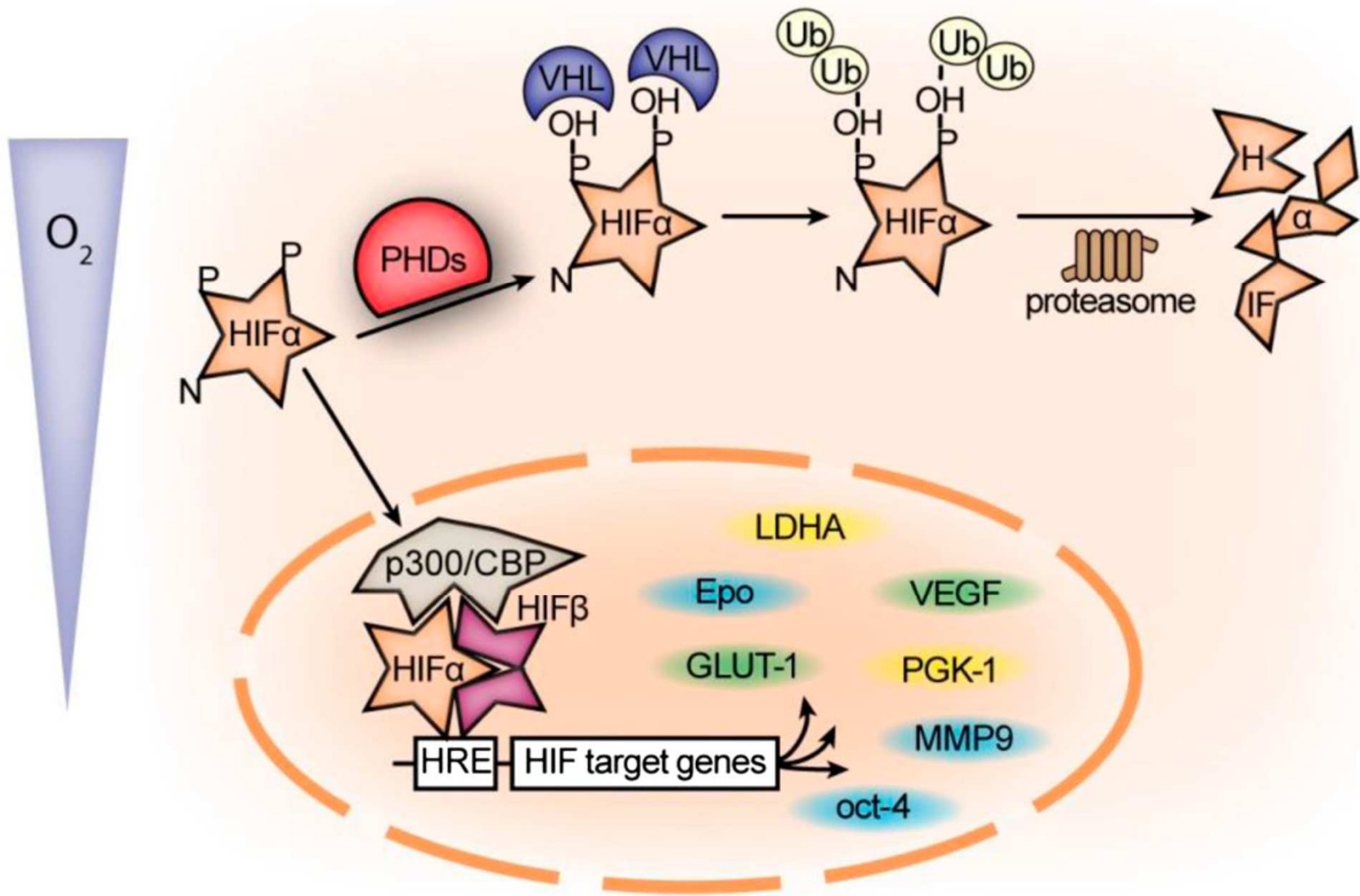
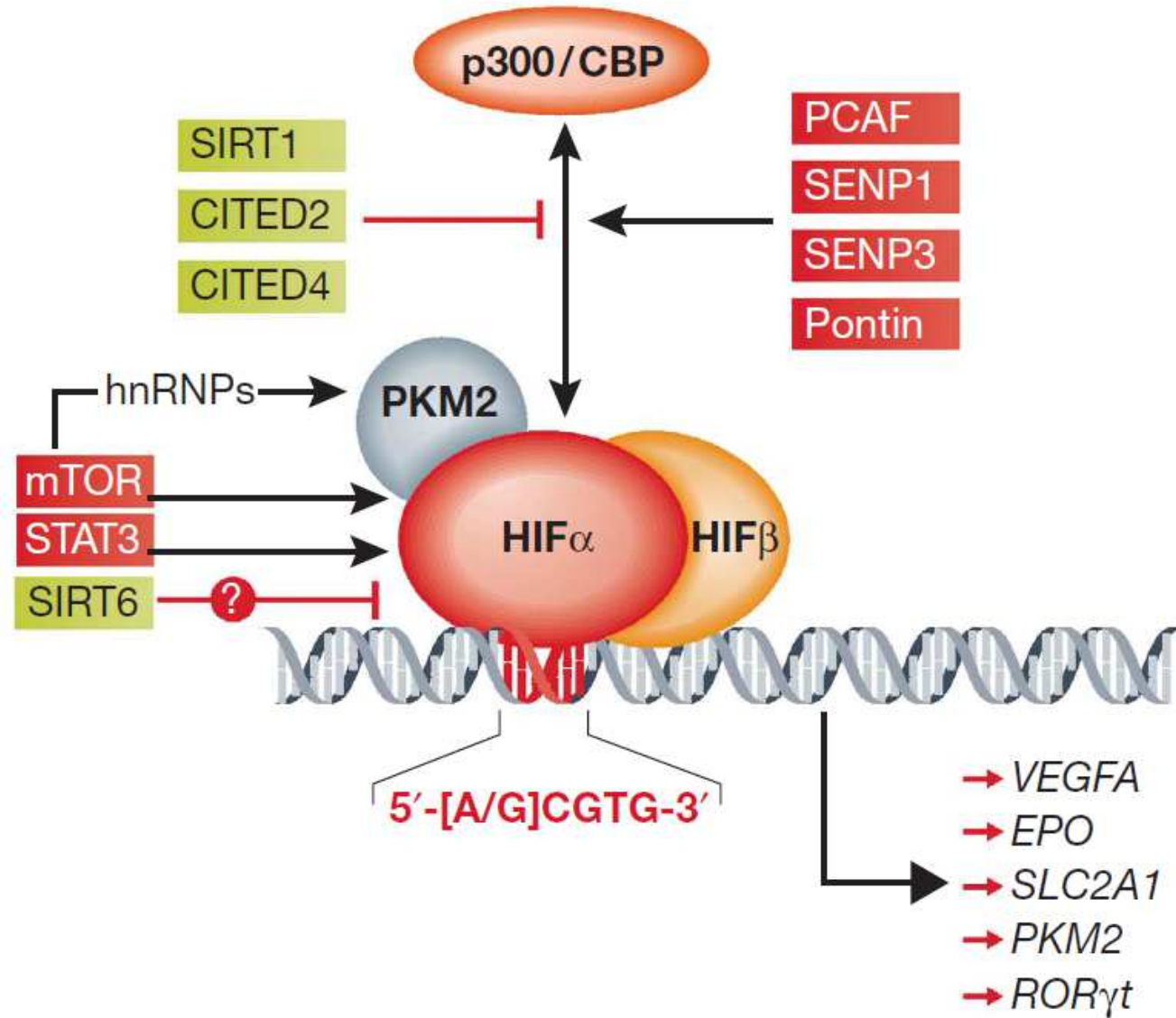


A microscopic view of numerous red blood cells, which are biconcave discs, filling the frame. The cells are densely packed and appear in various shades of red, from bright to dark, with some showing a distinct central pallor. The background is dark, making the red cells stand out.

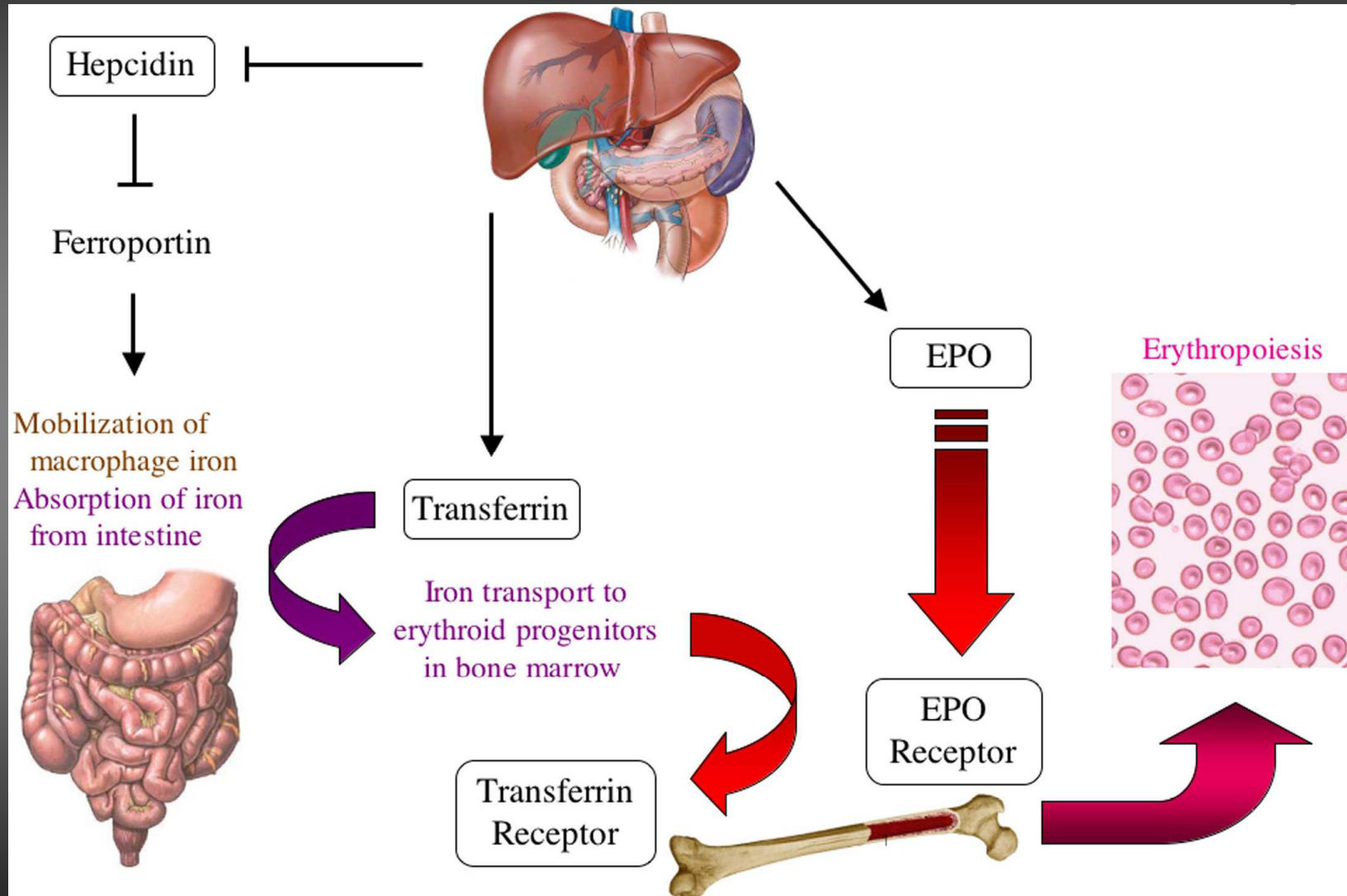
*Molecular mechanism
of oxygen sensing(2)*



