ORIGINAL ARTICLE

Changes in Expression of miR-1297 and PTEN Tumor Suppressor Gene in T-cell Acute Lymphoblastic Leukemia

Malihe Bagheri[1],
Ghasem Mosayebi[2],
Mahdieh Mondanizadeh[3]

[1] MSc in Biotechnology, Faculty of Medicine, Arak University of Medical Sciences, Arak, Iran
[2] Professor, Department of Microbiology and Immunology, Faculty of Medicine, Arak University of Medical Sciences, Arak, Iran
[3] Assistant Professor, Department of Biotechnology and Molecular Medicine, Faculty of Medicine, Arak University of Medical Sciences, Arak, Iran

(Received June 7, 2020 ; Accepted November 1, 2020)

Abstract

Background and purpose: T-cell acute lymphoblastic leukemia (T-ALL) is a type of blood malignancy caused by changes in the precursors of T lymphocyte cells. The PTEN gene is one of the most common tumor suppressor genes that mutates in most human cancers, including T-ALL. Therefore, it is important to identify miRNAs that target the PTEN gene in T-ALL. For this purpose, in the present study, miRNAs targeting PTEN gene in T-ALL patients were examined.

Materials and methods: The miRNAs targeting PTEN was predicted and selected using bioinformatics. A total of 40 plasma samples were collected from T-ALL patients and healthy individuals. After RNA extraction and synthesis of cDNA, the expression levels of predicted miRNA and PTEN were assessed by Real time PCR in REST 2009. Statistical analysis was performed in SPSS V16 and $P<0.05$ were considered significant.

Results: Bioinformatics showed that miR-1297 target the PTEN gene. Compared to healthy individuals, in T-ALL patients, the expression levels of miR-1297 and PTEN gene in the plasma significantly increased (45.93, P= 0.001) and decreased (0.191, P= 0.001), respectively.

Conclusion: The present study showed that miR-1297 is likely to target the PTEN gene. Therefore, miR-1297 could serve as a new and non-invasive biomarker in diagnosis and treatment of T-ALL.

Keywords: T-ALL, PTEN, miRNA, biomarker

J Mazandaran Univ Med Sci 2021; 30 (192): 24-34 (Persian).

* **Corresponding Author: Mahdieh Mondanizadeh-** Faculty of Medicine, Arak University of Medical Sciences, Arak, Iran (E-mail: M_mondanizadeh@yahoo.com)

[Downloaded from jmums.mazums.ac.ir on 2026-11-07]

پژوهشی

مجله دانشگاه علوم پزشکی مازندران
دوره سی ام شماره 192 دی سال 1399 (34-24)

بررسی تغییرات بیان miR-1297 و ژن سرکوبگر تومور PTEN در لوسمی لنفوبلاستیک حاد سلول T

ملیحه باقری[1]
قاسم مسیبی[2]
مهدیه موندنی زاده[3]

چکیده

سابقه و هدف: لوسمی لنفوبلاستیک حاد سلول T (T-ALL) نوعی بدخیمی خونی است که در اثر بروز تغییرات در پیش‌سازهای سلول‌های لنفوسیت T ایجاد می‌گردد. ژن PTEN یکی از شایع‌ترین ژن‌های سرکوبگر تومور است که در اکثر سرطان‌های انسانی از جمله T-ALL دچار جهش می‌شود. از این رو شناسایی miRNA هایی که ژن PTEN را در T-ALL هدف‌گیری می‌کنند، بسیار حائز اهمیت است. بدین منظور، در مطالعه حاضر، miRNA های هدف گیرنده ژن PTEN در بیماران T-ALL مورد بررسی قرار گرفت.

مواد و روش‌ها: miRNA های هدف گیرنده ژن PTEN با استفاده از پایگاه‌های بیوانفورماتیکی پیشگویی و انتخاب گردید. در مجموع 40 نمونه پلاسما از بیماران T-ALL و افراد سالم جمع‌آوری گردید. پس از استخراج RNA و ساخت cDNA، میزان بیان miRNA پیشگویی شده و ژن PTEN به‌وسیله Real time PCR در REST 2009 ارزیابی گردید. آنالیزهای آماری با نرم‌افزار SPSS نسخه 16 انجام و مقادیر P< 0/05 معنی‌دار در نظرگرفته شد.

یافته‌ها: نتایج بیوانفورماتیک نشان داد که miR-1297 ژن PTEN را هدف‌گیری می‌کند. میزان بیان miR-1297 و ژن PTEN در پلاسمای بیماران T-ALL نسبت به افراد سالم به ترتیب به‌طور قابل توجهی افزایش (45/93، P=0/001) و کاهش (0/191، P=0/001) داشت.

استنتاج: نتایج مطالعه حاضر نشان داد که miR-1297 احتمالا ژن PTEN را هدف‌گیری می‌کند. بنابراین، مطالعه حاضر پیشنهاد می‌کند که miR-1297 می‌تواند احتمالا به عنوان یک بیومارکر جدید و غیرتهاجمی در تشخیص و درمان T-ALL به کار برده شود.

واژه های کلیدی: لوسمی لنفوبلاستیک حاد سلول T، PTEN، miRNA، بیومارکر

مقدمه

لوسمی لنفوبلاستیک حاد سلول T (T-ALL) نوعی بدخیمی خونی است که سلول‌های لنفوسیت T را تحت تاثیر قرار می‌دهد و روندی حاد دارد(1). این لوسمی 15 و 25 درصد از کل موارد لوسمی لنفوبلاستیک حاد (ALL) را به ترتیب در کودکان و بزرگسالان تشکیل می‌دهد و شایع‌ترین لوسمی در کودکان محسوب می‌شود(2).

