

وضعیت متیلاسیون پروموتور ژن *BMP15* در کروموزوم X فعال و غیر فعال در گوسفند

BMP15 gene promoter methylation status in the active and inactive X chromosome in sheep

لیلا دانش مقدم^۱، طاهر هرکی نژاد^{۲*}

۱- به ترتیب دانشجوی دکتری، دانشیار، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زنجان

Daneshmoghdam L¹, Harkinezhad T^{*1}

1- PhD Student, Associate Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Zanjan

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: Taher.harkinezhad@znu.ac.ir

(تاریخ دریافت: ۹۵/۱۰/۱۵ - تاریخ پذیرش: ۹۶/۵/۱۷)

چکیده

پروتئین مورفوژنیک استخوان ۱۵ (*BMP15*) یکی از ژنهایی است که با میزان باروری در گوسفند ارتباط دارد. این ژن بر روی کروموزوم X قرار دارد. در جنس ماده یکی از کروموزومهای X به دلیل جبران دوز در مقایسه با جنس نر که تنها یک کروموزوم X دارد، غیرفعال می شود. این مطالعه با هدف بررسی وضعیت متیلاسیون پروموتور ژن *BMP15* روی کروموزوم X غیرفعال صورت گرفت. برای این منظور، نمونه های تخمدان از ۲۲ میش غیر باردار، و هشت میش باردار تهیه شد. DNA و RNA از فولیکول و بافت تخمدان استخراج شد. با استفاده از آغازگرهای اختصاصی برای DNA تیمار شده با بیسولفیت و نوع تیمارنشده، وضعیت متیلاسیون سیتوزین در ناحیه پروموتور بررسی و بیان این ژن در گروه باردار و غیرباردار مورد مطالعه قرار گرفت. نتایج نشان داد که پروموتور *BMP15* حتی در کروموزوم غیرفعال متیله نبوده و بر خلاف بسیاری از ژن ها در این کروموزوم از متیلاسیون فرامی کند. این موضوع نشان می دهد که علیرغم غیرفعال شدن یکی از کروموزومهای X هر دو آلل این ژن در افراد هموزیگوت موتانت فعال بوده و از این لحاظ مانند ژنهایی که بر روی کروموزومهای اتوزوم قرار دارند عمل می کند. بیان ژن در مراحل مختلف فیزیولوژیکی (آبستن و غیر آبستن) نیز این مطلب را تایید می کند. نتایج نشان داد که میزان بیان mRNA ژن در میان گروه های باردار و غیر باردار تفاوت معنی داری نداشت. به نظر می رسد غیرفعال کردن دائمی یکی از آلل های جهش یافته از *BMP15* در اوایل زندگی حیوانات می تواند باعث شود که افراد هموزیگوت جهش یافته نیز به طور طبیعی بارور باشند.

واژه های کلیدی

اپی ژنتیک
باروری
تولیدمثل
گوسفند
متیلاسیون

مقدمه

چندین ژن به عنوان ژن های کنترل کننده رشد فولیکول و نرخ تخمک گذاری در پستانداران شناسایی شده اند که از بین آنها، سه ژن با جزئیات بیشتری مورد بررسی قرار گرفته اند. پروتئین مورفوژنیک استخوان 15 (*BMP15*)، گیرنده پروتئین مورفوژنیک استخوان IB (*BMP IB*) و فاکتور تمایز رشد (*GDF9*) که همه آنها اعضای خانواده بزرگ فاکتور رشد تغییر شکل دهنده بتا (*TGFβ*)¹ هستند و از لحاظ عملکردی با هم ارتباط نزدیکی دارند و بیان و ترشح هورمون های مؤثر بر رشد فولیکول و نرخ تخمک گذاری در پستانداران را تحت تاثیر قرار می دهند. ژن *BMP15* نقش کلیدی در تنظیم بسیاری از فرایندها در سلول های گرانولوزا و درصد تخمک گذاری ایفا می کند. این ژن روی کروموزوم X قرار دارد و شامل دو آگزون می باشد که توسط یک اینترون جدا شده اند. هشت جهش شناخته شده در ژن *BMP15* در گوسفند وجود دارد که با چندقلو زایی یا ناباروری در ارتباط است (Persani et al. 2014). پنج آلل جهش یافته از آنها شناخته شده اند (*fecXG*, *fecXH*, *fecXB*, *FecXL*, *fecXI*) که همه این آلل ها باعث افزایش تخمک گذاری در گوسفندان هتروزایگوت می شوند، اما افراد هموزایگوت این جهش ها، حیوانات نابارور هستند (Hanrahan et al. 2004; Davis 2005). این ژن در بافت بیضه حیوانات نر نیز بیان می شود (Nicholls et al. 2009). با این وجود، بیان این ژن در بافت ذکر شده در برخی حیوانات از جمله در بیضه خوک مشاهده نشده است (Wan et al. 2015). امروزه، به دلیل افزایش تقاضا برای گوشت و همچنین بهبود بهره وری تولید، به ویژه در کشورهای در حال توسعه چندقلو زایی در گوسفند توجه پرورش دهندگان در سراسر جهان را به خود جلب کرده است. در بسیاری از مطالعات نشان داده شده که چندقلو زایی در گوسفند می تواند تحت تاثیر تک ژن های با اثر عمده که ژن های باروری (*Fec*) نامیده می شوند قرار گیرد (Hanrahan et al. 2004). اما از میان ژن های شناخته شده مؤثر بر چندقلو زایی *BMP15* و *GDF9* تنها در حالت هتروزایگوت باعث چندقلو زایی می شوند، در حالی که حیوانات جهش یافته هموزایگوت عقیم هستند (Otsuka et al. 2011). بدیهی است تغییرات فنوتیپی

