https://doi.org/10.60043/2949-5938-2023-1-42-52



Увеличение экспрессии генов *HOXA10* и *HOXA11* в стромальных клетках эндометрия при гипоксии зависит от активности системы деметилирования ДНК

М.А. Кулебякина¹, А.С. Смирнова¹, В.С. Попов^{1,2}, Р.Ю. Еремичев², П.И. Макаревич^{1,2}

- Факультет фундаментальной медицины ФГБОУ ВО «Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова», 119192, г. Москва, Ленинские горы, 1, Россия
- ² Институт регенеративной медицины Медицинского научно-образовательного центра ФГБОУ ВО «Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова», 119192, г. Москва, Ленинские горы, 1, Россия

Адрес для корреспонденции: coolebyakina@gmail.com

Аннотация

Целью работы было проверить, изменяется ли уровень экспрессии генов *Hoxa10* и *Hoxa11*, специфичных для эндометрия, в матке мыши после родового повреждения эндометрия, а также предположить механизм, по которому экспрессия данных генов может возрастать в стромальных клетках эндометрия в результате повреждения.

Методы. В исследовании использовали молодых (возрастом 8–10 недель) мышей дикого типа инбредной линии C57BL6; экспрессию генов *Hoxa10* и *Hoxa11* в тканях матки оценивали до родов, а также спустя 4 и 24 ч после родов. Гипоксию моделировали *in vitro* в первичных культурах стромальных клеток эндометрия человека добавлением 200 мМ CoCl₂. Ингибирование системы активного деметилирования ДНК проводили с использованием ингибитора Bobcat339. Оценку уровня экспрессии генов *Hoxa10 (HOXA10)* и *Hoxa11 (HOXA11)* проводили методом ПЦР в реальном времени, сопряженной с обратной транскрипцией, а также методом вестерн-блоттинга.

Результаты. В течение первых суток после родов в тканях матки мыши возрастает экспрессия генов *Ноха10* и *Ноха11*. В стромальных клетках человеческого эндометрия при моделировании гипоксии возрастает экспрессия генов *НОХА10* и *НОХА11*, а ингибирование системы активного деметилирования ДНК препятствует возрастанию экспрессии данных генов в модели гипоксии.

Заключение. Впервые получены данные о том, что экспрессия генов *Hoxa10* и *Hoxa11* возрастает в матке мыши после повреждения эндометрия в модели *in vivo*. Кроме того, в экспериментах *in vitro* показано, что апрегуляция данных генов в результате повреждения может обуславливаться изменением их экспрессии в стромальных клетках эндометрия, которая, в свою очередь, может быть вызвана гипоксией и вызываемыми ей эпигенетическими изменениями, связанными с работой системы активного деметилирования ДНК.

Ключевые слова: эндометрий, гомеозисные гены, эпигенетика, регенерация, гипоксия **Конфликт интересов:** авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Для цитирования: Кулебякина М.А., Смирнова А.С., Попов В.С., Еремичев Р.Ю., Макаревич П.И. Увеличение экспрессии генов *НОХА10* и *НОХА11* в стромальных клетках эндометрия при гипоксии зависит от активности системы деметилирования ДНК. *Регенерация органов и тканей.* 2023;1(1):42–52. https://doi.org/10.60043/2949-5938-2023-1-42-52

Поступила 20.04.2023 Обработана 29.06.2023 Принята к публикации 25.07.2023

Increased expression of *HOXA10* u HOXA11 in endometrial stroma cells under hypoxia depends on activity of the DNA demethylation system

Maria A. Kulebyakina¹, Anastasia S. Smirnova¹, Vladimir S. Popov^{1,2}, Roman Yu. Eremichev², Pavel I. Makarevich^{1,2}

- ¹ Faculty of Medicine, M.V. Lomonosov Moscow State University, 119192, Moscow, Leninskiye Gory, 1,
- ² Institute for Regenerative Medicine, M.V. Lomonosov Moscow State University, 119192, Moscow, Leninskiye Gory, 1, Russia

Correspondence address: coolebyakina@gmail.com

Abstract

Aim. The work was aimed to test whether the expression levels of endometrial-specific Hoxa10 and Hoxa11 genes in the mouse uterus change after endometrial injury caused by giving birth, and to suggest a mechanism by which these genes can be upregulated in endometrial stromal cells after injury.

Methods. The study was performed using young (8–10 weeks old) wild-type mice of the C57BL6 line; Hoxa10 and Hoxa11 gene expression in uterine tissues was assessed before delivery, as well as 4 hours and 24 hours after delivery were also used in the work. Hypoxia was modeled in vitro using human endometrial stromal cells by adding 200 mM CoCl₂. Inhibition of DNA active demethylation system was performed using the Bobcat339 inhibitor. The level of expression of the Hoxa10 (HOXA10) and Hoxa11 (HOXA11) genes was assessed by real-time PCR coupled with reverse transcription, as well as by Western blotting.

