

Candidate roles of two miR-383 and miR-380-3p in neural differentiation

Marzieh Moazeny¹, Zohreh Hojati^{1*}, Fariba Esmacili², Ali Salari^{3,4,5}

1. Department of Cell and Molecular Biology and Microbiology, Faculty of Biological Science and Technology, University of Isfahan, Isfahan, Iran.

2. Department of Plant and Animal Biology, Faculty of Biological Science and Technology, University of Isfahan, Isfahan, Iran.

3. Department of Stem Cells and Developmental Biology, Cell Science Research Center, Royan Institute for Stem Cell Biology and Technology, ACECR, Tehran, Iran.

4. Salari Institute of Cognitive and Behavioral Disorders (SICBD), Karaj, Alborz, Iran.

5. Systems Biology Research Lab, Bioinformatics Group, Systems Biology of the Next Generation Company (SBNGC), Qom, Iran.

(Received: 2020/05/2

Accepted: 2020/09/5)

Abstract

Background and Aims: MicroRNAs are reported as playing important roles in neural differentiation, but the complex mechanisms of neural differentiation are always a barrier to finding the significance of microRNAs in neural differentiation. Our hypothesis was that high-throughput techniques with systems biology network could be used to solve these complicated mechanisms. To this end, we made an attempt to candidate new microRNAs in neural differentiation mechanisms using high throughput and systems biology network approaches.

Materials and Methods: We utilized meta-analysis with five microarrays in both genes and microRNAs expression databases with R programming language. Then, we constructed protein-protein interaction (PPI) network from DEGs using GeneMania plug-in in Cytoscape environment. Also, to find miR that are in interaction with DEGs of neural differentiation, we used two TargetScan and miRTarBase databases. The results of two miR database were compared with the those of DE-miR and we finally reported some DE-miR that have interaction with DEGs in neural differentiation

Results: Our results showed that 443 DEGs and 148 DE-miR in neural differentiation process after meta-analysis of five databases. Next, the 443 DEGs were analyzed using two TargetScan and miRTarBase microRNAs database and the results revealed 252 miR, so 252 miR were compared with 148 DE-miR and the results indicated that only four miR 124, 29a, 383, and miR-380-3p were present in both lists. In addition, PPI network was constructed with 443 DEGs and the results of GO indicated four anterior posterior pattern specification, Neural tube development, Stem cells differentiation, and Forebrain development pathways. PPI network of four pathways are extracted and analyzed using four DE-miR candidates, and then two miR-383 and miR-380-3p were reported as candidate microRNAs to play a role in neural differentiation process.

Conclusion: Our results suggest that the two miR-383 and miR-380-3p play a role in neural differentiation process.

Keywords: Neural differentiation; Neural microRNAs; Bioinformatics; Microarrays meta-analyze; Systems Biology

*Corresponding author: Zohreh Hojati

Email: z.hojati@sci.ui.ac.ir

گزارش دو miRNA 383 و 380-3p به داشتن نقش در تمایز سلول‌های عصبی

مرضیه موذنی^۱، زهره حجتی^{۱*}، فریبا اسماعیلی^۲، علی سالاری^{۳،۴،۵}

۱. گروه زیست‌شناسی سلولی و مولکولی و میکروبیولوژی دانشکده علوم و فناوری‌های زیستی، دانشگاه اصفهان، اصفهان، ایران

۲. گروه زیست‌شناسی گیاهی و جانوری، دانشکده علوم و فناوری‌های زیستی، دانشگاه اصفهان، ایران

۳. پژوهشکده سلول‌های بنیادی، مرکز تحقیقات علوم سلولی جهاد دانشگاهی، پژوهشگاه رویان، تهران، ایران

۴. موسسه اختلالات رفتاری و شناختی سالاری، کرج، ایران

۵. آزمایشگاه بیوانفورماتیک زیست سامانه نسل جدید، قم، ایران

دریافت: ۱۳۹۹/۲/۱۳

پذیرش: ۱۳۹۹/۶/۱۵

چکیده:

سابقه و هدف: مکانیسم پیچیده تمایز سلول‌های عصبی همیشه یک چالش بزرگ جهت شناخت جامع همه miRNA‌های دارای نقش در تمایز سلول‌های عصبی بوده است. از همین رو miRNA‌های زیادی در تمایز عصب شناخته‌نشده‌اند. به همین جهت استفاده از داده‌های حجیم با کمک علوم کامپیوتر راه حل مناسبی جهت بررسی همه جانبه miRNA‌های احتمالی دارای نقش در مکانیسم تمایز سلولی می‌تواند باشد. مطالعه حاضر با هدف یافتن miRNA‌های کلیدی در مکانیسم تمایز سلول‌های عصبی جهت درمان آسیب‌های عصبی با استفاده از سلول درمانی صورت گرفته است.

مواد و روش‌ها: جهت متآنالیز داده‌های ترانسکرپتوم، ۵ دیتاست ماکرواری، مورد استفاده قرار گرفت. که ۴ دیتاست مربوط به بررسی ژن‌های افتراقی و ۱ دیتاست مربوط به miRNA‌های افتراقی بودند. نتایج بدست آمده ژن‌های افتراقی توسط دیتابیس‌های miRTarBase و TargetScan مورد بررسی قرار گرفت تا اینکه نتایج miRNA‌های بدست آمده با نتایج آنالیز miRNA‌های افتراقی مقایسه شد و ۴ miRNA دارای بیان افتراقی معنادار در مسیر عصبی بدست آمد. سپس توسط ابزارهای Cytoscape شبکه‌های پروتئینی و مسیرهای زیستی (Biological Process) ترسیم شد.

یافته‌ها: نتیجه متآنالیز ۴ دیتاست ژنی، ۴۴۳ ژن و حاصل آنالیز دیتاست miRNA، miRNA ۱۴۸، با بیان افتراقی بود. سپس ۸۰۰ miRNA دارای برهمکنش با ۴۴۳ ژن افتراقی از دیتابیس‌های miRNA بدست آمد که تنها ۴ miRNA دارای اشتراک با miRNA ۱۴۸ آنالیز شده، در تمایز سلول‌های عصبی گزارش شدند. که از این بین ۲ miRNA در مطالعات گذشته دارای گزارش بوده و تنها دو miRNA 380-3p و 383 که در مطالعه حاضر که باقی مانده بودند گزارش شدند.

نتیجه‌گیری: به نظر می‌رسد که دو miRNA 380-3p و 383 در تمایز سلول‌های عصبی دارای اثر باشند، در نتیجه جهت سلول درمانی و بهینه‌سازی تمایز سلول‌های عصبی در این مطالعه برای اولین بار کاندید می‌شوند.

واژگان کلیدی: تمایز سلول‌های عصبی، متآنالیز داده‌های ماکرواری، بیوانفورماتیک، زیست‌شناسی سامانه‌ای، miRNA

مقدمه

بسیاری از کشورهای جهان رو به افزایش است (۱). این بیماری‌ها در اثر تخریب سلول‌های عصبی و ضعف یا از بین رفتن عملکرد آن‌ها و در نتیجه تجمع پروتئین‌های سمی در دستگاه عصبی مرکزی (CNS) Central Nervous System ایجاد می‌شوند. اگرچه مطالعه و پژوهش در زمینه درمان این بیماری‌ها نظیر درمان با سلول بنیادی و محافظت از دستگاه عصبی از اهمیت بالایی برخوردار است، اما هنوز این مطالعات در مراحل ابتدایی خود هستند. در حال حاضر درمان‌هایی که برای این بیماری‌ها در دسترس است فاقد کارایی کافی است و در اکثر موارد فقط می‌توان بخش کوچکی از علائم را به‌طور موقت کاهش داد. دانشمندان به‌طور جدی در حال انجام پژوهش هستند تا بتوانند درمان‌هایی برای انواع گوناگونی از بیماری‌ها به‌ویژه بیماری‌های زوال بافت دستگاه عصبی مانند ام‌اس پیدا کنند. برخی از روش‌های درمان این بیماری‌ها عبارتند از کاهش سطح پروتئین‌های تجمع‌یافته با استفاده

