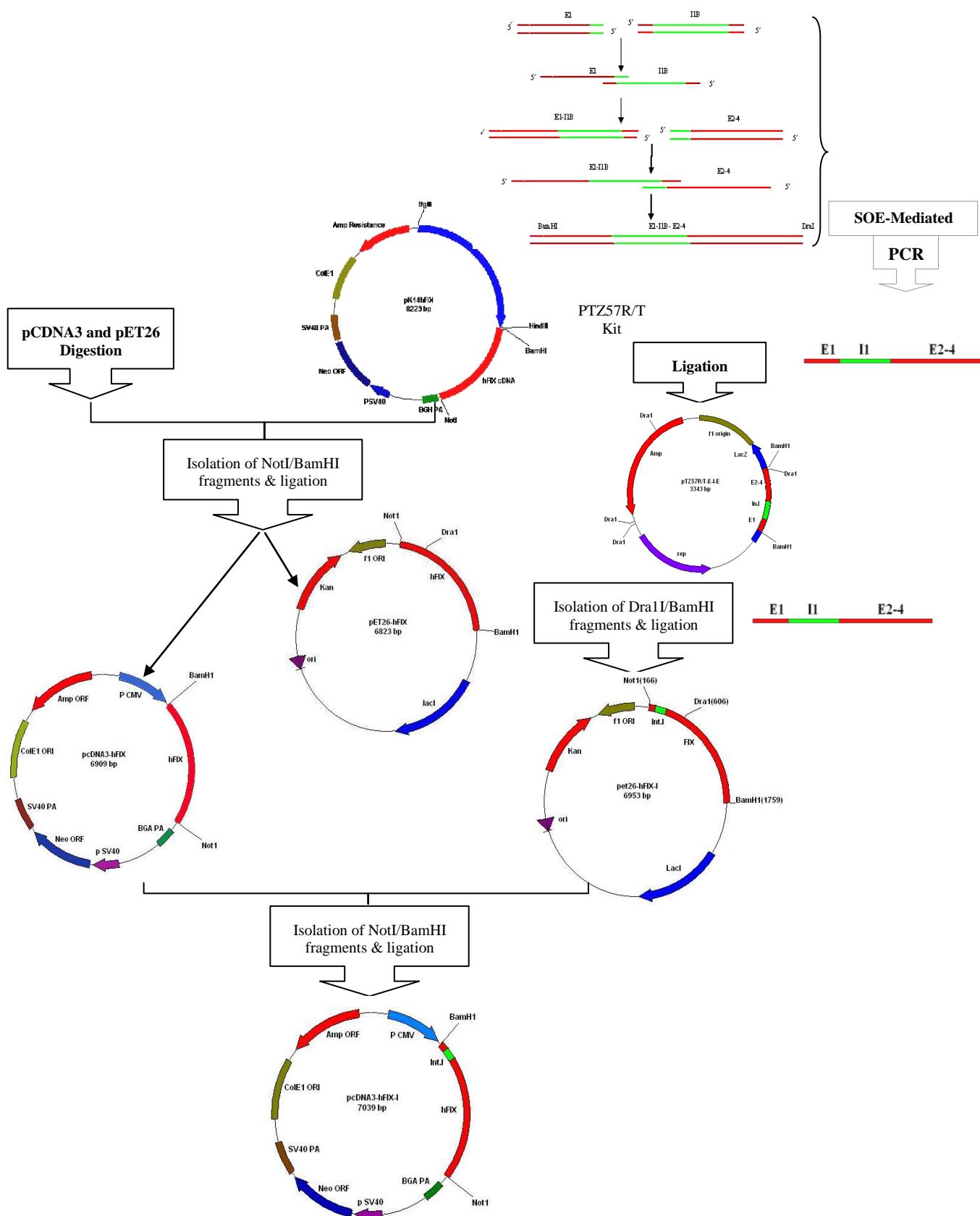
برای ساخت سازه نوترکیب واحد ایترنون، -hFIX cDNA پس از برش با آنزیم‌های BamHI/NotI در pET26 همسانه‌سازی شد و سازه نوترکیب pET26-hFIX به دست آمد (شکل ۱). ساختار سازه نوترکیب مذکور با استفاده از آنالیز مولکولی به شرح زیر تایید گردید. این آنالیز با

استفاده از فیوزن -6 ، 1ml از فیوزن -6 با 1ml محیط کشت پایه (فاقد سرم و آنتی‌بیوتیک) مخلوط و به مدت ۵ دقیقه در درجه حرارت اتاق قرار داده شد. به مخلوط فوق $2\mu\text{g}$ از سازه نوترکیب اضافه و پس از مخلوط نمودن به مدت حداقل ۳۰ دقیقه در دمای اتاق قرار داده شد. مخلوط نهایی سپس مستقیماً به سلول‌ها در 2ml محیط کشت پایه اضافه گردید. برای واکنش ترانسفکشن به روش کلسیم فسفات، 1ml از $2/5$ مول CaCl_2 با $25\mu\text{g}$ از سازه نوترکیب در یک لوله استریل ریخته و با $1/10$ حجم 1ml رسانیده شد. سپس یک حجم از محلول فوق را با یک حجم از 2X HEPES بافر شده با سالین قطره قطره خوب مخلوط کرده، محلول حاصله به مدت ۲۰ دقیقه در دمای اتاق قرار داده شد.

