

Study on the role of *miR-124-3p* on the expression of neuronal and non-neuronal genes in the hair follicle stem cells

Mokabber H^{1,2}, Najafzadeh N^{3*}, Edalatmanesh MA^{1,2}, Mohammadzadeh-Vardin M³

1- Department of Biology, Faculty of Sciences, Fars Science and Research Branch, Islamic Azad University, Fars, I.R. Iran.

2- Department of Biology, Faculty of Sciences, Shiraz Branch, Islamic Azad University, Shiraz, I.R. Iran.

3- Research Laboratory for Embryology and Stem Cells, Department of Anatomical Sciences and Pathology, Faculty of Medicine, Ardabil University of Medical Sciences, Ardabil, I.R. Iran.

Received: 2019/12/8 | Accepted: 2020/07/8

Abstract:

Background: Hair follicle stem cells (HFSCs) can be differentiated into neurons and glial cells. Different miRNAs regulate the proliferation and differentiation of HFSCs. So, this study aimed to evaluate the exact role of *miR-124-3p* on the expression of non-neuronal genes (*CCND1* (*cyclinD1*), *Tlx* (*NR2E1*) and *RCOR2* (*CoREST*)) and neuronal genes (*DLK1*, *MAP2*, and *NeuN* (*Rbfox 3*)).

Material and Methods: This experimental study was performed on the stem cells isolated from the bulge region of mouse vibrissa hair follicles. The hair follicle stem cells differentiated into neuronal cells. Then, the cells transfected with *miR-124-3p* mimic and inhibitor. The mRNA levels of non-neuronal and neural genes were detected by real-time PCR (RT-PCR).

Results: The results showed that neural induction and *miR-124-3p* mimic transfection significantly increased mRNA expression levels of neuronal genes *MAP2*, *Rbfox3* and *DLK1*, but transfection with the *miR-124-3p* inhibitor increased mRNA level of non-neuronal genes *CCND1* (82.71) and *NR2E1* (962.07), respectively.

Conclusion: These results show that *miR-124-3p* may promote neuronal differentiation of HFSCs by inhibiting non-neuronal genes *CCND1* and *NR2E1*.

Keywords: Hair follicle stem cells, Neural differentiation, *miR-124-3p*, *CCND1*, *NR2E1*, *RCOR2*

*Corresponding Author:

Email: nowruz30@gmail.com

Tel: 0098 935 691 2462

Fax: 0098 453 353 4703

Conflict of Interests: *No*

Feyz, Journal of Kashan University of Medical Sciences, August, 2020; Vol. 24, No 3, Pages 332-341

Please cite this article as: Mokabber H, Najafzadeh N, Edalatmanesh MA, Mohammadzadeh-Vardin M: Study on the role of *miR-124-3p* on the expression of neuronal and non-neuronal genes in the hair follicle stem cells. *Feyz* 2020; 24(3): 332-41.

بررسی نقش *miR-124-3p* در بیان ژن‌های عصبی و غیرعصبی در سلول‌های بنیادی فولیکول مو

هاله مکیب^{۱،۲}، نوروز نجف‌زاده^{۳*}، محمدامین عدالت‌منش^{۱،۲}، محمد محمدزاده وردین^۳

خلاصه:

سابقه و هدف: سلول‌های بنیادی فولیکول مو، قابلیت تمایز به سلول‌های نوروئی و گلیال را دارند. میکروآرناهای مختلف، تکثیر و تمایز سلول‌های بنیادی فولیکول مو را تنظیم می‌کنند. بنابراین هدف از این مطالعه، بررسی نقش دقیق *miR-124-3p* بر روی بیان ژن‌های غیرعصبی (*CCND1 (cyclinD1)*، *NR2E1 (Tlx)*، *RCOR2 (CoREST)* و ژن‌های عصبی (*MAP2*، *DLK1* و *NeuN*) *Rbfox3* می‌باشد.

مواد و روش‌ها: مطالعه حاضر به صورت تجربی بر روی سلول‌های بنیادی جداشده از ناحیه بالچ فولیکول‌های موی لب فوقانی موش انجام شد. سلول‌های بنیادی فولیکول مو به سلول‌های نوروئی تمایز داده شدند. همچنین، بخشی از میکروآرناهای تقلیدکننده (Mimic) و مهارکننده (Inhibitor) مربوط به *miR-124-3p* به سلول‌های بنیادی فولیکول مو انتقال داده شدند. سطوح بیان ژن‌های غیرعصبی و عصبی توسط روش real-time PCR مورد ارزیابی قرار گرفت.

نتایج: نتایج به دست آمده نشان داد القای تمایز نوروئی و استفاده از میکروآرناهای تقلیدکننده *miR-124-3p* سطح بیان ژن‌های عصبی *MAP2*، *Rbfox3* و *DLK1* را به صورت معنی‌داری افزایش می‌دهد؛ ولی انتقال مهارکننده *miR-124-3p* به داخل سلول‌ها، باعث افزایش معنی‌دار ۸۲/۷۱ و ۹۶۲/۰۷ برابری در سطوح mRNA ژن‌های غیرعصبی *CCND1* و *NR2E1* گردید. نتیجه‌گیری: این یافته‌ها نشان می‌دهد که *miR-124-3p* با مهار ژن‌های غیرعصبی *CCND1* و *NR2E1* ممکن است منجر به افزایش تمایز عصبی سلول‌های بنیادی فولیکول مو شود.