درمان بیماران مبتلا به ضایعه نخاعی و رفع ناتوانی این گروه از بیماران و یا بازگرداندن برخی از توانایی‌های آن‌ها بسیار با اهمیت و مورد توجه پژوهشگران بوده است. استفاده از سلول درمانی و جایگزینی سلول‌های مرده یا آسیب‌دیده با سلول‌های جدید یکی از راهکارهای نوین درمان برای این بیماران است. از آنجا که سلول‌های بنیادی توانایی خودنوزایی و تبدیل به سلول‌های دیگر را دارند، می‌توان از آن‌ها برای درمان استفاده نمود. با توجه به اینکه کارایی سلول‌های عصبی متمایز شده پس از پیوند کم است استفاده از روش‌های محرک رشد و بقای سلول‌های پیوندی بایستی مورد بررسی بیشتری قرار گیرد تا سلول درمانی با موفقیت بیشتری انجام شود. میزان بیماری‌های زوال دستگاه عصبی مانند آلزایمر، پارکینسون، هانتینگتون و ام‌اس در

نویسنده مسئول: زهره حجتی

پست الکترونیک: z.hojati@sci.ui.ac.ir

جدول ۱: نشان دادن دیتاهای مورد استفاده ژن ها و miRNA های افتراقی که در دو گروه سلول های بنیادی و سلول های عصبی مورد بررسی قرار گرفتند.

نام محقق	سال انتشار	نام دیتاست	نمونه کنترل	نمونه تیمار	ژن ها
Aurelien Serandour	2011	GSE27334	3	3	42586
Andrea bozzato Marco Antonio	2010	GSE21724	4	4	35556
Mendoza-Parra	2015	GSE68290	-	1	35556
Minoru S.H. Ko	2008	GSE11523	2	-	25164
مجموع	-	-	9	8	15660

نام محقق	سال انتشار	نام دیتاست	نمونه کنترل	نمونه تیمار	miRNA
Huang bing	2008	GSE12600	3	2	1296

سپس توسط نرم افزار Cytoscape و پلاگین GeneMania شبکه پروتئینی ژن های افتراقی ترسیم شد (۲۱، ۲۲). همچنین بر روی شبکه آنالیزهای GeneOntology صورت گرفت و مسیرهای زیستی (Biological Process) در شبکه بررسی شد و نتایج مسیرهایی که در شبکه فعال هستند توسط GeneMania استخراج شد (۲۳) (شکل ۲۳-۴-C,D,E). سپس miRNA های مشترک بدست آمده (شکل ۴-F) جهت بررسی اهداف ژنی آن ها به ترتیب مورد بررسی قرار گرفتند (شکل ۴-G) و نهایتاً با ادغام ژن های مورد هدف miRNA ها (شکل ۴-G) با شبکه برهمکنشی هریک از مسیرهای زیستی (شکل ۴-E) شبکه ادغامی برهمکنش miRNA های در هریک از مسیرهای زیستی ترسیم و مورد بررسی قرار گرفت (شکل ۴-H). شبکه مذکور جهت بررسی های Centrality و یافتن ژن هاب شبکه توسط پلاگین CentiScaPe قرار گرفت (۲۴) (شکل ۴-I).

یافته ها

متاآنالیز داده های ماکرواری:

نتایج بررسی داده های بیانی ژن ۲۹۷ ژن افزایش بیان یافته ($FDR \leq 0.05$) و ۱۴۶ ژن کاهش بیان یافته ($FDR \leq 0.05$, $\log FC \geq 1$) را در پی داشت که مجموعاً تعداد ۴۴۳ ژن افتراقی در مسیر تمایز عصبی بدست آمد (جدول مکمل ۱). همچنین نتیجه بررسی داده ماکرواری ریزار آن ای ($FDR \leq 0.05$, $\log FC \geq 1$, $\log FC \leq -1$) شامل ۶۸۲ miRNA افتراقی از سه ارگانسمس (has, mmu, rno) بود که پس از فیلتر دیگر ارگانسمس ها miRNA موشی (mmu) شامل ۱۴۸ miRNA افتراقی بود که ۶۸ miRNA افزایش بیان یافته در تمایز عصبی و ۸۰ miRNA کاهش بیان یافته در تمایز عصبی گزارش شد (جدول مکمل ۱).

آنالیز دیتابیس های miRNA:

برای این منظور ۴۴۳ ژن افتراقی حاصل متاآنالیز در دو دیتابیس که نتایج آنها از مطالعات آزمایشگاهی و پیش بینی بدست آمده است وارد و آنالیز شد که نتایج بدست آمده از داده های آزمایشگاهی (دیتابیس miRTarBase) ۲ miRNA موشی miR-29a و miR-124 است که در جدول ۲ گزارش شده است. همچنین نتایج بدست آمده از miRNA های پیش بینی شده از دیتابیس TargetScan شامل ۲۵۲ miRNA موشی بود که پس از تطبیق و اشتراک گذاری با ۱۴۸ miRNA بدست آمده دارای بیان افتراقی (جدول مکمل ۲) دو miRNA 380، 380-3_p گزارش شدند که به ترتیب افزایش و کاهش بیان یافته اند و دارای ارتباط و برهمکنش با ۴۴۳ ژن افتراقی نیز می باشند (جدول ۲).

جهت بررسی بیشتر اهداف miRNA های مشترک (جدول ۱) ژن های هدف آن ها مورد بررسی بیشتر بوسیله نمودار هیت مپ (Heatmap) قرار گرفت (شکل ۱).

از روش های محدودسازی نفوذپذیری سد خونی- مغزی، استفاده از فاکتورهای رشد به منظور حمایت از سلول های عصبی آسیب دیده، دارو درمانی و سلول درمانی (۲، ۳). استفاده از سلول های بنیادی امیدهای تازه ای را برای ترمیم بافت های عصبی آسیب دیده فراهم آورده است. مطالعات آزمایشگاهی نشان داده است که سلول های بنیادی می توانند به انواع بافت های دیگر تمایز یابند. سلول های تمایز یافته قادرند از طریق جریان خون به سمت مغز حرکت نموده و توسط قسمت های آسیب دیده جذب شوند. امروزه شاهد پیشرفت های چشم گیری در عرصه سلول های بنیادی هستیم که راه های نوینی را برای درمان تعدادی از بیماری ها از جمله بیماری های زوال عصبی پیش رو گذاشته است (۴، ۵). سلول های حاصل از تمایز سلول های بنیادی مستقیماً به درون CNS پیوند زده می شوند و یا به عروق خونی به صورت درون وریدی (Intravenous) یا درون شریانی (Intra-arterial) تزریق می شوند (۶). در سال های اخیر، روش های آزمایشگاهی زیادی توسعه یافته اند که امکان تولید سلول عصبی از سلول های پرتوان را در فرآیند کشت سلول فراهم می کنند (۷-۹). رده P19 نوعی سلول

بنیادی کارسینومای جنینی پرتوان است که در صورت تیمار با اسیدرتیونیک به انواع سلول های ناشی از نورواکتودرم متمایز می شود این سلول ها قابلیت تمایز سریع دارند و بدون نیاز به القای مواد سمی می توانند به سلول های عصبی متمایز شوند. همچنین سلول های p19 از نظر ژنتیکی قابلیت دستکاری دارند و از این رو پتانسیل استفاده در سلول درمانی را دارا خواهند بود. (۱۰-۱۲).

تمایز سلول های بنیادی به سلول های عصبی نیاز به تحقیق و پژوهش فراوان دارد چرا که مکانیسم مولکولی آن دارای پیچیدگی های زیادی است که نیاز استفاده هرچه بیشتر از داده های حجیم زیستی در سطح رونویسی و بیان ژنی را محسوس تر می کند. امروزه ابزارهای بیوانفورماتیک و سیستم بیولوژی نقش بسزایی در بررسی فرایندهای پیچیده زیستی ایفا می کنند از این رو مطالعات زیادی بر روی تمایز سلول ها با استفاده از داده های حجیم و رسم و تحلیل شبکه های پروتئینی با ابزارهای بیوانفورماتیک و سیستم بیولوژی صورت می پذیرد (۱۳، ۱۴). مطالعه حاضر جهت درک بهتر عملکرد miRNA های دخیل در مسیر تمایز عصبی جهت استفاده در سلول درمانی صورت پذیرفته است.