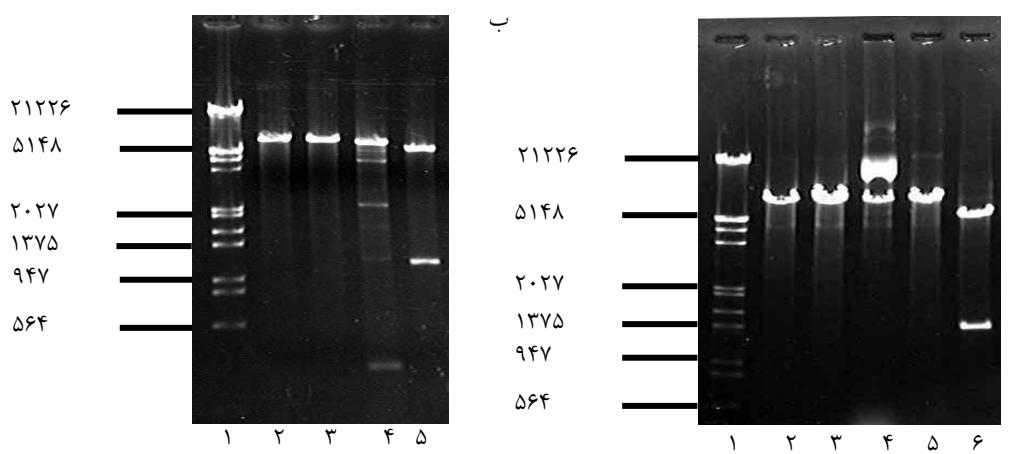
به هر 1ml از محیط کشت، 1ml از محلول نهایی اضافه گردید و واکنش ترانسفکشن برای مدت حداقل ۶ ساعت ادامه یافت. سپس محیط کشت پایه جمع‌آوری و محیط کشت کامل (این محیط غیر از ترکیبات ضروری برای رشد سلول‌ها واحد ویتامین K با غلظت 500 ng/ml به ازای هر میلی لیتر از محیط کشت است) به سلول‌ها اضافه گردید. روز دوم و سوم (حدود 48 و 72 ساعت) پس از ترانسفکشن، محیط کشت برای بررسی جمع‌آوری و محیط تازه به سلول‌ها اضافه شد.

اندازه گیری فعالیت انعقادی فاکتور ۹ انسانی: فعالیت بیولوژیک فاکتور ۹ بیان شده با استفاده از Activated partial PTT (پلاسمای انسانی فاقد فاکتور ۹ و Thromboplastine) فعال شده مطابق با دستورالعمل فراهم شده به وسیله شرکت تولید کننده تعیین گردید. برای تخمین میزان فعالیت فاکتور ۹ انسانی بیان شده، از نمودار استانداردی استفاده شد که با استفاده از فعالیت انعقادی 5 PTT رقت مختلف از پلاسمای سیتراته شده طبیعی انسان ($1/160$ ، $1/80$ ، $1/40$ ، $1/20$ ، $1/10$) روی کاغذ تمام لگاریتمی بر علیه زمان انعقاد ترسیم شده بود.

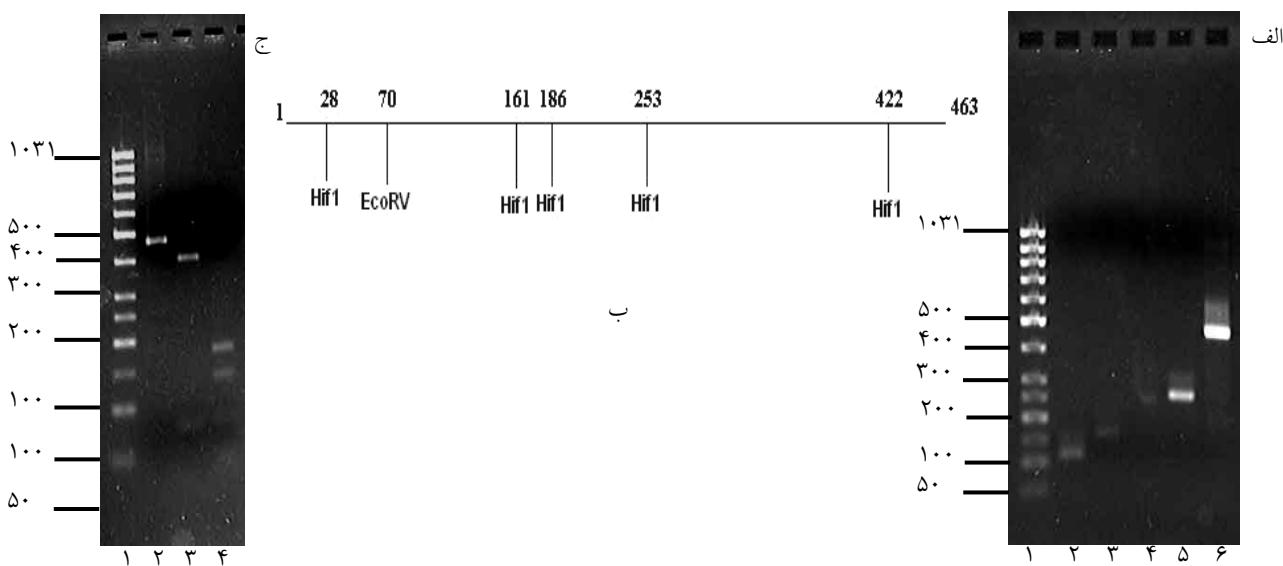
برای انجام آزمایش انعقادی 1ml از هر نمونه با 1ml از پلاسمای فاقد فاکتور IX و 1ml از 100 PTT فعال شده مخلوط و دقیقاً ۳ دقیقه در درجه حرارت 37°C درجه



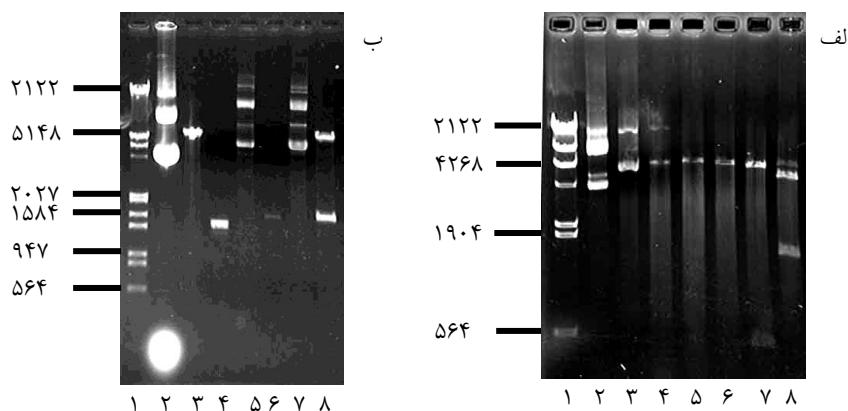
شکل ۱: مراحل سوئینگ PCR و ساخت سازه‌های نوترکیب حد واسط و بیانی به صورت شماتیک