Results. During the first day after birth, both *Hoxa10* and *Hoxa11* gene expression increases in mouse uterine tissues. In the stromal cells of the human endometrium, during hypoxia modeling, HOXA10 and HOXA11 gene expression increases, and inhibition of the active DNA demethylation system prevents noted increase in the hypoxia model.

Conclusion. We have shown for the first time that the Hoxa10 and Hoxa11 gene expression increases in vivo in the mouse uterus after endometrial damage, and also demonstrated in in vitro experiments that upregulation of these genes in endometrial stromal cells after damage can be caused by hypoxia-induced epigenetic changes associated with the operation of the active DNA demethylation system.

Keywords: endometrium, homeotic genes, epigenetics, regeneration, hypoxia

Conflict of interest: the authors declare no conflict of interest.

For citation: Kulebyakina M.A., Smirnova A.S., Popov V.S., Eremichev R.Yu., Makarevich P.I. Increased expression of HOXA10 и HOXA11 in endometrial stroma cells under hypoxia depends on activity of the DNA demethylation system. Tissue and organ regeneration. 2023;1(1):42-52. https://doi.org/10.60043/2949-5938-2023-1-42-52

Received 20.04.2023 Revised 29.06.2023 Accepted 25.07.2023

ОРИГИНАЛЬНЫЕ СТАТЬИ

М.А. Кулебякина, А.С. Смирнова, В.С. Попов, Р.Ю. Еремичев, П.И. Макаревич Экспрессия генов HOXA в стромальных клетках эндометрия

Список сокрашений:

ДНК — дезоксирибонуклеиновая кислота

ДСН — додецилсульфат натрия

OT-ПЦР — полимеразная цепная реакция в реальном времени, совмещенная с обратной транскрипцией

СК — стромальные клетки

ТБСТ — трис-буферный раствор с добавлением детергента Твин 20 (tris-buffered saline tween-20)

Трис (TRIS) — трис(гидроксиметил)аминометан (tris(hydroxymethyl)aminomethane)

ПВДФ — поливинилиденфторид

ПМСФ — фенилметилсульфонилфторид

BSA (БСА) — бычий сывороточный альбумин (bovine serum albumin)

DMEM (Dulbecco's modified Eagle's Medium) — культуральная среда Игла, модифицированная Дульбекко

HIF — фактор, индуцируемый гипоксией (hypoxia inducible factor)

НОХ — НОХ-гены человека

Нох — Нох-гены мыши

 β -МЭ — β -меркаптоэтанол

Введение

Эндометрий — ткань, обладающая способностью к многократной регенерации после повреждения в ходе менструального цикла, родов или хирургических вмешательств. Заживление эндометрия требует строгой последовательности таких событий, как дифференцировка стромальных и эпителиальных прогениторов, миграция клеток, прорастание и стабилизация сосудистых структур, накопление межклеточного матрикса и его ремоделирование. Все перечисленные процессы регулируются и координируются стромальными клетками, которые, таким образом, являются ключевыми участниками процесса регенерации эндометрия.

Ранее нами была выдвинута гипотеза о том, что для успешной регенерации важна активность тканеспецифичных генов Нох, а конкретно в эндометрии — Hoxa10 и Hoxa11 [1]. Семейство Нох — группа транскрипционных факторов, регулирующих в эмбриогенезе формирование паттерна тела многоклеточных животных. В ходе эмбрионального развития экспрессия генов Нох активируется при сегментации мезодермы и строго соответствует пространственному расположению данной части тела [2–4]. Аналогичные эмбриональным тканеспецифические паттерны экспрессии генов Нох сохраняются на протяжении всей жизни в клетках взрослого организма [5–7], однако функциональная роль постнатальной экспрессии генов Нох в стромальных клетках пока остается неясной. Долгое время считалось, что роль ее сводится к сохранению «позиционной» информации в клетках той или иной ткани или части тела. Тем не менее в последние годы накапливаются данные о важности тканеспецифичной экспрессии генов *Нох* в постнатальный период для успешного заживления и регенерации тканей [8–11].

Известно, что у человека и мыши экспрессия генов *HOXA10* и *HOXA11* (*Hoxa10* и *Hoxa11* у мыши) сохраняется в стромальных клетках эндометрия и регулируется стероидными гормонами (эстрадиолом и прогестероном) в течение менструального/эстрального цикла [12]. Тем не менее данных относительно изменения экспрессии генов Нох в эндометрии, вызванного повреждением, на данный момент нет. В настоящей работе было проверено, изменяется ли экспрессия генов Hoxa10 и Hoxa11 в матке мыши in vivo (на модели родового повреждения эндометрия) и in vitro в стромальных клетках эндометрия человека в модели гипоксии, а также показано существование эпигенетического механизма, регулирующего экспрессию генов НОХ в стромальных клетках эндометрия при повреждении.