T-ALL از نظر بالینی با شمارش بالای گلبول‌های سفید خون، افزایش تعداد سلول‌های بلاست و لنفادنوپاتی

مولف مسئول: مهدیه موندنی زاده - اراک: دانشگاه علوم پزشکی اراک، دانشکده پزشکی E-mail: M_mondanizadeh@yahoo.com
1. کارشناسی ارشد بیوتکنولوژی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی اراک، اراک، ایران
2. استاد، گروه میکروب‌شناسی و ایمنی شناسی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی اراک، اراک، ایران
3. استادیار، گروه زیست فناوری پزشکی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی اراک، اراک، ایران
تاریخ دریافت : 1399/3/18 تاریخ ارجاع جهت اصلاحات : 1399/4/1 تاریخ تصویب : 1399/8/11

[Downloaded from jmums.mazums.ac.ir on 2026-11-07]

قابل تشخیص است(3). اگر چه این لوسمی بیش‌تر در تیموس ایجاد می‌گردد، اما قابلیت انتشار به سراسر بدن از جمله سیستم عصبی مرکزی را نیز دارا می‌باشد(4). T-ALL یک اختلال هتروژن است که در پیدایش آن فاکتورهای متعددی از جمله فاکتورهای ژنتیکی و محیطی نقش دارند(5،6). از نظر ژنتیکی، این لوسمی در اثر ایجاد جهش‌های متعدد و تغییر در بیان فاکتورهای رونویسی در طی تکامل سلول‌های لنفوسیت T به وجود می‌آید و سبب عدم تنظیم تکامل سلول‌های لنفوسیت T و به دنبال آن تمایز و تکثیر کنترل نشده این سلول‌ها می‌گردد(1). این روند می‌تواند منجر به فعال شدن نابجای چندین مسیر پیام‌رسانی گردد(7). از این رو شناسایی و ارزیابی مولکول‌های دخیل در این مسیرها که بیان آن‌ها نسبت به حالت نرمال دستخوش تغییر شده‌اند، می‌تواند امکان ایجاد روش‌های جدید و موثر را برای تشخیص و درمان این لوسمی فراهم نماید. یکی از این مولکول‌ها، فسفاتاز و تنسین همولوگ (PTEN) در مسیر پیام‌رسانی PI3K/AKT است(8). ژن PTEN که با نام‌های MMAC1 و TEP1 نیز شناخته می‌شود، یکی از شایع‌ترین ژن‌های سرکوبگر تومور است که بر روی بازوی بزرگ کروموزوم شماره 10 (10q23) قرار گرفته است(9). پروتئین PTEN یک اینوزیتول لیپید فسفاتاز است که سبب دفسفریله شدن فسفاتیدیل اینوزیتول ۵،۴،۳ تری‌فسفات (PIP3) به فسفاتیدیل اینوزیتول ۵،۴ دی‌فسفات (PIP2) می‌شود. دفسفریله شدن PIP3 سبب غیرفعال شدن پروتئین کیناز B یا AKT و در نتیجه مهار مسیر پیام رسان PI3K/AKT می‌گردد. به عبارت دیگر، PTEN از طریق دفسفریله کردن PIP3 به عنوان تنظیم کننده منفی مسیر PI3K/AKT عمل می‌نماید(10). این مسیر پیام‌رسان نقش مهمی را درکنترل فرایندهای متعددی از جمله رشد، تکثیر، بقا و تحرک سلولی، متابولیسم، آنژیوژنز و آپوپتوز ایفا می‌کند و فعال‌سازی نابجای آن در T-ALL گزارش شده است(11-13). مطالعات متعددی حاکی از غیرفعال شدن ژن PTEN در اثر ایجاد جهش یا حذف کروموزومی در رده‌های سلولی T-ALL انسانی و نمونه‌های اولیه از بیماران مبتلا به این لوسمی می‌باشد(14،15). علاوه بر این، ژن PTEN در اکثر سرطان‌های انسانی از جمله گلیوبلاستوما، ملانوما، اندومتریال، پروستات، سینه، کولورکتال و تیروئید از طریق ایجاد جهش‌های سوماتیک، خاموش شدن ژن، تغییرات اپی‌ژنتیکی و همچنین مدیفیکاسیون‌های پس از ترجمه شامل فسفریلاسیون، اکسیداسیون، استیلاسیون و یوبی کوئیناسیون غیرفعال می‌گردد(16-18). در کنار نقش ژن سرکوبگر تومور PTEN، مطالعات اخیر نشان داده‌اند که میکرو RNA ها (miRNAs) به عنوان RNAهای کوچک غیر کدکننده، از طریق اتصال به ناحیه 3'UTR مولکول mRNA ژن هدف، سبب تنظیم بیان ژن در مرحله بعد از رونویسی می‌شوند(19). این مولکول‌ها فرایندهای مختلف سلولی از جمله رشد، تکثیر، تمایز، چرخه سلولی و آپوپتوز را تحت تاثیر قرار می‌دهند(20). شواهد مختلف نشان داده‌اند که بیان miRNA ها در بافت‌های مختلف متغیر است و پروفایل بیانی آن‌ها در حالت بیماری از جمله سرطان‌ها تغییر می‌کند(21). علاوه بر این، miRNA ها در سرم و پلاسما پایدارند و در هر سرطان پروفایل‌های بیانی ویژه‌ای ارائه می‌دهند(22). بدین ترتیب، این مولکول‌ها این احتمال را ایجاد می‌کنند که شاید بتوانند به عنوان بیوماکرهای غیرتهاجمی در تشخیص و درمان سرطان‌های مختلف از جمله T-ALL مورد استفاده قرار گیرند(23). در این راستا مطالعات متعدد صورت گرفته حاکی از افزایش بیان miR-20a، miR-92 و miR-19b و کاهش بیان miR-200 و miR-29 در T-ALL می‌باشد(24،25). بنابراین، در این مطالعه با توجه به نقش مهم مولکول PTEN در T-ALL و همچنین اهمیت اثر تنظیمی miRNAها در بسیاری از فرایندهای سلولی، به پیشگویی miRNAهای هدف گیرنده ژن PTEN با استفاده از نرم‌افزارهای بیوانفورماتیکی مختلف پرداخته شد. همچنین، میزان بیان miRNA پیشگویی شده و ژن PTEN در نمونه پلاسمای

[Downloaded from jmums.mazums.ac.ir on 2026-11-07]

افراد مبتلا به T-ALL در مقایسه با افراد سالم با کمک روش Real time PCR مورد بررسی قرار گرفت.