شکل ۲: آنالیز مولکولی سازه‌های نوترکیب. الف: سازه نوترکیب pcDNA3-hFIX ردیف ۱: مارکر I *HindIII/EcoR*. ردیف‌های ۲، ۳، ۴ و ۵: شکل‌های خطی شده توام pCDNA3-hFIX با *BamH I* و *Not I*. ردیف ۶: هضم توام *pET26-hFIX* با *BamH I* و *Not I*. ب: سازه نوترکیب *pET26-hFIX* ردیف ۱: مارکر I *Hind III/Ecor I*، ردیف ۲ و ۳: شکل‌های خطی شده *pET26-hFIX* به ترتیب با *I* و *BamH I* ردیف ۴: هضم توام *pET26-hFIX* با دو آنزیم *Dra I* و *BamHI* ردیف ۵: هضم توام *pET26-hFIX* با *Dra I* و *Not I* ردیف ۶: هضم توام *pET26-hFIX* با دو آنزیم *Dra I* و *BamHI*



شکل ۳- مراحل ساخت و آنالیز مولکولی قطعه نوترکیب E1-I-E2-4. شکل ۳-الف- مراحل ساخت ردیف ۱: مارکر ۵۰ جفت بازی، ردیف ۲: محصول PCR1 (اگرون ۱ فاکتور ۹). ردیف ۳: محصول PCR2 (ایتررون ۱ بتاگلوبین). ردیف ۴: محصول SOE-Mediated PCR1 (E1-I1). ردیف ۵: محصول PCR3 (اگرون ۲ تا ۴ فاکتور ۹). ردیف ۶: محصول SOE-Mediated PCR2 (E1-I1-E2-4). شکل ۳-ب: نقشه آنزیمی قطعه نوترکیب E1-I-E2-4. شکل ۳-ج: آنالیز مولکولی قطعه نوترکیب. ردیف ۱: مارکر ۵۰ جفت بازی، ردیف ۲: قطعه نوترکیب E1-I-E2-4. ردیف ۳: هضم قطعه نوترکیب E1-I-E2-4 با *EcoRV*. ردیف ۴: هضم قطعه نوترکیب E1-I-E2-4 با *HinfI* (پاندهای سبک DNA در عکس قابل رویت نیست).



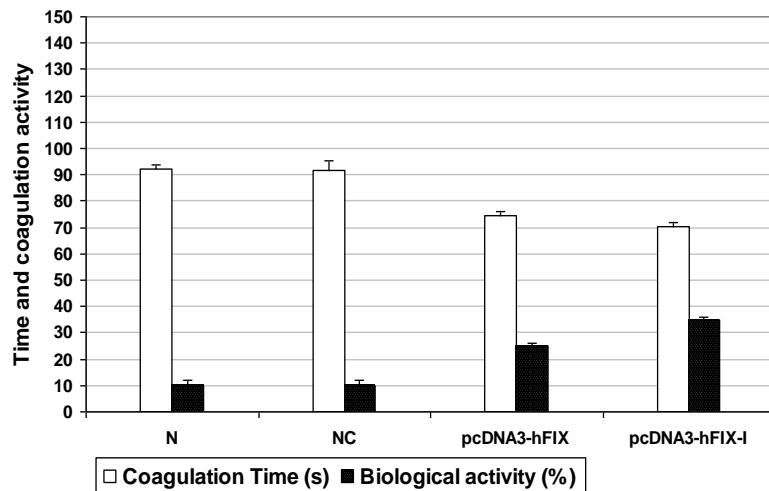
شکل ۴- آنالیز مولکولی سازه های نوترکیب. الف: سازه نوترکیب *Hind III*-*hFIX-I*: مارکر *pET26* ردیف ۲: پلاسمید *pET26*. ردیف ۳: سازه نوترکیب *pET26-hFIX-I*, ردیف ۴، ۵ و ۶: شکل های خطی شده *pET26-hFIX-I* به ترتیب با *DraI* و *NotI*, *BamHI* و *NotI*. ردیف ۷: هضم توام *pET26-hFIX-I* با دو آنزیم *DraI* و *BamH I* ردیف ۸: هضم توام *pET26-hFIX-I* با *NotI* و *BamHI*. ب: سازه های نوترکیب آن. ردیف ۱: مارکر *pcDNA3* ردیف ۲: هضم توام *pcDNA3* با *NotI* و *BamHI* ردیف ۳: هضم توام *pcDNA3* با *BamH I* و *EcoRI* ردیف ۴: مارکر *cDNA* ردیف ۵: سازه نوترکیب ژن فاکتور ۹، ردیف ۶: *cDNA3-hFIX*, ردیف ۷: سازه نوترکیب *NotI* و *BamH I*, ردیف ۸: هضم توام سازه نوترکیب *pcDNA3-hFIX-I*.

اگزون های ۱ و ۲ ژن فاکتور ۹ به دست آمد(شکل ۳-الف). مراحل SOE-PCR، ساخت سازه های نوترکیب و حدواتسط در شکل شماتیک ۱ به تصویر کشیده شده است. آنالیز مولکولی قطعه نوترکیب E1-E2-4 پس از برش با آنزیم های *Hinf I* و *EcoRV* تایید گردید. با توجه به نقشه آنزیمی، از هضم قطعه نوترکیب E1-E2-4 با آنزیم *EcoRV*، دو قطعه با طول های ۷۰ و ۳۹۳ جفت بازی حاصل شد و از طرفی هضم آنزیمی قطعه مذکور با آنزیم *Hinf I*، دو قطعه با طول های ۲۸، ۲۵، ۶۷، ۱۶۹ و ۴۱ جفت بازی حاصل شد که برخی از قطعات آن در ژل آشکار نیست(شکل ۳- ب و ج). همسانه سازی قطعه نوترکیب E1-E2-4 در وکتور کلونینگ *pTZS7R/T* با هدف ایجاد جایگاه برش آنزیمی انجام شد و پس از آن با استفاده از واکنش هضمی با *BamHI/DraI* و *NotI* نوترکیب جایگزین اگزون های ۱ تا ۴ در سازه نوترکیب *pET26-hFIX* گردید و سازه نوترکیب *pET26-hFIX-I* حاصل شد. صحت سازه نوترکیب *pET26-hFIX-I* با استفاده از واکنش هضمی با آنزیم های *DraI*، *BamH I* و *Not I* به صورت انفرادی و توام تایید شد(شکل ۴-الف).