مواد و روش ها

متا آنالیز بیان ژن ها:

داده های ماکرواری از دیتابیس Gene Expression Omnibus (GEO) از پایگاه NCBI به آدرس <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo> استخراج شدند.

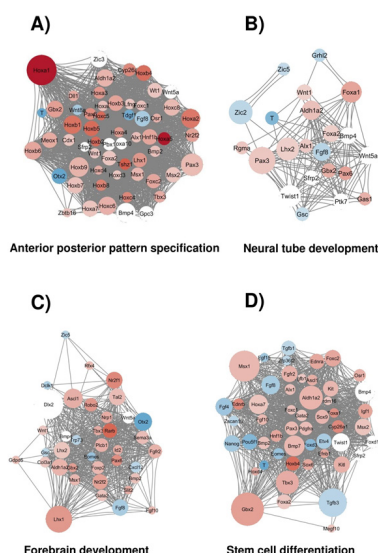
چهار دیتاست بیان ژن با شماره های دسترسی GSE27334، GSE21724، GSE68290، GSE11523 از GEO انتخاب شده و دریافت شدند که بطور کلی دارای ۱۷ نمونه بودند که از بین آن ها ۹ نمونه به عنوان کنترل و ۸ نمونه به عنوان تیمار در نظر گرفته شد. مجموع ژن های مشترک ۴ نمونه ۱۵۶۶۰ ژن بدست آمد. نمونه های ماکرواری توسط پکیج *limma* در محیط R آنالیز شدند (۱۵). سپس هر ۴ نمونه (جدول ۱) یکدیگر مقایسه شدند که ۱۵۶۶۰ ژن مشترک گزارش شدند. حذف نویز های صورت گرفته در متاآنالیز داده های ماکرواری به جهت استفاده از دیتاست های با پلتفرم های مختلف بوسیله روش Batch effect و توسط پکیج های *ComBat* و *SVA* در محیط R صورت گرفته است (۱۶). گراف های تولید شده توسط پکیج *ggplot2* در R انجام شده است (۱۷) همچنین دیتای ریز آن آر ای (microRNA) GSE12600 توسط ابزار GEO2R (۱۸) به تنهایی آنالیز شد و ریزار آن ای های افتراقی بدست آمدند (شکل ۴-A و جدول ۱) (۱۹). آنالیز ریز آن آر ای های مرتبط با ژن های افتراقی حاصل از متاآنالیز توسط پایگاه داده *miRTarBase* که شامل دیتاهای تایید شده در آزمایشگاه است و همچنین پایگاه داده TargetScan که شامل دیتاهای پیش بینی شده در پایگاه *EnrichR* است صورت پذیرفت (۲۰) و نتایج آن با پروفایل بیان miRNA چک شد و miR هایی که دارای بیان افتراقی بودند استخراج شدند (شکل ۴-B).

جدول ۲: miRNA های بدست آمده از دو دیتابیس نتایج آزمایشگاهی (miRTarBase) و پیش بینی (TargetScan) که دارای برهمکنش با ژن های تغییر بیان یافته بودند و همچنین تغییر بیان معنادار نیز از آن ها گزارش شده بود.

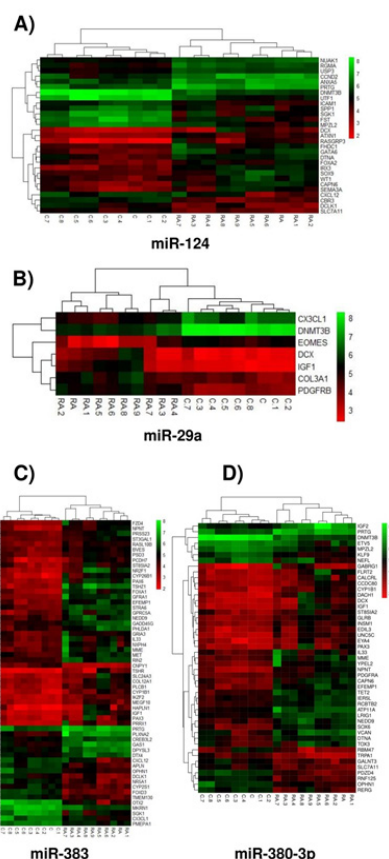
Database	miRNA_ID_LIST	adj.P.Val	P.Value	logFC
miRTarBase	mmu-miR-124	1.15E-27	8.89E-31	4.94191
	mmu-miR-29a	2.28E-03	4.88E-04	-1.48268
TargetScan	mmu-miR-380-3p	0.00261	0.000584	1.46191
	mmu-miR-383	0.00245	0.000538	-1.47147

جدول ۳: ستون اول شامل نام مسیر زیستی می باشد ستون دوم شامل کیفیت آنالیز می باشد که کمتر یا مساوی ۰,۰۵ فیلتر شده است تعداد ژن های فعال در شبکه را نشان می دهد و ستون آخر تعداد ژن های فعال در ژنوم را در هر مسیر زیستی نشان می دهد.

Description	q-value	Occurrences in Sample	Occurrences in Genome
anterior/posterior pattern specification	1.55E-45	59	204
stem cell differentiation	1.72E-28	52	297
forebrain development	1.33E-16	38	282
neural tube development	2.67E-10	22	147



شکل ۲: شبکه پروتئینی چهار مسیر زیستی است که سه مسیر آن در تمایز عصبی حائز اهمیت می باشند بطوریکه شکل A شامل ژن های مسیر anterior/posterior pattern specification می باشند که شامل ۵۲ ژن افتراقی معنا دار و ۷ ژن افتراقی غیر معنا دار با رنگ سفید مشخص شده اند و ژن های افزایش بیان یافته با رنگ قرمز و کاهش بیان یافته ها با رنگ آبی نمایش داده شدند ژن هاب شبکه *HOXA1* گزارش شده است. B مسیر *Neural tube development* شامل ۲۲ ژن و ۱۷۳ برهمکنش گزارش شده است که ۵ ژن با بیان غیرمعنادار (رنگ سفید) و ۶ ژن کاهش بیان یافته (رنگ آبی) و ۱۱ ژن افزایش بیان یافته می باشد که ژن هاب شبکه ژن افزایش بیان یافته *PAX3* گزارش شده است. C مسیر *forebrain development* شامل ۳۸ ژن و ۵۹۷ برهمکنش گزارش شده است که ۳ ژن با بیان غیرمعنادار (رنگ سفید) و ۸ ژن کاهش بیان یافته (رنگ آبی) و ۲۷ ژن افزایش بیان یافته می باشد که ژن هاب شبکه ژن افزایش بیان یافته *LHX1* گزارش شده است. D مسیر *stem cell differentiation* شامل ۵۲ ژن و ۱۱۹۶ برهمکنش گزارش شده است که ۴ ژن با بیان غیرمعنادار (رنگ سفید) و ۱۳ ژن کاهش بیان یافته (رنگ آبی) که در بین آنها ژن های پرتوانی هم چون *NANOG*, *POU5f1* کاهش بیان یافته بودند و ۳۵ ژن افزایش بیان یافته می باشد که ژن هاب شبکه ژن افزایش بیان یافته *GBX2* گزارش شده است.