واژگان کلیدی: سلول‌های بنیادی فولیکول مو، تمایز نوروئی، *miR-124-3p*، *CCND1*، *NR2E1*، *RCOR2*

دو ماه‌نامه علمی - پژوهشی فیض، دوره بیست و چهارم، شماره ۳، مرداد - شهریور ۱۳۹۹، صفحات ۳۳۲-۳۴۱

مقدمه

پوست حاوی جمعیت‌های مختلف سلول‌های بنیادی است که در لایه قاعده‌ای اپیدرم و ناحیه بالچ (Bulge) فولیکول مو قرار دارند [۲،۱]. سلول‌های بنیادی فولیکول مو برای نخستین بار در ناحیه بالچ فولیکول‌های مو شناخته شده‌اند [۳]. سلول‌های بنیادی فولیکول مو چند توان هستند و قابلیت تمایز یافتن به نوروئها، آستروسیت‌ها، الیگودندروسیت‌ها، سلول‌های شوآن، کندروسیت‌ها، عضله صاف، آدیپوسیت‌ها و استئوسیت‌ها را دارند. پتانسیل تمایز و تکثیر سلول‌های بنیادی فولیکول مو، تا حد زیادی وابسته به فاکتورهای رشد می‌باشد.

فاکتورهای رشد عصبی متعددی از قبیل نوروتروفین-۳، فاکتور رشد مشتق از سلول‌های گلیال و فاکتور رشد مشتق از مغز برای القای تمایز سلول‌های بنیادی فولیکول مو به سلول‌های عصبی مورد استفاده قرار می‌گیرند [۴]. میکروآرناها نوعی از RNAهای غیرکدکننده طبیعی کوچک حدود ۲۲-۲۰ نوکلئوتیدی و به عنوان تنظیم‌کننده بیان ژن در سطح پس از رونویسی هستند که با اتصال به ناحیه غیرقابل ترجمه 3'UTR مولکول‌های mRNA منجر به تجزیه mRNA یا مهار ترجمه آن می‌شوند [۵]. طبق تحقیقات، میکروآرناها هم در تنظیم روند تکثیر و تمایز سلول‌های بنیادی و هم در کنترل سرنوشت و رفتار سلول‌های بنیادی نقش بسیار مهمی دارند [۶]. میکروآرناها نقش بسزایی در روند تمایز عصبی سلول‌های بنیادی ایفا می‌کنند [۷]. میکروآرناهایی مانند *miR-125b* و *miR-205* به طور معمول بیان بالایی در سلول‌های بنیادی ناحیه بالچ فولیکول مو و در سلول‌های قاعده‌ای اپیدرم دارند و با مهار روند تمایز، منجر به افزایش میزان تکثیر سلول‌های بنیادی فولیکول مو می‌شوند [۹،۸]. با این حال، مکانیزم‌هایی که تمایز عصبی در سلول‌های بنیادی فولیکول مو را تحت تأثیر قرار می‌دهند، هنوز مشخص نیست. در طی تمایز عصبی، سطح بیان برخی میکروآرناها از جمله *miR-9*، *Let-7b*، *miR-124-3p* و *miR-137* افزایش می‌یابد و باعث مهار بیان

۱. گروه زیست‌شناسی، دانشکده علوم، واحد شیراز، دانشگاه آزاد اسلامی شیراز، ایران
۲. گروه زیست‌شناسی، دانشکده علوم، واحد علوم و تحقیقات فارس، دانشگاه آزاد اسلامی، فارس، ایران
۳. آزمایشگاه جنین‌شناسی و سلول‌های بنیادی، گروه علوم تشریحی و پاتولوژی، دانشگاه علوم پزشکی اردبیل، اردبیل، ایران

* نشانی نویسنده مسئول:

اردبیل، آزمایشگاه جنین‌شناسی و سلول‌های بنیادی، گروه علوم تشریحی و پاتولوژی، دانشگاه علوم پزشکی اردبیل، اردبیل، ایران

دوره‌نویس: ۰۴۵۳۳۵۳۴۷۰۳

تلفن: ۰۹۱۰۴۰۷۵۷۰۰

پست الکترونیکی: nowruz30@gmail.com

تاریخ پذیرش نهایی: ۱۳۹۹/۴/۱۸

تاریخ دریافت: ۱۳۹۸/۹/۱۷

10^{-9} مولار کلراتوکسین (Sigma, Aldrich; C8052)، ۰/۵ میلی‌گرم در میلی‌لیتر هیدروکورتیزون، ۵ میکروگرم در میلی‌لیتر انسولین، ۱ درصد اسیدآمینوهای غیرضروری و ۱ درصد پنی‌سیلین / استرپتومایسین در انکوباتور به مدت ۱۴ روز کشت داده شدند. پس از آن، سلول‌ها پاساژ داده شدند و سلول‌های پاساژ سوم به منظور تمایز عصبی مورد استفاده قرار گرفتند.

تمایز عصبی سلول‌های بنیادی فولیکول محدود ۶۰ هزار سلول بنیادی فولیکول مو درون های‌پلیت‌های کشت ۶ خانه‌ای کشت داده شدند. این سلول‌ها به مدت ۱۰ روز در معرض محیط کشت عصبی دارای DMEM/F12، ۵ درصد سرم گاوی، ۱ میکرومول رتینوئیک اسید تمام ترانس، ۱۰ نانوگرم بر میلی‌لیتر از فاکتور رشد مشتق از مغز (248-BD025, R&D)، ۱۰ نانوگرم بر میلی‌لیتر از فاکتور رشد فیبروبلاستی (bFGF) و ۲۰ نانوگرم بر میلی‌لیتر از فاکتور رشد اپیدرمی (EGF) قرار گرفتند. محیط سلول‌ها هر سه روز تعویض شد. سلول‌ها پس از گذشت ۱۰ روز، به منظور انجام real-Time PCR توسط محلول تریزول جمع‌آوری شدند [۱۲].