Материалы и методы исследования

Работа с животными

В работе использованы мыши дикого типа инбредной линии C57BL6. При проведении экспериментов соблюдали «Правила проведения работ

с использованием экспериментальных животных», приказ Министерства среднего и высшего специального образования СССР № 742 от 13.11.1984 и нормы, утвержденные Комиссией по биоэтике факультета фундаментальной медицины МГУ им. М. В. Ломоносова. В работе использовали самок в возрасте 8-10 недель. Датируемую беременность получали, ссаживания двух самок с одним самцом на трое суток; самок, имеющих вагинальные пробки, отсаживали и судили о развитии беременности у них по прибавке в весе в течение недели. Далее на разных сроках после родов, а также до родов самок умерщвляли введением летальной дозы анестезии и забирали у них матки. Экспериментальной точке «до родов» соответствует начало 19 суток с момента обнаружения у самки вагинальной пробки (предполагаемая дата родов).

Ведение клеточных культур

Стромальные клетки (СК) эндометрия выделяли из менструального отделяемого молодых (20-35 лет) здоровых доноров методом центрифугирования в градиенте плотности (пример протокола приведен в работе [13]). В работе использовали клетки первичной культуры стромальных клеток эндометрия человека не позднее пятого пассажа. Клетки культивировали в CO₂-инкубаторе при 37 °C и 7% CO₂, в качестве среды культивирования использовали DMEM Low glucose (Thermo Fisher Scientific, США) с добавлением 10% фетальной бычьей сыворотки (Cytiva, США), 1% раствора глютамина (GlutaMax, Thermo Fischer Scientific, США) и 1% коммерческого раствора пенициллина и стрептомицина (PenStrep, Thermo Fisher Scientific, США). Каждые 2-3 дня среду культивирования полностью заменяли на свежую. При пересеве оценивали количество клеток и их выживаемость методом подсчета в камере Горяева с окрашиванием трипановым синим (Sigma-Aldrich, США). Для проведения экспериментов клетки растили до 80% конфлюентности.

Моделирование гипоксии in vitro

Для моделирования гипоксии in vitro использовали хлорид кобальта (II) (CoCl₂). CoCl₃ стабилизирует транскрипционные факторы HIF-1a и HIF-2α, индуцируемые при гипоксии и активирующие экспрессию генов, отвечающих за выживание клеток, их пролиферацию, контроль метаболических процессов [14]. К клеткам добавляли CoCl₂ до концентрации 200 мкМ, после чего клетки культивировали в течение 12, 16, 20 либо 24 ч. Об успешности активации НІГ судили на основании вестерн-блоттинга с использованием антител, специфичных к HIF-1a (рис. 1А).

Ингибирование ферментов семейства Тет

В работе использовали селективный ингибитор ферментов семейства ТЕТ — Bobcat 339 (SML 2611, Sigma-Aldrich, США) [15, 16]. К культуре клеток добавляли Bobcat339 до концентрации 80 мкМ, после клетки культивировали в течение 12, 16, 20 либо 24 ч. Для оценки эффективности ингибирования ТЕТ проводили дот-блоттинг клеточных лизатов с использованием антител (Abcam, Великобритания), специфичных к продукту реакции, катализируемой ферментами семейства TET, — 5-гидроксиметилцитозину (рис. 1Б).

Иммуноблоттинг

Вестерн-блоттинг проводили по методу Тоубина [17]. Электроперенос белков на нитроцеллюлозную мембрану проводили в течение часа

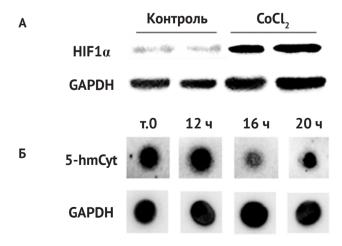


Рис. 1. Результаты иммуноблоттинга образцов СК эндометрия. A — оценка эффективности стабилизации HIF1α в стромальных клетках эндометрия человека под действием CoCl₃. Иммуноблоттинг. Контроль — образцы СК эндометрия, культивированных без добавления CoCl₂; CoCl₂ – образцы СК эндометрия, культивированных в присутствии CoCl, в течение суток; Б — оценка успешности ингибирования ферментов ТЕТ под действием Bobcat339. Дот-блоттинг. 5-hmCyt — 5-гидроксиметилцитозин; т.0 — начальная точка эксперимента (клетки без добавления ингибитора); 12 ч, 16 ч и 20 ч - клетки после инкубирования с Bobcat339 в течение 12, 16 и 20 часов соответственно