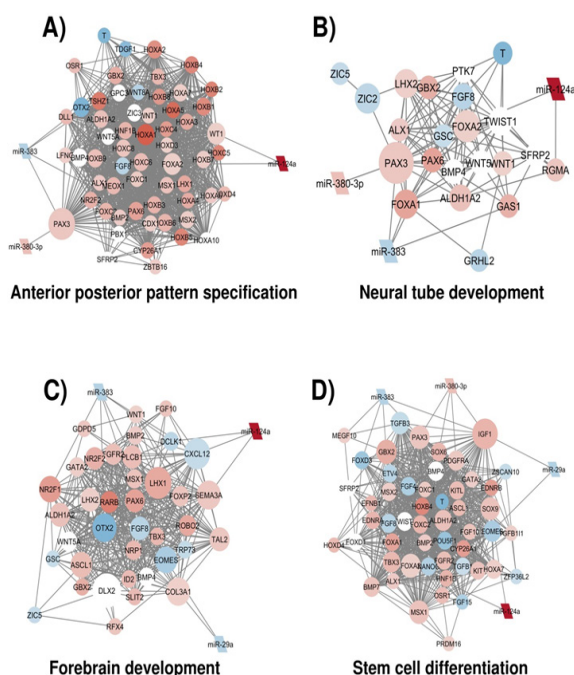


شکل ۱: به ترتیب هر پلات نشان دهنده اثر یکی از miRNA های جدول ۲ است که بروی ژن های افتراقی اثرشان بررسی شده است و بصورت Heatmap پلات بیان ژن ها را مشخص کردند که در تمایز عصب از خود نشان داده اند ستون های این پلات Heatmap شامل هر نمونه ماکرواری است که آنالیز شده است که شامل ۱۰ نمونه پروفایل بیان تیمار سلول های عصبی القا شده با رتینوئیک اسید (RA) و ۹ نمونه پروفایل بیان کنترل (C) سلول های بنیادی است. به همین صورت از نمونه a شامل تغییر بیان ژن های متأثر از miR-124 می باشد همچنین B ژن های متغییر متأثر از miR-29a می باشد که این دو کاندید نتایج آزمایشگاهی دیتابیس miRTarBase می باشند. C نشان دهنده تغییر بیان ژن های متأثر از miR-380-3p می باشد. D نشان دهنده تغییر بیان ژن های متأثر از miR-383 می باشد

ترسیم شبکه پروتئینی:

جهت ترسیم شبکه برهمکنش پروتئینی نتایج بدست آمده از ژن های افتراقی (۴۴۳ ژن افتراقی) سلول های تمایز یافته عصبی از ابزار *GeneMania* در محیط *Cytoscape* استفاده شد که همزمان عملکرد شبکه را با آنالیز مسیرهای زیستی (Biological process) نیز انجام می دهد. نتایج شبکه پروتئینی شامل ۴۵۹ گره و ۳۰۹۸۰ یال می باشد که نزدیک به ۱۶ گره حدواسط در شبکه دارای نقش هستند (شکل ۴-D). شبکه پروتئینی بدست آمده مورد آنالیز مسیرهای زیستی قرار گرفت و چهار مسیر، anterior/posterior pattern specification, stem cell differentiation, forebrain development, neural tube development در مورد تمایز سلول های عصبی از ۸۰۰ مسیر یافت شده مورد توجه قرار گرفت (جدول ۳).

در ادامه بررسی مسیرهای زیستی بدست آمده از شبکه اصلی استخراج زیرشبکه برهمکنشی هر مسیر مورد بررسی قرار گرفت و نتیجتاً شبکه برهمکنشی چهار مسیر زیستی بدست آمده استخراج گردید و مورد بررسی قرار گرفت بطوریکه به نسبت افزایش و کاهش ژن های افتراقی به رنگ های قرمز و آبی نمایش داده



شکل ۳: اثر miRNA ها بر روی هر یک از مسیرهای زیستی مربوط به تمایز عصب را نشان می دهد (شکل A) نشان دهنده اثر miRNA ها بر روی مسیر زیستی *anterior/posterior pattern specification* در این فرآیند ۶۱ گره و ۲۴۸ برهمکنش نشان داده شده است که miRNA 380-3p با اتصال به PAX3 و miR-124a با اتصال به FOXA2، گزارش شده است همچنین PAX3 به عنوان هاب شبکه معرفی شده است. همینطور (شکل B) نشان دهنده مسیر *neural tube development* می باشد این شبکه دارای ۲۴ گره و ۱۱۴ برهمکنش می باشد که هاب شبکه PAX3 گزارش شده است همینطور miR-380-3p با اتصال به PAX3 و miR-124a با اتصال به FOXA2 و RGMA و FOXA2 با اتصال به GAS1 و PAX3، PAX6، FOXA1 اتصال به چهار ژن PAX3، PAX6، FOXA1 می باشد که شامل ۴۰ گره و ۴۲۶ برهمکنش ثبت شده است که miR-29a با اتصال به دو ژن EOMES و COL3A1 و همچنین 124a با اتصال به سه ژن DCLK1، CXCL12 و SEMA3A و miR-383 با اتصال به ۶ ژن NR2F1، PLCB1، PAX6، OTX2، CXCL، DCLK1، NR2F1 می باشند همینطور هاب شبکه LHX1 گزارش شده است. اما (شکل D) نشان دهنده شبکه برهمکنشی مسیر زیستی تمایز سلول های بنیادی است که با ۵۵ گره و ۸۱۵ برهمکنش و چهار miRNA 380-3p، 383، 124a، 29a نمایش داده شده است که هاب شبکه شامل IGF1 می باشد و miR-124a با اتصال به دو ژن FOXA2 و SOX9 و همینطور 29a با اتصال به EOMES و IGF1 و miR-380-3p با اتصال به PAX3، IGF1، FOXA1، SOX6، PDGFRA، FOXA1، FOXD3، MEGF10 گزارش شده است.

سلول های عصبی از سلول های بنیادی است که مورد بررسی قرار گرفت (جدول ۱) و برای هر کدام به ترتیب ۴۴۳ و ۱۴۸ ژن و miRNA دارای بیان افتراقی گزارش شدند (جدول مکمل ۱ و ۲). از بین ۱۴۸ miRNA دارای بیان افتراقی ۴ miRNA به عنوان miRNA مشترک دارای برهمکنش با ژن های افتراقی (۴۴۳) حاصل متاآنالیز گزارش شدند (جدول ۲). جهت بررسی بیشتر ژن های افتراقی (۴۴۳) شبکه برهمکنشی آن ها ترسیم شد (شکل ۴-C) و با آنالیز عملکردی شبکه ترسیم شده مسیرهای زیستی مهم در تمایز سلول های عصبی نظیر تمایز سلول های بنیادی (Stem cell differentiation)، *anterior posterior pattern specification*، *forebrain development* و البته تکوین شیار عصبی (Neural tube development) بدست آمد (جدول ۳ و شکل ۴-D).

شدند همینطور برای هر شبکه آنالیز Centrality جهت نمایاندن ژن هاب شبکه انجام شد و اندازه هر گره را متناسب با امتیاز بدست آمده از معیار Betweenness Centrality هر گره می باشد تنظیم شد. لذا در شبکه مسیر زیستی *anterior posterior pattern specification* FOXA1 با افزایش بیان نزدیک به ۴ فولد چنج خود و دارا بودن بزرگترین اندازه گره ای با توجه به بیشترین امتیاز Betweenness Centrality به عنوان ژن هاب شبکه مشخص شد همچنین PAX3 به عنوان رقیب نزدیک به او با کمی اختلاف در رده دوم قرار گرفت (شکل ۲-A). به همین نسبت برای مسیر زیستی *Neural tube development* شبکه به PAX3 و FOXA1 (شکل ۲-B) همچنین در شبکه پروتئینی مسیر *forbrain development* FOXA1 (شکل ۲-C) و FOXA2 (شکل ۲-D) به عنوان ژن هاب شبکه مشخص شد. در این جهت که DLX2 از جمله ژن های حدواسط و بدون بیان افتراقی است لذا به عنوان ژن هاب گزارش نشد و در عوض LHX1 افزایش بیان یافته را هاب ژن زیر شبکه مسیر زیستی *forbrain development* در نظر گرفته شد (شکل ۲-C) و در آخر مسیر سلول های بنیادی FOXA1 (شکل ۲-D) به عنوان ژن هاب شبکه مسیر زیستی سلول های بنیادی در نظر گرفته شد در حالیکه ژن های NANOG و POU5F1 به عنوان یکی از مارک های پرتوانی سلول های بنیادی کاهش بیان مشخصی را در شبکه نمایان کرده اند (شکل ۲-D).