انتقال *miR-124-3p* به سلول‌های بنیادی فولیکول مو و گروه‌های تیمار

به منظور انجام روند انتقال ژن میکروآرناای مورد نظر، سلول‌ها در پلیت‌های کشت ۱۲ چاهکی کشت داده شدند. برای افزایش یا کاهش سطح بیان *miR-124-3p* از تقلیدکننده میکروآرنا (miR-124-3P, #MSY0000134; Qiagen, Valencia, California) و مهارکننده میکروآرنا (MIN0000134; Qiagen) استفاده شد و از محلول انتقال‌دهنده موسوم به HiPerFect (Qiagen) که جزو لیپید کاتیونی است، انتقال تقلیدکننده و مهارکننده میرنا طبق روش شرکت کیاژن انجام شد [۱۳]. در این روش که جزو روش‌های انتقال غیرویروسی است، سلول‌ها با محلولی انکوبه می‌شوند که باعث ورود قطعه اگزوزن مورد نظر به درون سلول می‌شود.

گروه‌های مورد مطالعه به شرح ذیل بودند:

(۱) کنترل

(۲) تمایز نورونی (محیط DMEM/F12 حاوی ۵ درصد سرم، ۱ میکرومولار رتینوئیک اسید تمام ترانس، ۱۰ میکروگرم بر میلی‌لیتر فاکتور رشد مشتق از مغز، ۱۰ نانوگرم بر میلی‌لیتر فاکتور رشد فیبروبلاستی و ۲۰ نانوگرم بر میلی‌لیتر فاکتور رشد اپیدرمال)

(۳) تقلیدکننده

(۴) مهارکننده

(۵) تقلیدکننده / تمایز نورونی

فاکتورهای رونویسی *ptbp1* و *Sox9* می‌شود [۵]. در مطالعات قبلی نشان داده شده که سطح بیان *miR-124-3p* و *Let-7b* در سلول‌های بنیادی فولیکول مو بعد از تمایز به سلول‌های نورونی افزایش می‌یابد؛ همچنین *miR-124-3p* با هدف‌گیری ژن‌های *Sox9* و *Ptbp1* در طی تمایز نورونی میزان بیان آن‌ها را کاهش می‌دهد. از طرف دیگر افزایش بیان *miR-124-3p* باعث افزایش بیان پروتئین‌های عصبی MAP2 و NeuN در سلول‌های بنیادی فولیکول مو می‌شود [۱۰]. بر این اساس، با توجه به این‌که تاکنون تأثیر *miR-124-3p* بر سطح بیان ژنی در سلول‌های بنیادی فولیکول مو بررسی نشده است، این مطالعه به منظور بررسی بیشتر نقش *miR-124-3p* در تنظیم بیان ژن‌های عصبی و غیرعصبی در سلول‌های بنیادی فولیکول مو طراحی شده است.

مواد و روش‌ها

مقاله حاضر، بخشی از نتایج پایان‌نامه دکترای تخصصی با کد ۱۶۳۳۰۵۱۷۹۴۱۰۱۵ است و این مطالعه تجربی روی ۳۰ موش سوری ماده انجام گرفت. موش‌های ماده (۳-۵ هفته، ۱۲ گرم) از مؤسسه رازی (تهران، ایران) خریداری شد. موش‌ها در یک دوره ۱۲ ساعت روشنایی / ۱۲ ساعت تاریکی با دسترسی آزاد به غذا و آب نگهداری شدند. تمام آزمایش‌ها مطابق دستورالعمل‌های کمیته اخلاقی تحقیقات حیوانی دانشگاه علوم پزشکی اردبیل انجام شد. نمونه‌های بافتی از ناحیه لب فوقانی موش‌ها برداشته شد و نواحی بالج فولیکول‌های موی آن‌ها جداسازی گردید.

جداسازی و کشت فولیکول‌های موی لب فوقانی موش

جهت جداسازی نواحی بالج فولیکول‌های موی موش از روش تعدیل‌شده Kobayashi استفاده شد [۱۱،۳]. پس از بیهوشی کامل موش و برداشتن لب فوقانی، نمونه‌ها در محیط کشت DMEM/F12 حاوی پنی‌سیلین، استرپتومایسین و آمفوتریپسین B قرار گرفتند و به آزمایشگاه انتقال داده شدند. در زیر میکروسکوپ پس از پاکسازی کامل رشته‌های فیبری و بافت همبند اطراف فولیکول مو، به آرامی فولیکول‌های مو جداسازی شدند. پس از شستشوی فولیکول‌های مو با بافر PBS، دو برش عرضی در بالا و پایین ناحیه برآمدگی حاوی سلول‌های بنیادی زده شد و کپسول اطراف ناحیه بالج فولیکول مو به صورت طولی بریده شد. قطعات کوچک نواحی بالج در فلاسک‌های کشت T25 پوشش داده‌شده با کلاژن در محیط DMEM/F12 حاوی ۱۰ درصد سرم گاوی و ۱۰ نانوگرم بر میلی‌لیتر از فاکتور رشد پایه فیبروبلاستی (R2625, Sigma-Aldrich)، ۲۰ نانوگرم بر میلی‌لیتر از فاکتور رشد اپیدرمی (E4127, Sigma-Aldrich)،

طویل شدند. سپس ۱۰ میکرولیتر از RNA پلی‌آدینله، ۱ میکرولیتر آنزیم ترانس کریپتاز معکوس، ۱۰ میکرومول پرایمر Bon-RT، ۱۰۰ میلی‌مول از dNTP mix و ۲ میکرولیتر از بافر 10xRT برای سنتز cDNA مورد استفاده قرار گرفت. ترکیبات مذکور طبق برنامه دمایی زیر در دستگاه ترموسایکلر گذاشته شد [۱۴،۱۰].