при постоянном напряжении 100 В в 25 мМ Трис-НСІ буфере, рН 8,3, содержащем 192 мМ глицина и 20% этанола (по объему). Перед проведением иммунохимического окрашивания осуществляли блокировку мест неспецифического связывания белков на мембране в 5% растворе сухого обезжиренного молока на ТБСТ (20 мМ Трис-HCl, рН 7,6, содержащий 150 мМ NaCl и 0,1% Tween 20) при комнатной температуре в течение 30 минут, постоянно перемешивая. Затем мембрану инкубировали при +4 °C в течение ночи в растворе антител, специфичных к Hoxa10 (sc-271428, Santa Cruz Biotech, США; разведение антител 1:500), к Ноха11 (ab72591, Abcam, Великобритания; разведение 1:1000), к Hif1a (ab2185, Abcam, Великобритания; разведение 1:2000), а также к Gapdh (2118, Cell Signaling Technology, США; разведение 1:1000). Далее мембрану отмывали в растворе ТБСТ и инкубировали в растворе антимышиных либо антикроличьих поликлональных антител, конъюгированных с пероксидазой хрена (анти-мышиные антитела — A9044, Sigma-Aldrich, США; разведение 1:20 000; антикроличьи антитела — A16096, Invitrogen, США: разведение 1:5000), на 5% молоке в ТБСТ в течение 1 часа при комнатной температуре. От несвязавшихся вторичных антител мембраны также отмывали раствором ТБСТ. Для детекции сигнала использовали хемилюминесцентный субстрат Clarity либо Clarity Max (Bio-Rad, США), измеряли хемилюминесценцию мембраны на приборе Chemidoc Touch (Bio-Rad, США). При проявке мембран ориентировались на положение белковых полос относительно маркеров и убеждались, что они соответствуют ожидаемым (Gapdh - 37 кДа, Hif1 α - 120 кДа, Hoxa10 - 38 кДа, Hoxa11 - 40 кДа, по данным производителей антител).

ПЦР в реальном времени (ОТ-ПЦР)

Выделение РНК из образцов маток мышей проводили с использованием реагента Extract RNA («Евроген», РФ). Выход и чистоту препарата РНК оценивали спектрофотометрически на приборе NanoDrop (Thermo Scientific, США). Обратную транскрипцию проводили с использованием коммерческого набора MMLV RT Kit (Евроген, РФ) на амплификаторе Mastercycler nexus gradient (Ерреndorf, Германия). Анализ экспрессии генов методом ПЦР в реальном времени проводили с использованием коммерческого реактива qPCRmix-HS SYBR+LowROX («Евроген», РФ) на амплификаторе Bio-Rad Real-Time

CFX96 Touch (BioRad, США). Последовательности праймеров, использованные в работе:

- для гена 36b4 мыши прямой праймер 5'-GCTC-CAAGCAGATGCAGCA-3', обратный праймер 5'-CCGGATGTGAGGCAGCAG-3';
- для гена Hoxa10 мыши прямой праймер 5'-CT-GCCGCGAACTCCTTTTTG-3', обратный праймер 5'-GCTTCATTACGCTTGCTGCC-3';
- для гена *Hoxall* мыши прямой праймер 5'-AATGGCTGTGGAGTGTGG-3', обратный праймер 5'-CTCTCAGGCTCTTGGAAGG-3';
- для гена 36В4 человека прямой праймер 5'-CGACCTGGAAGTCCAACTAC-3', обратный праймер 5'-ATCTGCTGCATCTGCTTG-3';
- для гена *HOXA10* человека прямой праймер 5'-GGTTTGTTCTGACTTTTTGTTTCT-3', обратный праймер 5'-TGACACTTAGGACAATATC-TATCTCTA-3';
- для гена *HOXA11* человека прямой праймер 5'-AGTTCTTTCTTCAGCGTCTACATT-3', обратный праймер 5'-TTTTTCCTTCATTCTCCT-GTTCTG-3'.

Статистическая обработка данных

В статье приведены репрезентативные результаты, воспроизводящиеся в трех независимых экспериментах (n = 3). Для проверки значимости различий нормированной экспрессии генов, измеренной методом ПЦР в реальном времени, использовали критерий Манна — Уитни. Различия результатов считали статистически значимыми при p < 0.05.

Результаты

Экспрессия генов *Ноха10* и *Ноха11* возрастает в матке мыши после родов

Впервые получены данные о том, что в течение первых суток после родов в тканях матки мыши возрастает экспрессия генов *Ноха10* и *Ноха11* (рис. 2). Согласно полученным результатам, уровень транскрипции гена *Ноха10* возрастает в течение первых четырех часов после родов, а накопление белкового продукта Ноха10 в тканях матки мыши происходит позднее — к 24 часам после родов. Сравнительно высокое содержание белка Ноха10 в матке в предродовой период объясняется присутствием в лизате матки до родов значительного количества плаценты, для которой характерна высокая экспрессия Ноха10 [18].

В случае Ноха11 уже к первым четырем часам после родов в тканях матки возрастает содержание как транскриптов, так и белкового продукта.