¹ Transforming Growth Factor beta

مواد و روش ها

تخمندان ناشی از تغییر در توالی ژن *BMP15* در گونه های مختلف رخ می دهد. *BMP15*، همان طور که قبلا ذکر شد، بر روی کروموزوم X قرار دارد، در حالی که جهت جبران دوز بیان ژن های قرار گرفته بر روی کروموزوم های جنسی بین جنس نر و ماده، یکی از کروموزوم های X در جنس ماده غیر فعال است و عمده ژن های آن بیان نمی شوند. با این حال، در هر دو ژن *BMP15* و *GDF9* افراد هموزایگوت جهش یافته، میش های نابارور هستند. بنابراین از این نظر، *BMP15* و *GDF9* (واقع بر کروموزوم 5 در گوسفند) دارای فنوتیپ فیزیولوژیکی مشابهی هستند. اگر یک آلل *BMP15* به دلیل غیر فعال بودن کروموزوم های X غیر فعال باشد، نمی تواند در فنوتیپ تاثیر گذار باشد، در نتیجه حیوانات هموزایگوت نباید عقیم باشند. غیر فعال سازی کروموزوم X یک برنامه توسعه ای تشکیل کروماتین است که در طول رشد اولیه جنینی در پستانداران آغاز می شود و در طول عمر تقسیم سلولی در سلول های سوماتیک حفظ می شود (Minkovsky et al. 2014). گزارش شده است که غیر فعال سازی کروموزوم X با تغییر الگوی متیلاسیون DNA، به خصوص در جزایر CpG همراه است (Sharp et al. 2011). لازم به ذکر است که به طور کلی متیلاسیون باعث کاهش یا توقف بیان ژن می شود. متیلاسیون که یکی از سازوکارهای اپی ژنتیک است که هم در سطح هیستون ها و هم در سطح DNA عمل کرده و بر بیان ژن ها تاثیر می گذارد. اگر چه، به طور کلی میزان متیلاسیون در هر دو کروموزوم X فعال و غیر فعال مشابه است (Bernardino et al. 1996). اما به احتمال زیاد جزایر CpG بر روی کروموزوم غیر فعال، متیله و روی کروموزوم فعال، غیر متیله (Hellman and Chess 2007) می باشند. با این حال، امروزه می دانیم که چند ژن بر روی کروموزوم X از غیر فعال شدن فرار می کنند. هدف از این مطالعه بررسی وضعیت متیلاسیون پروموتور ژن *BMP 15* می باشد.

برای جمع آوری نمونه، بلافاصله پس از کشتار، بافت تخمدان از اندام تناسلی ۲۲ گوسفند غیر باردار و هشت گوسفند باردار (بنا به برخی از دلایل ذبح دام ضروری بود) افشاری در کشتارگاه دام زنجان، جدا شده و تحت شرایط کنترل شده به آزمایشگاه منتقل

شد. انتخاب این دو گروه به دلیل متفاوت بودن فعالیت تخمدان‌ها در آن شرایط فیزیولوژیک مختلف بود. نمونه‌ها تا زمان استخراج RNA و DNA در -80°C درجه سانتی‌گراد ($^{\circ}\text{C}$) نگهداری شدند. DNA از نمونه‌های تخمدان با استفاده از روش فنل-کلروفرم استخراج شد. RNA کل با استفاده از کیت استخراج RNA (شرکت سیناکلون؛ CINA Pure RNA) و طبق دستورالعمل شرکت سازنده انجام شد. برای حذف هر گونه آلودگی ممکن DNA باقیمانده، نمونه RNA با یک واحد از DNase (Vivantis Inc®, Malaysia) تیمار شد. cDNA در یک واکنش ۲۰ میکرولیتر با استفاده از کیت آماده‌سازی cDNA مربوطه با توجه به دستورالعمل کارخانه سازنده (Vivantis Inc®, Malaysia) سنتز شد. در اولین گام مخلوط RNA-آغازگر شامل دو میکرولیتر RNA ($187\text{ ng}/\mu\text{l}$)، یک میکرولیتر Oligo d(T)، یک میکرولیتر dNTPs mix ۱۰ میلی‌مولار و شش میکرولیتر آب عاری از نوکلئاز (تا حجم ۱۰ میکرولیتر) آماده شد. در مرحله‌ی دوم، ابتدا مخلوط سنتز cDNA شامل دو میکرولیتر X Buffer M-۱۰ و MuLV، نیم میکرولیتر MuLV Reverse Transcriptase و ۷/۵ میکرولیتر آب عاری از نوکلئاز (تا حجم ۱۰ میکرولیتر) تهیه شد و سپس ۱۰ میکرولیتر از آن به هر تیوب حاوی مخلوط RNA-primer حاصل از مرحله‌ی اول اضافه شد. سپس نمونه‌ها به مدت ۶۰ دقیقه در دمای 42°C (دمای بهینه برای فعالیت آنزیم Reverse Transcriptase) انکوبه شدند. برای غیرفعال کردن آنزیم نمونه‌ها در 85°C به مدت ۵ دقیقه انکوبه شدند. پس از سنتز، نمونه‌های cDNA در -20°C نگهداری شدند.