جدول شماره ۱- برنامه دمایی ترمال سایکلر جهت سنتز cDNA

تعداد سیکل	زمان	دما
۱	۵ دقیقه	۵۵ درجه سانتی‌گراد
۱	۱۰ دقیقه	۲۵ درجه سانتی‌گراد
۱	۶۰ دقیقه	۴۲ درجه سانتی‌گراد
۱	۱۰ دقیقه	۹۵ درجه سانتی‌گراد

جدول شماره ۲- سیکل دمایی واکنش PCR برای miRNA

تعداد سیکل	زمان	دما
۱	۱۲۰ ثانیه	۹۵ درجه سانتی‌گراد
۴۰	۵ ثانیه	۹۵ درجه سانتی‌گراد
۴۰	۳۰ ثانیه	۶۰ درجه سانتی‌گراد

واکنش real-time PCR در حجم کل ۲۰ میکرولیتر و مطابق با شرایط زیر انجام شد. توالی پرایمرهای مورد مطالعه در جدول شماره ۳ نشان داده شده است.

جدول شماره ۳- توالی‌های پرایمر برای ژن‌های مورد مطالعه

نام پرایمر	پرایمر فرورارد	پرایمر معکوس
<i>miR-124-3p</i> <i>MAP2</i>	UAA GGC ACG CGG UGA AUG CC CTGGACATCAGCCTCACTCA	GAG CAG GGT CCG AGG T AATAGGTGTGCCCTGACCTG
<i>Rbfox3</i>	CAACATCCCCTCCGGTTC	TGACCTCAATTTTCCGTCCC
<i>RCOR2</i>	CCAAGGGCATGTACCTGAGT	GGCTGCTATTGGTCTGCTTC
<i>DLK1</i>	AGCTGGCGGTCAATATCATC	AGCTCTAAGGAACCCCGGTA
<i>NR2E1</i>	ATGCCCCGTAGACAAGACAC	CGGAAGTAGAGAGCCACCTG
<i>CCND1</i>	GCGTACCCTGACACCAATCT	ATCTCCTTCTGCACGCACTT
<i>GAPDH</i>	TGAAGCAGGCATCTGAGGG	CGAAGGTGGAAGAGTGGGAG

اندازه‌گیری بیان ژن توسط real-time PCR

(Gdańsk, Poland) و دستگاه PCR مارک روشه Roche انجام شد.

تجزیه و تحلیل آماری داده‌ها

پروفایل (نمایه) بیان miRNA

RNA کل سلولی با استفاده از محلول ترايزول استخراج شد. به این صورت که بر روی نمونه‌های سلولی، مقدار یک میلی‌لیتر ترايزول ریخته شد و ۲۰۰ میکرولیتر کلروفرم به درون میکروتیوب افزوده شد و به مدت ۱۵ دقیقه در دمای ۴°C با دور ۱۲۰۰۰g سانتریفیوژ شدند. در این مرحله سه لایه مشاهده شد. پس از انتقال لایه بالایی حاوی RNA به میکروتیوب جدید، ایزوپروپانول سرد با نسبت یک‌به‌یک به آن افزوده شد و به مدت ۳۰ دقیقه در دمای ۲۰°C- انکوبه شدند. پس از اتمام انکوباسیون، میکروتیوب موردنظر به مدت ۳۰ دقیقه در دمای ۴°C با دور ۱۲۰۰۰g سانتریفیوژ شد که در این مرحله رسوب RNA قابل مشاهده است. محلول رویی پس از اتمام سانتریفیوژ تخلیه شد و جهت شستشوی رسوب RNA، ۵۰۰ میکرولیتر اتانول ۷۵ درصد به آن افزوده شد و به مدت ۵ دقیقه در دمای ۴°C و دور ۷۵۰۰g سانتریفیوژ شد. در نهایت پس از برداشتن مایع رویی و خشک کردن نسبی رسوب RNA با قرار دادن در مجاورت هوا در زیر هود به مدت ۵ الی ۱۰ دقیقه با در باز، مقدار ۳۵ میکرولیتر آب DEPC به محتویات درون میکروتیوب به منظور غیرفعال کردن DNase اضافه گردید. غلظت کل mRNA با استفاده از دستگاه نانودراپ تعیین شد. واکنش سنتز cDNA با استفاده از کیت سنتز یک مرحله‌ای (Cat# miRNA BON209001) (BON - miR) صورت گرفت. ابتدا میکروآرناها، طی واکنش پُلی‌آدنیلاسیون

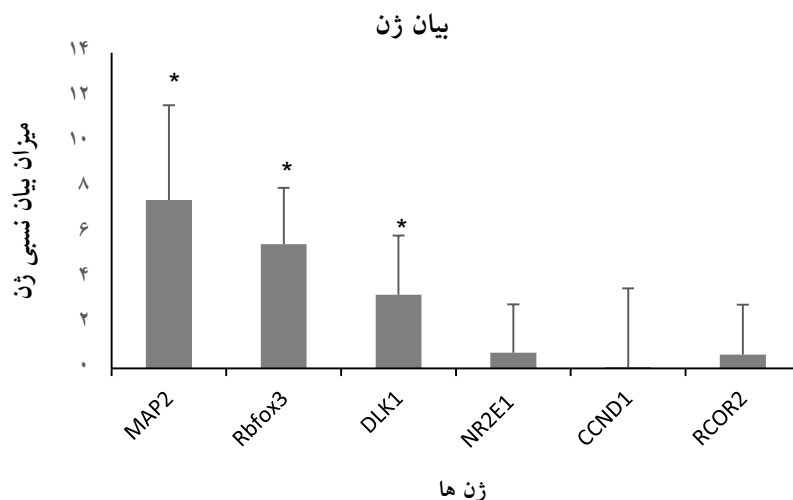
پس از استخراج RNA کل سلول‌ها توسط ترايزول، cDNA با استفاده از کیت PCR دو مرحله‌ای ویواتیس سنتز شد. توالی پرایمرها در جدول شماره ۳ نشان داده شده است. واکنش کمی PCR با استفاده از مستر میکس سبیر گرین (EURx, Ltd) صورت گرفت.