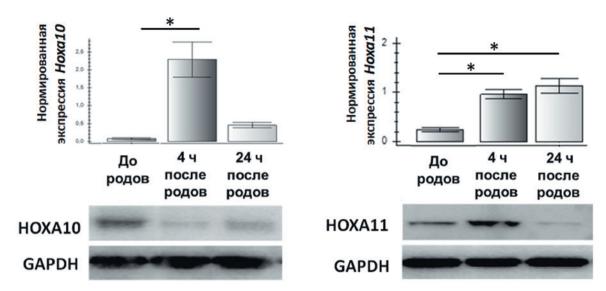


Рис. 2. Экспрессия Hoxa10 и Hoxa11 на уровне мРНК и белка в тканях матки мыши в день предполагаемой даты родов, а также спустя $4 \, \text{ч}$ и спустя $24 \, \text{ч}$ после родов. Результаты OT-ПЦР (гистограммы) и иммуноблоттинга. *p < 0.05

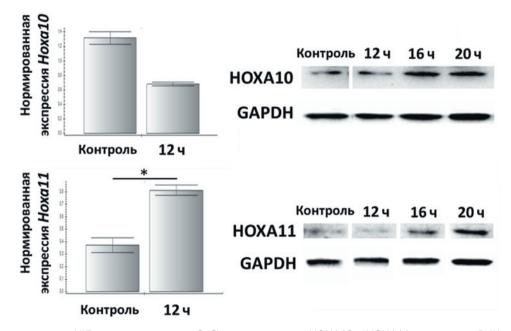


Рис. 3. Влияние активации HIF с использованием $CoCl_2$ на экспрессию HOXA10 и HOXA11 на уровне мРНК и белка в СК эндометрия. Результаты OT-ПЦР (гистограммы) и иммуноблоттинга. *p < 0,05

Экспрессия генов *HOXA10* и *HOXA11* возрастает в стромальных клетках эндометрия в модели гипоксии

Гипоксию моделировали *in vitro*, взяв за основу широко распространенную методику с использованием хлорида кобальта (II) (CoCl $_2$). К клеткам добавляли CoCl $_2$ до концентрации 200 мкМ и спустя 12 часов измеряли в них экспрессию генов *HOXA10* и *HOXA11* методом ОТПЦР. Кроме того, спустя 12, 16 либо 20 ч после

добавления ${\rm CoCl}_2$ оценивали содержание белков HOXA10 и HOXA11 в клеточных лизатах. Результаты приведены на рисунке 3.

По полученным данным можно заключить, что влияние CoCl_2 на экспрессию генов HOXA10 и HOXA11 различается. Так, для HOXA10 через 12 часов после добавления CoCl_2 количество белкового продукта оставалось практически неизменным и увеличивалось спустя 16 часов

(рис. 3, верхний ряд). В случае с HOXA11 по истечении 12 часов после добавления CoCl_2 уровень мРНК возрастал, а спустя 16 и 20 часов в клетках возрастало и содержание белка HOXA11 (рис. 3, нижний ряд).

Активность ферментов семейства ТЕТ необходима для возрастания экспрессии генов *НОХА10* и *НОХА11* в стромальных клетках эндометрия в модели гипоксии

Чтобы проверить, участвуют ли ферменты семейства ТЕТ в процессе возрастания экспрессии HOXA10 и HOXA11 в in vitro модели гипоксии, одновременно с моделированием гипоксии добавляли к клеткам эндометрия селективный ингибитор ферментативной активности белков Tet (Bobcat339). Экспрессию генов HOXA10 и HOXA11 в клетках оценивали по накоплению белковых продуктов, которое измеряли методом иммуноблоттинга аналогично описанному ранее. Полученные результаты приведены на рисунке 4. По результатам иммуноблоттинга видно, что само по себе добавление Bobcat339 к стромальным клеткам эндометрия приводит к увеличению количества белков НОХА10 (на 12 часов) и НОХА11 (на 16 и 20 часов). Однако при добавлении Bobcat339 одновременно с $CoCl_2$ наблюдается снижение экспрессии HOXA10 и HOXA11, вызываемое $CoCl_2$.

Обсуждение

Эндометрий человека и мыши — уникальный пример ткани, обладающей способностью к многократной регенерации. Изучение механизмов регенерации эндометрия необходимо для установления способов управлять заживлением других тканей и органов.

Данная работа посвящена вопросам заживления эндометрия после повреждения, а конкретно - возможной роли в этих процессах генов Ноха10 и Ноха11, специфичных для эндометрия. Для понимания, изменяется ли экспрессия этих генов в тканях матки по механизмам, не связанным с действием половых гормонов, нами было предложено использовать модель родового повреждения эндометрия у мыши. Известно, что у мыши в течение первых суток после родов, когда идет активное заживление эндометрия, уровень прогестерона и эстрадиола остается стабильно низким [19], а следовательно, они мало влияют на экспрессию изучаемых генов Нох. Поэтому данная модель позволяет исключить влияние меняющегося гормонального фона и, та-

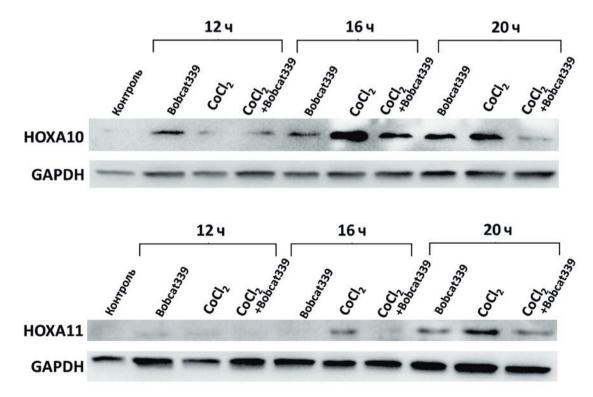


Рис. 4. Влияние добавления ингибитора ТЕТ на возрастание экспрессии белков HOXA10 и HOXA11, вызванное добавлением CoCl., в стромальных клетках эндометрия человека. Иммуноблоттинг

ким образом, сосредоточиться на изменениях экспрессии генов *Hoxa10* и *Hoxa11*, вызванных именно повреждением эндометрия.