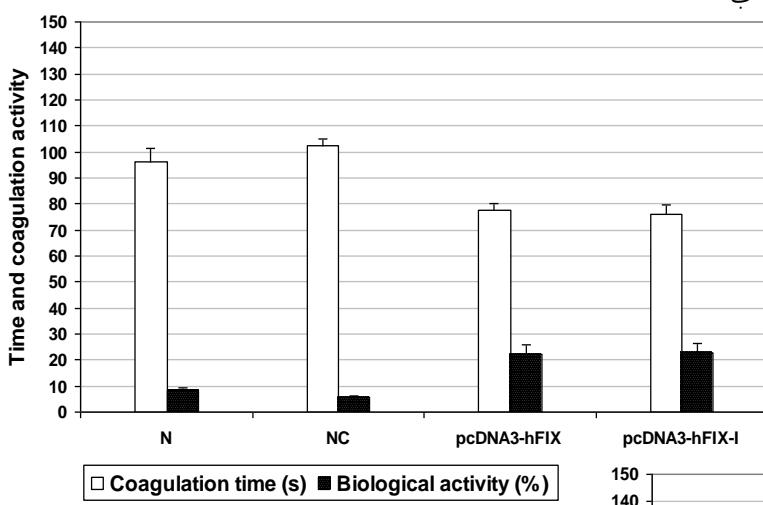
سرانجام پس از اطمینان از صحت مراحل همسانه سازی، *cDNA* فاکتور ۹ انسانی حاوی ایترنون شماره ۱ ژن

آنزیم های *DraI* و *NotI* و *BamHI* به طور انفرادی و توام انجام شد. حاصل هضم سازه نوترکیب با هر یک از آنزیم های مذکور قطعه ای به طول ۶۸۲۳ جفت باز(فرم خطی *pET26-hFIX*) است، و از هضم توام آن با آنزیم های *BamHI/NotI*، دو قطعه به طول های ۵۳۲۸ و ۱۴۵۹ جفت باز در ارتباط با فرم های خطی *pET26* و *cDNA-hFIX* حاصل آمد. از هضم توام آن با آنزیم های *BamHI/DraI* نیز دو قطعه به طول های ۶۴۷۱ و ۳۱۶ جفت بازی حاصل آمد، این قطعات در ارتباط با فرم خطی پلاسمید *pET26-hFIX* می باشد که فاقد اگزون های ۱ تا ۴ و قطعه E1-E2-4 از ژن فاکتور ۹ است(شکل ۲- ب). با هدف همسانه سازی ایترنون ۱ ژن بتاگلوبین در حد فاصل اگزون های ۱ و ۲ ژن *cDNA* ۹، در جریان سه واکنش PCR قطعات همپوشان فاکتور ۹ به اگزون شماره ۱ ژن فاکتور ۹ (E1)، مربوط به اگزون شماره ۱ ژن فاکتور ۹ (E1) (PCR1)، (PCR2) و اگزون های شماره ۲ تا ۴ ژن فاکتور ۹ (PCR3) (E2-4) به ترتیب با استفاده از زوج آغازگرهای *hFIXE₁* - F / *hBI₁* - R, *hFIXE₁* - F / *hFIXE₁* - R و *hFIXE₁F/hFIXE₂₋₄R* تکثیر شدند. اتصال محصولات به دست آمده از ۳ واکنش PCR مذکور در جریان دو واکنش SOE-PCR صورت گرفت و قطعه نوترکیب E1-E2-4 *E1-I-**E2-4* حاوی اینترنون ۱ ژن بتاگلوبین در حد فاصل