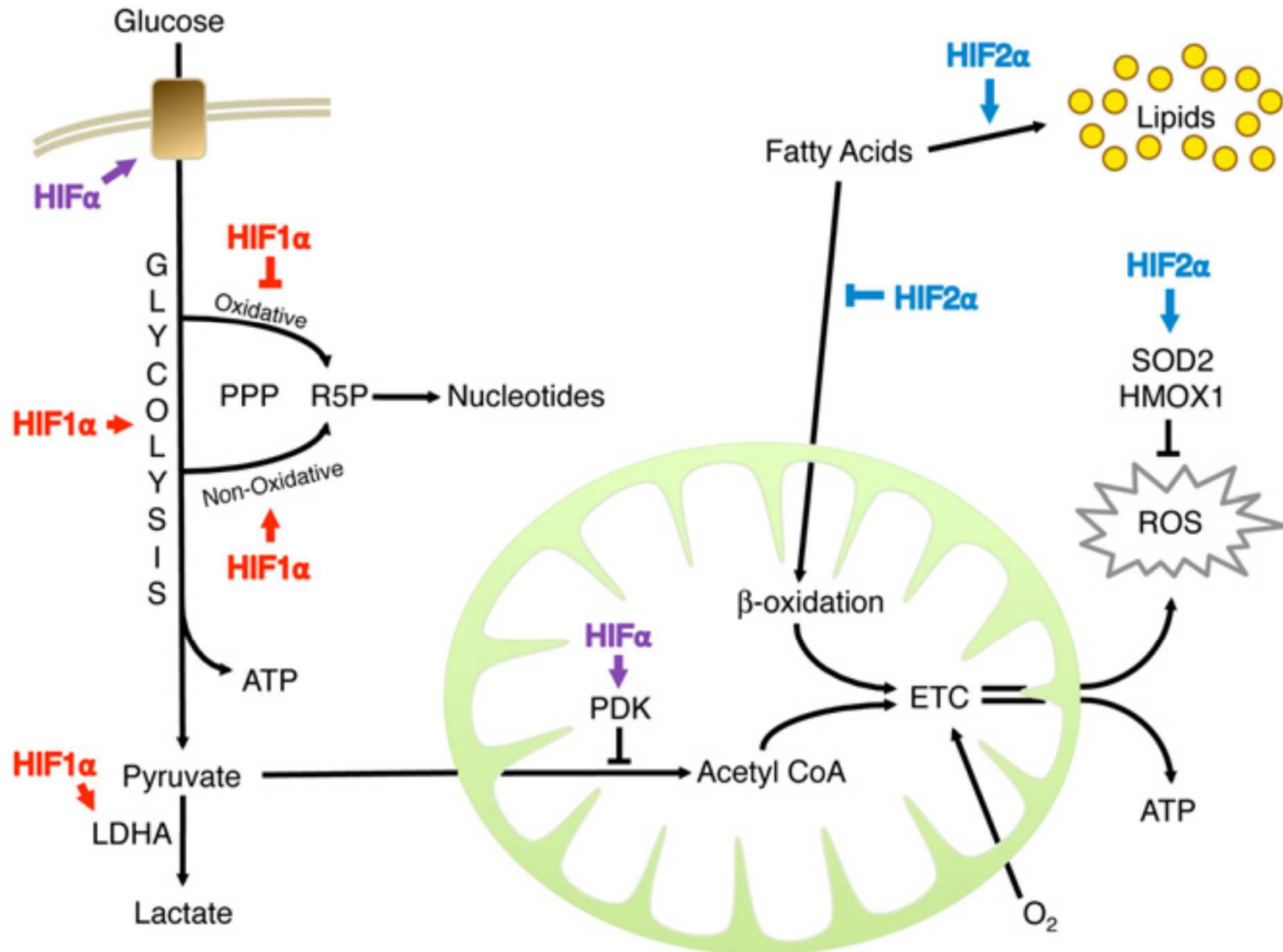
B Hypoxia



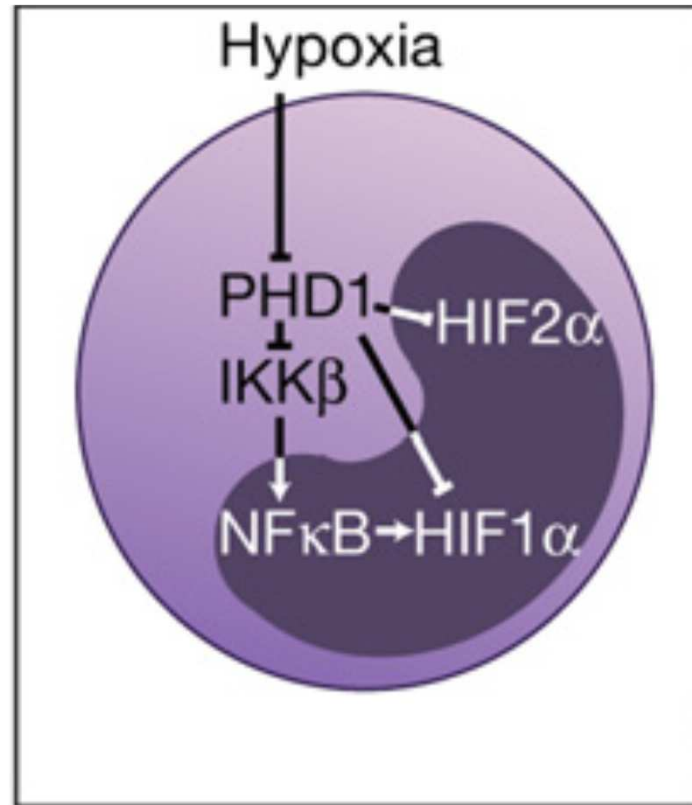
Response to hypoxia - chronic adaptation



HIFa Control of Cell Metabolism



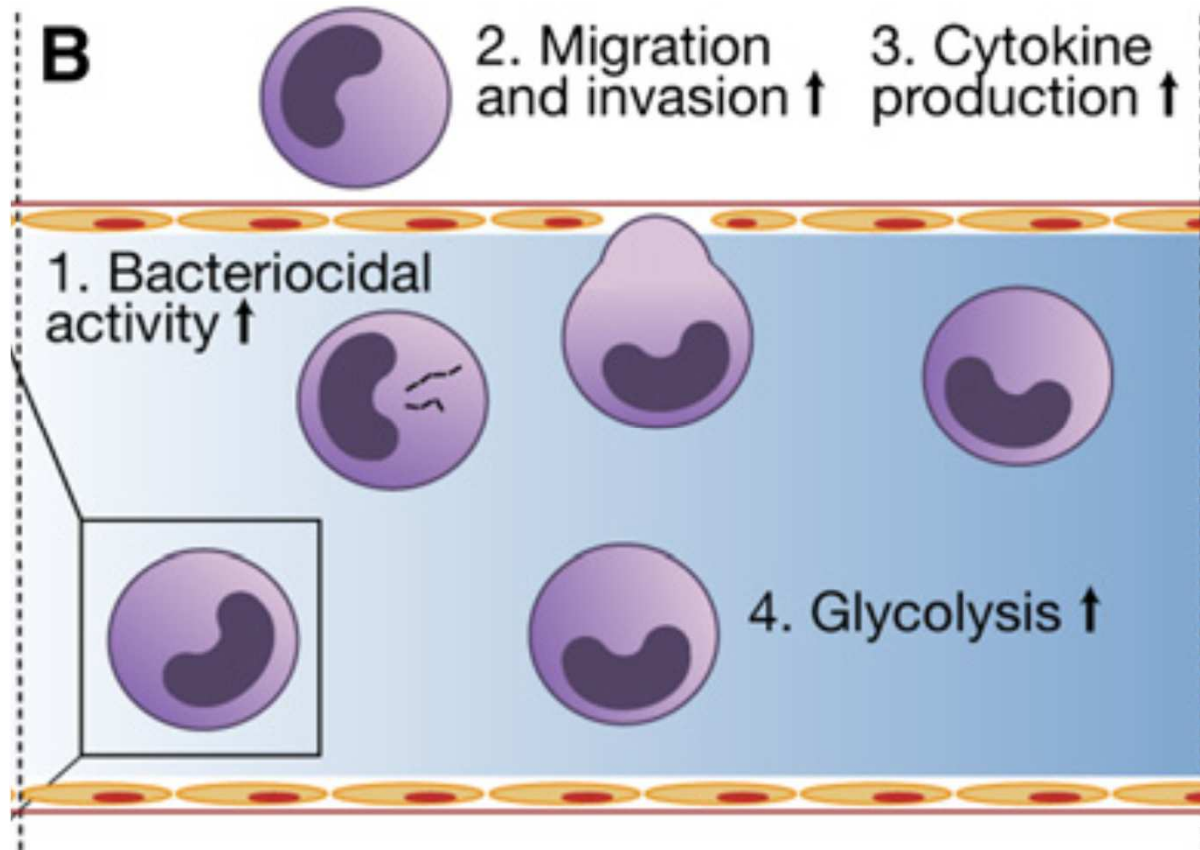
Macrophage and Vascular Responses to HIF



In addition to direct HIF stabilization, hypoxic inhibition of PHDs results in IKK-mediated degradation of the NF κ B inhibitor I κ B.

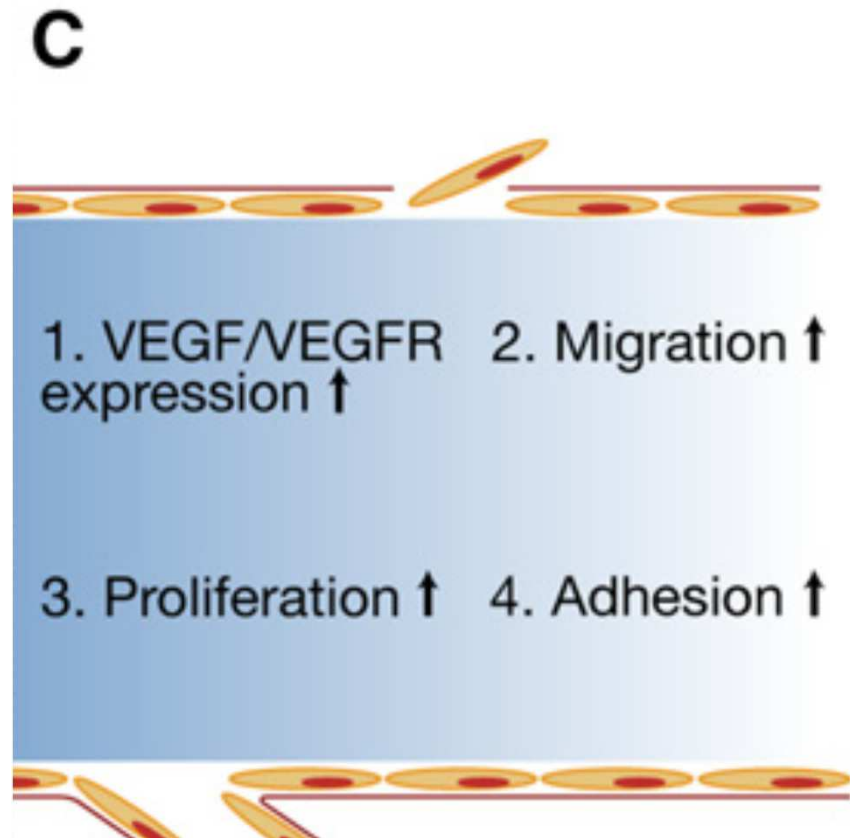
Activated NF κ B directly transactivates HIF1 α

Macrophage and Vascular Responses to HIF



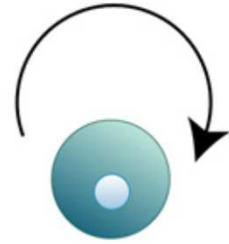
HIF activity is involved in multiple aspects of macrophage behavior via the induction of genes involved in (1) bacterial killing (NOS2), (2) migration and invasion (CXCR4), (3) cytokine production (IL1b, IL6, IL12, TNFa), and (4) metabolism (GLUT1, PGK1).