پس از آنکه شبکه برهمکنشی پروتئین های مسیرهای زیستی ترسیم شد (شکل ۲) و بررسی های لازم جهت یافتن ژن های مهم شبکه صورت پذیرفت جهت بررسی نقش miRNA های مورد مطالعه (جدول ۲) در هر یک از مسیرهای زیستی، به طور همزمان نقش miRNA ها در شبکه ها مورد بررسی قرار گرفت (شکل ۳). اثر miRNA ها بر روی مسیر زیستی *anterior/posterior pattern specification* بصورتی است که در این فرآیند ۶۱ گره و ۲۴۸ برهمکنش نشان داده شده است که miRNA 380-3p با اتصال به PAX3 و miR-124a با اتصال به FOXA2، FOXC2 و دو ژن FOXA2، FOXC2 و miR-383 با اتصال به ۴ ژن PAX3، PAX6، TSHZ، OTX2 گزارش شده است همچنین PAX3 به عنوان هاب شبکه گزارش شده است (شکل ۳-A).

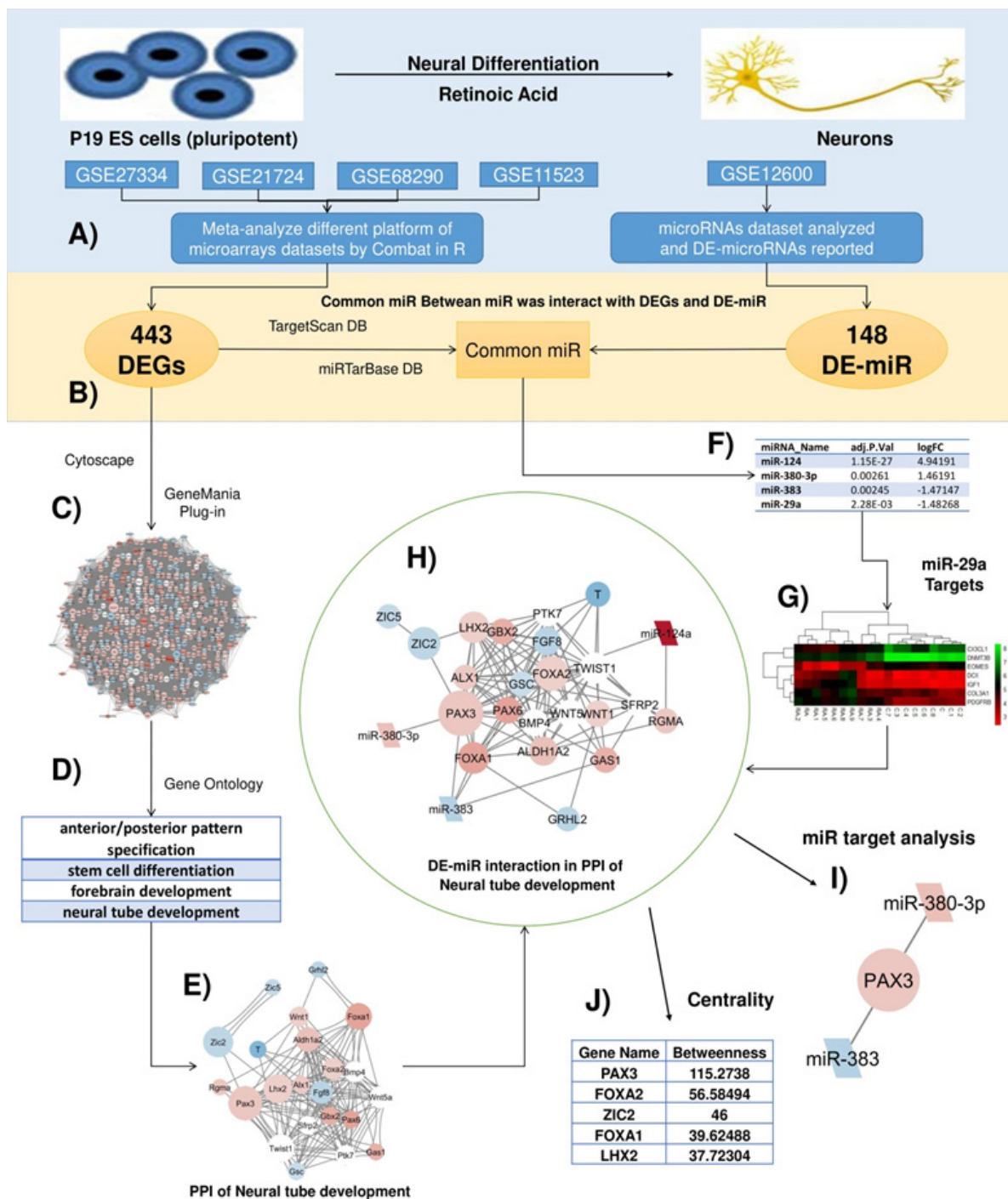
همینطور در ادامه مسیر *neural tube development* که مسیر تکوین شیار عصبی می باشد دارای ۲۴ گره و ۱۱۴ برهمکنش می باشد که هاب شبکه PAX3 گزارش شده است و miR-380-3p با اتصال به PAX3 و miR-124a با اتصال به FOXA2 و RGMA و FOXA2 با اتصال به چهار ژن PAX3، PAX6، FOXA1، GAS1 گزارش شده است (شکل ۳-B).

مسیر زیستی *forebrain development* که شامل ۴۰ گره و ۴۲۶ برهمکنش است نشان دهنده miR-29a با اتصال به دو ژن EOMES و COL3A1 و همچنین miR-124a با اتصال به سه ژن DCLK1، CXCL12 و SEMA3A و miR-383 با اتصال به ۶ ژن NR2F1، PLCB1، PAX6، OTX2، CXCL، DCLK1، NR2F1 می باشد که دارای ارتباط موثر در شبکه هستند همینطور هاب شبکه LHX1 گزارش شده است (شکل ۳-C).

شبکه برهمکنشی مسیر زیستی تمایز سلول های بنیادی که با ۵۵ گره و ۸۱۵ برهمکنش و چهار miRNA 380-3p، 383، 124a، 29a نمایش داده شده است که هاب شبکه شامل IGF1 می باشد و miR-124a با اتصال به دو ژن FOXA2 و SOX9 و همینطور miR-29a با اتصال به EOMES و IGF1 و miR-380-3p با اتصال به PAX3، IGF1، FOXA1، SOX6، PDGFRA، FOXA1، FOXD3، MEGF10 گزارش شده است (شکل ۳-D).

بحث

در مطالعه حاضر تعداد ۵ دیتاست مورد بررسی قرار گرفت که چهار دیتاست مربوط به بررسی پروفایل بیانی ژن های افتراقی مسیر تمایز سلول های عصبی از سلول های بنیادی است که بصورت متاآنالیز مورد بررسی قرار گرفتند و همینطور یک دیتاست مربوط به miRNA های افتراقی تمایز