مواد و روش ها

جمع آوری نمونه پلاسما از بیماران و افراد سالم

در این مطالعه تجربی، پس از اخذ رضایتنامه آگاهانه، از 40 فرد سالم به عنوان گروه کنترل و 40 فرد مبتلا به T-ALL نمونه خون محیطی از بیمارستان حضرت ولیعصر (عج) اراک جمع‌آوری گردید. همه افراد بیمار، توسط یک پزشک متخصص انکولوژیک با طبقه‌بندی FAB به عنوان ALL شناسایی شدند و با روش فلوسایتومتری (وجود آنتی‌ژن‌های CD2, CD7, CD34 و CD52 و عدم وجود آنتی‌ژن‌های میلوئیدی از جمله CD33 و CD117) در طبقه‌بندی T-ALL قرار گرفتند. همچنین، گروه بیماران در این مطالعه، تحت هیچ روش درمانی از جمله شیمی درمانی، رادیوتراپی و جراحی قرار نگرفته بودند. در هر دو گروه بیماران و افراد سالم، 20 مرد و 20 زن وجود داشت. در گروه بیماران میانگین سنی 45 سال با رنج 29-71 سال و در گروه افراد سالم میانگین سن 39 سال با رنج 26-65 سال بود (جدول شماره 1). نمونه خون محیطی از هر دو گروه جمع‌آوری شد و پلاسما جدا گردید. نمونه پلاسمای تهیه شده برای ادامه کار در دمای 70- درجه سانتی‌گراد قرار داده شد. این مطالعه در کمیته اخلاق دانشگاه علوم پزشکی اراک مطابق با بیانیه هلسینکی با کد اخلاق IR.ARAKMU.REC.1396.253 تصویب گردید.

آنالیزهای بیوانفورماتیک

اخذ توالی ژن PTEN از بانک جهانی ژنی NCBI

توالی مربوط به ژن PTEN با استفاده از سایت NCBI (http://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene) اخذ گردید. بدین صورت که ابتدا در پایگاه داده Gene نام ژن مورد نظر با نماد رسمی PTEN مورد جستجو قرار گرفت و سپس توالی ژن PTEN با شماره دسترسی NC_000010.11 (توالی 87863625 تا 87971930) با فرمت FASTA دریافت گردید.

پیشگویی miRNA های هدف گیرنده ژن PTEN از پایگاه های بیوانفورماتیکی

به منظور پیشگویی miRNA های هدف گیرنده ژن PTEN پایگاه‌های بیوانفورماتیکی متعددی از جمله miRanda[1]، miRbase[2]، PicTar[3]، TargetScan[4]، DIANA[5] و miRDB[6] مورد استفاده قرار گرفت. نتایج دریافت شده از هر سایت به ترتیب بر اساس بالاتر بودن امتیاز هر miRNA در فایل Excel ذخیره گردید و سپس از میان داده‌های به دست آمده، miRNA های با امتیاز بالاتر و اتصال بهتر با ژن هدف انتخاب و گردآوری شدند. سپس از بین آن‌ها، miRNA که بیش‌ترین تکرار و امتیاز را در پایگاه‌های مورد مطالعه داشت به عنوان miRNA هدف گیرنده ژن PTEN جهت بررسی در فاز مطالعه عملی این پژوهش انتخاب گردید.

جدول شماره 1: مشخصات دموگرافیک و خون‌شناسی مربوط به گروه بیماران مبتلا به T-ALL و گروه کنترل

	متغیر	گروه بیماران تعداد (درصد)	گروه کنترل (افراد سالم) تعداد (درصد)
جنس	زن	20 (50)	20 (50)
	مرد	20 (50)	20 (50)
سن	میانگین	45	39
	رنج	29-71	26-65
خون محیطی	میانگین تعداد گلبول های سفید $\times 10^9$ L	47/2	5/2
	میانگین غلظت هموگلوبین gr/L	9/8	14/7
	میانگین تعداد پلاکت $\times 10^9$ L	94	281

طراحی پرایمرها

در این مطالعه، سه نوع پرایمر از جمله پرایمرهای ساقه -حلقه (Stem-loop) برای ساخت cDNA از miRNA، پرایمرهای رندوم هگزامر برای ساخت cDNA از mRNA مربوط به ژن PTEN و پرایمرهای اختصاصی برای بررسی‌های کمی میزان بیان miRNA پیشگویی شده و همچنین ژن PTEN مورد استفاده قرار گرفت (جدول شماره 2 و 3). توالی miRNA پیشگویی

1. http://www.microrna.org
2. http://www.mirbase.org
3. https://pictar.mdc-berlin.de/
4. http://www.TargetScan
5. http://diana.imis.athena-innovation.gr/DianaTools/index.php?r=microT_CDS/index
6. http://www.mirdb.org

[Downloaded from jmums.mazums.ac.ir on 2026-11-07]

جدول شماره 2: توالی پرایمرهای ساقه حلقه در فرایند ساخت cDNA

نام miRNA	توالی پرایمرهای ساقه حلقه
miR-1297	5`-GTCGTATCGAGAGCAGGGTCCGAGGTATTCGCACTCGATACGACCACCTGA-3`
miR-103	5`-GTCGTATCGAGAGCAGGGTCCGAGGTATTCGCACTCGATACGACCAAGGCA-`3