در مرحله تیمار DNA با سدیم بیسولفیت از روش مرسوم (Pappas et al. 2013) با اندکی تغییر به شرح زیر استفاده شد، تیمار با انکوباسیون ۹ میکرولیتر DNA در 97°C به مدت ۵ دقیقه برای واسرشتگی DNA آغاز شد. نمونه‌ها بلافاصله روی یخ قرار داده شد و به هر تیوب دو میکرولیتر هیدروکسید سدیم (6.3 مولار) اضافه شد. نمونه‌ها در 39°C به مدت ۳۰ دقیقه انکوبه شدند. سپس، ۵۲۰ میکرولیتر از سدیم بیسولفیت سه مولار و ۱۵ میکرولیتر از هیدروکینون ۱۰ میلی‌مولار به نمونه اضافه شد. سطح مخلوط واکنش با ۲۰ میلی‌لیتر از روغن معدنی پوشیده شد. نمونه‌ها به مدت ۱۶ ساعت در 55°C انکوبه شدند و سپس DNA

با کیت High pure PCR templet preparation kit (Roche) استخراج شد. پس از این مرحله، سه میکرولیتر هیدروکسید سدیم (۳ مولار) به هر نمونه اضافه و به مدت ۱۵ دقیقه در 40°C انکوبه شد. در نهایت DNA، با استفاده از استات آمونیوم ۳ مولار رسوب داده و با استفاده از اتانول خالص شد.

بیان ژن *BMP15* به‌عنوان تغییر در سطح نسبی میزان mRNA با استفاده از Real time PCR و با SYBRGreen به‌عنوان گزارش دهنده فلورسانس و سیستم تشخیص روتورژن^۱ (Corbett Research® Australia) ارزیابی شد. ژن *GAPDH* به‌عنوان ژن کنترل داخلی مورد استفاده قرار گرفت. واکنش PCR در حجم نهایی ۲۰ میکرولیتر آماده شد که شامل سه میکرولیتر cDNA و ۱۷ میکرولیتر مخلوط qPCR شامل یک واحد DNA پلیمرز HotTaq، آغازگرهای پیشرو و برگشتی ($10\text{ pmol}/\mu\text{l}$)، یک دهم میکرولیتر بافر 1X qPCR، دو دهم میکرولیتر MgCl_2 (2.5 mM) و dNTPs (۲۰۰ میلی‌مولار) بود.

برنامه زمانی مورد استفاده به‌ترتیب زیر است: مرحله واسرشتگی اولیه و فعال‌سازی آنزیم پلیمرز به مدت ۱۵ دقیقه با دمای 95°C ، ۴۵ چرخه 95°C به مدت ۱۵ ثانیه، دمای اتصال 58°C به مدت ۴۵ ثانیه، مرحله توسعه 72°C به مدت ۳۰ ثانیه و یک چرخه گسترش نهایی 72°C به مدت ۳۰ ثانیه. به‌عنوان نمونه کنترل منفی آب‌مقطر بدون cDNA در تمام آزمایشات استفاده شد و هیچ محصولی تولید نکرد. روش $\Delta\Delta\text{Ct}$ مقایسه‌ای برای محاسبه میزان بیان ژن *BMP15* با در نظر گرفتن میزان بیان *GAPDH* به‌عنوان کنترل داخلی، استفاده شد.

در این مطالعه، وجود چندشکلی در پروموتور ژن *BMP15* (NM_001114767.1) با استفاده از آغازگرهای اختصاصی برای یک قطعه 581 جفت‌بازی و با توالی‌یابی محصولات PCR در هر دو جهت مورد بررسی قرار گرفت. متیلاسیون قسمت پروموتور توسط PCR حساس به متیلاسیون با استفاده از آغازگرهای ویژه برای قطعه‌ای به اندازه 232 جفت‌باز برای ناحیه متیله DNA تیمار نشده و یک جفت آغازگر برای همان منطقه برای DNA تیمار شده با بی‌سولفیت سدیم مورد بررسی قرار گرفت.

¹ Rotorgen 3000

جدول ۱- خصوصیات آغازگرهای مطالعه مورد استفاده در این تحقیق

نام آغازگر	توالی	Tm(°C)	اندازه محصول (جفت باز)
BMPexp ⁺	Sence AGCTGACGCAAGTGGACACC	54.1	150
	Anti-sence GCTACCCGGTTTGGTCTCAG	55.5	
BMP 15 ⁺	Sence TTTCTGGCACTTATGCTCAG	58.4	581
	Anti sense GAAAAGCTTGGTGTTCAGCA	56.4	
BMP 15 ⁺	Sence TTTCTGGCACTTATGCTCAG	58.4	232
	Anti sense AGCCCTAGCCTGCTCTGCT	62	
BMP 15 ⁺	Sence AGATTTTGGTATTTATGTTTAG	56	232
	Anti sense CAACCCTAACCTACTCTACT	58	
GAPDH ⁺	Sence CACTGCCACCCAGAAGACTG	64	196
	Anti sense GGTCAGATCCACAACGGACA	62	

۱- دمای ذوب بر حسب درجه سانتی گراد

۲- برای بررسی بیان ژن (Real time PCR)

۳- برای DNA معمولی و متیله شده

۴- برای DNA تیمار شده با بیسولفیت سدیم

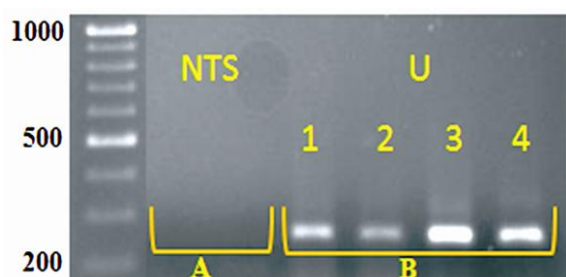
اطلاعات مربوط به آغازگرهای مورد استفاده در این مطالعه در جدول ۱ نشان داده شده است.