شکل ۴: به شکل کشاندن نحوه تشکیل شبکه برهمکنش miRNA ها و ژن های افتراقی است. به صورتی که (A) چهاردیتاست ماکرواری سلول های عصبی و سلول های بنیادی به صورت متانالیز بررسی شدند و ۴۴۳ ژن افتراقی بدست آمد همینطور یک دیتاست miRNA سلول های عصبی و بنیادی نیز مورد بررسی قرار گرفت که ۱۴۸ miRNA با بیان افتراقی گزارش شدند. (B) ژن های افتراقی شامل ۴۴۳ ژن جهت یافتن miRNA هایی که قابلیت اتصال را بروی آن ها دارند را توسط دو دیتابیس TargetScan, miRTarBase انجام شد و نتایج miRNA های بدست آمده با miRNA های افتراقی مورد بررسی قرار گرفت و miRNA های مشترک آن ها را جداسازی شد. (C) همچنین جهت بررسی شبکه برهمکنشی پروتئینی ژن های افتراقی بدست آمده (۴۴۳ ژن) توسط پلاگین GeneMania از نتایج بدست آمد و شبکه ای با ۴۵۹ گره و ۳۰۹۸۰ یال ترسیم شده است. (D) شبکه برهمکنشی را مورد آنالیز Gene Ontology قرار داده و مسیرهای مهم مربوط به تمایز سلول های عصبی را پس از استخراج گزارش شد. (E) شبکه برهمکنش هریک از مسیرهای زیستی بدست آمده را از شبکه PPI جداسازی نموده. (F) که ۱۲۴ و 380-3p و 383 miRNA های تغییر بیان داده شده و همینطور miRNA های دارای اتصال با ۴۴۳ ژن افتراقی بدست آمد که شامل چهار miRNA 29a, 383, 380-3p, 124 می شد. که 29a و 383 miRNA های تغییر بیان را از خود نشان دادند. (G) جهت بررسی اهداف هریک از miRNA های مشترک بدست آمده هیت مپ آن ترسیم شد و جهت بررسی تاثیر آن در هریک از مسیرهای زیستی به شبکه برهمکنش هر کدام از مسیرها جهت بررسی بیشتر اضافه شد. (H) ادغام برهمکنش miRNA های مشترک به همراه اهداف ژنی آن ها با شبکه برهمکنش هریک از مسیرهای زیستی به صورت جداگانه جهت بررسی تاثیر miRNA های 29a, 383, 380-3p, 124 بروی شبکه های زیستی مهم تمایز سلول های عصبی بررسی شد. (J) آنالیز Centrality جهت بررسی ژن های هاب هر یک از شبکه های ادغامی صورت گرفت که بروی شبکه Neural tube development به ترتیب PAX3 و FOXA2 بالاترین امتیاز Betweenness را بدست آورده است که هاب شبکه به این ترتیب ژن PAX3 گزارش شده است.

بررسی های miRNA ها در مسیر Neural tube development نشان داد که miRNA 124a با دو برهمکنش با ژن FOXA2 که در تمایز سلول های عصبی دارای نقش می باشد (۳۱) و همینطور ژن افزایش بیان یافته RGMA که در مسیر تمایز سلول های عصبی نقش های مختلفی از آن گزارش شده است (۴۳) دارای اهمیت می باشد. همینطور برای miRNA 380-3p محدود به اتصال به PAX3 است اما برای miRNA 383 محدود به PAX3, PAX6 نمی شود و اتصال آن با ژن افزایش بیان یافته GAS1 که نقش آن در تمایز سلول های عصبی گزارش شده است (۴۴) و همینطور ژن افزایش بیان یافته FOXA1 که با افزایش بیان خود باعث تحریک تمایز عصبی در سلول های بنیادی P19 می شود (۴۵) و همینطور نقش تنظیم گری آن در تکوین نورون های مغز میانی، در مطالعات دیگر گزارش شده است (۴۶) می تواند به اهمیت

می‌تواند دارای نقش موثری در تمایز سلول‌های عصبی باشد از این رو در مطالعه حاضر نقش 383 miRNA در تمایز سلول‌های عصبی قویا کاندید می‌شود. همچنین دیگر 380-3p miRNA ضمن افزایش بیان در تمایز سلول‌های عصبی دارای افزایش بیان معنی‌داری درون ناحیه هیپوکمپ مغز نیز می‌باشد (۷۳) از اینرو و با توجه به داشتن برهمکنش‌های موثری با ۴ ژن PAX3, IGF1, SOX6, PDGFRA که عملکرد آن‌ها به تفصیل در تمایز سلول‌های عصبی پیش‌تر گفته شد و همچنین داشتن نقش در سه مسیر مهم تمایز سلول‌های بنیادی و تکوین شیارعصبی و نهایتاً anterior posterior pattern specification می‌تواند به عنوان 383 miRNA کاندید در تمایز سلول‌های عصبی در مطالعه حاضر کاندید شود.

نتیجه‌گیری

مطالعه‌ی حاضر تلاشی است در جهت یافتن miRNA های تاثیر گذار در مسیر تمایز سلول‌های عصبی با استفاده از داده‌های حاصل از بیان ژن‌های افتراقی سلول‌های عصبی تمایز یافته از سلول‌های بنیادی به همراه برهمکنش‌های پروتئینی آن‌ها که نتیجتاً در تحقیق حاضر با بررسی و تلفیق دو نوع داده بیان ژن و 383 miRNA نوع ۲، 380-3p و 383 miRNA دارای رفتار تاثیر گذار بوسیله شبکه‌های پروتئینی ترسیم شده پیش‌بینی شدند و جهت استفاده در بهینه‌سازی مسیر تمایز سلول‌های عصبی و همینطور استفاده در سلول‌درمانی در این مطالعه کاندید شدند.

منابع

1. Elmann A, Telerman A, Mordechai S, Erlank H, Ofir R. Antioxidant and astroprotective effects of a *Pulicaria incisa* infusion. *Oxidative medicine and cellular longevity*. 2012;2012:157598.
2. Goldman SA, Windrem MS. Cell replacement therapy in neurological disease. *Philosophical transactions of the Royal Society of London Series B, Biological sciences*. 2006;361(1473):1463-75.
3. Low CB, Liou YC, Tang BL. Neural differentiation and potential use of stem cells from the human umbilical cord for central nervous system transplantation therapy. *Journal of neuroscience research*. 2008;86(8):1670-9.
4. Heile AM, Wallrapp C, Klinge PM, Samii A, Kassem M, Silverberg G, et al. Cerebral transplantation of encapsulated mesenchymal stem cells improves cellular pathology after experimental traumatic brain injury. *Neuroscience letters*. 2009;463(3):176-81.
5. Shi Kam NW, Jessop TC, Wender PA, Dai H. Nanotube molecular transporters: internalization of carbon nanotube-protein conjugates into Mammalian cells. *Journal of the American Chemical Society*. 2004;126(22):6850-1.
6. Hess DC, Borlongan CV. Stem cells and neurological diseases. *Cell proliferation*. 2008;41 Suppl 1:94-114.
7. Esmacili F, Tiraihi T, Movahedin M, Mowla SJ. Selegiline induces neuronal phenotype and neurotrophins expression in embryonic stem cells. *Rejuvenation research*. 2006;9(4):475-84.
8. Dohrmann U, Edgar D, Thoenen H. Distinct neurotrophic factors from skeletal muscle and the central nervous system interact synergistically to support the survival of cultured embryonic spinal motor neurons. *Developmental biology*. 1987;124(1):145-52.
9. Bakhshalizadeh S, Esmacili F, Houshmand F, Shirzad H, Saedi M. Effects of selegiline, a monoamine oxidase B inhibitor, on differentiation of P19 embryonal carcinoma stem cells, into neuron-like cells. *In vitro cellular & developmental biology Animal*. 2011;47(8):550-7.
10. Bain G, Ray WJ, Yao M, Gottlieb DI. From embryonal car-

باشد (۶۶) و البته در سلول‌های نوروبلاستوما نیز عملکرد مهارگری تومور را از خود نشان داده است (۶۷). همچنین 380-3p miRNA نیز دارای ۴ برهمکنش در شبکه پروتئینی مسیر تمایز سلول‌های بنیادی است که شامل ژن‌های افزایش بیان یافته PAX3, PDGFR, SOX6, IGF1 است که در رابطه با دو ژن PAX3 و IGF1 توضیحات داده شد ولی اهمیت فاکتور رونویسی SOX6 در تمایز سلول‌های عصبی بصورتی است که بدون القاءات رتینوئیک اسید (RA) جهت تمایز با القای STAT3 قادر به راه‌اندازی مسیر تمایز سلول‌های عصبی است (۶۸, ۶۹) به همین صورت مهار SOX6 باعث توقف تمایز سلول‌های عصبی و راه‌اندازی مسیر آپوپتوز در سلول می‌شود (۷۰). لذا اهمیت 380-3p miRNA با داشتن اتصال به SOX6 در موضوع تمایز سلول‌های عصبی بسیار افزایش پیدا می‌کند همچنین هدف دیگر این 383 miRNA ژن افزایش بیان یافته PDGFR است که در متاستاز سلول‌های مادری سرطان و همچنین عملکرد رگزایی سلول‌های سرطانی نقش ایفا می‌کند (۷۱, ۷۲) همچنین نقش آن در تمایز سلول‌های عصبی نامشخص می‌باشد (شکل ۳-D).