جدول شماره 3: توالی پرایمرهای اختصاصی در Real time PCR

نام	توالی پرایمرهای اختصاصی	
	Forward	Reverse
miR-1297	5`- TTCAAGTAATTCAGGTG -3`	5`-AGAGCAGGGTCCGAGGT-3`
miR-103	5`-GCTTCTTTACAGTGCTGCC-3	5`-AGAGCAGGGTCCGAGGT-3`
PTEN	`5-GACTTAGACTTGACCTATATTTATCC-3`	`5-CACAAAGATTGTATATCTTGTAATGG-3`
GAPDH	5`-GGAGTCCACTGGCGTCTTCAC-3`	5`-GAGGCATTGCTGATGATCTTGAGG-3`

شده از سایت miRbase و توالی ژن PTEN از سایت NCBI گرفته شد و سپس با کمک نرم‌افزارهای AllelelID7 و GeneRunner طراحی پرایمرها صورت گرفت. همچنین به منظور بررسی اختصاصیت محل اتصال پرایمرها از نرم‌افزار NCBI BLASTn استفاده گردید. ژن GAPDH و miR-103 برای نرمال‌سازی نتایج حاصل از Real time PCR مورد استفاده قرار گرفتند.

استخراج mRNA و miRNA از پلاسمای بیماران و نمونه‌های کنترل و ساخت cDNA

استخراج miRNA و mRNA از تمام نمونه‌های پلاسما، با استفاده از کیت RNX Plus (شرکت سینا کلون) طبق دستورالعمل شرکت سازنده انجام گردید. کنترل کیفیت و کمیت (غلظت) RNA های استخراج شده با دستگاه نانودراپ (EPOCH2، آمریکا) مورد سنجش قرار گرفت. سپس با استفاده از واکنش رونویسی معکوس (RT-PCR) ساخت cDNA صورت گرفت، به طوری که در ابتدا 1 میکروگرم RNA استخراج شده با یک میکرومولار پرایمر ساقه-حلقه (برای miRNA) یا پرایمر رندوم هگزامر (برای mRNA) مخلوط گردید و با آب RNase-DNase free به حجم رسانده شد. مخلوط حاصل به مدت 5 دقیقه در دمای 75 درجه سانتی‌گراد انکوبه و پس از آن، آنزیم رونویسی معکوس M-MLV (Vivantis,Malaysia)، بافر 1X و dNTP به آن اضافه گردید و مطابق با برنامه دمایی-زمانی مشخصی در دستگاه ترموسایکلر (Eppendorf، آلمان) تحت انکوباسیون قرار گرفت (جدول شماره 4). cDNA ساخته شده برای ادامه کار در دمای 70- درجه سانتی‌گراد نگهداری گردید.

جدول شماره 4: برنامه دمایی- زمانی استفاده شده در دستگاه ترموسایکلر در فرایند ساخت cDNA از miRNA و mRNA

زمان	دما
15 دقیقه	25 °C
15 دقیقه	37 °C
45 دقیقه	42 °C
10 دقیقه	75 °C

واکنش Real time PCR

برای سنجش میزان بیان نسبی miRNA پیشگویی شده و ژن PTEN تکنیک Real time PCR مورد استفاده قرار گرفت. در این روش مخلوط واکنش در یک حجم 15 میکرولیتر شامل 7/8 میکرولیتر SYBR Green PremixExRaq II (یکتا تجهیز، ایران)، 1/5 میکرولیتر cDNA، 0/3 میکرولیتر از هرکدام از پرایمرهای اختصاصی F و R و 5/1 میکرولیتر آب RNase-DNase free تهیه و برنامه دمایی- زمانی آن در دستگاه Light cycle 96 (Roche، آلمان) تنظیم گردید (جدول شماره 5). به منظور سنجش بیان نسبی miRNA پیشگویی شده و ژن PTEN، بیان آن‌ها به‌ترتیب با بیان کنترل‌های داخلی miR-103 و GAPDH مقایسه گردید. واکنش به‌صورت تکرارهای سه‌تایی برای همه نمونه‌ها صورت گرفت. پس از انجام واکنش داده‌های خام به‌صورت سیکل آستانه (Ct) از دستگاه استخراج و سنجش میزان بیان نسبی miRNA پیشگویی شده و ژن PTEN در بیماران مبتلا به T-ALL و نمونه‌های افراد سالم با برنامه REST 2009 انجام گردید.

[Downloaded from jmums.mazums.ac.ir on 2026-11-07]

جدول شماره 5: برنامه دمایی- زمانی استفاده شده در دستگاه Light cycle 96 برای واکنش‌های کمی Real-time PCR برای miRNA پیشگویی شده و ژن PTEN

مرحله	دما	زمان	تعداد سیکل
فعال شدن آنزیم	95 °C	3 دقیقه	1
تکثیر دناتوراسیون	95 °C	10 ثانیه	
اتصال و طویل سازی	54 °C (miRNA)	10 ثانیه (miRNA)	
	52 °C (PTEN)	15 ثانیه (PTEN)	40
قرائت فلورسانس	72 °C	15 ثانیه (miRNA)	
		25 ثانیه (PTEN)	
منحنی ذوب	95 °C	60 ثانیه	
	65 °C	10 ثانیه	1
	95 °C	1 ثانیه	
خنک‌سازی	40 °C	30 ثانیه	1

آنالیز آماری داده‌ها

برای آنالیز داده‌های به‌دست آمده از واکنش Real time PCR برنامه REST 2009 استفاده گردید. همچنین، کلیه داده‌های آزمایشگاهی توسط نرم‌افزار SPSS نسخه 16 آنالیز گردید و مقادیر P کوچک‌تر از 0/05 به عنوان سطح معنی‌دار در نظر گرفته شد.

یافته‌ها

در گروه بیماران میانگین سنی 45 سال با رنج 29-71 سال و در گروه افراد سالم میانگین سن 39 سال با رنج 65-26 سال بود (جدول شماره 1).