واکنش های PCR در حجم نهایی ۲۵ میکرولیتر حاوی ۵۰ میلی مولار KCl، ۲۰ میلی مولار تریس هیدروکلراید (pH= 8.3)، دو میلی مولار MgCl₂، ۰/۱ درصد توئین ۲۰، ۲۰۰ میکرومولار از هر dNTP، ۱۶ پیکومول از هر آغازگر (جدول ۱)، ۰/۸ واحد Taq پلیمرز و ۱۰۰ نانوگرم از DNA ژنومی انجام شد. پس از واسرشت سازی اولیه در ۹۵°C به مدت ۵ دقیقه، ۳۰ چرخه یک دقیقه ای برای هر کدام از درجه حرارت های ۹۵°C، ۵۵-۵۲°C و ۷۲°C، با گسترش نهایی ۷۲°C به مدت ۵ دقیقه انجام شد. پس از آن محصولات PCR توسط الکتروفورز ژل آگارز ۱/۵ درصد و رنگ آمیزی اتیدیوم بروماید شناسایی شدند. خالص سازی محصولات PCR بر روی ژل آگارز با استفاده از روش استخراج فنل-کلروفرم انجام شد و توالی یابی در ABI 3730XL DNA Analyzer (Bioneer، کره جنوبی) انجام شد.

نتایج

در این مطالعه، وجود چندشکلی در پروموتور ژن *BMP15* با استفاده از آغازگرهای اختصاصی برای یک قطعه ۵۸۱ جفت بازی مورد بررسی قرار گرفت. محصولات PCR ناحیه پروموتور که

روی ژل آگارز یک و نیم درصد بارگذاری شده بود قطعه ای بالاتر از باند ۵۰۰ و نزدیک به ۶۰۰ جفت باز نشانگر DNA را نشان داد (شکل ۱). نتایج توالی یابی نشان داد که قطعه تکثیر یافته شامل ۵۸۱ جفت باز و همان قطعه مورد نظر بوده و با توالی مرجع موجود در وب سایت های بیولوژیکی مشابه است. تطبیق تمام توالی ها چندشکلی در این منطقه در میان نمونه ها نشان نداد. بیان *BMP 15* در میان میش های باردار بالاتر از میش های غیر باردار بود (شکل ۲)، اما این تفاوت از لحاظ آماری معنی دار نبود. به منظور بررسی متیلاسیون پروموتور با استفاده از PCR حساس به متیلاسیون، محصولات تکثیری دو جفت آغازگر یعنی محصولات آغازگرهای DNA تیمار نشده و آغازگر DNA تیمار شده با بیسولفیت، مقایسه شدند. DNA تیمار نشده تنها زمانی محصولات PCR تولید کرد که آغازگرهای ویژه نوع تیمار نشده مورد استفاده قرار گرفت و DNA تیمار شده (با بیسولفیت سدیم) فقط با آغازگرهای مرتبط تکثیر شد در حالی که با آغازگر عادی برای DNA تیمار نشده محصولی تولید نمود (شکل ۳). DNA تیمار شده با بیسولفیت سدیم تنها با آغازگرهای اختصاصی (شکل ۳) تکثیر شد. نوع DNA تیمار نشده هیچ محصولی را با این آغازگر تولید نکرد. این نشان می دهد که در DNA تیمار شده توسط بیسولفیت سدیم نوکلئوتیدهای C به طور



شکل ۳- محصولات PCR آغازگرهای اختصاصی برای DNA تیمار شده با بیسولفیت سدیم؛ از چپ به راست. اولین چاهک نشانگر DNA (۱۰۰bp)، در دو چاهک اول (A) DNA تیمار نشده هیچ محصولی را با این آغازگر تولید نکرد. چاهک شماره ۱ تا ۴ (B) DNA تیمار شده با بیسولفیت، که تولید محصول ۲۳۲ bp دارد.