Vascular Responses to HIF: Endothelial Cells (Ecs)

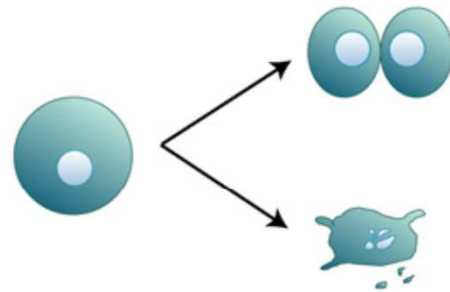


HIF1a stabilization in ECs increases (1) VEGF expression, (2) migration, and (3) proliferation, whereas HIF2a stabilization promotes (4) EC adhesion to the extracellular matrix

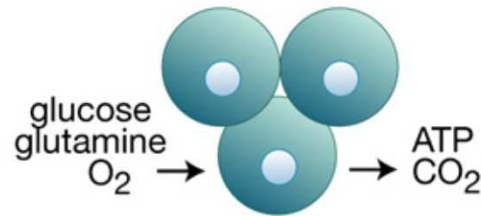
Effects of HIF on Multiple Steps of Cancer Development



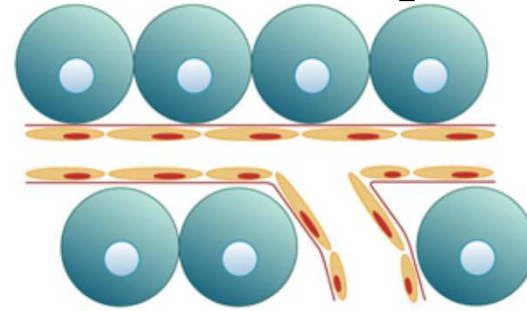
1. Cancer 'stem' cell
(e.g. Notch, MYC, WNT pathways)



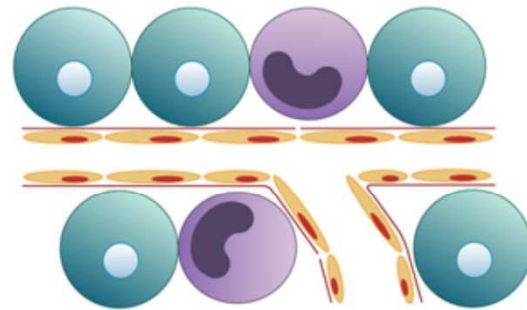
2. Proliferation and survival
(MYC, p53, PI3K/AKT)



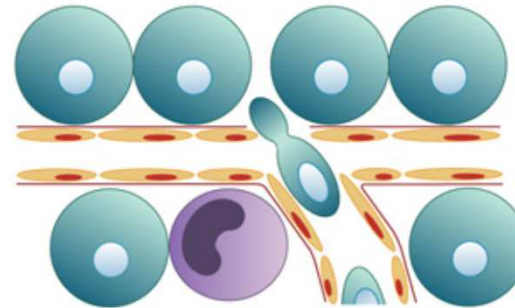
3. Metabolism
(GLUT1, PGK1, REDD1)



4. Angiogenesis
(VEGF, PDGF)



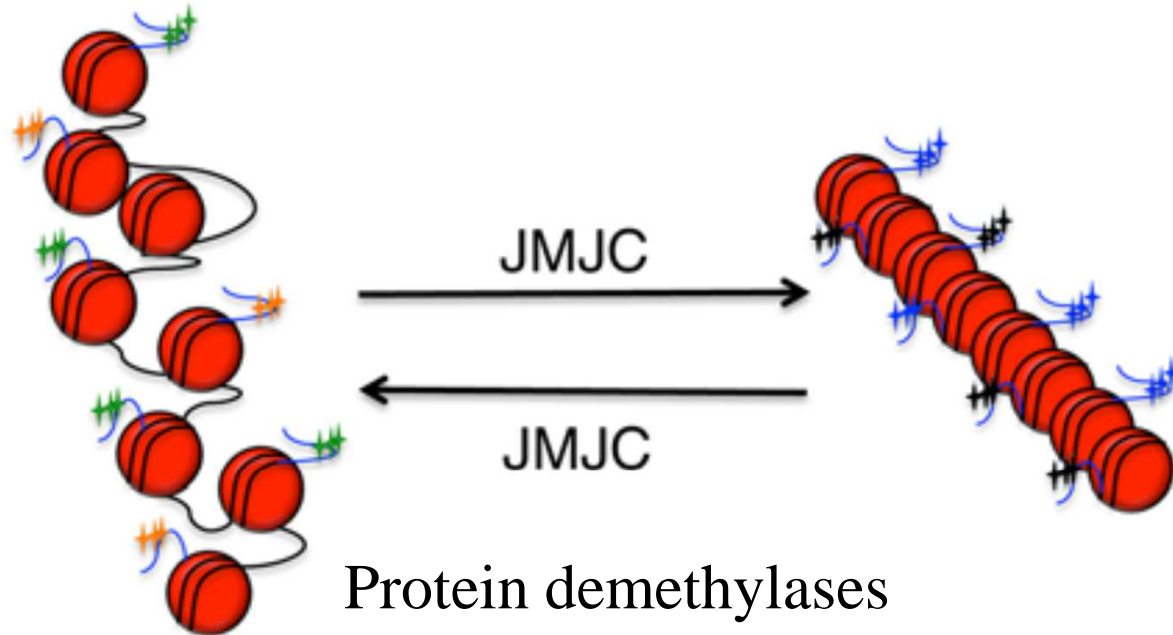
5. Cell infiltration
(CXCR4, SDF1)







6. Invasion and metastasis
(LOX, TWIST)

Active-euchromatin

Silent-heterochromatin



Protein demethylases
similar to the HIF hydroxylase FIH

-  H3K4me3
-  H3K36me3
-  H3K9me3
-  H3K27me3

*REGOLAZIONE
DELL'ESPRESSIONE
DELL'ERITROPOIETINA
DA PARTE
DELL'IPOSSIA*

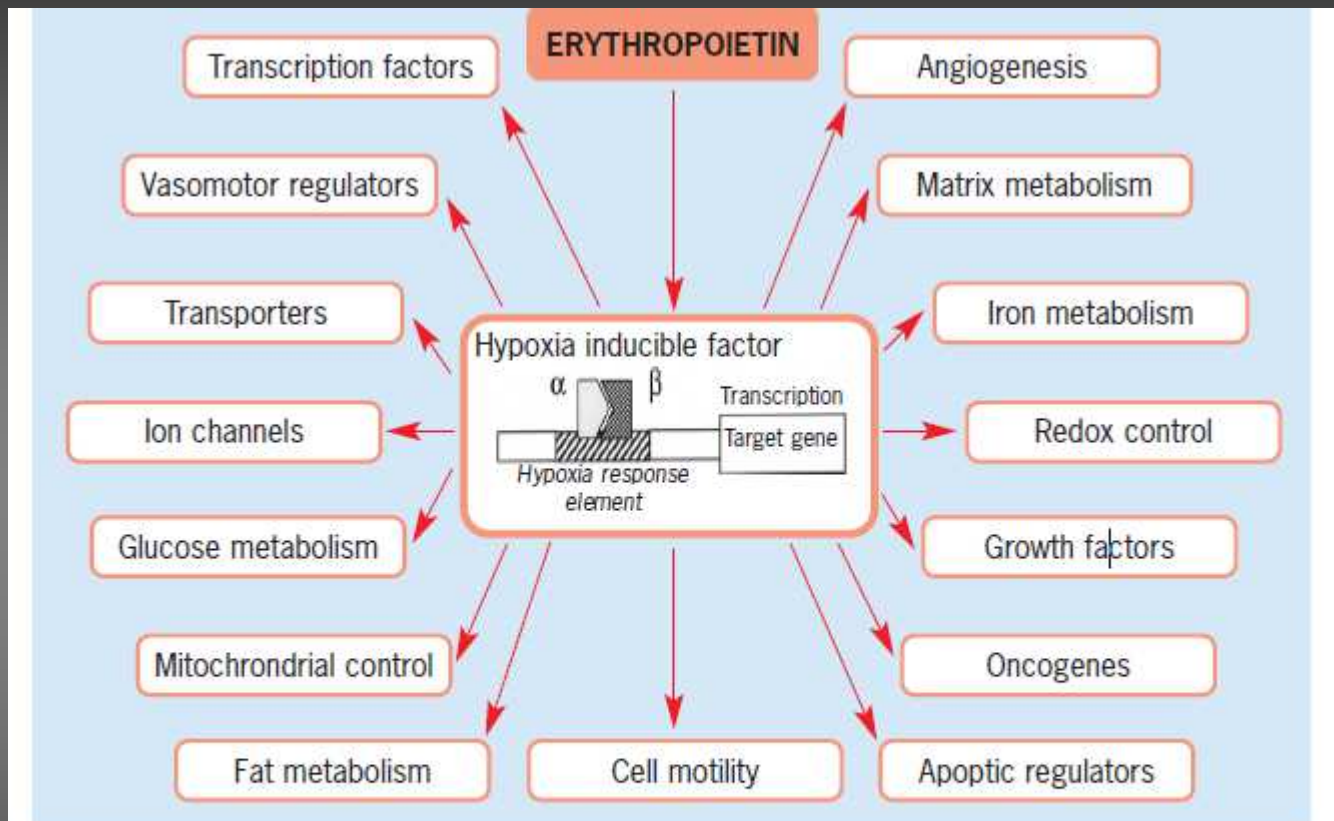
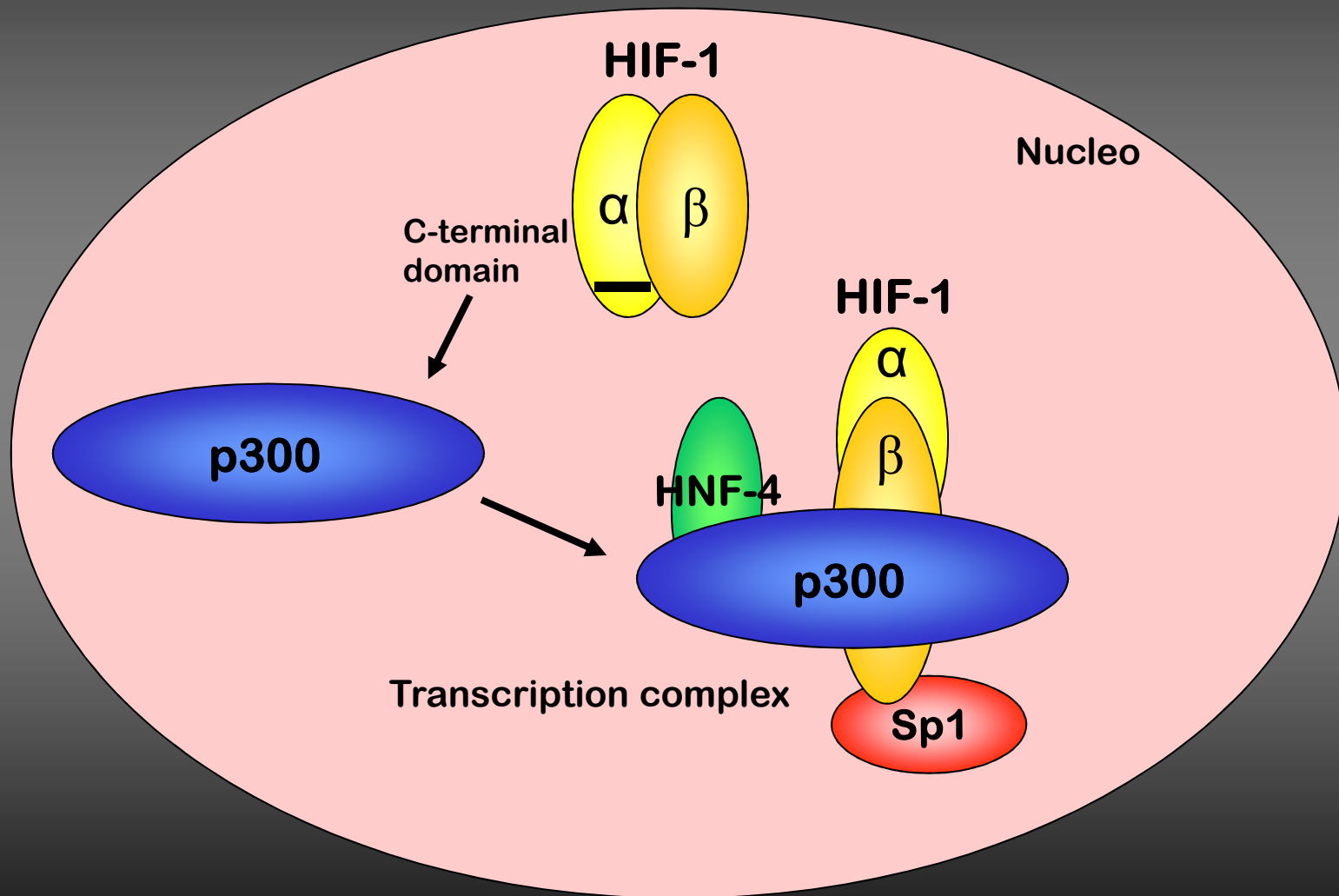
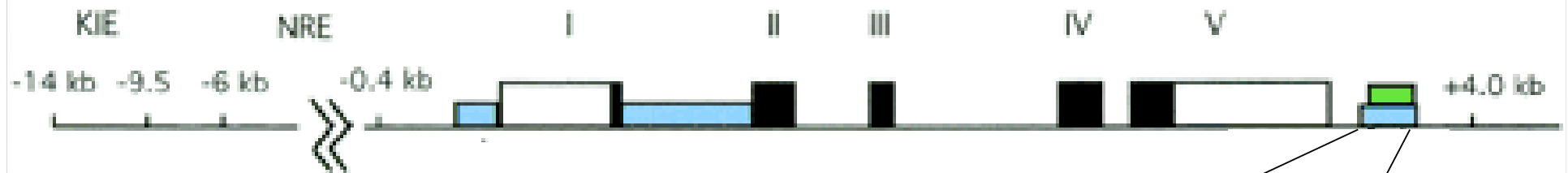