و همین‌طور ژن‌های هدف غیرعصبی سرکوب‌کننده تمایز نورونی شامل *CCND1* و *NR2E1*، *RCOR2* در سلول‌های بنیادی، ۱۰ روز پس از القای تمایز عصبی با روش real time-PCR مورد بررسی قرار گرفت. طبق آنالیز داده‌ها سطح mRNA ژن‌های عصبی *MAP2*، *Rbfox3* و *DLK1* به‌دنبال القای تمایز نورونی، افزایش بیان قابل توجه و معنی‌دار ۷/۴، ۵/۵ و ۳/۲۷ برابری در سلول‌های تمایز یافته در مقایسه با سلول‌های گروه کنترل نشان دادند؛ در حالی‌که میزان بیان mRNA ژن‌های غیرعصبی هدف، یعنی *CCND1*، *NR2E1* و *RCOR2* در سلول‌های بنیادی تیمار شده با محیط تمایز نورونی بسیار اندک و غیرمعنادار بود (شکل شماره ۱).

جهت بررسی آماری داده‌ها و محاسبه میزان بیان نسبی هر یک از ژن‌ها از روش مقایسه‌ای $2^{-\Delta\Delta Ct}$ [۱۵] و نرم‌افزار SPSS ویرایش ۲۳ استفاده شد. اختلاف معنی‌داری با استفاده از آزمون آماری T Student و روش آنالیز واریانس یک‌طرفه موسوم به ANOVA One-way تعیین شد و تمامی نتایج به‌صورت $(\bar{X} \pm SD)$ گزارش گردید. برای تمام محاسبات آماری انجام‌شده، مقادیر P کمتر از ۰/۰۵ به‌عنوان اختلاف معنی‌دار در نظر گرفته شد ($P < 0.05$).

نتایج

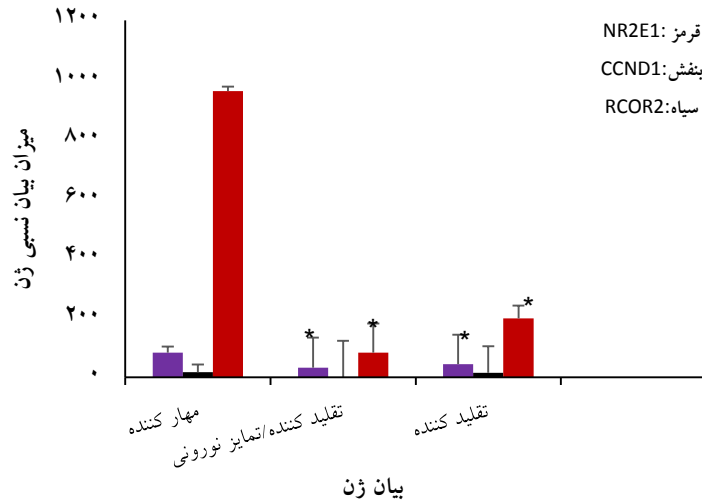
بررسی بیان ژن‌های هدف پس از القای تمایز عصبی در این مطالعه تغییرات سطح بیان ژن‌ها و تنظیم‌کننده تمایز عصبی هدف یعنی *MAP2*، *Rbfox3* یا *NeuN* و *DLK1*



شکل شماره ۱- سطح بیان ژن‌های هدف در سلول‌های بنیادی فولیکول مو بعد از القای تمایز عصبی: میزان بیان mRNA ژن‌های عصبی *MAP2*، *Rbfox3* و *DLK1* متعاقب القای تمایز عصبی افزایش یافت؛ ولی تغییر معنی‌داری در میزان بیان ژن‌های هدف غیرعصبی مشاهده نگردید. $P < 0.05$ * اختلاف معنی‌دار در مقایسه با گروه کنترل در نظر گرفته شده است.

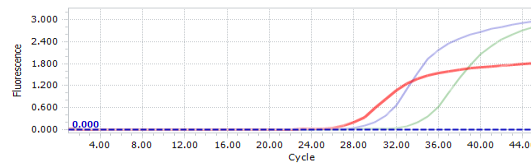
CCND1، *RCOR2* و *NR2E1* را مورد مطالعه قرار دادیم. نتایج حاصل از PCR نشانگر این بود که به‌دنبال انتقال تقلیدکننده *miR-124-3p* به سلول‌های بنیادی فولیکول موی تحت کشت، ژن‌های غیرعصبی به میزان بسیار اندکی بیان شدند؛ ولی انتقال مهارکننده *miR-124-3p* به درون همان سلول‌ها باعث افزایش معنی‌دار به ترتیب ۸۲/۷۲ و ۹۶۲/۰۷ برابری در سطوح mRNA ژن‌های *CCND1* و *NR2E1* گردید (شکل شماره ۲ و ۳).

نقش *miR-124-3p* در تنظیم بیان ژن‌های غیرعصبی *CCND1*، *RCOR2* و *NR2E1* در سلول‌های بنیادی فولیکول مو فرض در این مطالعه این بود که *miR-124-3p* می‌تواند میزان بیان ژن‌های غیرعصبی *CCND1*، *RCOR2* و *NR2E1* را در طی تمایز عصبی سلول‌های بنیادی فولیکول مو تحت تأثیر قرار دهد. بنابراین، متعاقب انتقال میکروآرنا *miR-124* و سپس القای تمایز عصبی در سلول‌های بنیادی فولیکول مو، بیان ژن‌های دخیل در تکثیر سلولی و سرکوب‌کننده رونویسی، ژن‌های غیرعصبی

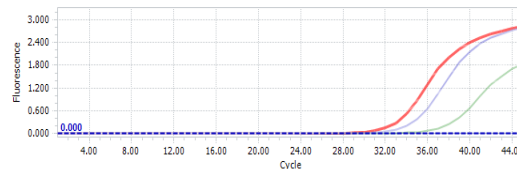


شکل شماره ۲- تأثیر *miR-124-3p* روی سطوح بیان ژن‌های غیرعصبی هدف در سلول‌های بنیادی فولیکول مو پس از انتقال تقلیدکننده و مهارکننده *miR-124-3p* ۷۲ ساعت پس از انتقال مهارکننده *miR-124-3p* سطوح بیان mRNA دو ژن *CCND1* و *NR2E1* در سلول‌های بنیادی فولیکول مو افزایش معناداری یافت؛ ولی انتقال تقلیدکننده *miR-124-3p* منجر به کاهش سطح بیان هر سه ژن هدف غیرعصبی شد. $P < 0.05$ * اختلاف معنی دار کاهش بیان ژن را در مقایسه با گروه مهارکننده نشان می‌دهد.