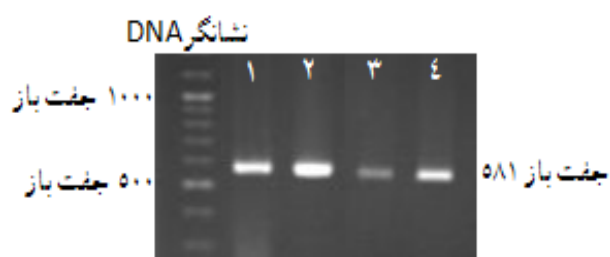
بحث

نتایج حاصل از توالی‌یابی نشان داد توالی‌های نواحی تکثیر یافته (۵۸۱ جفت‌باز) کاملاً مشابه و بدون تفاوت با توالی مرجع گوسفند در پایگاه داده‌های بیولوژیکی هستند. به نظر می‌رسد، پروموتور این ژن حفاظت شده باشد که شباهت بالای میان گونه‌های نزدیک به هم را نشان می‌دهد. با این حال، در مطالعه ما اندازه نمونه‌ها برای دستیابی به چنین نتیجه‌ای محدود بود. برای مشاهده تغییرات مربوطه مخصوصاً ال‌هایی که فراوانی پائینی دارند نیاز به اندازه بزرگ نمونه است. اما در مطالعه حاضر به دلیل اینکه هدف شناسایی ال‌های مختلف این ژن نبود تعداد بالای نمونه نیاز نبود. شباهت توالی این ژن در گوسفند و بز والی کشمیر حدود ۹۸ درصد گزارش شده است (Shabir et al. 2012). با توجه به حفاظت پروموتور ژن در داخل گونه‌ها و گونه‌های نزدیک، به نظر می‌رسد که بخش‌های تنظیمی بسیار محافظت شده بوده که برای عملکرد ثابت آن ضروری است. گزارش شده است که مناطقی از ژن در گونه‌های تک تخمک‌گذار بیش از حیوانات چند تخمک‌گذار حفاظت شده هستند (Monestier et al. 2014). در گونه‌های مختلف عناصر تنظیمی پروموتور تقریباً بین نوکلئوتیدهای ۳۵۷- تا ۴۶۰- از کدون آغاز واقع شده‌اند (Wan et al. 2015). برخی از این عناصر حاوی نوکلئوتید C در شکل ۴ نشان داده شده‌اند.

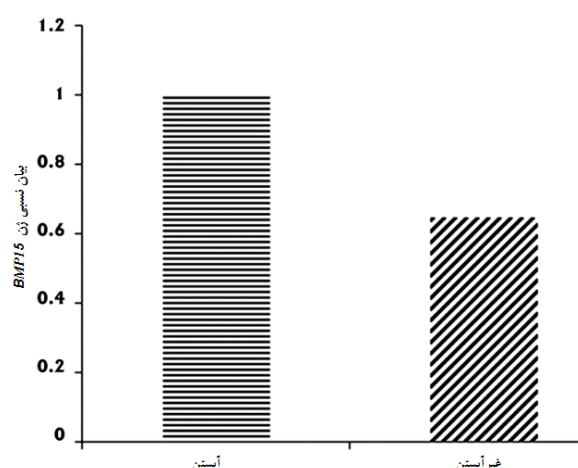
بیان *BMP 15 mRNA* در میش باردار بیشتر از میش غیر باردار بود، اما این تفاوت از نظر آماری معنی‌دار نبود (شکل ۲). با توجه

کامل به T تبدیل شده‌اند. به عبارت دیگر نشان می‌دهد که نوکلئوتیدهای C در این ناحیه متیله نبوده‌اند.

تعیین توالی نیز نشان داد که تمامی سیتوزین‌ها به تیمین تبدیل شده‌اند (شکل ۴). لذا هیچ یک از سیتوزین‌ها متیله نبوده‌اند، و این بدان معنی است که پروموتور *BMP15* حتی در کروموزوم X غیرفعال نیز از متیلاسیون فرار می‌کند زیرا در مطالعه ما هیچ‌گونه هتروزیگوسیتی از این نوکلئوتید در توالی‌ها مشاهده نشد. هنگامی که نوکلئوتید C در یک کروموزوم متیله اما بر روی کروموزوم دیگر غیر متیله باشد پس از تیمار با سدیم بیسولفیت نوکلئوتیدهای C غیرمتیله بدون تغییر باقی خواهند ماند، اما سیتوزین غیرمتیله به T تبدیل خواهند شد و در توالی هتروزیگوت C / T مشاهده خواهد شد.



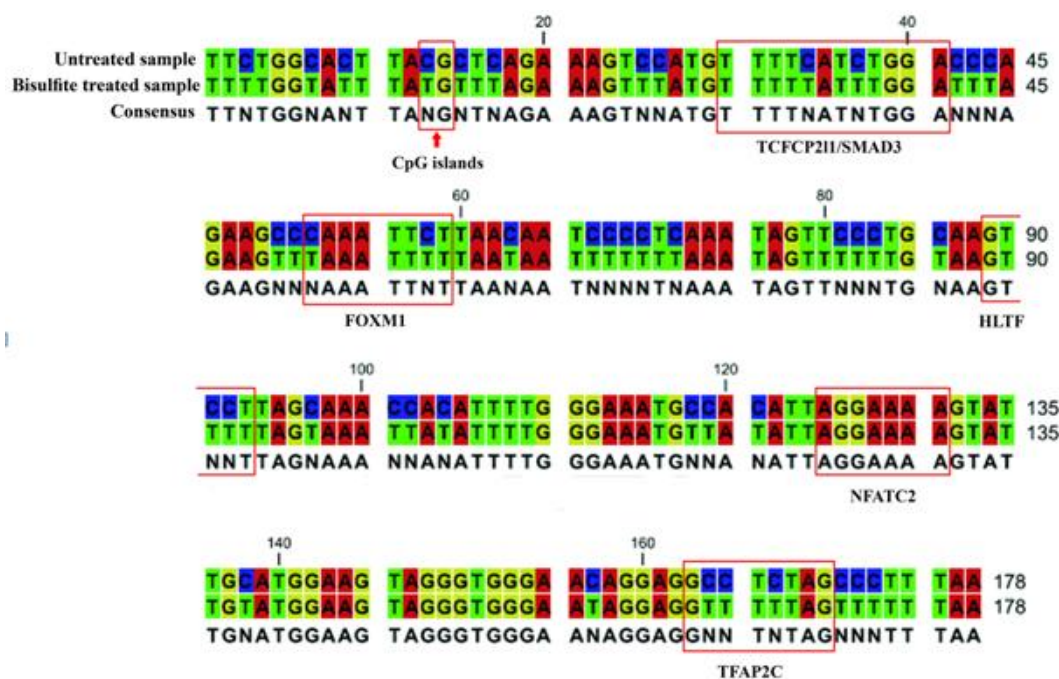
شکل ۱- محصولات PCR ناحیه پروموتور ژن *BMP15* بر روی ژل آغاز ۱/۵ درصد بارگذاری شد و باند ۵۸۱ جفت‌باز مورد انتظار مشاهده شد. چاهک اول نشانگر DNA (۱۰۰bp) و بقیه از چاهک یک تا چهار قطعه تکثیر شده می‌باشد.