نتایج حاصل از پیشگویی بیوانفورماتیکی miRNA های هدف گیرنده ژن PTEN

نتایج حاصل از پیشگویی در پایگاه‌های بیوانفورماتیکی miRanda، miRbase، PicTar، TargetScan، DIANA و miRDB نشان داد، که سه miRNA از جمله miR-1297، miR-590-3p و miR-19a توانایی اتصال به ژن PTEN را دارند (جدول شماره 6). اما از بین این سه miRNA تنها miR-1297 بیش‌ترین تکرار و امتیاز را در پایگاه‌های مورد مطالعه داشت (جدول شماره 7). به همین دلیل miR-1297 با شماره دسترسی MIMAT0005886 به عنوان miRNA هدف گیرنده ژن PTEN انتخاب و در فاز مطالعه عملی این پژوهش مورد استفاده واقع گردید.

نتایج حاصل از سنجش میزان بیان نسبی miR-1297 و ژن PTEN

نتایج حاصل از Real time PCR نشان داد که میزان بیان نسبی miR-1297 در پلاسمای افراد مبتلا به T-ALL در مقایسه با افراد سالم به طور قابل توجهی افزایش داشت (تصویر شماره 1B) و این افزایش بیان، معنی‌دار بود(45/93، P=0/001). میزان بیان نسبی ژن PTEN در پلاسمای افراد مبتلا به T-ALL در مقایسه با افراد سالم به‌طور قابل توجهی کاهش داشت (تصویر شماره 1A) و این کاهش بیان نیز معنی دار بود (0/191، P=0/001).

جدول شماره 6: نحوه گزینش miRNA های هدف گیرنده ژن PTEN

نام ژن	miRNA	miRanda	miRbase	PicTar	TargetScan	DIANA	miRDB	جمع
PTEN	miR-1297	1*	1	0**	1	1	1	5
PTEN	miR-590-3p	1	0	0	0	1	1	3
PTEN	miR-19a	1	1	1	0	0	0	3

*: اتصال miRNA مورد نظر به ژن هدف توسط پایگاه بیوانفورماتیکی تایید شده است.

**: اتصال miRNA مورد نظر به ژن هدف توسط پایگاه بیوانفورماتیکی تایید نشده است.

جدول شماره 7: امتیازات به دست آمده از پایگاه‌های بیوانفورماتیکی برای miR-1297

miRNA	miRanda (mirSVR score) *	miRbase (Score)	TargetScan (Pct) **	DIANA (miTG score) ***	miRDB (Target score) ****
Has-miR-1297	-0/1517	85	0/73	0/999	100

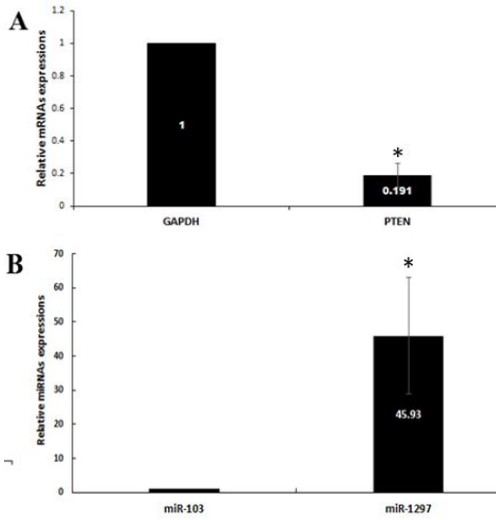
*: امتیاز رگرسیون پشتیبانی وکتور miRNA (miRNA support vector regression score): هر چه این امتیاز به صفر نزدیکتر باشد میزان پیشگویی به شدت افزایش می یابد (26).

**: احتمال هدف گذاری محافظت شده (Probability of conserved targeting) (27).

***: امتیاز ژن هدف miRNA (miRNA target gene score): هرچه این امتیاز بالاتر باشد احتمال هدف گیری بیشتر است.

****: هرچه این امتیاز بالاتر باشد اعتماد بیشتری به پیشگویی می توان نمود. اگر این امتیاز بالاتر از 80 باشد به احتمال زیاد پیشگویی واقعی است ولی اگر کمتر از 60 باشد توصیه می شود مدارک و شواهد پشتیبان دیگری نیز استفاده گردد.

[Downloaded from jmums.mazums.ac.ir on 2026-11-07]



نمودار شماره 1: نتایج حاصل از سنجش میزان بیان نسبی تصویر 1A) ژن PTEN و شکل 1B) miR-1297

نتایج با سه بار آزمایش مستقل و به صورت mean±SE نشان داده شده‌اند و نتایج از نظر آماری در مقایسه با نمونه کنترل به‌صورت مقادیر P<0/05 به‌عنوان سطح معنی‌دار در نظر گرفته شد (P<=0/05).

بحث

لوسمی لنفوبلاستیک حاد سلول T نوعی بدخیمی خونی تهاجمی و پیشرونده است که در اثر بروز تغییرات در پیش‌سازهای سلول‌های لنفوسیت T ایجاد می‌گردد(28). رویکردهای درمانی در T-ALL به ویژه درکودکان در طی ده سال گذشته پیشرفت‌های قابل توجهی داشته است اما تعداد بالای عودهای اولیه که در بیش‌تر قسمت‌ها مقاومت به درمان را نشان داده‌اند، درمان این لوسمی را با مشکل روبه‌رو کرده است(29). به‌طور کلی، می‌توان اظهار داشت که تشخیص و درمان T-ALL همچنان به عنوان یک چالش باقی مانده است(30). از این‌رو، شناسایی بیومارکرهای جدید با ویژگی و حساسیت بالا در تشخیص و درمان T-ALL امری ضروری است. به نظر می‌رسد شناسایی miRNA هایی که ژن‌های کلیدی را در مسیر پاتوژنز T-ALL هدف‌گیری می‌کنند، بسیار حائز اهمیت است. به طوری که این miRNAها احتمالا می‌توانند به عنوان بیوماکرهای غیرتهاجمی در تشخیص و درمان T-ALL مفید واقع شوند(23).