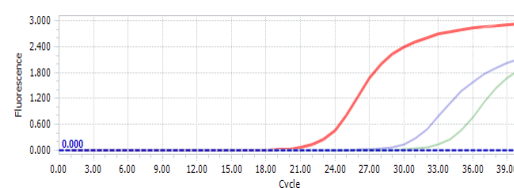
بیان ژن *CCND1*



بیان ژن *RCOR2*



بیان ژن *NR2E1*



■ مهارکننده ■ تقلیدکننده ■ تقلیدکننده/تماییز عصبی

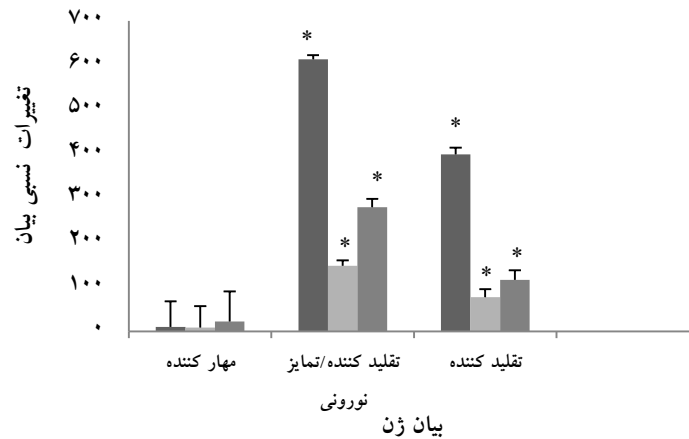
شکل شماره ۳- منحنی‌های تکثیر محصولات real-time PCR برای ژن‌های *CCND1*، *NR2E1* و *RCOR2* ۷۲ ساعت پس از انتقال تقلیدکننده و مهارکننده به سلول‌های بنیادی فولیکول مو

miR-124-3p باعث افزایش تمایز عصبی سلول‌های بنیادی فولیکول مو می‌شود. به منظور ارزیابی نقش *miR-124-3p* در تمایز عصبی سلول‌های بنیادی فولیکول مو، تأثیر افزایش یا کاهش سطح بیان *miR-124-3p* بر روی تمایز عصبی را بررسی نمودیم. در گروه‌های تقلیدکننده و مهارکننده تغییرات بیان ژن‌های عصبی و غیرعصبی آشکار بود. نتایج به دست آمده نشان داد در دو گروه تقلیدکننده و تقلیدکننده / تمایز عصبی، سطح بیان ژن‌های عصبی *MAP2* و

miR-124-3p باعث افزایش تمایز عصبی سلول‌های بنیادی فولیکول مو می‌شود. به منظور ارزیابی نقش *miR-124-3p* در تمایز عصبی سلول‌های بنیادی فولیکول مو، تأثیر افزایش یا کاهش سطح بیان *miR-124-3p* بر روی تمایز عصبی را بررسی نمودیم. در گروه‌های تقلیدکننده و مهارکننده تغییرات بیان ژن‌های عصبی و غیرعصبی آشکار بود. نتایج به دست آمده نشان داد در دو گروه تقلیدکننده و تقلیدکننده / تمایز عصبی، سطح بیان ژن‌های عصبی *MAP2* و

و ۶۱۳/۱۰۹ افزایش یافت. همچنین میزان بیان ژن *Rbfox3* هم در دو گروه تقلیدکننده و تقلیدکننده / تمایز عصبی به ترتیب ۱۷/۷۷ و ۱۴۸/۰۵ افزایش یافت، ولی در گروه مهارکننده هر سه ژن عصبی به میزان بسیار اندک و غیرمعنی داری بیان شدند (شکل شماره ۴).

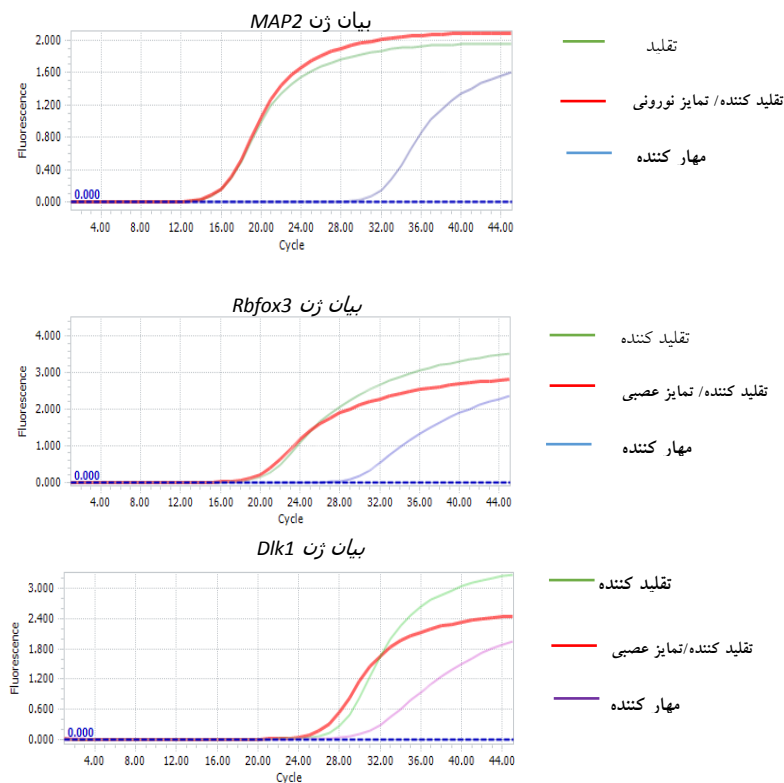
DLK1 و *Rbfox3* به طور معنی داری افزایش یافت، به طوری که میزان بیان ژن *DLK1* در گروه تقلیدکننده / تمایز عصبی به ترتیب ۱۱۶/۱۶ و ۲۸۰/۱۳۹ شد و میزان بیان *MAP2* در گروه های تقلیدکننده و تقلیدکننده / تمایز عصبی به ترتیب به میزان ۳۹۸/۹۳