شکل ۲- مقایسه نسبی بیان *BMP15* بین میش‌های باردار و غیر باردار؛ بیان این ژن در میش باردار بالاتر از میش‌های غیرباردار بود، اما این تفاوت از لحاظ آماری معنی‌دار نبود (میش‌های غیرآبستن به عنوان شاهد در مقایسه دو گروه در نظر گرفته شدند).

اثر *BMP15* بر بیان برخی از ژن‌های دیگر و برخی از اثرات آن‌ها بر تخمدان مشخص شده است (Chang et al. 2014; Fenwick et al. 2013)، اما همه مکانیسم‌های تاثیر آن به‌طور کامل شناخته نشده اند. در مطالعه انجام شده توسط (Bessa et al. 2013) تفاوت معنی‌داری در بیان *BMP15* در مراحل مختلف فولیکولی در گاو گزارش شده است. در حالی‌که (Pramod et al. 2013) نشان داده‌اند که در بز سیاه بنگال و Sirohi بیان این ژن در فولیکول‌های کوچک بیشتر از فولیکول‌های بزرگ است. هم‌چنین مطالعات نشان داده‌اند که این ژن بیان ژن‌های دیگر مرتبط با تولید مثل را تحت تاثیر قرار می‌دهد (Bessa et al. 2013; Chang et al. 2013; Fenwick et al. 2014). در زنان مبتلا به تخمدان پلی‌کیستیک بیان این ژن کاهش می‌یابد (Wei et al. 2014). نتایج این تحقیق و گزارش‌های حاصل از مطالعات دیگران نشان می‌دهد که برای روشن شدن نقش توامان *BMP15* در تولیدمثل اطلاعات بیشتری در مورد این ژن همراه با بیان هم‌زمان دیگر ژن‌ها در تخمدان، مورد نیاز است.

به اثرات متعدد *BMP15*، بیان مداوم این ژن ممکن است برای فعالیت تولیدمثلی طبیعی و اثرات مختلف ژن که از طریق گیرنده‌های آن در سلول‌های هدف کنترل می‌شود مورد نیاز باشد. به احتمال زیاد، بیان مستمر این ژن در تخمدان نه تنها برای رشد فولیکول و تخمک‌گذاری، بلکه برای حفظ جنین در میش لازم است. گزارش شده است که اثرات این ژن، تحریک رشد و بلوغ فولیکول‌ها، تنظیم عملکرد سلول گرانولوزا، جلوگیری از مرگ سلولی سلول‌های گرانولوزا و تحریک رقابت بلوغ فولیکولی می‌باشد. هم‌چنین مشخص شده است که *BMP15* دارای یک اثر هم‌افزایی با *GDF9* می‌باشد (Persani et al. 2014). گزارش‌ها نشان داده است که بیان این ژن با بلوغ تخمک و کیفیت جنین در انسان در ارتباط است (Li et al. 2014). یکی از اهداف این مطالعه ارزیابی بیان آل‌های مختلف *BMP15* بود، اما، هیچ چندشکلی در پروموتور این ژن مشاهده نشد. با این حال، برای بررسی این موضوع به تعداد نمونه بیش‌تری نیاز است. به‌رحال، (Shabir and Ganai 2012) در تعداد نمونه ۸۵ راس گوسفند در این ژن پلی‌مورفیسم مشاهده کردند.



شکل ۴- تطابق توالی محصول PCR در DNA تیمار نشده (توالی بالایی) و در DNA تیمار شده با بیسولفیت سدیم (توالی پایینی)؛ در توالی پایین همه سیتوزین‌ها از جمله توالی‌های مهم مناطق، TFAP2C، HLTf، FOXM1، TCFCP2L1 / SMAD3 و جزیره CPG، با تیمار با سدیم بیسولفیت به تیمین تبدیل شده است.

