



IV. ULUSLARARASI KATILIMLI DENEYSEL HEMATOLOJİ KONGRE BİLDİRİSİ

Metabolom ve transkriptom profillemesi ile insan kemik iliğinde hematopoetik niş karakterizasyonu

Yazarlar : Dr. Selda Ayhan - Doç.Dr. Emirhan Nemutlu - Prof. Sedef Kır - Prof. Duygu Uçkan Çetinkaya

Kurum : Hacettepe Üniversitesi

GİRİŞ - AMAÇ

Bu çalışma sağlıklı insan kemik iliğinde farklı hematopoetik kök hücre nişlerinin varlığının araştırılması ve karakterizasyonu amacıyla yapılmış.

METOD

Sağlıklı insan kemik iliğinde nişlerin varlığı omiks teknolojileri kullanılarak araştırılmıştır: transkriptomiks profillemeye RNA-Seq, metabolomiks profillemeye GC-MS tekniği kullanılmıştır. Bu amaçla çalışmamızda sağlıklı donörlerinin iki farklı olduğunu düşündüğümüz kemik iliği bölgesinden (endosteal bölge ve vasküler bölge) alınan kemik iliği örneklerinden plazma, mezenkimal kök hücreler ve süpernatant izole edililerek, karşılaştırmalı analizler ile nişlerin karakterizasyonu yapılmıştır.

BULGULAR

Nişlerin karşılaştırmalı RNA-Seq analizi sonucunda farklı eksprese olan 54 gen tanımlanmıştır ($p < 0,05$). GC-MS analizi ile nişlerde enerji metabolizması ve sfingozin metabolizmasıyla ilişkili metabolitlerin farklı seviyeleri tespit edilmiştir ($p < 0,05$).

SONUC

Bulgularımız bugüne kadar teorik olarak bildiğimiz; kemik iliğinde farklılaşmamış HKH'lerin hipoksik olduğu bilinen endosteal bölgede (Niş1) farklılaşmadan sessiz kaldıklarını ancak stres yada nörotransmitterler aracılı bir uyarı olduğunda vasküler bölgeye (Niş2) göç ettikleri bilgisini destekler niteliktedir. Bulgularımız, çalışmamızda ilk defa kullandığımız farklı kemik iliği nişlerinden örnek toplama tekniğimizin de uygulanabilirliğini doğrulamıştır. Bu çalışma ile insan kemik iliğinde farklı nişlerin varlığına dair teorik hipotezler omiks teknolojileri ile test edilerek bu nişlere ait moleküler belirteçler literatüre referans olacak şekilde ilk kez tanımlanmıştır.

ANAHTAR KELİMELE

Kemik iliği, Niş, Transkriptom, Metabolom