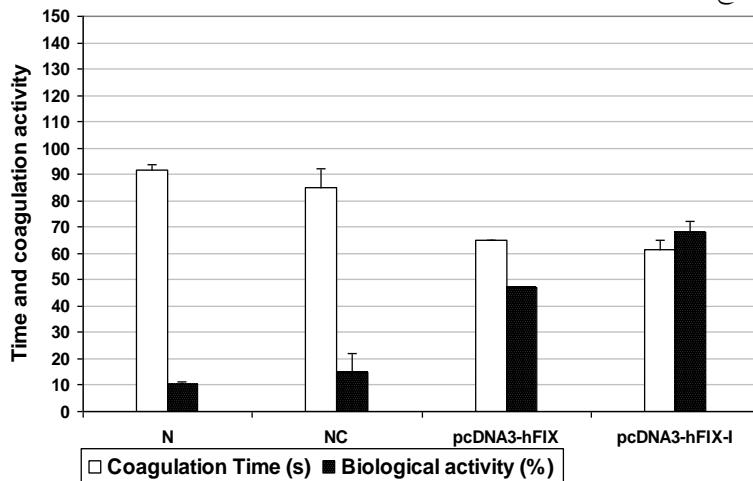
الف



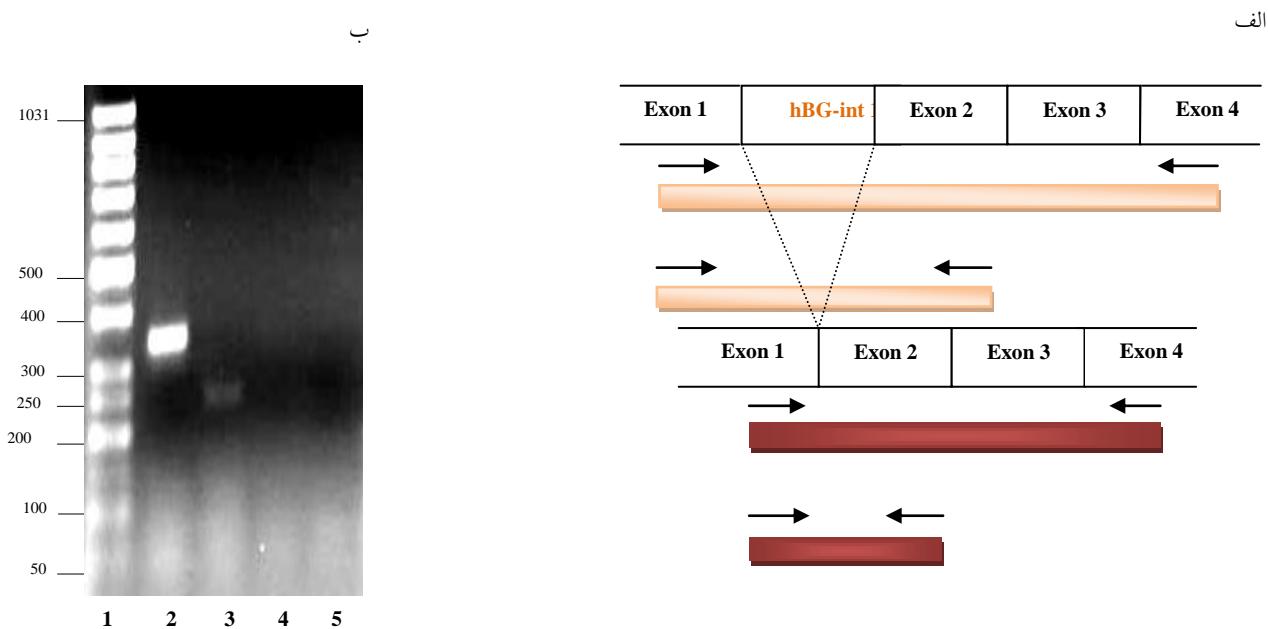
ب



ج



شکل ۵: بررسی فعالیت انعقادی محیط کشت به دست آمده از سلول‌های ترانسفکت شده با سازه‌های نوترکیب در مقایسه با هم و کنترل‌ها. الف: ۴۸ ساعت بعد از ترانسفکشن با روش فیوژن-۶. ب: ۷۲ ساعت بعد از ترانسفکشن با روش فیوژن-۶. ج: ۷۲ ساعت بعد از ترانسفکشن با روش کلسیم فسفات. محیط کشت از سلول‌های ترانسفکت نشده با N و محیط کشت از سلول‌های ترانسفکت شده با NC با pcDNA3 نشان داده شده‌اند.



شکل ۶: اندازه قطعات حاصل از PCR تاییدی بر روی محصول رونوشتبرداری معکوس که انتظار آن می‌رود و الگوی حرکتی قطعات حاصل از PCR. الف: نقشهٔ فیزیکی قطعات حاصل از PCR که انتظار آن می‌رود. ب: الگوی حرکتی قطعات حاصل از PCR. ردیف ۱: مارکر ۵۰ bp. ردیف ۲: قطعه ۳۱۰ جفت بازی تکثیر شده با استفاده از جفت پرایمر hFIXE1-F/ hFIXE4-R. ردیف ۳: قطعه ۲۵۱ جفت بازی تکثیر شده با استفاده از جفت پرایمر hFIXE2-R/ hFIXE1-F. ردیف ۴: کنترل منفی (RNA تیمار شده با DNAase عاری از RNAase به عنوان الگو) ردیف ۵: کنترل منفی (آب بعنوان الگو).

جمع آوری شده در روزهای دوم و سوم پس از واکنش ترانسفکشن جهت بیان احتمالی فاکتور ۹ با استفاده از آزمایش انعقادی یک مرحله‌ای مورد بررسی قرار گرفتند. کاهش معنی‌دار زمان انعقاد محیط کشت جمع آوری شده از سلول‌های ترانسفکت شده با سازه‌های نوترکیب از سلول‌های ترانسفکت شده با سازه‌های hFIX-1 و pcDNA3-hFIX-1 و pcDNA3-hFIX-1۶ تا ۶۲ درصدی توسط سلول‌های نوترکیب بود. این فعالیت انعقادی، بیان و ترشح فاکتور ۹ نوترکیب توسط سلول‌های ترانسفکت شده با هر دو سازه نوترکیب به محیط کشت را اثبات می‌کند. از سوی دیگر فعالیت فاکتور ۹ در محیط کشت سلول‌های ترانسفکت شده با سازه واحد ایترنون، مبین صحت فرآیند اسپلایسینگ و حذف IIB از محصول پیش رونویسی شده مینی ژن ساخته شده است. کاهش زمان انعقاد محیط سلول‌های ترانسفکت شده با سازه واحد ایترنون، نمایانگر افزایش فعالیت انعقادی فاکتور ۹ به میزان ۱ تا ۲۸ درصد در مقایسه با محیط سلول‌های ترانسفکت شده با سازه قادر ایترنون بود،

بتاگلوبین از سازه pET26-hFIX-I با استفاده از آنزیمهای BamHI/NotI در پلاسمید pcDNA3 همسانه‌سازی شد(شکل ۱). آنالیز مولکولی سازه نوترکیب hFIX-I با استفاده از آنزیمهای BamH I و Not I به صورت انفرادی و توام صورت پذیرفت(شکل ۴- ب). صحت توالی‌های همسانه‌سازی شده در سازه‌های بیانی pcDNA3-hFIX-I و pcDNA3-hFIX با استفاده از تعیین توالی نیز تایید شد.

ترانسفکشن و بررسی بیان فاکتور ۹ انسانی در سلول‌های CHO با هدف بررسی اثر ایترنون ۱ ژن بتاگلوبین بر بیان فاکتور انعقادی شماره ۹ انسانی در سلول‌های CHO، سلول‌های کشت شده پس از ۲۴ ساعت و با تراکم ۵۰ تا ۷۰ درصد سطح ظرف برای ترانسفکشن با سازه‌های نوترکیب pcDNA3-hFIX و pcDNA3-hFIX-I استفاده قرار گرفتند. واکنش ترانسفکشن با روش‌های لیپوفکشن و کلسمیم فسفات انجام شد. محیط‌های کشت

فسفات، صرف نظر از تاثیرگذاری احتمالی حضور کلسیم در محیط، می‌تواند بازخوردی از بالا بودن نسبی سلول‌های ترانسفکت شده در این روش باشد. تایید صحت فرآیند اسپلایسینگ ایترنون‌های هتروولوگ ژن بتاگلوبین

با هدف تایید وجود cDNA ژن فاکتور ۹ در محصول رونوشت‌برداری معکوس و نیز تایید صحت اسپلایسینگ فرآیند PCR از محصول رونوشت‌برداری معکوس با استفاده از دو جفت آغازگر hFIXE1-F/hFIXE4-R و hFIXE1-F/hFIXE2-R انجام شد. با توجه به موقعیت الگویابی آغازگرها بر cDNA ژن فاکتور ۹، انتظار می‌رود حاصل تکثیر جفت آغازگر مذکور در صورت حضور cDNA ژن فاکتور و اسپلایسینگ صحیح قطعاتی به طول‌های ۳۱۰ و ۲۵۱ جفت باز شد و چنانچه cDNA ژن فاکتور حضور داشته باشد ولی اسپلایسینگ صورت نگرفته باشد، قطعاتی به طول‌های ۴۴۰ و ۳۸۱ جفت باز انتظار می‌رود(شکل ۶-الف). نتایج حاصل از واکنش PCR همان طوری که در شکل ۶-ب نمایش داده شده است، قطعاتی به طول‌های ۳۱۰ و ۲۵۱ جفت باز بود، که تایید کننده وجود cDNA ژن فاکتور ۹ در محیط و هم‌چنین صحت فرآیند اسپلایسینگ ایترنون ۱ ژن بتاگلوبین از cDNA ژن فاکتور ۹ بود.