گزارشی که این موضوع را از دیدگاه مولکولی مورد بررسی قرار داده باشد، وجود ندارد. بهرحال، هنوز در موش و انسان نیز مشخص نشده است که آیا مشابه همین موضوع بر روی کروموزوم X غیر فعال اتفاق می افتد یا خیر. مطالعات نشان داده است که غیر فعال شدن کروموزوم X به خصوص در مناطق پروموتور با متیلاسیون همراه است (Sharp et al. 2011). بهرحال، نتایج این تحقیق نشان می دهد که جزایر CpG در اطراف توالی عوامل رونویسی (به عنوان مثال TFAP2C) که نقش کلیدی در کنترل بیان ژن دارند، متیله نشده است (شکل ۴). این موضوع نشان می دهد آلل های *BMP15* در هر دو کروموزوم X در رونویسی و در نتیجه تولیدمثل شرکت دارند، هم چنین می توان از نحوه دخالت آنها در تعیین فنوتیپ نیز این را استنباط کرد. به این ترتیب، اگر یکی از آلل های *BMP15* در کروموزوم غیر فعال، متیله باشد و آلل دیگر در کروموزوم فعال غیر متیله، C در جزایر CpG باید پس از تیمار با بیسولفیت سدیم به عنوان هتروزیگوت (C/T) دیده شود. اما، با توجه به نتایج بدست آمده، این مناطق از توالی DNA تیمار شده با بیسولفیت سدیم، هموزیگوت بوده و C به T تبدیل شده بود. این نشان می دهد که این ژن از متیلاسیون در کروموزوم X غیر فعال در امان می ماند. در این رابطه، فنوتیپ ژن *BMP15* مانند ژن *GDF9* است که بر روی کروموزوم اتوزوم واقع شده است. در کل، نتایج این پژوهش نشان داد که *BMP15* از متیلاسیون در کروموزوم X غیر فعال در گوسفند در امان می ماند. به همین دلیل افراد هتروزیگوت و هموزیگوت جهش یافته در میزان بیان ژن متفاوت بوده و این منجر به فنوتیپ متفاوت در آنها می شود. بنابراین، *BMP15* مانند پارالوگش (*GDF9*) رونویسی شده و افراد دارای ژنوتیپ هتروزیگوت جهش یافته این ژن، حیوانات باروری هستند که میزان تخمک گذاری بالاتری دارند در حالی که میش های هموزیگوت ال موتانت، عقیم می باشند.

منابع

Bernardino J, Lamoliatte E, Lombard M, Niveleau A, Malfoy B, Dutrillaux B and Bourgeois CA (1996) DNA methylation of the X chromosomes of the human female: an in situ semi-quantitative analysis. *Chromosoma* 104: 528-535.
Bessa IR, Nishimura RC, Franco MM and Dode MA (2013) Transcription profile of candidate genes for the

Chang et al. (2013) نشان دادند که در رده های سلولی گرانولوزای انسان، گیرنده اصلی فیزیولوژیکی برای *BMP15* بوده و *BMPR I* (*ALK6*) هیچ گونه نقشی ندارد. در حالی که در گوسفند مشاهده شده است که ژن *BMPR-IB* (*ALK6*) نقش کلیدی دارد چون آلل جهش یافته آن نقش عمده ای در ایجاد چندقلوایی ایفا می کند. هم چنین در انسان نشان داده شده است که *BMP15* باعث کاهش پروژسترون می شود (Chang et al. 2013). در مطالعه حاضر، انتظار بر این بود بیان این ژن در حیوانات باردار کمتر باشد، اما، میش های باردار سطح بالاتری از بیان mRNA ژن را بروز دادند هر چند تفاوت آماری بین دو گروه معنی دار نبود. به طور مشابهی، Li et al. (2014) گزارش کردند بیان mRNA ژن های *GDF9* و *BMP15* در نمونه های انسانی افراد باردار بیش تر از افراد غیر بارداری بوده است که آنها مورد بررسی قرار داده اند. (Sudiman et al. 2014) نشان دادند که پروتئین *BMP15* به ویژه نوع پروپروتئین آن برای توسعه بلاستوسیت لازم است. امروزه مشخص شده است که برخی از ژن ها از غیر فعال شدن (متیلاسیون) روی کروموزوم X غیر فعال (Cotton et al. 2015) فرار می کنند، اما تحقیقات کمی در مورد *BMP15* انجام شده است. در انسان و موش این ژن بر روی بازوی P کروموزوم X واقع شده است (Dube et al. 1998). در حالی که در گوسفند بر روی بازوی q واقع شده است (Farhadi et al. 2013) و نقش آن در فنوتیپ مانند ژن های (به عنوان مثال *GDF9*) است که بر روی کروموزوم های اتوزوم واقع شده اند. باور عمومی بر این است که ژن های بیش تری بر روی بازوی q نسبت به بازوی P از غیر فعال شدن در امان می مانند. بنابراین، از این منظر نیز احتمال زیادی وجود دارد که *BMP15* از غیر فعال شدن بر روی کروموزوم X غیر فعال در گوسفند در امان بماند. اما، بر اساس اطلاعاتی که تا کنون برای نویسندگان این مقاله در دسترس بوده است، هیچ گونه

acquisition of competence during oocyte growth in cattle. *Reproduction in Domestic Animals* 48: 781-789.
Chang HM, Cheng JC, Klausen C and Leung PC (2013) *BMP15* suppresses progesterone production by down-regulating *StAR* via *ALK3* in human granulosa cells. *Molecular Endocrinology* 27: 2093-2104.