شکل شماره ۴- تأثیر *miR-124-3p* بر سطوح بیان ژن های عصبی در سلول های بنیادی فولیکول مو پس از انتقال تقلیدکننده و مهارکننده *miR-124-3p*: ۷۲ ساعت پس از انتقال تقلیدکننده *miR-124-3p* سطوح بیان mRNA ژن های *Rbfox3*، *MAP2* و *DLK1* در سلول های بنیادی فولیکول مو افزایش معنی داری یافت، ولی بعد از انتقال مهارکننده *miR-124-3p* باعث کاهش غیرمعنی دار سطح بیان هر سه ژن هدف عصبی شد. $P < 0.05$ * اختلاف معنی دار بیان ژن در مقایسه با گروه کنترل در نظر گرفته شده است.

و مهارکننده *miR-124-3p* به درون سلول های بنیادی فولیکول مو در شرایط آزمایشگاهی بودند (شکل شماره ۵).

منحنی های تکثیر محصولات *real-time PCR* هم نشانگر افزایش میزان بیان ژن های تمایز نورونی متعاقب انتقال ژن های تقلیدکننده



شکل شماره ۵- منحنی های تکثیر ژن های *MAP2* (الف)، *Rbfox3* (ب) و *DLK1* (ج) بعد از انتقال تقلیدکننده و مهارکننده *miR-124-3p-3p*

غیرفعال‌سازی این مسیر سیگنالینگ باعث افزایش روند تمایز نورونی سلول‌های بنیادی عصبی می‌شود [۲۱]. همسو با این مطالعات، نتایج ما نیز حاکی از افزایش بیان ژن *DLK1*، متعاقب القای تمایز نورونی و انتقال تقلیدکننده *miR-124-3p* به سلول‌های بنیادی فولیکول مو بود. مطالعات زیادی نشان داده‌اند که *miR-124-3p* نقش بسیار مهمی در تمایز عصبی سلول‌های بنیادی دارد. از جمله در مطالعه‌ای Makeyev و همکاران نشان دادند که *miR-124-3p* با کاهش بیان پروتئین PTBP1 باعث تمایز سلول‌ها به نورون‌های بالغ می‌شود [۲۲]. در همین راستا در مطالعه دیگری Jiang و همکاران نشان دادند که *miR-124-3p* با افزایش بیان β III-tubulin باعث افزایش تمایز نورونی و رشد زواید نورونی در سلول‌های بنیادی گوش داخلی می‌شود [۲۳]. در این مطالعه، استفاده از مهارکننده *miR-124-3p* در سلول‌های بنیادی فولیکول مو منجر به کاهش بیان ژن‌های نورونی و عصبی و در مقابل باعث افزایش بیان ژن‌های غیرعصبی *CCND1* و *NR2E1* در این سلول‌ها گردید. ژن‌های غیرعصبی *CCND1* به‌عنوان تنظیم‌کننده سیکل سلولی و *NR2E1* به‌عنوان تنظیم‌کننده تکثیر سلول و مهار تمایز سلول‌های بنیادی نورونی می‌باشند. مشابه مطالعه ما، Jiao و همکارانش نشان داده‌اند که *miR-124-3p* باعث سرکوب بیان ژن‌های *CCND1* در سلول‌های بنیادی عصبی می‌شود و افزایش بیان *miR-124-3p* باعث افزایش بیان β III-tubulin و کاهش بیان GFAP در سلول‌های بنیادی عصبی می‌گردد [۲۴]. همچنین، موندانی‌زاده و همکارانش گزارش داده‌اند که سطح بیان *miR-124-3p* در طی نورون‌زایی (نوروژنیزس) سلول‌های بنیادی مزانشیمی مشتق از چربی با هدف قرار دادن *Sp1* mRNA افزایش می‌یابد [۲۵]. در مطالعه دیگری توسط Zhao در سال ۲۰۱۰ نشان داده شد که *let-7b* با اتصال به ناحیه 3' UTR در mRNA *TLX* و *cyclinD1* باعث سرکوب بیان این دو ژن می‌شود و به‌عنوان تنظیم‌کننده بالادستی بسیار مهم تکثیر و تمایز سلول‌های بنیادی ایفای نقش می‌کند. علاوه بر *let-7b*، *miR-9* نیز به‌واسطه تشکیل لوپ فیدبکی تنظیمی با *TLX*، هدف‌گیری و سرکوب بیان آن در نهایت باعث تنظیم روند تکثیر و تمایز سلول‌های بنیادی نورونی می‌شود [۲۶]. همسو با مطالعات مشابه انجام‌شده، نتایج مطالعه ما نیز نشان داد ژن‌های غیرعصبی *CCND1* و *NR2E1* به‌عنوان ژن‌های هدف غیرمستقیم *miR-124-3p* در روند تمایز نورونی سلول‌های بنیادی فولیکول مو می‌باشد و سرکوب آن‌ها منجر به پیشرفت نورون‌زایی می‌گردد. از طرف دیگر طبق مطالعه Saez و همکاران در سال ۲۰۱۵ در طی نورون‌زایی، کمپلکس عصبی REST و یکی از کورسپتورهای