Fig 1. The hypoxia-inducible factor (HIF) transcriptional cascade directly regulates genes with key functions in a broad range of processes. The complex binds in a sequence-specific manner to control elements in DNA, termed hypoxia-response elements, at target gene loci.

Regolazione del gene Epo da parte dell'ipossia

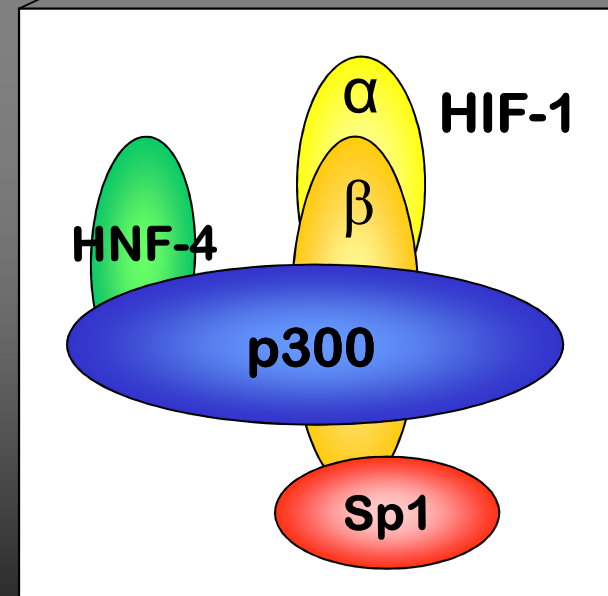


Regolazione del gene Epo da parte dell'ipossia

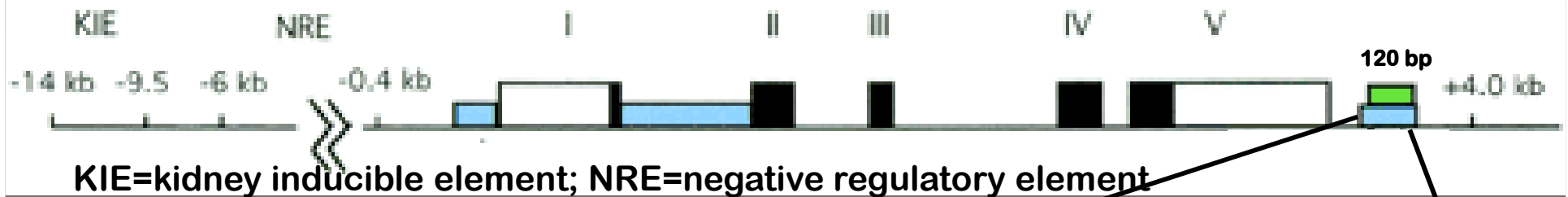


Promotore

Transcription complex



Regolazione del gene Epo da parte dell'ipossia



50 pb nella
Regione 3'

GGCCCTACGGTGTCTGTCTCACACAGCCGTGTCTGACCTCTCGACCTACCG

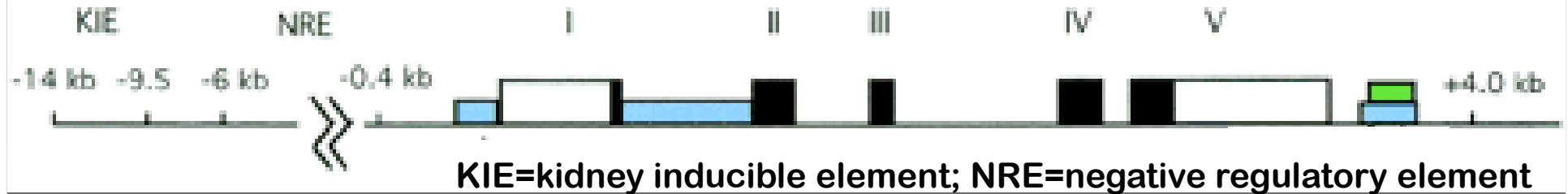
Sequenza di
legame per
HIF-1

Sequenza di
legame per
HNF-4

Mutazioni a carico di una di queste sequenze
inibiscono l'induzione di Epo da parte
dell'ipossia

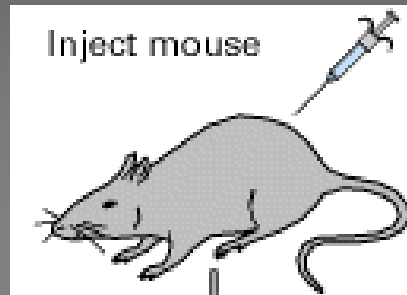
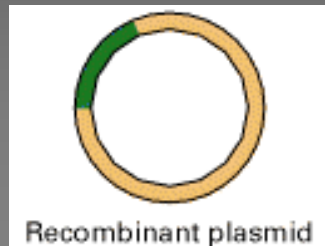
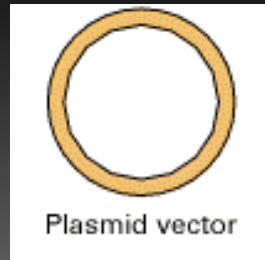
HNF-4 (Hepatocyte nuclear factor 4)
fattore di trascrizione
espresso nel cortex renale e nel fegato
come Epo □
contribuisce alla regolazione tessuto-specifica

Regolazione tessuto-specifica del gene Epo



Regione 5'

- 9.5-14 kb □ Sequenza richiesta per l'espressione nel rene
- Entro le 9.5 kb □ Sequenza richiesta per l'espressione nel fegato
- 0.4-6 kb □ Sequenza regolatoria negativa che inibisce l'espressione di Epo nei tessuti che non producono Epo



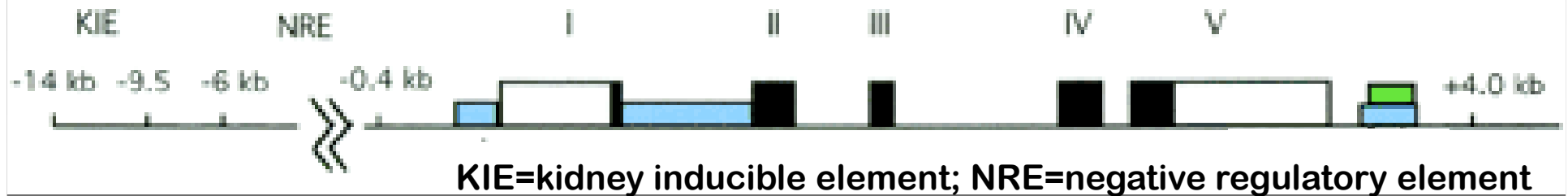
Regione 5'

Regione 3'



1. Epo espressa in fegato, rene e tessuti che normalmente non esprimono Epo
2. Epo espresso nel fegato ma non nel rene → 400 bp-6 kb: sequenze regolatorie negative
3. Epo espresso nel fegato ma non nel rene → Entro le 9.5 kb: sequenze per l'espressione nel fegato
4. Epo espresso nel rene → 9.5-14 kb: sequenze per l'espressione nel rene