لذا در این مطالعه با توجه به نقش کلیدی ژن PTEN در T-ALL، این ژن به‌عنوان گزینه مناسب برای مطالعات بیوانفورماتیکی به منظور یافتن miRNA های هدف گیرنده آن انتخاب گردید. از این رو در مطالعه حاضر، در گام نخست به پیشگویی miRNA های هدف گیرنده ژن PTEN با استفاده از نرم‌افزارهای بیوانفورماتیکی مختلف پرداخته شد. سپس، میزان بیان miRNA پیشگویی شده و ژن PTEN در نمونه پلاسمای افراد مبتلا به T-ALL در مقایسه با افراد سالم با کمک روش Real time PCR مورد بررسی قرار گرفت.

نتایج حاصل از پیشگویی‌های بیوانفورماتیکی نشان داد که سه miRNA از جمله miR-1297، miR-590-3p و miR-19a می‌توانند ژن PTEN را هدف‌گیری نمایند، اما از بین آن‌ها miR-1297 بیشترین تکرار و امتیاز را در پایگاه‌های بیوانفورماتیکی مورد مطالعه داشت و به عنوان miRNA هدف گیرنده ژن PTEN در فاز مطالعه عملی این پژوهش انتخاب گردید. مطالعات گسترده‌ای به بررسی miRNA های هدف گیرنده ژن PTEN در انواع مختلف سرطان‌ها پرداخته‌اند. چندین مطالعه نشان داده‌اند که miR-20b، miR-524 و miR-130b به عنوان miRNA های هدف گیرنده ژن PTEN به ترتیب در هپاتوسلولار کارسینوما، استئوسارکوما و سرطان سینه عمل می‌نمایند(33-31).

مطالعه‌ای از Zou و همکارانش نیز miRNA های هدف گیرنده ژن PTEN را در افراد مبتلا به لوسمی لنفوسیتی مزمن مورد بررسی قرار داد. نتایج آن‌ها نشان داد که شش miRNA از جمله miR-19a، miR-21، miR-26a، miR-26b، miR-214 و miR-1297 می‌توانند ژن PTEN را هدف‌گیری نمایند(34). علاوه بر این، مطالعه‌ای دیگر نشان داد که miR-20b-5p و miR-363-3p به عنوان miRNAهای هدف گیرنده ژن PTEN در

[Downloaded from jmums.mazums.ac.ir on 2026-11-07]

سلول‌های T-ALL هستند(35). از این‌رو با توجه به این که در مطالعه حاضر ژن PTEN به‌عنوان ژن احتمالی هدف گیرنده miR-1297 معرفی شده است و نظر به معرفی چندین miRNA دیگر در مطالعات پیشین، لذا شایسته است که در تحقیقات آتی کارایی بیش‌تر این بیومارکرها در شناسایی T-ALL مورد بررسی و مقایسه قرار گیرند.

نتایج حاصل از Real time PCR در مطالعه حاضر نشان داد که سطح پلاسمایی miR-1297 در پلاسمای افراد مبتلا به T-ALL به‌طور قابل توجهی بالاتر از افراد سالم بود. میزان بیان نسبی miR-1297 در افراد مبتلا به T-ALL در مقایسه با افراد سالم افزایش داشت که این افزایش بیان معنی‌دار بود (45/93، P=0/001). در حالی که میزان بیان نسبی ژن PTEN به اندازه 5/23 برابر در افراد مبتلا به T-ALL در مقایسه با افراد سالم کاهش را نشان داد که این کاهش بیان نیز معنی‌دار بود (0/191، P=0/001). این نتایج نشان‌دهنده وجود یک ارتباط منفی بین افزایش بیان miR-1297 و کاهش بیان ژن PTEN است و می‌تواند حاکی از این باشد که احتمالا miR-1297 به عنوان یک انکوژن، ژن سرکوبگر تومور PTEN را هدف قرارمی‌دهد. miR-1297 یکی از miRNA مرتبط با سرطان است که نقش مهمی را در پاتوژنز سرطان‌های انسانی ایفا می‌کند(36،37). اختلال در بیان این miRNA در انواع سرطان‌های انسانی گزارش شده است(38). بیان و عملکرد miR-1297 منحصر به هر سلول و بافت است، به طوری که بیان miR-1297 در سرطان‌های کولورکتال، پانکراس و آدنوکارسینومای ریه کاهش و در سرطان‌های حنجره و سینه افزایش می‌یابد(42-38). عملکرد miR-1297 بسته به نوع سرطان متفاوت است و می‌تواند در سرطان‌های مختلف به عنوان انکوژن یا سرکوبگر تومور عمل نماید(38). miR-1297 به‌عنوان انکوژن سبب القای تکثیر، مهاجرت و تومورزایی در سلول‌های سرطانی حنجره و بیضه می‌گردد(43-40). در حالی که همین miRNA می‌تواند به عنوان سرکوبگر تومور سبب افزایش آپوپتوز، مهار تکثیر، مهاجرت و تهاجم در سلول‌های سرطانی پروستات و هپاتوسلولار کارسینوما گردد(44-46).

این مطالعه برای اولین بار تغییرات miR-1297 را به عنوان miRNA هدف گیرنده ژن PTEN در افراد مبتلا به T-ALL مورد بررسی قرار داد. نتایج این مطالعه نشان داد که miR-1297 به عنوان یک انکوژن در T-ALL عمل می‌کند، که احتمالا ژن سرکوبگر تومور PTEN را هدف قرار می‌دهد. بنابراین به‌نظر می‌رسد که miR-1297 شاید بتواند به عنوان یک بیومارکر احتمالی بالقوه و غیرتهاجمی در تشخیص و درمان T-ALL به‌کار برده شود. اگرچه این امر نیازمند مطالعات و بررسی‌های بیش‌تر از جمله آزمون لوسی فراز است، تا رابطه عملکردی بین miR-1297 و ژن PTEN بهتر مشخص گردد.