- Chang HM, Cheng JC, Taylor E and Leung PC (2014) Oocyte-derived *BMP15* but not *GDF9* down-regulates connexin43 expression and decreases gap junction intercellular communication activity in immortalized human granulosa cells. *Molecular Human Reproduction* 20: 373-383.
- Cotton AM, Price EM, Jones MJ, Balaton BP, Kobor MS and Brown CJ (2015) Landscape of DNA methylation on the X chromosome reflects CpG density, functional chromatin state and X-chromosome inactivation. *Human Molecular Genetics* 24: 1528-1539.
- Davis GH (2005) Major genes affecting ovulation rate in sheep. *Genetics Selection Evolution* 37 Suppl 1 S11-S23.
- Dube JL, Wang P, Elvin J, Lyons KM, Celeste AJ and Matzuk MM (1998) The bone morphogenetic protein 15 gene is X-linked and expressed in oocytes. *Molecular Endocrinology* 12: 1809-1817.
- Farhadi A, Genuardo V, Perucatti A, Hafezian SH, Rahimi-Mianji G, De LL, Parma P, Iannuzzi L and Iannuzzi A (2013) Comparative *FISH* mapping of *BMP1B*, *BMP15* and *GDF9* fecundity genes on cattle, river buffalo, sheep and goat chromosomes. *Journal of Genetics* 92: 595-597.
- Fenwick MA, Mora JM, Mansour YT, Baithun C, Franks S and Hardy K (2013) Investigations of *TGF-beta* signaling in preantral follicles of female mice reveal differential roles for bone morphogenetic protein 15. *Endocrinology* 154: 3423-3436.
- Hanrahan JP, Gegan SM, Mulsant P, Mullen M, Davis GH, Powell R and Galloway SM (2004) Mutations in the genes for oocyte-derived growth factors *GDF9* and *BMP15* are associated with both increased ovulation rate and sterility in Cambridge and Belclare sheep (*Ovis aries*). *Biology of Reproduction* 70: 900-909.
- Hellman A and Chess A (2007) Gene body-specific methylation on the active X chromosome. *Science* 315: 1141-1143.
- Li Y, Li RQ, Ou SB, Zhang NF, Ren L, Wei LN, Zhang QX and Yang DZ (2014) Increased *GDF9* and *BMP15* mRNA levels in cumulus granulosa cells correlate with oocyte maturation, fertilization, and embryo quality in humans. *Reproductive Biology and Endocrinology* 12: 81.
- Minkovsky A, Sahakyan A, Rankin-Gee E, Bonora G, Patel S and Plath K (2014) The Mbd1-Atf7ip-Setdb1 pathway contributes to the maintenance of X chromosome inactivation. *Epigenetics.Chromatin* 7: 12.
- Monestier O, Servin B, Auclair S, Bourquard T, Poupon A, Pascal G and Fabre S 2014. Evolutionary Origin of Bone Morphogenetic Protein 15 and Growth and Differentiation Factor 9 and Differential Selective Pressure Between Mono- and Poly-Ovulating Species. *Biology of Reproduction* 4:83.
- Nicholls PK, Harrison CA, Gilchrist RB, Farnworth PG and Stanton PG (2009) Growth differentiation factor 9 is a germ cell regulator of Sertoli cell function. *Endocrinology* 150: 2481-2490.
- Otsuka F, McTavish KJ, and Shimasaki S (2011) Integral role of *GDF-9* and *BMP-15* in ovarian function. *Molecular Reproduction and Development* 78: 9-21.
- Pappas J J, Toulouse A and Bradley WEC 2013. The bisulfite genomic sequencing protocol. *Advances in Lung Cancer* 2: 21-25.
- Persani L, Rossetti R, Di PE, Cacciatore C and Fabre S (2014) The fundamental role of bone morphogenetic protein 15 in ovarian function and its involvement in female fertility disorders. *Human Reproduction Update* 1-15.
- Pramod RK, Sharma SK, Singhi A, Pan S and Mitra A (2013) Differential ovarian morphometry and follicular expression of *BMP15*, *GDF9* and *BMP1B* influence the prolificacy in goat. *Reproduction in Domestic Animals* 48: 803-809.
- Shabir M and Ganai TA (2012) Nucleotide sequencing and DNA polymorphism studies of *BMP 15* gene in Corriedale and local Kashmir valley sheep (*Ovis aries*). *Gene* 499: 231-235.
- Sharp AJ, Stathaki E, Migliavacca E, Brahmachary M, Montgomery SB, Dupre Y and Antonarakis SE (2011) DNA methylation profiles of human active and inactive X chromosomes. *Genome Research* 21: 1592-1600.
- Sudiman J, Sutton-McDowall ML, Ritter LJ, White MA, Mottershead DG, Thompson JG and Gilchrist RB (2014) Bone morphogenetic protein 15 in the pro-mature complex form enhances bovine oocyte developmental competence. *PLoS One* 9: 103563.
- Wan Q, Wang Y and Wang H (2015) Identification and Analysis of Regulatory Elements in Porcine Bone Morphogenetic Protein 15 Gene Promoter. *International Journal of Molecular Sciences* 16: 25759-25772.
- Wei LN, Huang R, Li LL, Fang C, Li Y and Liang XY 2014. Reduced and delayed expression of *GDF9* and *BMP15* in ovarian tissues from women with polycystic ovary syndrome. *The Journal of Assisted Reproduction and Genetics* 31: 1483-1490.