Regolazione tessuto-specifica del gene Epo



Promotore

Sp1: fattore di trascrizione ubiquitario

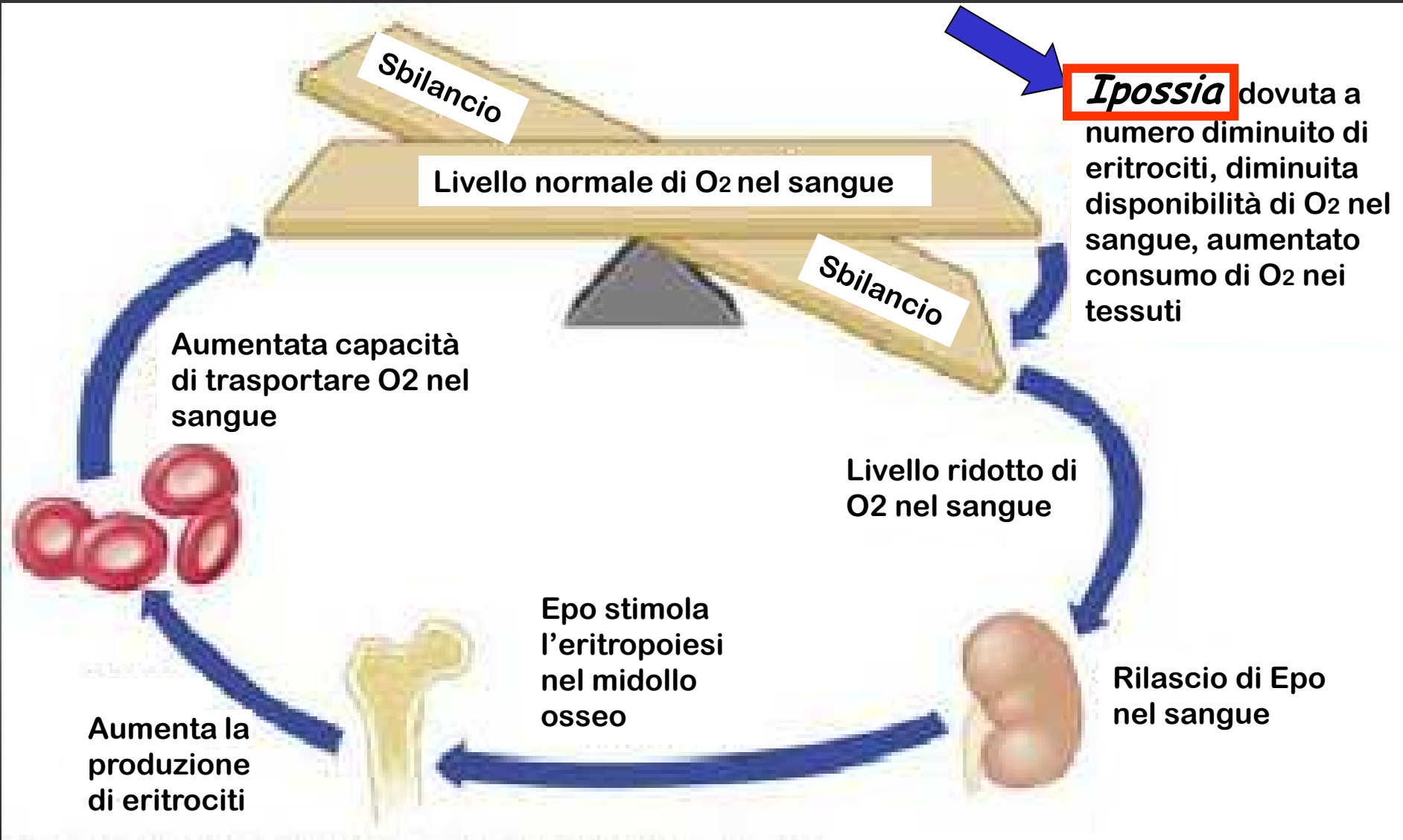
- Omologia >73% con il promotore del gene Epo murino
- Regione -61 -45: contribuisce alla regolazione da parte dell'ipossia □ sequenza di legame per **Sp1**
- Sito di legame per GATA: inibizione dell'espressione di Epo
- Sito CACCC: sequenza stimolatrice dell'espressione di Epo

*REGOLAZIONE
DELL'ESPRESSIONE
DA PARTE
DELL'ERITROPOIETINA*

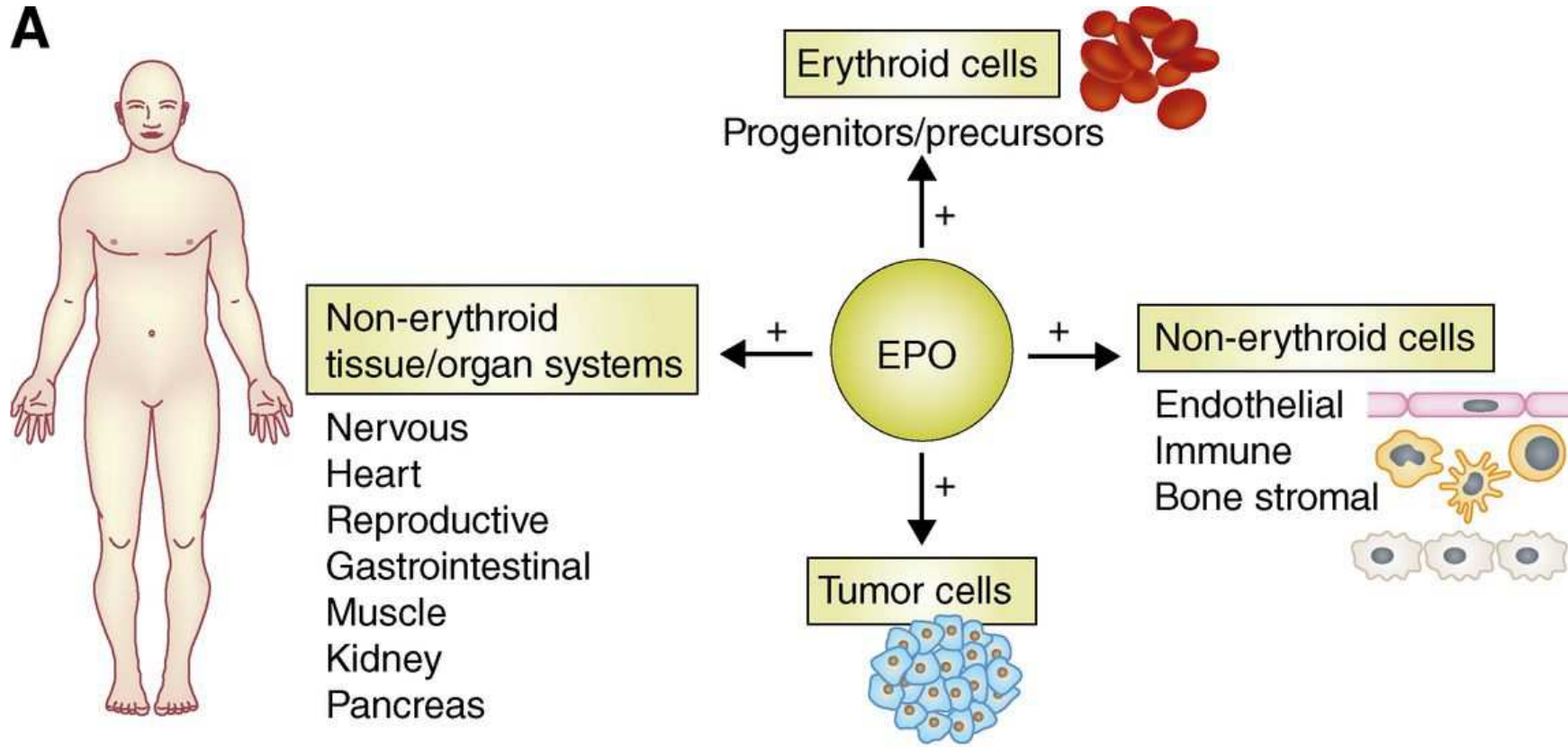
REGOLAZIONE DELL'Epo



REGOLAZIONE DELL'Epo

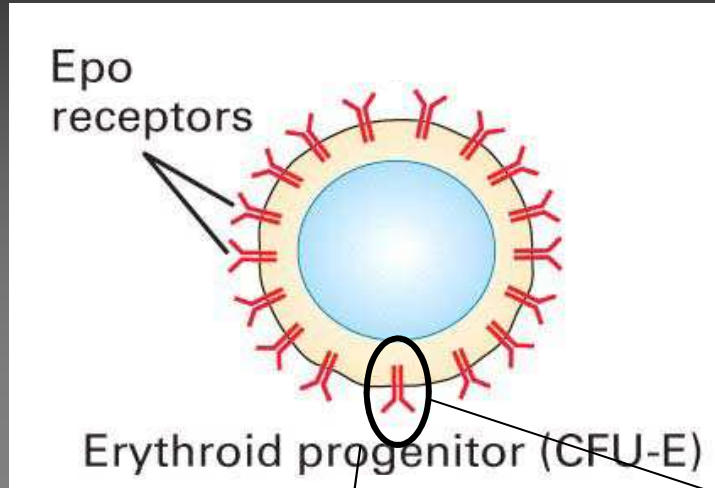


Multifaceted effects and targets of EPO. (A) EPO targets many cell types and tissues, including erythroid cells and their progenitors, tumor cells, and a variety of other nonerythroid cells and tissues.



Broxmeyer H E J Exp Med 2013;210:205-208

Il recettore dell'Epo (EpoR)



Glicoproteina
transmembrana

Monomero: 66
kDa (507 aa)

Famiglia dei recettori
delle citochine:

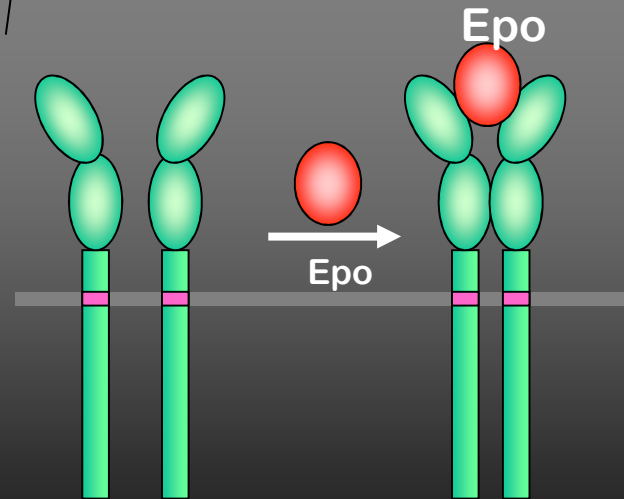
Legame del ligando



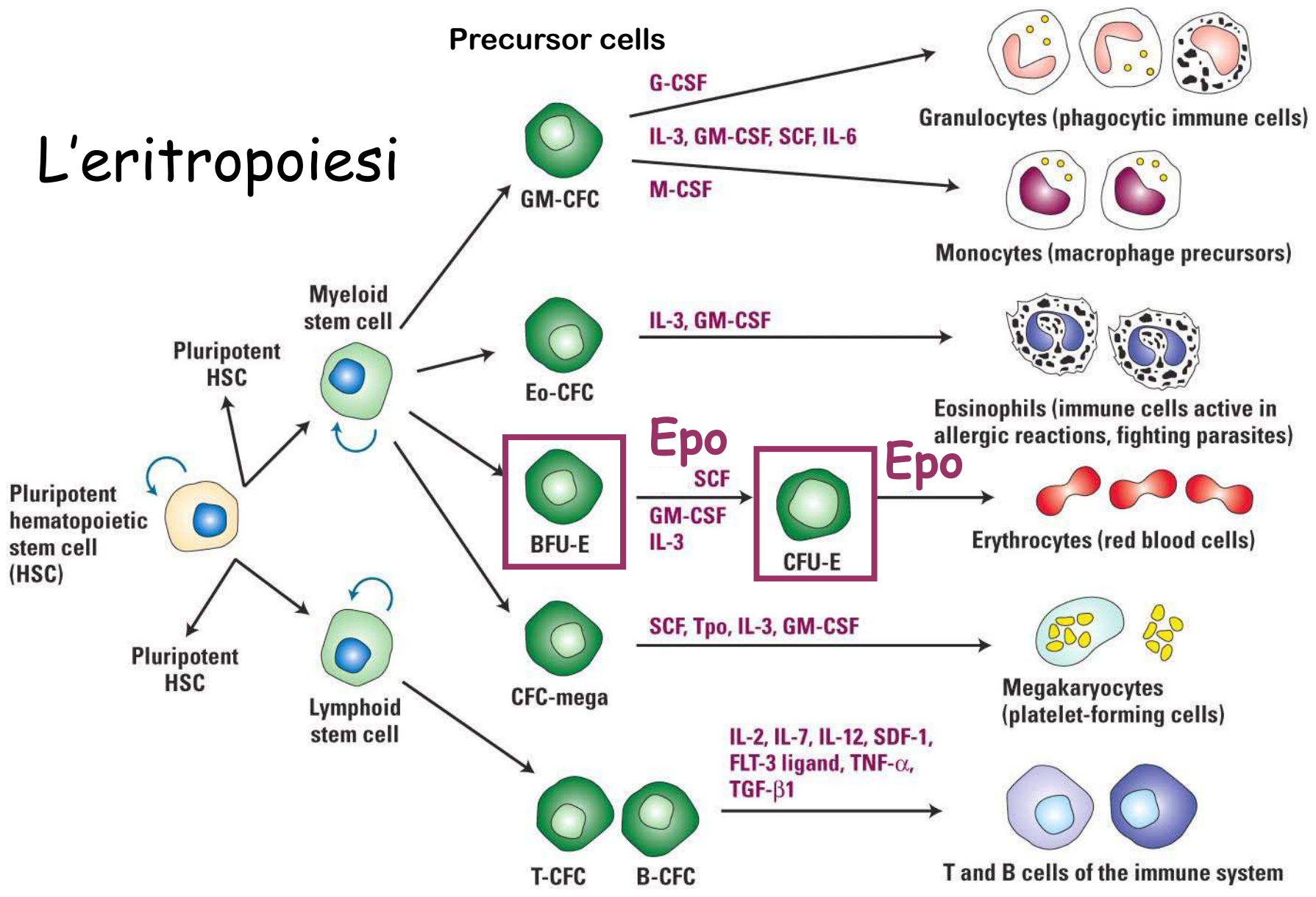
Dimerizzazione



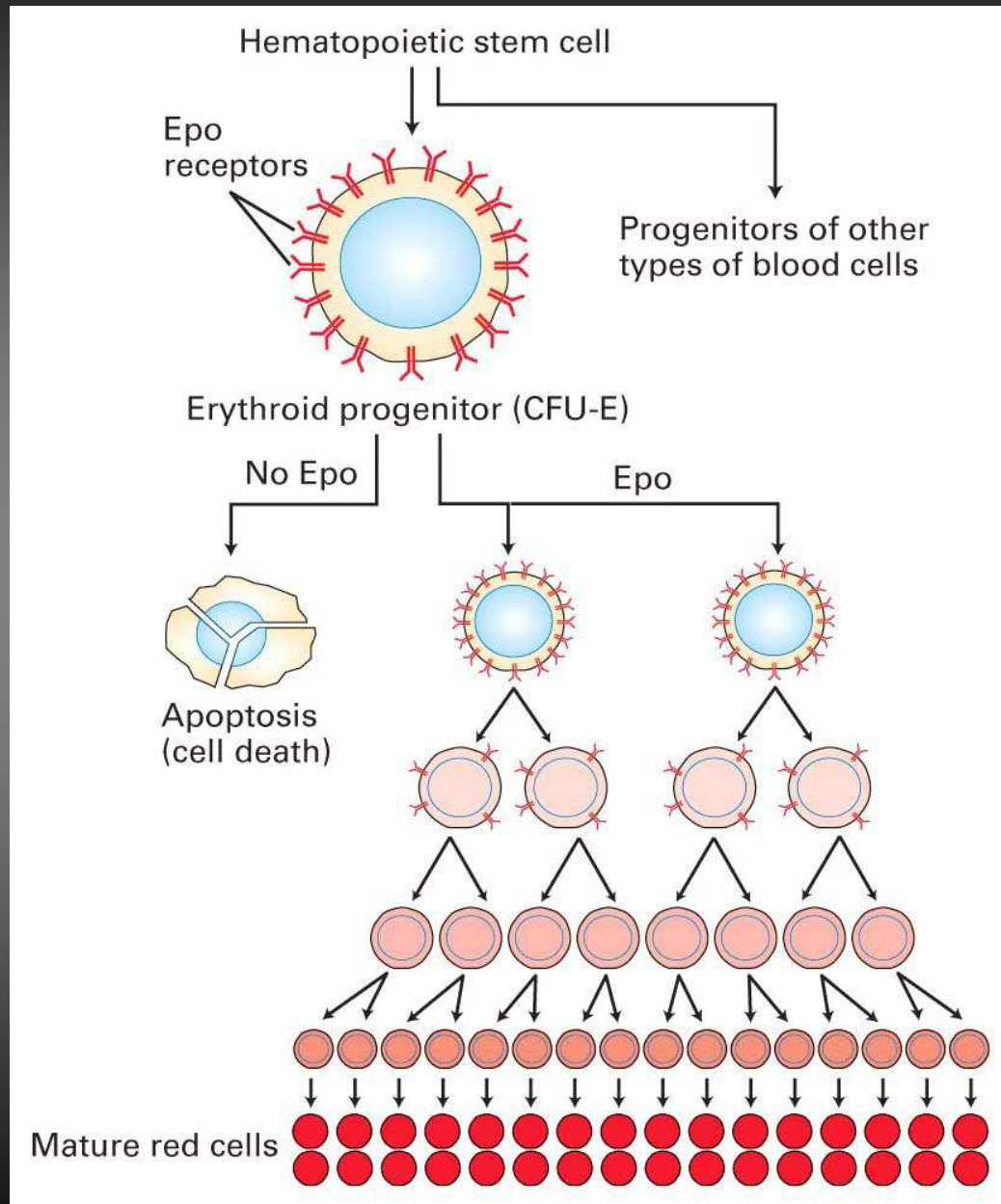
Attivazione del
recettore



L'eritropoiesi



Ruolo dell'Epo nell'eritropoiesi



EpoR è espresso sulla superficie delle cellule eritroidi (massima espressione sulle CFU-E, diminuita sugli stadi più differenziati)

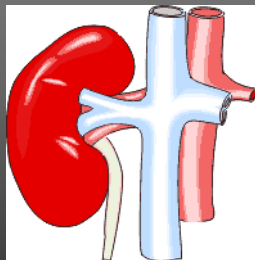
Epo agisce “salvando” dall’apoptosi le cellule progenitrici eritroidi, e stimolandone la maturazione

ERITROPOIETINA (Epo)

- Ormone glicoproteico di 34 kDa (165 aa)
- Struttura a 4 α -eliche (A,B,C,D)
- Funzione: stimola l'eritropoiesi

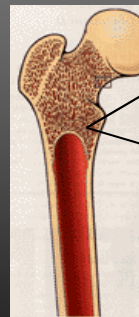


SINTESI

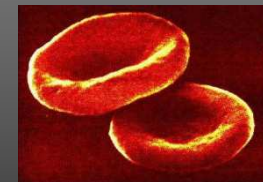
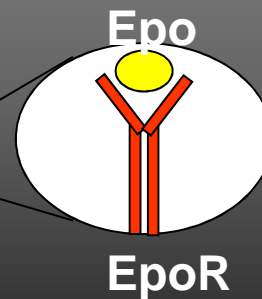


Reni

LEGAME CON IL RECETTORE

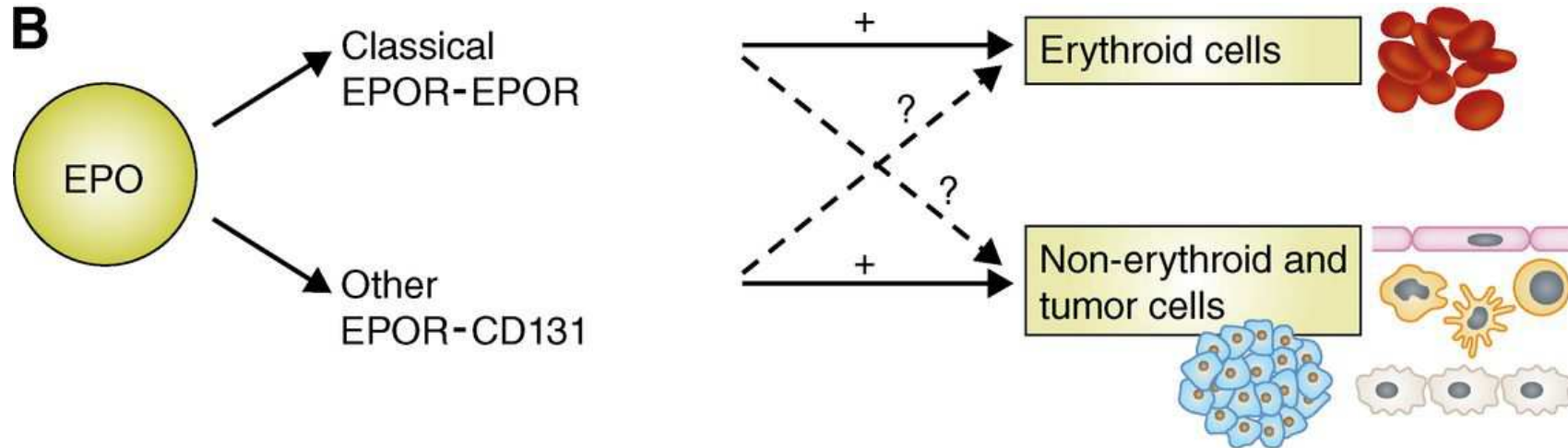


Midollo osseo



*PRODUZIONE DI
ERITROCITI*

Multifaceted effects and targets of EPO. (A) EPO targets many cell types and tissues, including erythroid cells and their progenitors, tumor cells, and a variety of other nonerythroid cells and tissues.