سپاسگزاری

مطالعه حاضر به عنوان بخشی از پایان‌نامه کارشناسی ارشد بوده است که هزینه مربوط به انجام آن توسط معاونت تحقیقات و فناوری دانشگاه علوم پزشکی اراک تامین گردیده است. بدین منظور تمامی نویسندگان مراتب قدردانی خود را از همکاران محترم در آزمایشگاه ویروس شناسی دانشگاه علوم پزشکی اراک اعلام می‌دارند.

References

1. Belver L, Ferrando A. The genetics and mechanisms of T cell acute lymphoblastic leukaemia. Nat Rev Cancer 2016; 16(8): 494-507.
2. Szarzyńska-Zawadzka B, Kunz JB, Sędek Ł, Kosmalska M, Zdon K, Biecek P, et al. PTEN abnormalities predict poor outcome in children with T-cell acute lymphoblastic

[Downloaded from jmums.mazums.ac.ir on 2026-11-07]

leukemia treated according to ALL IC-BFM protocols. Am J Hematol 2019; 94(4): E93-E96.

3. Chiaretti S, Foà R. T-cell acute lymphoblastic leukemia. Haematologica 2009; 94(2): 160-162.
4. Koch U, Radtke F. Notch in T-ALL: new players in a complex disease. Trends Immunol 2011; 32(9): 434-442.
5. Passaro D, Quang CT, Ghysdael J. Microenvironmental cues for T cell acute lymphoblastic leukemia development. Immunol Rev 2016; 271(1): 156-172.
6. Graux C, Cools J, Michaux L, Vandenberghe P, Hagemeijer A. Cytogenetics and molecular genetics of T-cell acute lymphoblastic leukemia: from thymocyte to lymphoblast. Leukemia 2006; 20(9): 1496-1510.
7. Ferrando A. Can one target T-cell ALL? Best Pract Res Clin Haematol 2018; 31(4): 361-366.
8. Georgescu MM. PTEN tumor suppressor network in PI3K-Akt pathway control. Genes Cancer 2010; 1(12): 1170-1177.
9. Bastola DR, Pahwa GS, Lin M-F, Cheng P-W. Downregulation of PTEN/MMAC/TEP1 expression in human prostate cancer cell line DU145 by growth stimuli. Mol Cell Biochem 2002; 236(1-2): 75-81.
10. Fruman DA, Chiu H, Hopkins BD, Bagrodia S, Cantley LC, Abraham RT. The PI3K pathway in human disease. Cell 2017; 170(4): 605-635
11. Boutouja F, Stiehm CM, Platta HW. mTOR: A cellular regulator interface in health and disease. Cells 2019; 8(1): 18.
12. Schmidt-Kittler O, Zhu J, Yang J, Liu G, Hendricks W, Lengauer C, et al. PI3Kα inhibitors that inhibit metastasis. Oncotarget 2010; 1(5): 339-348.
13. Kharas MG ,Okabe R, Ganis JJ, Gozo M, Khandan T, Paktinat M, et al. Constitutively active AKT depletes hematopoietic stem cells and induces leukemia in mice. Blood 2010; 115(7): 1406-1415.
14. Mullighan CG, Goorha S ,Radtke I, Miller CB, Coustan-Smith E, Dalton JD, et al. Genome-wide analysis of genetic alterations in acute lymphoblastic leukaemia. Nature 2007; 446(7137): 758-764.
15. Palomero T, Sulis ML, Cortina M, Real PJ, Barnes K, Ciofani M, et al. Mutational loss of PTEN induces resistance to NOTCH1 inhibition in T-cell leukemia. Nat Med 2007; 13(10): 1203-1210.
16. Milella M, Falcone I, Conciatori F, Cesta Incani U, Del Curatolo A, Inzerilli N, et al. PTEN: multiple functions in human malignant tumors. Front Oncol 2015; 5: 24.
17. Gao J, Aksoy BA, Dogrusoz U, Dresdner G, Gross B, Sumer SO, et al. Integrative analysis of complex cancer genomics and clinical profiles using the cBioPortal. Sci Signal 2013; 6(269): pl1.
18. Cerami E, Gao J, Dogrusoz U ,Gross BE, Sumer SO, Aksoy BA, et al. The cBio cancer genomics portal: an open platform for exploring multidimensional cancer genomics data. Cancer Discov 2012; 2(5): 401-404.
19. Wahid F, Shehzad A, Khan T, Kim YY. MicroRNAs: synthesis, mechanism, function, and recent clinical trials. Biochim Biophys Acta 2010; 1803(11): 1231-1243.
20. Lai EC. Two decades of miRNA biology: lessons and challenges. RNA 2015; 21(4): 675-677.
21. Di Leva G, Croce CM. miRNA profiling of cancer. Curr Opin Genet Dev 2013; 23(1): 3-11.
22. Rotkrua P, Shimada S, Mogushi K, Akiyama Y, Tanaka H, Yuasa Y. Circulating microRNAs as biomarkers for early detection

[Downloaded from jmums.mazums.ac.ir on 2026-11-07]

of diffuse-type gastric cancer using a mouse model. British J Cancer 2013; 108(4): 932-940.