В работе впервые получены данные о том, что экспрессия специфических для эндометрия генов Ноха10 и Ноха11 активируется в тканях матки мыши в ответ на повреждение. Следует отметить, что накопление белка Ноха11 происходило раньше, чем Ноха10. Это расходится с хорошо известными данными о том, что при экспрессии смежных генов Нох одного локуса в первую очередь происходит экспрессия генов с меньшим номером [2]. В данной модели, по всей видимости, активация экспрессии генов Ноха10 и Ноха11 в матке происходит по различным механизмам. К 24 часам после родов в тканях матки мыши содержание белкового продукта Ноха11 снижается несмотря на то, что уровень транскрипции гена Ноха11 остается повышенным. Это можно объяснить вкладом механизмов регуляции экспрессии Ноха11 на уровне мРНК (например, микроРНК), или повышением уровня протеасомной деградации белка Ноха11.

Какие стимулы способны активировать экспрессию Ноха10 и Ноха11 в тканях матки при ее повреждении? Из литературы известно, что родовое повреждение эндометрия сопровождается локальной гипоксией [20], которая приводит к значительному изменению экспрессионного профиля в клетках по механизму, связанному с активацией транскрипционного фактора Hif1α. Rytkonen и его коллеги в 2020 году методом транскриптомного анализа установили, что в иммортализованных стромальных клетках человеческого эндометрия при гипоксии наблюдается повышение экспрессии генов НОХА10 и НОХА11 [21]. На основе анализа литературы нами был предположен механизм, за счет которого активация транскрипционного фактора HIF1α может приводить к обнаруженному нами возрастанию экспрессии генов НОХА10 и НОХА11 (рис. 5). Известно, что в постнатальный период экспрессия генов семейства Нох в стромальных клетках в значительной степени подавлена за счет работы комплекса Polycomb [22]. Данный комплекс способствует метилированию остатков цитозина в промоторных участках большого набора генов, что приводит к снижению экспрессии данных генов. Следовательно, для возрастания экспрессии генов семейства Нох в постнатальный период требуется работа системы деметилирования,

При повреждении эндометрия: Гипоксия →↑HIFs → ↑Активность ↑НОХА10 и/или НОХА11 ТЕТ

Рис. 5. Предполагаемый механизм возрастания экспрессии генов *Hoxa10* и *Hoxa11* при гипоксии, вызванной повреждением эндометрия

которая приводит к удалению метильных групп с остатков цитозина в ДНК. Ключевыми ферментами системы деметилирования являются белки семейства ТЕТ. Показано, что возможна активация экспрессии ферментов семейства ТЕТ под действием фактора НІГ [23, 24]. Исходя из этого, нами было выдвинуто предположение, что повышение уровня экспрессии генов НОХА10 и НОХА11 при гипоксии может быть обусловлено влиянием ферментов ТЕТ, экспрессия которых, в свою очередь, активируется транскрипционными факторами НІГ. Данная гипотеза была проверена нами в модели гипоксии *in vitro* на культуре стромальных клеток человеческого эндометрия.

Результаты, полученные в модели гипоксии in vitro, позволяют заключить, что возрастание экспрессии генов НОХА10 и НОХА11 в ответ на стабилизацию HIF под действием CoCl, в стромальных клетках эндометрия опосредуется активацией ферментов ТЕТ. Следует отметить, что само по себе добавление Bobcat 339 к культуре стромальных клеток эндометрия приводит к противоположному эффекту — к возрастанию экспрессии генов НОХА10 (на 12 часов; рис. 4, верхняя панель) и НОХА11 (на 16 и 20 часов; рис. 4, нижняя панель). Это свидетельствует о том, что наблюдаемое снижение накопления Ноха10 и Ноха11 в клетках при одновременном добавлении CoCl, и Bobcat 339 не является результатом двух независимых механизмов действия Bobcat 339 и CoCl₂ на экспрессию данных генов.

Результаты, полученные в данной работе в *in vitro* модели гипоксии, во многом согласуются с нашими данными, полученными *in vivo*, относительно существования механизмов, приводящих к возрастанию экспрессии генов *Hoxa10* и *Hoxa11* в эндометрии в ответ на повреждение. Однако в случае моделирования гипоксии в культуре стромальных клеток человеческого эндометрия сначала наблюдалось возрастание

экспрессии НОХА10, а позднее - НОХА11. После родового повреждения, напротив, в тканях матки сначала повышается содержание белка Ноха11. Это можно объяснить тем, что на экспрессию генов Ноха10 и Ноха11 в тканях матки наряду с гипоксией могут влиять и другие вызванные повреждением стимулы, такие как воспаление, которые в нашей *in vitro* модели не были учтены. Кроме того, поскольку в работе были использованы гомогенизированные образцы мышиных маток, полученные данные позволяют судить лишь об изменении усредненных значений экспрессии генов Ноха10 и Ноха11 в тканях матки, что является несомненным ограничением настоящей работы. В дальнейших исследованиях планируется изучить динамику изменения экспрессии генов Ноха10 и Ноха11 в разных слоях матки, а также в разных типах клеток, составляющих матку (в частности, в стромальных клетках эндометрия и в эпителии).