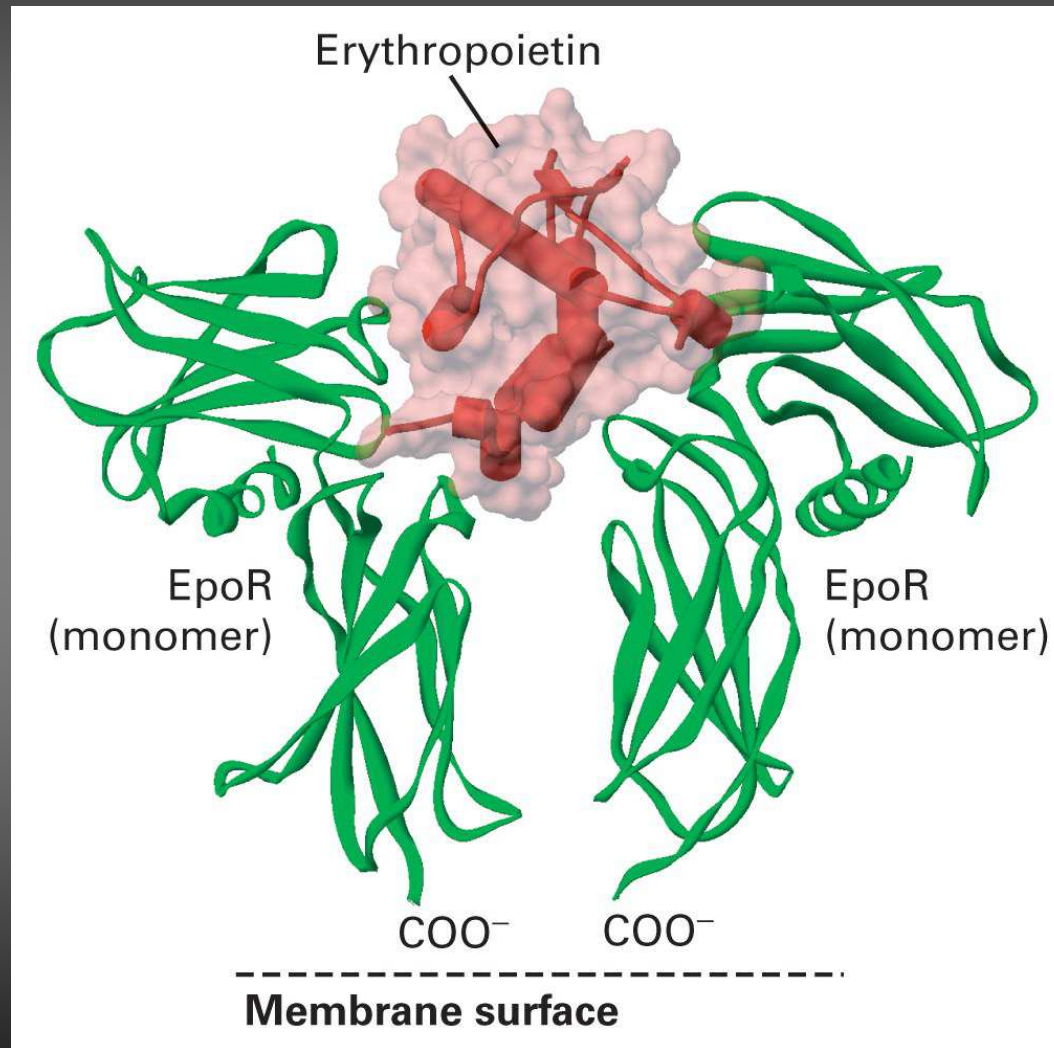


EPO signals in erythroid cells via EPOR-EPOR homodimers and in nonerythroid cells via EPOR-CD131 heterodimers

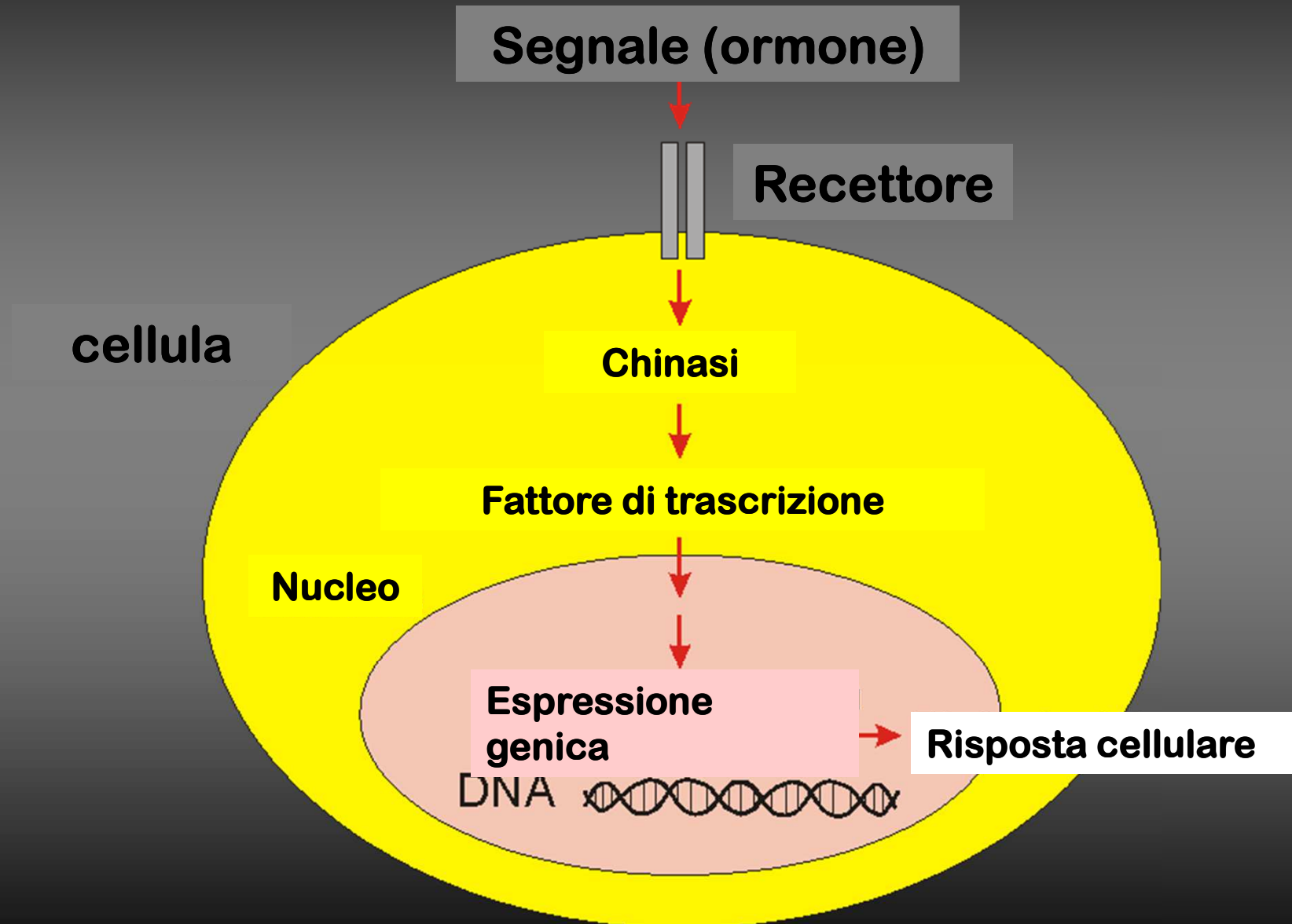
Broxmeyer H E J Exp Med 2013;210:205-208



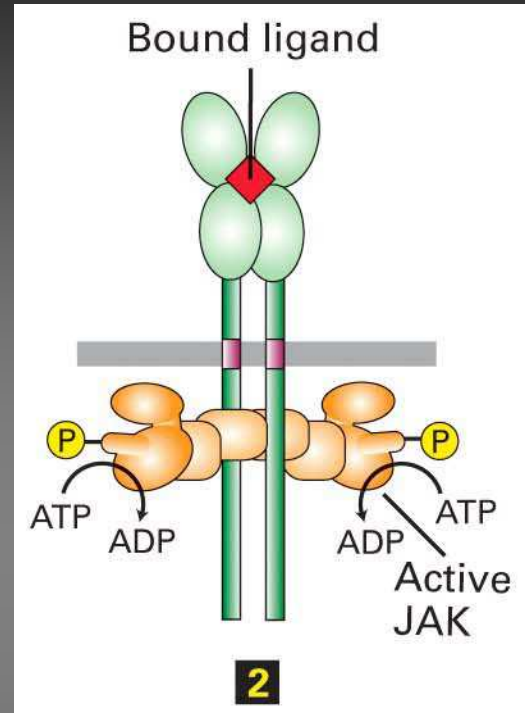
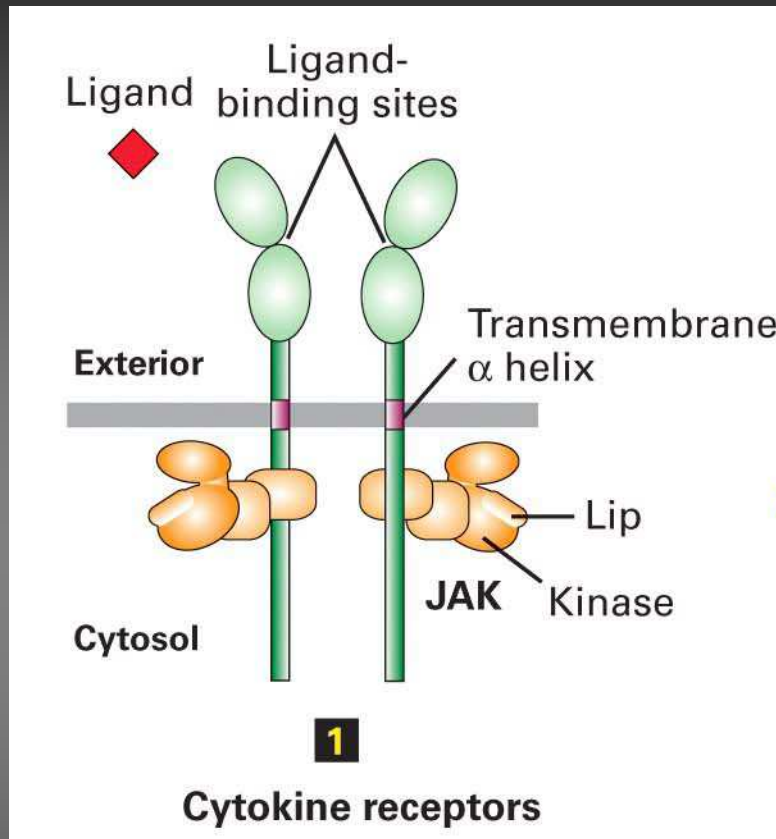
Erythropoietin-Epo Receptor complex