بحث

بررسی‌ها نشان داده است که حضور ایترنون‌ها یا بخشی از آن‌ها در کنار یک ژن می‌تواند باعث تغییر در سطح بیان ژن شود(۲۶، ۲۷، ۱۳). لذا با توجه به اهمیت افزایش بیان پروتئین‌های نوترکیب در سیستم‌های بیانی پستانداران، می‌توان از ایترنون‌ها به عنوان عامل تنظیمی که می‌تواند افزاینده بیان ژن باشند، جهت کارآمد کردن سازه‌های بیانی استفاده نمود(۲). بررسی تاثیرات این ایترنون در بیان ژن‌های دهیدرو‌فولات رودکتاز Dihydrofolate Reductase (DTR) و نیز ژن بتاگلوبین انسانی با الگوی مشابه گزارش شده است(۲۸، ۲۰). تحقیقات نشان می‌دهد که بیان بتاگلوبین در عدم حضور ایترنون ۱ این ژن متوقف می‌شود، در حالی که حضور این ایترنون باعث بیان آن می‌شود(۱۴). در پژوهش حاضر با هدف بررسی تاثیر توالی

که این امر تاثیر مثبت حضور HIFB در افزایش بیان فاکتور ۹ را آشکار نمود. زمان انعقاد و فعالیت انعقادی محیط کشت به دست آمده از هر واکنش ترانسفکشن سازه‌های نوترکیب در مقایسه با هم و کترل‌ها در جدول ۲ و شکل ۵ ارایه شده است.

جدول ۲: زمان و فعالیت متوسط انعقادی فاکتور ۹ انسانی در محیط کشت سلول‌های نوترکیب و کترل‌ها در روزهای دوم و سوم پس از ترانسفکشن، محیط کشت سلول‌های ترانسفکت نشده با N نشان داده شده است.

زمان (ساعت)	عامل ترانسفکشن	نمونه‌ها	متوسط زمان انعقاد (ثانیه)	متوسط فعالیت انعقادی (%)
	N		۹۲	۱۰
۴۸	فیوجین ۶	pcDNA3(NC)	۹۱/۶۶	۱۰
		pcDNA3-hFIX	۷۴/۶۶	۲۵
		pcDNA3-hFIX-I	۷۳/۳۳	۳۵
	N		۹۶	۸/۲۵
۷۲	فیوجین ۶	pcDNA3(NC)	۱۰۲/۶۶	۵/۷۵
		pcDNA3-hFIX	۷۷/۳۳	۲۲
		pcDNA3-hFIX-I	۷۶	۲۳
	N		۹۱/۵	۱۰
۷۲	- کلسیم	pcDNA3(NC)	۸۵	۱۵
		pcDNA3-hFIX	۶۵	۴۷
	فسفات	pcDNA3-hFIX-I	۶۱/۵	۶۸

مقایسه نسبت سلول‌های ترانسفکت شده با استفاده از روش‌های انتقالی کلسیم - فسفات و فیوژن ۶ زمان انعقاد محیط جمع‌آوری شده از سلول‌های ترانسفکت شده با روش کلسیم - فسفات در مقایسه با روش فیوژن - ۶ پس از ۷۲ ساعت، افزایش ۲۵ و ۴۵ درصدی فعالیت انعقادی را به ترتیب در رابطه با سلول‌های سازه‌های فاقد ایترنون و واحد ایترنون نشان می‌دهد. فعالیت انعقادی سلول‌های ترانسفکت شده با سازه فاقد cDNA فاکتور ۹(پلاسمید مادری) در روش کلسیم - فسفات تنها ۹٪ افزایش یافته است. لذا افزایش فعالیت انعقادی فاکتور ۹ در زمان به کارگیری کلسیم -

ژن بتاگلوبین، ۱ تا ۲۸ درصد نسبت به سازه فاقد ایترنون افزایش یافته است که خود میین افزایش بیان این ژن در حضور ایترنون ۱ ژن بتاگلوبین است و این نتیجه نیز مطابق با سایر گزارش‌ها است.

در این پژوهش از دو روش انتقالی جهت ترانسفسکشن سلول‌های CHO با سازه‌های نوترکیب استفاده شده است. هر چند در هر دو روش انتقالی، فعالیت انعقادی فاکتور ۹ به دست آمده از سلول‌های ترانسفسکت شده با سازه‌های نوترکیب نسبت به کنترل منفی‌ها و نیز فعالیت انعقادی محیط حاصل از سلول‌های ترانسفسکت شده با سازه واجد ایترنون نسبت به سازه فاقد ایترنون افزایش یافته است، ولی میزان فعالیت فاکتور ۹ در روش انتقالی با کلسیم - فسفات نسبت به روش انتقالی با روش فیوژن - ۶، افزایش قابل توجهی نشان داده است، به طوری که مقایسه فعالیت انعقادی پس از ۷۲ ساعت، افزایش ۲۵ تا ۴۵ درصدی فعالیت انعقادی، به ترتیب از محیط‌های جمع‌آوری شده از سلول‌های ترانسفسکت شده با سازه‌های فاقد ایترنون و واجد ایترنون را نشان داده است.

فعالیت انعقادی سلول‌های ترانسفسکت شده با سازه فاقد cDNA فاکتور ۹ (پلاسمید مادری) در روش کلسیم فسفات در همین زمان پس از ترانسفسکشن تنها ۹ درصد افزایش یافته است. لذا افزایش فعالیت فاکتور ۹ صرفه نظر از تاثیرگذاری احتمالی حضور کلسیم در محیط، می‌تواند بازخوردی از بالا بودن نسبت سلول‌های ترانسفسکت شده به روش کلسیم - فسفات باشد. این در حالی است که بسیاری از گزارش‌ها نسبت انتقالی سازه‌های نوترکیب به روش کلسیم - فسفات را پایین‌تر از روش انتقالی فیوژن - ۶ گزارش نموده‌اند، البته این گزارش‌ها در مورد سلول‌های متفاوت از رده سلولی CHO است (۲۹).