Стоит также отметить, что полученные результаты указывают на различие в регуляции генов *Ноха10* и *Ноха11*. Говоря об эндометрии, данные гены, как правило, рассматривают как функционально дублирующие друг друга. Обнаруженные нами различия в регуляции данных генов свидетельствуют в пользу того, что гены *Ноха10* и *Ноха11* существенно различаются по свойствам и роли в процессах регенерации эндометрия.

Результаты настоящего исследования открывают возможность изучения новых механизмов регуляции экспрессии генов *Ноха10* и *Ноха11* в эндометрии, связанных не сдействием стероидных гормонов, а с ответом ткани на повреждения, а также позволяют предположить, что данные гены могут участвовать в регуляции процессов заживления эндометрия после повреждения по различающимся механизмам.

Литература

- Kulebyakina M, Makarevich P. Hox-Positive Adult Mesenchymal Stromal Cells: Beyond Positional Identity. Front Cell Dev Biol. 2020;8:624. DOI: 10.3389/fcell.2020.00624
- 2. Kmita M, Duboule D. Organizing axes in time and space; 25 years of colinear tinkering. Science. 2003;301:331–333. DOI: 10.1126/science.1085753
- 3. Lappin T, Grier D, Thompson A, Halliday H. HOX genes: seductive science, mysterious mechanisms. Ulster Med J. 2006 Jan;75(1):23–31. Erratum in: Ulster Med J. 2006 May;75(2):135. PMID: 16457401; PMCID: PMC1891803
- 4. Svingen T, Tonissen K. Hox transcription factors and their elusive mammalian gene targets. Heredity. 2006;97:88–96. DOI: 10.1038/sj.hdv.6800847
- 5. Chang H, Chi J-T, Dudoit S, Bondre C, van de Rijn M, Botstein D, et al. Diversity, topographic differentiation, and positional memory in human fibroblasts. Proc Natl Acad Sci USA. 2002;99: 2877–12882. DOI: 10.1073/pnas.162488599
- 6. Ackema K, Charité J. Mesenchymal stem cells from different organs are characterized by distinct topographic Hox codes. Stem Cells Dev. 2008;17:979–1091. DOI: 10.1089/scd.2007.0220
- 7. Picchi J, Trombi L, Spugnesi L, Barachini S, Maroni G, Brodano G, et al. HOX and TALE signatures specify human stromal stem cell populations from different sources. J Cell Physiol. 2013;228:879–889. DOI: 10.1002/jcp.24239
- 8. Uyeno L, Newman-Keagle J, Cheung I., Hunt T, Young D, Boudreau N. Hox D3 expression in normal and impaired wound healing. J Surg Res. 2001;100:46–56. DOI: 10.1006/jsre.2001.6174
- 9. Hansen S, Myers, C, Charboneau A, Young D, Boudreau N. HoxD3 accelerates wound healing in diabetic mice. Am J Pathol. 2003;163:2421–2431. DOI: 10.1016/S0002-9440(10)63597-3
- 10. Rux D, Song J, Pineault K, Mandair G, Swinehart I, Schlientz A et al. (2017). Hox11 function is required for region-specific fracture repair. J Bone Miner Res. 2017;32:1750–1760. DOI: 10.1002/jbmr.3166
- 11. Qu F, Palte I, Gontarz P, Zhang B, Guilak F. Transcriptomic analysis of bone and fibrous tissue morphogenesis during digit tip regeneration in the adult mouse. FASEB J. 2020; 34(7):9740-9754. DOI: 10.1096/fj.202000330R
- 12. Taylor H. The role of HOX genes in the development and function of the female reproductive tract. Semin Reprod Med. 2000;18:81–89. DOI: 10.1055/s-2000-13478