383 miRNA با داشتن نقش موثری در هر چهار مسیر مهم تمایز سلول‌های بنیادی و تکوین شیارعصبی و البته anterior posterior pattern specification و همچنین داشتن برهمکنش با ۱۳ ژن مهم و حیاتی PAX3, PAX6, OTX2, DCLK1, CXCL12, PLCB1, NR2F1, FOXA1, FOXD3, IGF1, MEGF10, GAS1, TSHZ که در مسیر تمایز سلول‌های عصبی از سلول‌های بنیادی، عملکرد هرکدام توضیح داده شده است

cinoma cells to neurons: the P19 pathway. *BioEssays : news and reviews in molecular, cellular and developmental biology*. 1994;16(5):343-8.

11. Forouzanfar M, Rabiee F, Ghaedi K, Beheshti S, Tanhaei S, Shoraye Nejadi A, et al. Fndc5 overexpression facilitated neural differentiation of mouse embryonic stem cells. *Cell biology international*. 2015;39(5):629-37.

12. Shirzad H, Esmacili F, Bakhshalizadeh S, Ebrahimie M, Ebrahimie E. Production of stable GFP-expressing neural cells from P19 embryonal carcinoma stem cells. *Molecular and cellular probes*. 2017;32:46-54.

13. Talkhabi M, Razavi SM, Salari A. Global transcriptomic analysis of induced cardiomyocytes predicts novel regulators for direct cardiac reprogramming. *Journal of cell communication and signaling*. 2017;11(2):193-204.

14. Yousefi M, Marashi SA, Sharifi-Zarchi A, Taleahmad S. The metabolic network model of primed/naive human embryonic stem cells underlines the importance of oxidation-reduction potential and tryptophan metabolism in primed pluripotency. *Cell & bioscience*. 2019;9:71.

15. Ritchie ME, Phipson B, Wu D, Hu Y, Law CW, Shi W, et al. limma powers differential expression analyses for RNA-sequencing and microarray studies. *Nucleic acids research*. 2015;43(7):e47.

16. Leek JT, Johnson WE, Parker HS, Jaffe AE, Storey JD. The sva package for removing batch effects and other unwanted variation in high-throughput experiments. *Bioinformatics*. 2012;28(6):882-3.

17. Wickham H. ggplot2: elegant graphics for data analysis: Springer; 2016.

18. Barrett T, Wilhite SE, Ledoux P, Evangelista C, Kim IF, Tomashevsky M, et al. NCBI GEO: archive for functional genomics data sets-update. *Nucleic acids research*. 2013;41(Database issue):D991-5.

19. Huang B, Li W, Zhao B, Xia C, Liang R, Ruan K, et al. MicroRNA expression profiling during neural differentiation of

- mouse embryonic carcinoma P19 cells. *Acta biochimica et biophysica Sinica*. 2009;41(3):231-6.
20. Chen EY, Tan CM, Kou Y, Duan Q, Wang Z, Meirelles GV, et al. Enrichr: interactive and collaborative HTML5 gene list enrichment analysis tool. *BMC bioinformatics*. 2013;14:128.
21. Cline MS, Smoot M, Cerami E, Kuchinsky A, Landys N, Workman C, et al. Integration of biological networks and gene expression data using Cytoscape. *Nature protocols*. 2007;2(10):2366.
22. Su G, Morris JH, Demchak B, Bader GD. Biological network exploration with Cytoscape 3. *Current protocols in bioinformatics*. 2014;47(1):8.13. 1-8.. 24.
23. Warde-Farley D, Donaldson SL, Comes O, Zuberi K, Badrawi R, Chao P, et al. The GeneMANIA prediction server: biological network integration for gene prioritization and predicting gene function. *Nucleic acids research*. 2010;38(suppl_2):W214-W20.
24. Scardoni G, Petterlini M, Laudanna C. Analyzing biological network parameters with CentiScaPe. *Bioinformatics*. 2009;25(21):2857-9.
25. Brandt R. Cytoskeletal mechanisms of neuronal degeneration. *Cell and tissue research*. 2001;305(2):255-65.
26. Skovronsky DM, Lee VM, Trojanowski JQ. Neurodegenerative diseases: new concepts of pathogenesis and their therapeutic implications. *Annual review of pathology*. 2006;1:151-70.
27. Vickers JC, King AE, Woodhouse A, Kirkcaldie MT, Staal JA, McCormack GH, et al. Axonopathy and cytoskeletal disruption in degenerative diseases of the central nervous system. *Brain research bulletin*. 2009;80(4-5):217-23.
28. Mansergh FC, Wride MA, Rancourt DE. Neurons from stem cells: implications for understanding nervous system development and repair. *Biochemistry and cell biology = Biochimie et biologie cellulaire*. 2000;78(5):613-28.
29. Duan P, Sun S, Li B, Huang C, Xu Y, Han X, et al. miR-29a modulates neuronal differentiation through targeting REST in mesenchymal stem cells. *PloS one*. 2014;9(5).
30. Silber J, Lim DA, Petritsch C, Persson AI, Maunakea AK, Yu M, et al. miR-124 and miR-137 inhibit proliferation of glioblastoma multiforme cells and induce differentiation of brain tumor stem cells. *BMC medicine*. 2008;6(1):14.
31. Nakatani T, Kumai M, Mizuhara E, Minaki Y, Ono Y. Lmx1a and Lmx1b cooperate with Foxa2 to coordinate the specification of dopaminergic neurons and control of floor plate cell differentiation in the developing mesencephalon. *Developmental biology*. 2010;339(1):101-13.
32. Wagner KD, Wagner N, Vidal VP, Schley G, Wilhelm D, Schedl A, et al. The Wilms' tumor gene Wt1 is required for normal development of the retina. *The EMBO journal*. 2002;21(6):1398-405.
33. Kang H-J, Park JH, Chen W, Im Kang S, Moroz K, Ladanyi M, et al. EWS-WT1 oncoprotein activates neuronal reprogramming factor ASCL1 and promotes neural differentiation. *Cancer research*. 2014;74(16):4526-35.
34. Agarwala S, Ragsdale C. Midbrain patterning. *Encyclopedia of Neuroscience*: Elsevier Ltd; 2010. p. 879-86.
35. Hasan KB, Agarwala S, Ragsdale CW. PHOX2A regulation of oculomotor complex nucleogenesis. *Development*. 2010;137(7):1205-13.
36. Kondoh H, Uchikawa M, Ishii Y. Multiple Roles for SOX2 in Eye Development. *Sox2*: Elsevier; 2016. p. 217-33.
37. Endo M, Antonyak MA, Cerione RA. Cdc42-mTOR signaling pathway controls Hes5 and Pax6 expression in retinoic acid-dependent neural differentiation. *Journal of Biological Chemistry*. 2009;284(8):5107-18.
38. Gajović S, St-Onge L, Yokota Y, Gruss P. Retinoic acid mediates Pax6 expression during in vitro differentiation of embryonic stem cells. *Differentiation*. 1998;62(4):187-92.
39. Götz M, Stoykova A, Gruss P. Pax6 controls radial glia differentiation in the cerebral cortex. *Neuron*. 1998;21(5):1031-44.
40. Davis LK, Meyer KJ, Rudd DS, Librant AL, Epping EA, Sheffield VC, et al. Pax6 3' deletion results in aniridia, autism and mental retardation. *Human genetics*. 2008;123(4):371-8.
41. Bunt J, Hasselt NE, Zwijnenburg DA, Hamdi M, Koster J, Versteeg R, et al. OTX2 directly activates cell cycle genes and inhibits differentiation in medulloblastoma cells. *International journal of cancer*. 2012;131(2):E21-E32.
42. Lang D, Lu MM, Huang L, Engleka KA, Zhang M, Chu EY, et al. Pax3 functions at a nodal point in melanocyte stem cell differentiation. *Nature*. 2005;433(7028):884-7.
43. Matsunaga E, Nakamura H, Chédotal A. Repulsive guidance molecule plays multiple roles in neuronal differentiation and axon guidance. *Journal of Neuroscience*. 2006;26(22):6082-8.
44. Bautista E, Zarco N, Aguirre-Pineda N, Lara-Lozano M, Vergara P, González-Barrios JA, et al. Expression of Gas1 in Mouse Brain: Release and Role in Neuronal Differentiation. *Cellular and molecular neurobiology*. 2018;38(4):841-59.
45. Tan Y, Xie Z, Ding M, Wang Z, Yu Q, Meng L, et al. Increased levels of FoxA1 transcription factor in pluripotent P19 embryonal carcinoma cells stimulate neural differentiation. *Stem cells and development*. 2010;19(9):1365-74.
46. Ferri AL, Lin W, Mavromatakis YE, Wang JC, Sasaki H, Whitsett JA, et al. Foxa1 and Foxa2 regulate multiple phases of midbrain dopaminergic neuron development in a dosage-dependent manner. *Development*. 2007;134(15):2761-9.
47. Peng H, Kolb R, Kennedy J, Zheng J. Differential expression of CXCL12 and CXCR4 during human fetal neural progenitor cell differentiation. *Journal of neuroimmune pharmacology*. 2007;2(3):251-8.
48. Ikezono Y, Koga H, Abe M, Akiba J, Kawahara A, Yoshida T, et al. High expression of the putative cancer stem cell marker, DCLK1, in rectal neuroendocrine tumors. *Oncology letters*. 2015;10(4).
49. Baudet M-L, Zivraj KH, Abreu-Goodger C, Muldal A, Arminen J, Blenkiron C, et al. miR-124 acts through CoREST to control onset of Sema3A sensitivity in navigating retinal growth cones. *Nature neuroscience*. 2012;15(1):29.
50. Zoppi N, Gardella R, De Paepe A, Barlati S, Colombi M. Human fibroblasts with mutations in COL5A1 and COL3A1 genes do not organize collagens and fibronectin in the extracellular matrix, down-regulate $\alpha 2\beta 1$ integrin, and recruit $\alpha \nu \beta 3$ instead of $\alpha 5\beta 1$ integrin. *Journal of Biological Chemistry*. 2004;279(18):18157-68.
51. Arnold SJ, Huang G-J, Cheung AF, Era T, Nishikawa S-I, Bikoff EK, et al. The T-box transcription factor Eomes/Tbr2 regulates neurogenesis in the cortical subventricular zone. *Genes & development*. 2008;22(18):2479-84.
52. Ryan K, Butler K, Bellefroid E, Gurdon J. *Xenopus* eomesodermin is expressed in neural differentiation. *Mechanisms of development*. 1998;75(1-2):155-8.
53. Bosch DG, Boonstra FN, Gonzaga-Jauregui C, Xu M, De Ligt J, Jhangiani S, et al. NR2F1 mutations cause optic atrophy with intellectual disability. *The American Journal of Human Genetics*.