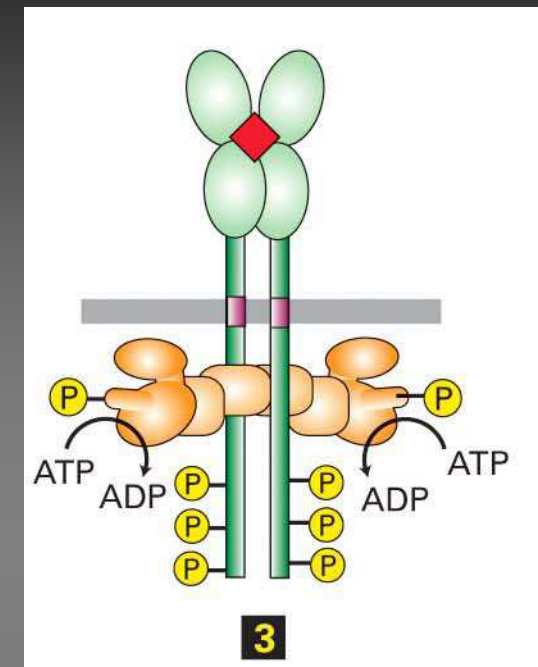
TRASDUZIONE DEL SEGNALE



Trasduzione del segnale



Dimerizzazione di EpoR
Fosforilazione di JAK e
attivazione di JAK chinasi



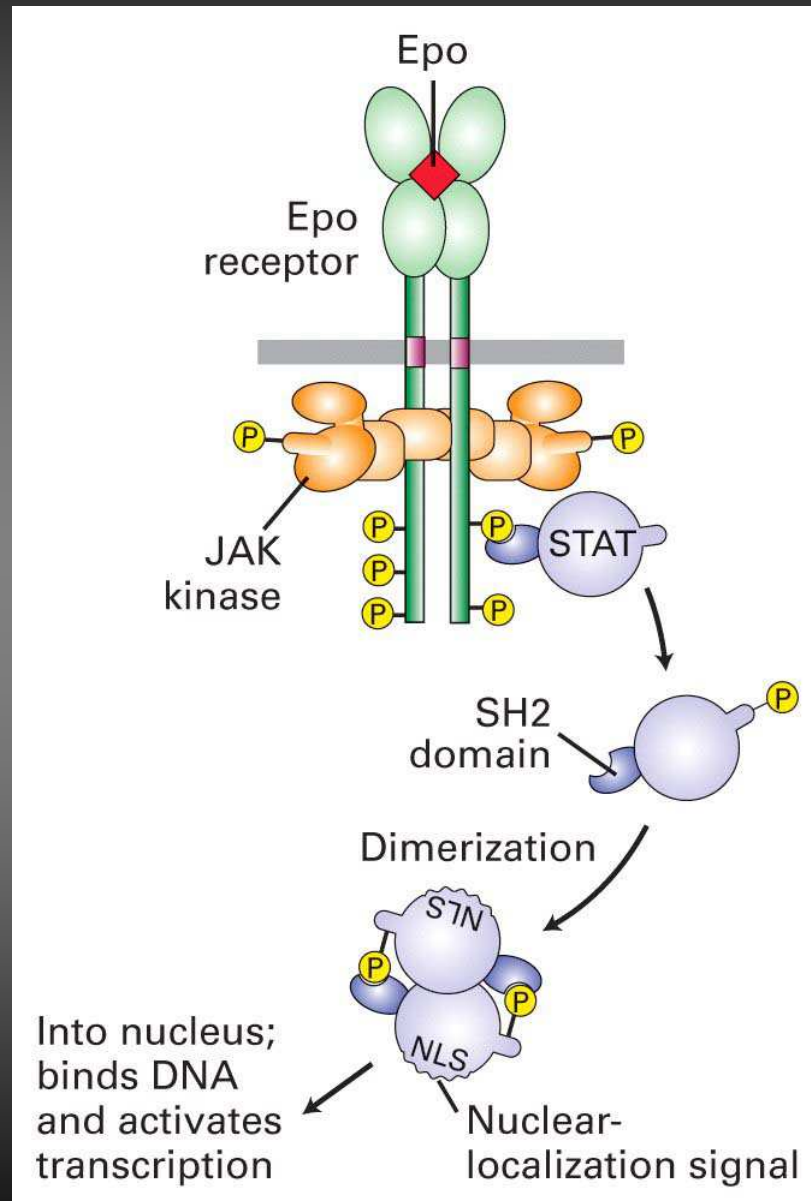
JAK fosforila i residui di
Tyr del dominio
intracellulare di EpoR

Dominio intracellulare privo di
attività catalitica



Una JAK chinasi è associata
al dominio citosolico di EpoR

Trasduzione del segnale



4) Legame di STAT ai residui di fosfo-Tyr di EpoR, mediante il dominio SH2 di STAT

5) Fosforilazione di STAT (fattore di trascrizione)

6) Dissociazione di STAT da EpoR e dimerizzazione di STAT



Esposizione di NLS (nuclear-localization signal)

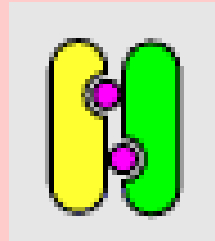


Spostamento di STAT al nucleo e legame a sequenze enhancer specifiche

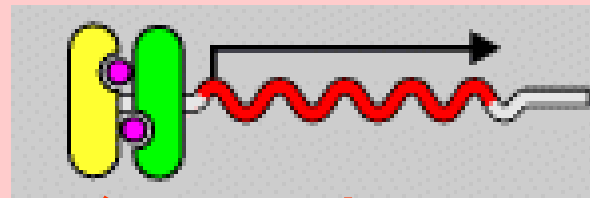
Trascrizione di geni target

Nucleo

STAT



Legame di STAT al DNA e trascrizione di geni target



Bcl-x_L



Azione anti-apopotica

Ciclina D1



Stimolazione del ciclo cellulare

Geni eritro-specifici (globine)

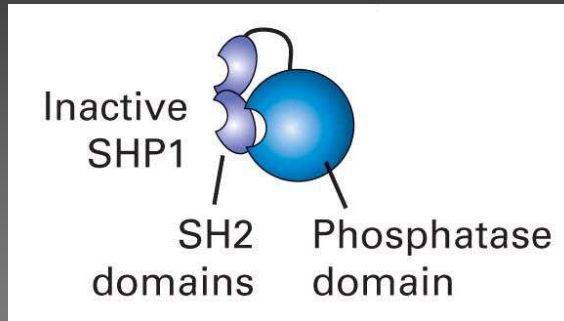
SOCS protein



Terminazione del segnale

Terminazione del segnale

A breve termine: *SHP1* fosfatasi



Struttura:

-2 domini SH2
-1 dominio catalitico ad attività fosfatasica

Forma inattiva:

1 dominio SH2 è legato al sito catalitico e lo nasconde

Forma attiva:

il dominio SH2 si lega ad una fosfo-Tyr del recettore

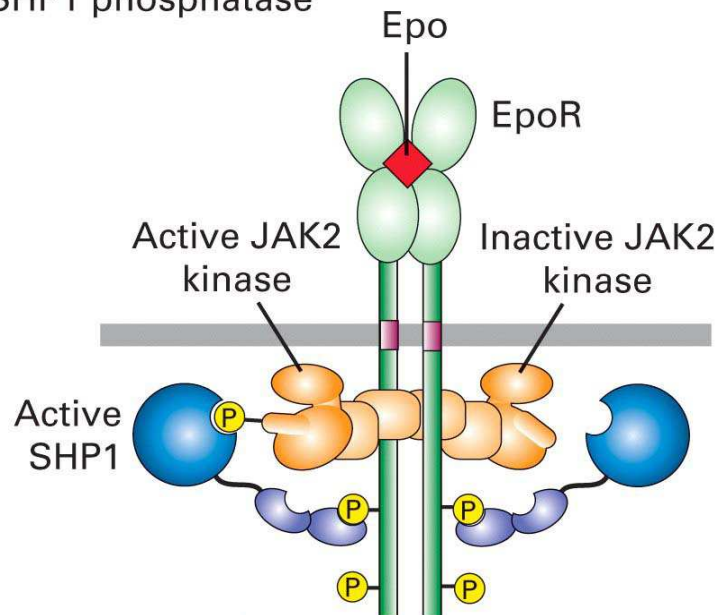


esposizione del sito catalitico, attività fosfatasica nei confronti di JAK



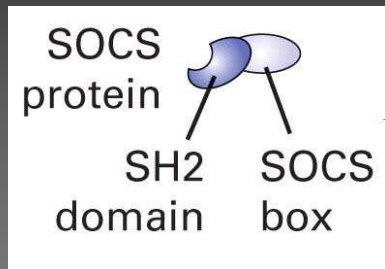
Inattivazione di JAK e terminazione della trasduzione del segnale

JAK2 deactivation induced by SHP1 phosphatase



Terminazione del segnale

A lungo termine: *SOCS proteins*

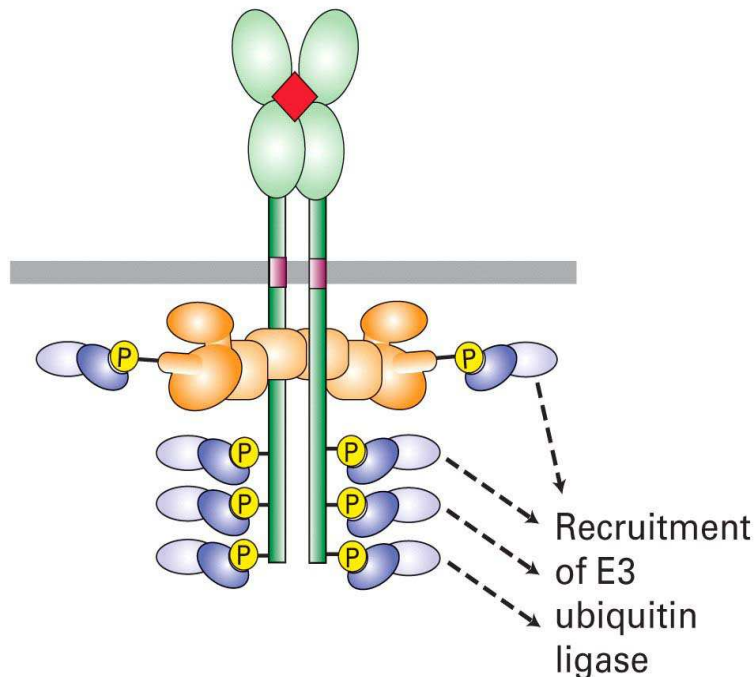


Struttura:

-1 dominio SH2

-1 dominio SOCS (SOCS box) □
richiama E3 ubiquitina ligasi

Signal blocking and protein degradation induced by SOCS proteins



Meccanismo d'azione:

a) Il dominio SH2 si lega alle fosfo-Tyr del recettore: impedisce il legame di STAT

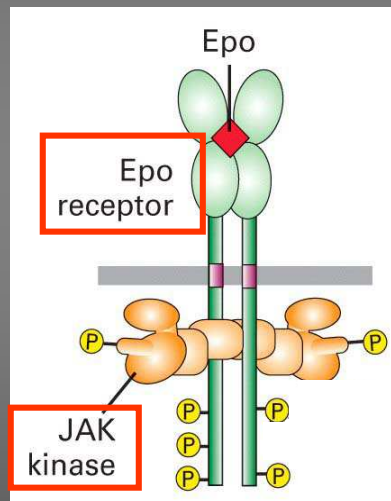
b) Il dominio SOCS richiama E3



Ubiquinizzazione e degradazione proteosomica di JAK

Trasduzione del segnale Epo-EpoR

Topi knock-out per **EpoR**
(Wu et al. Cell 1993)



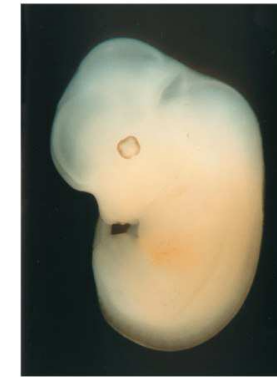
Mancata formazione degli eritrociti □ *Morte dell'embrione al 13° giorno per anemia*

Topi knock-out per **JAK**
(Neubauer et al. Cell 1998)

EpoR

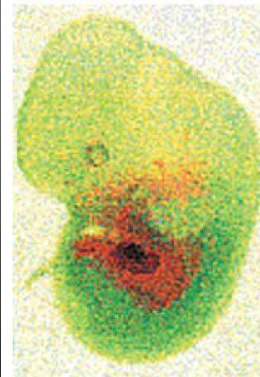


+/+

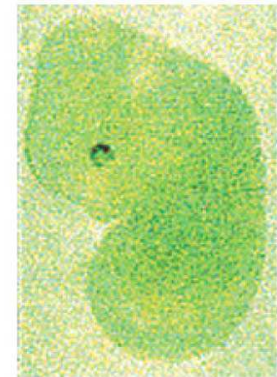


-/-

JAK2



+/+



-/-