- 13. Eremichev R, Kulebyakina M, Alexandrushkina N, Nimiritsky P, Basalova N, Grigorieva O, et al. Scar-free healing of endometrium: tissue-specific program of stromal cells and its induction by soluble factors produced after damage. Front Cell Dev Biol. 2021;9:212. DOI: 10.3389/fcell.2021.616893
- 14. Munoz-Sanchez J, Chanez-Cardenas M. The use of cobalt chloride as a chemical hypoxia model. J App Toxicol. 2019;39(4):556–570. DOI: 10.1002/jat.3749
- 15. Chua G, Wassarman K, Sun H, Alp J, Jarczyk E, Kuzio N, et al. Cytosine-Based TET Enzyme Inhibitors. ACS Med Chem Lett. 2019;10(2):180–185. DOI: 10.1021/acsmedchemlett.8b00474
- Zhang X, Yang J, Shi D, Cao Z. TET2 suppresses nasopharyngeal carcinoma progression by inhibiting glycolysis metabolism. Canc Cell Int. 2020;20(1):1–14. DOI: 10.1186/s12935-020-01456-9
- 17. Towbin H, Staehelin T, Gordon J. Electrophoretic transfer of proteins from polyacrylamide gels to nitrocellulose sheets: procedure and some applications. Proc Natl Acad Sci USA. 1979;76(9):4350–4354. DOI: 10.1073/pnas.76.9.4350
- 18. Satokata I, Benson G, Maas R. Sexually dimorphic sterility phenotypes in Hoxa10-deficient mice. Nature. 1995;30(374(6521)):460–463. DOI: 10.1038/374460a0. PMID: 7700356
- Decatanzaro D, Muir C, Beaton E, Jetha M. Non-invasive repeated measurement of urinary progesterone, 17β-estradiol, and testosterone in developing, cycling, pregnant, and postpartum female mice. Steroids. 2004;69(10):687–696.
- 20. Yoshii A, Kitahara S, Ueta H, Matsuno K, Ezaki T. Role of uterine contraction in regeneration of the murine postpartum endometrium. Biol Reprod. 2014;91:32. DOI: 10.1095/biol-reprod.114.117929
- 21. Rytkönen K, Heinosalo T, Mahmoudian M, Ma X, Perheentupa A, Elo L, et al. Transcriptomic responses to hypoxia in endometrial and decidual stromal cells. Soc Reprod Fert. 2020;160(1):39–51. DOI: 10.1530/REP-19-0615
- 22. Schumacher A, Magnuson T. Murine Polycomb- and trithorax-group genes regulate homeotic pathways and beyond. Trends Genet. 1997;13(5):167–170. DOI: 10.1016/s0168-9525(97)01133-5
- 23. Zhu J, Wang K, Li T, Chen J, Xie D, Chang X, et al. Hypoxia-induced TET1 facilitates trophoblast cell migration and invasion through HIF1 α signaling pathway. Sci Rep, 2017;7:8077. 10.1038/s41598-017-07560-7
- 24. Tsai Y, Chen H, Chen S-Y, Cheng W-C, Wang H-W, Shen Z-J, et al. TET1 regulates hypoxia-induced epithelial–mesenchymal transition by acting as a co-activator. Genome Biol, 2014;15:513. DOI: 10.1186/s13059-014-0513-0

Об авторах

Кулебякина Мария Александровна — м.н.с. НИЛ генных и клеточных технологий кафедры биохимии Факультета фундаментальной медицины МГУ имени М.В. Ломоносова.

Смирнова Анастасия Сергеевна — студентка 2-го курса магистратуры по регенеративной биомедицине Факультета фундаментальной медицины МГУ имени М.В. Ломоносова.

Попов Владимир Сергеевич — к.б.н., заведующий лабораторией НИЛ трансляционной медицины Факультета фундаментальной медицины МГУ имени М.В. Ломоносова; в.н.с. Института регенеративной медицины Медицинского научно-образовательного центра МГУ имени М. В. Ломоносова.

Еремичев Роман Юрьевич — к.м.н., м.н.с. лаб. генно-клеточной терапии Института регенеративной медицины Медицинского научно-образовательного центра МГУ имени М. В. Ломоносова.

Макаревич Павел Игоревич — к.м.н., зав. лаб. генно-клеточной терапии Института регенеративной медицины Медицинского научно-образовательного центра МГУ имени М. В. Ломоносова; доцент кафедры биохимии Факультета фундаментальной медицины МГУ имени М. В. Ломоносова.

М.А. Кулебякина, А.С. Смирнова, В.С. Попов, Р.Ю. Еремичев, П.И. Макаревич Экспрессия генов HOXA в стромальных клетках эндометрия

Authors

Maria A. Kulebyakina — junior researcher at Gene and cellular technology research laboratory at Faculty of Medicine, M.V. Lomonosov Moscow State University.

Anastasia S. Smirnova — Master's student in Regenerative Biomedicine at Faculty of Medicine, M.V. Lomonosov Moscow State University.

Vladimir S. Popov — PhD, head of Translation medicine research laboratory at Faculty of Medicine, M.V. Lomonosov Moscow State University.; lead researcher at Institute for regenerative medicine, M.V. Lomonosov Moscow State University.

Roman Y. Eremichev — PhD, junior researcher at Gene and cell therapy laboratory, Institute for regenerative medicine, M.V. Lomonosov Moscow State University.

 $\label{eq:partial_problem} \textbf{Pavel I. Makarevich} - \text{MD}, \text{PhD}, \text{head of Gene and cell therapy laboratory, Institute for regenerative medicine, M.V. Lomonosov Moscow State University; assistant professor at Biochemistry and Regenerative Medicine department at Faculty of Medicine, M.V. Lomonosov Moscow State University.}$