در مطالعه حاضر نشان دادیم که میکروآرناهای عصبی *miR-124-3p* باعث افزایش تمایز عصبی سلول‌های بنیادی فولیکول مو در شرایط آزمایشگاهی می‌شوند. طبق مطالعات داستان و همکارانش سلول‌های بنیادی فولیکول مو مشابه سلول‌های بنیادی جنینی هستند و پتانسیل تکثیری و تمایزی بالایی در شرایط آزمایشگاهی دارند [۱۶]. El-Seady و همکارانش در سال ۲۰۰۸ نشان دادند سلول‌های بنیادی فولیکول مو قادر به تولید جمعیت زیادی از دودمان‌های گلیال و نورونی متعاقب انکوباسیون با فاکتورهای رشد اگزوزن هستند [۱۷]. در این مطالعه، آنالیز نتایج real-time PCR نشانگر افزایش سطح بیان ژن‌های عصبی *DLK1*، *Rbfox3* و *MAP2* در سلول‌های بنیادی فولیکول موی تحت کشت با محیط تمایز عصبی متشکل از فاکتورهای رشد اگزوزن بود که با مطالعات قبلی همسو بود. سلطانی و همکارانش در مطالعه‌ای نشان دادند که *MAP2* در فرآیندهای مهم مرتبط با بلوغ نورون‌ها اعم از گسترش و انشعاب نوریت‌ها و همچنین برای متوقف کردن تقسیم سلولی از اهمیت بالایی برخوردار است [۱۸، ۱۹]؛ از طرف دیگر Mullen و همکاران در سال ۱۹۹۲ اظهار کردند که پروتئین NeuN یا *Rbfox3* هم در هسته و سیتوپلاسم اغلب نورون‌های سیستم عصبی مرکزی پستانداران یافت می‌شود و به‌عنوان مارکر نورونی در مطالعات مربوط به تمایز نورونی مورد استفاده قرار می‌گیرد [۱۹]. بنابراین در تحقیق حاضر همان‌طور که انتظار می‌رفت در راستای مطالعات پیشین، ژن‌های *MAP2* و *Rbfox3* متعاقب تمایز نورونی و سپس انتقال ژن *miR-124-3p* به درون سلول‌های بنیادی فولیکول مو، سطح بیان بالاتری را نشان دادند. ما در مطالعه قبلی تأثیر انتقال ژن *miR-124-3p* را به سلول‌های بنیادی فولیکول مو در سطح بیان پروتئین‌های نورونی *MAP2* و NeuN بررسی کرده بودیم؛ اما در این مطالعه نشان دادیم که این میکروآرناها در سطح بیان ژن هم می‌توانند تمایز نورونی را تحت تأثیر قرار دهند. یکی دیگر از نتایج این مطالعه، افزایش میزان بیان ژن عصبی *DLK1* بعد از تمایز نورونی و انتقال ژن *miR-124-3p* به سلول‌های تحت کشت بود. در همین زمینه، مطالعه Surmucz و همکاران در سال ۲۰۱۲ حاکی از آن بود که *DLK1* باعث افزایش تمایز عصبی در سلول‌های پیش‌ساز عصبی می‌شود؛ همچنین این ژن با مهار *Hes1*، *Jagged* و *Delta1* در مسیر سیگنالینگ Notch، باعث سرکوب تکثیر سلولی هم می‌شود [۲۰]. مطالعه دیگری نیز که توسط Hitoshi و همکارانش انجام شد، بیانگر نقش تنظیمی بسیار مهم مسیر سیگنالینگ Notch در تکثیر و حفظ جمعیت سلول‌های بنیادی عصبی بود. در حالی که

[20] Surmacz B, Noisa P, Risner-Janiczek JR, Hui K, Ungless M, Cui W, et al. DLK1 promotes neurogenesis of human and mouse pluripotent stem cell-derived neural progenitors via modulating Notch and BMP signalling. *Stem Cell Rev Rep* 2012; 8(2): 459-71.

[21] Hitoshi S, Alexson T, Tropepe V, Donoviel D, Elia AJ, Nye JS, et al. Notch pathway molecules are essential for the maintenance, but not the generation, of mammalian neural stem cells. *Genes Dev* 2002; 16(7): 846-58.

[22] Makeyev EV, Zhang J, Carrasco MA, Maniatis T. The MicroRNA miR-124-3p promotes neuronal differentiation by triggering brain-specific alternative pre-mRNA splicing. *Mol Cell* 2007; 27(3): 435-48.

[23] Jiang D, Du J, Zhang X, Zhou W, Zong L, Dong C, et al. miR-124-3p promotes the neuronal differentiation of mouse inner ear neural stem cells. *Int J Mol Med* 2016; 38(5): 1367-76.

[24] Jiao S, Liu Y, Yao Y, Teng J. miR-124-3p promotes proliferation and differentiation of neuronal stem cells through inactivating Notch pathway. *Cell Bioscience* 2017;7(1):68.

[25] Mondanizadeh M, Arefian E, Mosayebi G, Saidijam M, Khansarinejad B, Hashemi SM. MicroRNA-124 regulates neuronal differentiation of mesenchymal stem cells by targeting Sp1 mRNA. *J Cell Biochem* 2015; 116(6): 943-53.

[26] Zhao C, Sun G, Li S, Lang M-F, Yang S, Li W, et al. MicroRNA let-7b regulates neural stem cell proliferation and differentiation by targeting nuclear receptor TLX signaling. *PNAS* 2010; 107(5): 1876-81.

[27] Saez JE, Gomez AV, Barrios AP, Parada GE, Galdames L, Gonzalez M, et al. Decreased Expression of CoREST1 and CoREST2 Together with LSD1 and HDAC1/2 during Neuronal Differentiation. *PLoS One* 2015; 10(6): e0131760.