نتایج حاصل از این آزمایش‌ها نشان‌گر نقش افزاینده ایترنون ۱ ژن بتاگلوبین بر بیان ژن فاکتور ۹ است. این موضوع می‌تواند بازخوردی از تشکیل مجموعه پروتئینی EJC با برهمکنش قوی باشد که خروج mRNA بالغ از هسته را تسهیل نموده و به دنبال آن در پایداری محصول رونویسی موجود در سیتوپلاسم نیز تاثیرگذار است (۱۹، ۱۸). از سویی دیگر تراکم انبوهی از توالی‌های اتصال به

ایترنون ۱ ژن بتاگلوبین انسانی بر بیان فاکتور ۹ انسانی در سلول‌های CHO، ایترنون ۱ ژن بتاگلوبین در جایگاه معادل خود در cDNA ژن فاکتور ۹ قرار داده شد و بیان فاکتور ۹ انسانی توسط مینی ژن ساخته شده در مقایسه با cDNA طبیعی فاکتور ۹ تحت کنترل پرومотор CMV مورد مطالعه قرار گرفت.

فعالیت فاکتور ۹ در محیط کشت سلول‌های ترانسفسکت شده با سازه‌های نوترکیب، نشان‌دهنده بیان ژن فاکتور ۹ و هم چنین ترجیح این فاکتور توسط سلول‌های نوترکیب در حضور و عدم حضور ایترنون است. نتایج به دست آمده از فعالیت انعقادی محیط‌های کشت سلول‌ها میین افزایش فعالیت انعقادی فاکتور ۹ بین ۱۶ تا ۶۲ درصد توسط سلول‌های ترانسفسکت شده با سازه‌های نوترکیب نسبت به سلول‌های کنترل منفی (N و NC) می‌باشد. این افزایش فعالیت انعقادی در زمان به کارگیری روش کلسیم فسفات، بیشتر نمایان می‌گردد که منعکس کننده کارآمدی نسبی این روش در طرح حاضر است.

از سوی دیگر فعالیت فاکتور ۹ مترشحه از سلول‌های ترانسفسکت شده با سازه نوترکیب واجد ایترنون، صحت فرآیند اسپلایسینگ ایترنون ۱ ژن بتاگلوبین در ژنی هترولوگ را تایید می‌کند. فرآیند اسپلایسینگ صحیح این ایترنون، در ژن دهیدرو فولات رودکتاز (Dihydrofolate Reductase) به عنوان ژنی هترولوگ نیز تایید شده است (۲۸). در آن تحقیقات، ایترنون ۱ ژن بتاگلوبین و برخی دیگر از ایترنون‌ها با شماره‌های متفاوت جایگزین ایترنون ۱ ژن دهیدروفولات رودکتاز شده و ردیف 44 از رده سلولی CHO مورد آزمون ترانسفسکشن قرار گرفته است (۲۸). مقایسه سطح پروتئین بیان شده سازه‌های نوترکیب هترولوگ نسبت به کنترل، افزایش بالایی از بیان پروتئین دهیدروفولات رودکتاز را نشان داده است. هم چنین مقایسه میزان بیان ژن دهیدروفولات رودکتاز در سازه‌های هترولوگ نوترکیب نسبت به یکدیگر نشان می‌دهد که در حضور ایترنون ۱ ژن بتاگلوبین، سطح بیان ۳۵ برابر افزایش یافته، در حالی که حضور سایر ایترنون‌ها ۲ برابر سطح بیان ژن را تغییر می‌دهد (۲۸). نتایج حاصل از تحقیقات حاضر نیز نشان می‌دهد که فعالیت فاکتور ۹ در حضور ایترنون ۱

مناسب جهت افزایش بیان سایر ژن‌های انسانی مورد بررسی قرار گیرد.

تشکر و قدردانی

نویسنده‌گان این مقاله از آقای دکتر ناصر امیری‌زاده جهت در اختیار گذاشتن پلاسمای طبیعی انسان و خانم فریبا عطایی برای فراهم سازی امکانات صمیمانه قدردانی می‌نمایند.

فاکتورهای رونویسی در طول این ایتررون، می‌تواند به عنوان علت موثر واقع شدن آن در افزایش بیان ژن فاکتور ۹ مطرح باشد(۲۲، ۵).

نتیجه‌گیری

نتایج حاصل از تحقیقات ما توانایی ایتررون ۱ ژن بتاگلوبین انسانی در افزایش تولید و ترشح فاکتور ۹ فعال را تایید می‌کند. از طرف دیگر این نتایج نشان می‌دهد که ایتررون ۱ ژن بتاگلوبین انسانی می‌تواند به عنوان عنصری

References :