23. Drobna M, Szarzyńska-Zawadzka B, Dawidowska M. T-cell acute lymphoblastic leukemia from miRNA perspective: Basic concepts, experimental approaches, and potential biomarkers. Blood Rev 2018; 32(6): 457-472.
24. Sanghvi VR, Mavrakis KJ, Van der Meulen J, Boice M, Wolfe AL, Carty M, et al. Characterization of a set of tumor suppressor microRNAs in T cell acute lymphoblastic leukemia. Sci Signal 2014; 7(352): ra111.
25. Mavrakis KJ, Van Der Meulen J, Wolfe AL, Liu X, Mets E, Taghon T, et al. A cooperative microRNA-tumor suppressor gene network in acute T-cell lymphoblastic leukemia (T-ALL). Nat Genet 2011; 43(7): 673-678.
26. Betel D, Koppal A, Agius P, Sander C, Leslie C. Comprehensive modeling of microRNA targets predicts functional non-conserved and non-canonical sites. Genome Biol 2010; 11(8): R90.
27. Friedman RC, Farh KK-H, Burge CB, Bartel DP. Most mammalian mRNAs are conserved targets of microRNAs. Genome Res 2009; 19(1): 92-105.
28. Bongiovanni D, Saccomani V, Piovan E . Aberrant signaling pathways in T-cell acute lymphoblastic leukemia. Int J Mol Sci 2017; 18(9): 1904.
29. Martelli AM, Paganelli F, Fazio A, Bazzichetto C, Conciatori F, McCubrey JA. The key roles of PTEN in T-Cell acute lymphoblastic leukemia development, progression, and therapeutic response. Cancers 2019; 11(5): 629.
30. Litzow MR, Ferrando AA. How I treat T-cell acute lymphoblastic leukemia in adults. Blood 2015; 126(7): 833-841.
31. He J, Mu M, Luo Y, Wang H, Ma H, Guo S, et al. MicroRNA 20b promotes proliferation of H22 hepatocellular carcinoma cells by targeting PTEN. Oncol Lett 2019; 17(3): 2931-2936.
32. Zhuang M, Qiu X, Cheng D, Zhu C, Chen L. MicroRNA-524 promotes cell proliferation by down-regulating PTEN expression in osteosarcoma. Cancer Cell Int 2018; 18(1): 1-9.
33. Miao Y, Zheng W, Li N, Su Z, Zhao L, Zhou H, et al. MicroRNA-130b targets PTEN to mediate drug resistance and proliferation of breast cancer cells via the PI3K/Akt signaling pathway. Sci Rep 2017; 7: 41942.
34. Zou Z-J, Fan L, Wang L, Xu J, Zhang R, Tian T, et al. miR-26a and miR-214 down-regulate expression of the PTEN gene in chronic lymphocytic leukemia, but not PTEN mutation or promoter methylation. Oncotarget 2015; 6(2): 1276-1285.
35. Drobna M, Szarzyńska B, Jaksik R, Sędek Ł, Kuchmiy A, Taghon T, et al. hsa-miR-20b-5p and hsa-miR-363-3p Affect Expression of PTEN and BIM Tumor Suppressor Genes and Modulate Survival of T-ALL Cells In Vitro. Cells 2020; 9(5): 1137.
36. Wang C, Li Q, Liu F, Chen X, Nesa EU, Guan S, et al. Serum miR-1297: a promising diagnostic biomarker in esophageal squamous cell carcinoma. Biomarkers 2016; 21(6): 517-522.
37. Wang J, Xu X, Mo S, Tian Y, Wu J, Zhang J, et al. Involvement of microRNA-1297, a new regulator of HMGA1, in the regulation of glioma cell growth in vivo and in vitro. Am J Transl Res 2016; 8(5): 2149-2158.
38. Chen Z, Ma Y, Pan Y, Zhu H, Yu C, Sun C. MiR-1297 suppresses pancreatic cancer cell

[Downloaded from jmums.mazums.ac.ir on 2026-11-07]

proliferation and metastasis by targeting MTDH. Mol Cell Probes 2018; 40: 19-26.

39. Chen P, Wang BL, Pan BS, Guo W. MiR-1297 regulates the growth, migration and invasion of colorectal cancer cells by targeting cyclo-oxygenase-2. Asian Pac J Cancer Prev 2014; 15(21): 9185-9190.
40. Li X, Wang Hl, Peng X, Zhou Hf, Wang X. miR-1297 mediates PTEN expression and contributes to cell progression in LSCC. Biochem Biophys Res Commun 2012; 427(2): 254-260.
41. Zhang C, Chi YL, Wang PY, Wang YQ, Zhang YX, Deng J, et al. miR-511 and miR-1297 inhibit human lung adenocarcinoma cell proliferation by targeting oncogene TRIB2. PloS one 2012; 7(10): e46090.
42. Liu C, Liu Z, Li X, Tang X, He J, Lu S. MicroRNA-1297 contributes to tumor growth of human breast cancer by targeting PTEN/ PI3K/AKT signaling. Oncol Rep 2017; 38(4): 2435-2443.
43. Yang N-Q, Luo X-J, Zhang J, Wang G-M, Guo J-M. Crosstalk between Meg3 and miR-1297 regulates growth of testicular germ cell tumor through PTEN/PI3K/AKT pathway. Am J Transl Res 2016; 8(2): 1091-1099.
44. Liu Y, Liang H, Jiang X. MiR-1297 promotes apoptosis and inhibits the proliferation and invasion of hepatocellular carcinoma cells by targeting HMGA2. Int J Mol Med 2015; 36(5): 1345-1352.
45. Liu F, He Y, Shu R, Wang S. MicroRNA-1297 regulates hepatocellular carcinoma cell proliferation and apoptosis by targeting EZH2. Int J Clin Exp Pathol 2015; 8(5): 4972-4980.
46. Liang X, Li H, Fu D, Chong T, Wang Z, Li Z. MicroRNA-1297 inhibits prostate cancer cell proliferation and invasion by targeting the AEG-1/Wnt signaling pathway. Biochem Biophys Res Commun 2016; 480(2): 208-214.

[Downloaded from jmums.mazums.ac.ir on 2026-11-07]