- 2014;94(2):303-9.
54. Lin F-J, Qin J, Tang K, Tsai SY, Tsai M-J. Coup d'Etat: an orphan takes control. *Endocrine reviews*. 2011;32(3):404-21.
55. Qiu Y, Pereira FA, DeMayo FJ, Lydon JP, Tsai SY, Tsai M-J. Null mutation of mCOUP-TFI results in defects in morphogenesis of the glossopharyngeal ganglion, axonal projection, and arborization. *Genes & development*. 1997;11(15):1925-37.
56. Yamaguchi H, Zhou C, Lin S-C, Durand B, Tsai SY, Tsai M-J. The nuclear orphan receptor COUP-TFI is important for differentiation of oligodendrocytes. *Developmental biology*. 2004;266(2):238-51.
57. Qiu Y, Cooney AJ, Kuratani S, DeMayo FJ, Tsai SY, Tsai M-J. Spatiotemporal expression patterns of chicken ovalbumin upstream promoter-transcription factors in the developing mouse central nervous system: evidence for a role in segmental patterning of the diencephalon. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 1994;91(10):4451-5.
58. Cabana-Domínguez J, Roncero C, Pineda-Cirera L, Palma-Álvarez RF, Ros-Cucurull E, Grau-López L, et al. Association of the PLCB1 gene with drug dependence. *Scientific reports*. 2017;7(1):1-8.
59. Zhao L, Feng Y, Chen X, Yuan J, Liu X, Chen Y, et al. Effects of IGF-1 on neural differentiation of human umbilical cord derived mesenchymal stem cells. *Life sciences*. 2016;151:93-101.
60. Brooker GJ, Kalloniatis M, Russo VC, Murphy M, Werther GA, Bartlett PF. Endogenous IGF-1 regulates the neuronal differentiation of adult stem cells. *Journal of neuroscience research*. 2000;59(3):332-41.
61. Yokoi H, Yan Y-L, Miller MR, BreMiller RA, Catchen JM, Johnson EA, et al. Expression profiling of zebrafish sox9 mutants reveals that Sox9 is required for retinal differentiation. *Developmental biology*. 2009;329(1):1-15.
62. Scott CE, Wynn SL, Sesay A, Cruz C, Cheung M, Gaviro M-VG, et al. SOX9 induces and maintains neural stem cells. *Nature neuroscience*. 2010;13(10):1181.
63. Dottori M, Gross MK, Labosky P, Goulding M. The winged-helix transcription factor Foxd3 suppresses interneuron differentiation and promotes neural crest cell fate. *Development*. 2001;128(21):4127-38.
64. Teng L, Mundell NA, Frist AY, Wang Q, Labosky PA. Requirement for Foxd3 in the maintenance of neural crest progenitors. *Development*. 2008;135(9):1615-24.
65. Iram T, Ramirez-Ortiz Z, Byrne MH, Coleman UA, Kingery ND, Means TK, et al. Megf10 is a receptor for C1Q that mediates clearance of apoptotic cells by astrocytes. *Journal of Neuroscience*. 2016;36(19):5185-92.
66. Kay JN, Chu MW, Sanes JR. MEGF10 and MEGF11 mediate homotypic interactions required for mosaic spacing of retinal neurons. *Nature*. 2012;483(7390):465-9.
67. Charlet J, Tomari A, Dallosso AR, Szemes M, Kaselova M, Curry TJ, et al. Genome-wide DNA methylation analysis identifies MEGF10 as a novel epigenetically repressed candidate tumor suppressor gene in neuroblastoma. *Molecular carcinogenesis*. 2017;56(4):1290-301.
68. Hamada-Kanazawa M, Ishikawa K, Nomoto K, Uozumi T, Kawai Y, Narahara M, et al. Sox6 overexpression causes cellular aggregation and the neuronal differentiation of P19 embryonic carcinoma cells in the absence of retinoic acid. *FEBS letters*. 2004;560(1-3):192-8.
69. Snyder M, Huang X-Y, Zhang JJ. Stat3 is essential for neuronal differentiation through direct transcriptional regulation of the Sox6 gene. *FEBS letters*. 2011;585(1):148-52.
70. Hamada-Kanazawa M, Ishikawa K, Ogawa D, Kanai M, Kawai Y, Narahara M, et al. Suppression of Sox6 in P19 cells leads to failure of neuronal differentiation by retinoic acid and induces retinoic acid-dependent apoptosis. *FEBS letters*. 2004;577(1-2):60-6.
71. Jechlinger M, Sommer A, Moriggl R, Seither P, Kraut N, Capodiecci P, et al. Autocrine PDGFR signaling promotes mammary cancer metastasis. *The Journal of clinical investigation*. 2006;116(6):1561-70.
72. Zhang J, Cao R, Zhang Y, Jia T, Cao Y, Wahlberg E. Differential roles of PDGFR- α and PDGFR- β in angiogenesis and vessel stability. *The FASEB Journal*. 2009;23(1):153-63.
73. Roncon P, Soukupova M, Binaschi A, Falcicchia C, Zucchini S, Ferracin M, et al. MicroRNA profiles in hippocampal granule cells and plasma of rats with pilocarpine-induced epilepsy--comparison with human epileptic samples. *Scientific reports*. 2015;5:14143.