- 1- White SJ, Page SM, Margaritis P, Brownlee GG. Long-term expression of human clotting factor IX from retrovirally transduced primary human keratinocytes in vivo. *Hum Gene Ther* 1998; 9:1187-95.
- 2- Makrides SC. Components of vectors for gene transfer and expression in mammalian cells. *Protein Expr Purif* 1999; 17(2):183-202.
- 3- Fong YW, Zhou Q. Stimulatory effect of splicing factors on transcriptional elongation. *Nature* 2001; 414: 929-933.
- 4- Ismail SI, Kingsman SM, Kingsman AJ, Uden M. Split-Intron Retroviral Vectors: Enhanced Expression with Improved Safety. *J Virol* 2000; 74: 2365-2371.
- 5- Rohrer J, Conley EM. Transcriptional Regulatory Elements within the first intron of bruton's tyrosine kinase. *Blood* 1998; 91:214-221.
- 6- Lander E S. Initial sequencing and analysis of the human genome. *Nature* 2001; 409: 860-921.
- 7- Kidwell MG, Lisch DR. Perspective: transposable elements, parasitic DNA, and genome evolution. *Evolution Int J Org Evolution* 2001; 55:1-24.
- 8- Larizza A, Makalowski W, Pesole G, Saccone C. Evolutionary dynamics of mammalian mRNA untranslated regions by comparative analysis of orthologous human, artiodactyl and rodent gene pairs. *Comput Chem* 2002; 26:479-490.
- 9- Pesole G, Mignone F, Gissi C, Grillo G, Licciulli F, Liuni S. Structural and functional features of eukaryotic mRNA untranslated regions. *Gene* 2001; 276:73-81.
- 10- Spicher A, Guicherit OM, Duret L, Aslanian A, Sanjines EM, Denko NC, et al. Highly conserved RNA sequences that are sensors of environmental stress. *Mol Cell Biol* 1998; 18(12):7371-82.
- 11- Burglin TR, Barnes TM. Introns in Sequence Tags. *Nature* 1992; 357(6377):367-8.
- 12- Bergman J. The Functions of Introns : From Junk DNA to Designed DNA. *Perspectives on Science and Christian Faith* 2001; 53:170-178.
- 13- Furger A, O'Sullivan J M, Binnie A, Lee B A, Proudfoot Nick J. Promoter proximal splice sites enhance transcription. *Genes Dev* 2002 ; 16 (21): 2792- 9.
- 14- Brinster RL, Allen JM, Behringer RR, Gelinas RE, Palmiter RD. Introns increase transcriptional efficiency in transgenic mice. *Proc Natl Acad Sci U S A* 1988; 85:836-40.
- 15- Palmiter RD, Sandgren EP, Avarbock MR, Allen DD, Brinster RL. Heterologous introns can enhance expression of transgenes in mice. *Proc Natl Acad Sci U S A* 1991; 88(2):478-82.
- 16- Chamary JV, Hurst LD. Similar Rates but Different Modes of Sequence Evolution in Introns and at Exonic Silent Sites in Rodents: Evidence for Selectively Driven Codon Usage. *Mol Biol Evol* 2004; 21(6):1014-23.
- 17- Lu S, Cullen BR. Analysis of the stimulatory effect of splicing on mRNA production and utilization in mammalian cells. *RNA* 2003; 9(5):618-30.
- 18- Dostie J, Dreyfuss G. Translation Is Required to Remove Y14 from mRNAs in the Cytoplasm. *Current Biol* 2002; 12(13):1060-67.
- 19- Jonsson JJ, Foresman MD, Wilson N, McIvor RS. Intron requirement for expression of the human purine nucleoside phosphorylase gene. *Nucleic Acids Res* 1992; 20(12):3191-8.
- 20- Buchman AR, Berg P. Comparison of Intron-Dependent and Intron-Independent Gene Expression. *Mol Cell Biol* 1988; 8(10):4395- 405.
- 21- National Center for Biotechnology Information, Homo sapiens beta-globin (HBB) gene, Accession: L48217.
- 22- Haddad Mashadrizeh A, Zomorodipour A, Hosseini SJ, Sabooni F. In silico investigation and synchronous application of introns 1 and 2 of human beta-globin to increase the expression of human coagulation Factor IX. *Iranian Journal of biology* 2008; 22. [in press]
- 23- Hosseini S J, Zomorodipour AR, Jalal R, Sabooni F. Design and construction of an epidermal keratinocyte-specific expression vector and study of the expression of human factor IX as a model. *SJIBTO* 2006; 3(1):17-27.
- 24- Sambrook J, Russell DW. Molecular Cloning: A Laboratory Manual. 3th ed. Cold spring harbor laboratory press; 2001.
- 25- Altschul SF, Madden TL, Schäffer AA, Zhang J, Zhang Z, Miller W .Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs. *Nucleic Acids Res* 1997; 25:3389-402.
- 26- O'Gorman W, Thomas B, Kwek KY, Furger A, Akoulitchev A. Analysis of U1 small nuclear RNA interaction with Cyclin H. *J Biol Chem* 2005; 280(44): 36920-5.
- 27- Plantier JL, Rodriguez MH, Enjolras N, Attali O, Negrier C. A factor VIII minigene comprising the truncated intron I of factor IX highly improves the in vitro production of factor VIII. *Thromb Haemost* 2001; 86: 596-603.
- 28- NoeV, MacKenzie S, Ciudad CJ. An Intron Is Required for Dihydrofolate Reductase Protein Stability. *J Biol Chem* 2003; 278(40) : 38292-300.
- 29- Weiskirchen R, Kneifel J, Weiskirchen S, van de Leur E, Kunz D, Gressner AM. Comparative evaluation of gene delivery devices in primary cultures of rat hepatic stellate cells and rat myofibroblasts. *BMC Cell Biol* 2000; 1: 4.

The function of intron-1 of human beta globin gene on the expression of biologically active human factor IX in a mammalian cell line

Haddad Mashadrizeh A.A.^{1,2}(MS), Zomorodipour A.¹(PhD), Hosseini S.J.³(PhD), Sabouni. F.¹(PhD)

¹National Institute for Genetic Engineering & Biotechnology, Tehran, Iran

²Immunology, Asthma & Allergy Research Institute, Tehran, Iran

³Persian Gulf University, Boushehr, Iran

Abstract

Background and Objectives

Several studies have shown the positive effects of introns on the expression of heterologous genes in mammalian hosts. In this study, transient expression increment of hFIX in the presence of intron-1 of human beta-globin was studied.

Materials and Methods

The intron-1 of human beta-globin (hBG) was introduced into the human factor IX cDNA in donor/acceptor site between exons 1 and 2. The constructed hFIX mini-gene and a native hFIX were inserted separately in two expression vectors next to the CMV promoter. After verification, the two recombinant plasmids with and without intron were used to transfect Chinese Hamster Ovary (CHO) cells. The cultured media taken from the transfected cells were examined for coagulation activity with a single step clotting test performed on FIX-deficient plasma. Then, to confirm the expression of recombinant hFIX by transfected cells, RT-PCR test was conducted.

Results

The preliminary data obtained from the expression analysis of the two groups of transfected cells in comparison with the cells with parental plasmid (as negative control) indicate of an increase of about 16 to 62% in coagulation activity of both groups of transfected cells. The same data show an enhanced hFIX coagulation activity of about 1 to 28% in the culture media taken from the cells with intron-containing hFIX-cDNA. Furthermore, RT-PCR confirmed correct splicing process and expression of hFIX from both transfected cells.

Conclusions

The positive function of hBG intron 1 on the expression of hFIX in CHO cells was shown. Besides, the constructed plasmids have provided tools for analysis of the stability of the transfected cells for production of biologically active hFIX in a systematic approach.

Key words: Factor IX, beta- Globins, Introns, cho cells

SJIBTO 2009; 5(4): 209-223

Received: 25 Dec 2007

Accepted: 21 Feb 2009

Correspondence: Zomorodipur A.R., PhD of Molecular Genetics. National Institute for Genetic Engineering and Biotechnology.

P.O.Box: 14155-6343, Tehran, Iran. Tel: (+9821) 445880348; Fax : (+9821) 44580395
E-mail: zomorodi@nigeb.ac.ir