

مطالعه بیان کمی و کیفی ژن لیپوپروتئین لیپاز قبل و بعد از تمایز سلول‌های بنیادی مزانشیمی مغز استخوان انسانی به سلول چربی

سید رسول رضوی باباحیدری^۱، کامران موسوی حسینی^۲، امیر آتشی^۳، شادی اسمعیلی^۴

چکیده

سابقه و هدف

تری گلیسرید سرم، نقش مهمی در سرطان‌زایی بازی می‌کند و آنزیم کلیدی LPL که مسبب هیدرولیز تری گلیسرید پلاسما است نیز، در این روند درگیر است. تنظیم نادرست LPL در بسیاری از بیماری‌های انسانی مثل آترواسکلروزیس نقش دارد. سطوح تری گلیسرید سرم با افزایش خطر شیلمیکرونمیا، چاقی و دیابت نوع ۲ در ارتباط است. در این مطالعه بیان کمی و کیفی این ژن، قبل و بعد از تمایز سلول‌های بنیادی مزانشیمی مغز استخوان انسانی به سلول چربی در محیط آزمایشگاه بررسی گردید.

مواد و روش‌ها

در یک کارآزمایی بالینی، سلول‌های بنیادی مزانشیمی جداسازی گردید و در محیط کشت حاوی القاگرهای مناسب به مدت ۱۴ روز به آدیپوسیت تمایز داده شد. سپس RNA استخراج شد و ساخت cDNA انجام گرفت و در نهایت آنالیز RT-PCR برای ژن LPL صورت گرفت.

یافته‌ها

مشاهده زیر میکروسکوپ معکوس بعد از ۱۴ روز نشان داد که قابلیت تمایز سلول‌های مزانشیمی مغز استخوان به چربی وجود دارد. ژن LPL قبل از تمایز فاقد بیان بود در حالی که بعد از تمایز دارای بیان قابل توجهی بود.

نتیجه‌گیری

با توجه به یافته‌های حاصل از این مطالعه، سلول‌های بنیادی مزانشیمی مغز استخوان قادر به تمایز به رده استخوان و چربی می‌باشند که در تصمیم‌گیری برای تعهد به هر کدام از این رده‌ها، یک سری ژن‌های چربی‌ساز از جمله LPL، نقش دارند. ممکن است بتوان با مهار و یا تحریک بیان آن‌ها در درمان بیماری‌های مختلف از جمله سرطان پروستات، آنمی آپلاستیک، دیابت و پوکی استخوان از آن بهره برد.

کلمات کلیدی: سلول‌های بنیادی مزانشیمی، آدیپوسیت‌ها، لیپوپروتئین لیپاز، تمایز سلولی

تاریخ دریافت: ۹۴/۷/۲

تاریخ پذیرش: ۹۴/۱۱/۱۰

- ۱- کارشناس ارشد هماتولوژی و بانک خون - مرکز تحقیقات انتقال خون - مؤسسه عالی آموزشی و پژوهشی طب انتقال خون - تهران - ایران
- ۲- مؤلف مسئول: PhD شیمی دارویی - دانشیار مرکز تحقیقات انتقال خون - مؤسسه عالی آموزشی و پژوهشی طب انتقال خون - تهران - ایران - صندوق پستی: ۱۴۶۶۵-۱۱۵۷
- ۳- مؤلف مسئول: PhD هماتولوژی و بانک خون - استادیار دانشکده علوم پزشکی دانشگاه تربیت مدرس - تهران - ایران - صندوق پستی: ۱۴۱۱۵-۱۱۱
- ۴- کارشناس ارشد هماتولوژی و بانک خون - دانشکده علوم پزشکی دانشگاه تربیت مدرس - گروه هماتولوژی - تهران - ایران

مقدمه

سلول‌های بنیادی مزانشیمی، سلول‌هایی هستند که توانایی خود بازسازی و در نهایت تمایز به انواع متعدد سلول را دارند. این سلول‌های بنیادی اساساً از مغز استخوان منشا می‌گیرند اما قابل برداشت از بافت چربی، تاندون، خون محیطی، ماهیچه اسکلتی و اخیراً استخوان تراپکولار نیز می‌باشند. سلول‌های بنیادی مزانشیمی می‌توانند به رده‌های استخوان‌ساز، چربی‌ساز، غضروف‌ساز و ماهیچه‌ساز تمایز یابند (۱).

سلول‌های بنیادی مزانشیمی به تعداد وسیعی در انسان بالغ، در مغز استخوان و بافت چربی یافت می‌شوند و به طور گسترده‌ای به علت داشتن توانایی درمان بیماری‌های انسانی مورد بررسی قرار گرفته است (۲).

در سال‌های اخیر، چاقی به یک نگرانی که تهدیدکننده سلامتی می‌باشد تبدیل شده است. توده چربی سفید، بافتی اندوکرین است که نه تنها نقش فعال و مرکزی در تنظیم تعادل انرژی بازی می‌کند، بلکه نقش اساسی در تعدادی از فرآیندهای فیزیولوژیکی و پاتولوژیکی نیز دارد. از طرفی مطالعه‌های اپیدمیولوژیک نشان داده‌اند که افزایش سطوح تری‌گلیسیرید سرم (TG) با احتمال پیشرفت سرطان همراه است. بنابراین TG سرم نقش مهمی در کارسینوژنیز (سرطان‌زایی) بازی می‌کند و آنزیم کلیدی LPL که مسبب هیدرولیز TG پلاسما است نیز در این روند درگیر است (۳). بنابراین درک چگونگی فرآیندهای تمایز آدیپوست می‌تواند به ما در تنظیم تعداد و عملکرد این سلول‌ها در ارگانسیم بالغ کمک کرده و در نتیجه در درمان و تسکین بیماری‌های متابولیک هم چون چاقی و دیابت و برخی سرطان‌ها یاری رساند. اطلاعات کمی در مورد پتانسیل تمایزی سلول‌های بنیادی مغز استخوان وجود دارد و بیان این ژن قبل و بعد از تمایز سلول‌های بنیادی مزانشیمی به سلول چربی مشخص نشده است (۴، ۵). این مطالعه به بررسی بیان این ژن قبل و بعد از تمایز پرداخته است.

مواد و روش‌ها

در این مطالعه که به روش کارآزمایی بالینی بود، اقداماتی به ترتیب زیر انجام گرفت:

۱- جداسازی و کشت MSCs از مغز استخوان:

آسپیره مغز استخوان بعد از گرفتن رضایت‌نامه کتبی از افراد سالم از بیمارستان طالقانی تهران تهیه شد. سلول‌های تک هسته‌ای از طریق شیب غلظتی با استفاده از محلول فایکول جدا شد.

بدین منظور بعد از رقیق کردن محلول آسپیره به نسبت یک به یک با PBS، به مدت ۲۰ دقیقه با دور ۴۵۰ G سانتریفیوژ شد. سلول‌های تک هسته‌ای دارای چگالی کمتری نسبت به فایکول بودند لذا بر روی آن قرار گرفتند. گلبول‌های قرمز باقی‌مانده دارای وزن مولکولی بیشتری نسبت به فایکول هستند و در ته لوله رسوب می‌کنند. سپس مایع‌رویی که حاوی سلول‌های تک هسته‌ای است را برداشته و با دور ۳۰۰ G به مدت ۱۰ دقیقه سانتریفیوژ انجام شد. در نهایت 1×10^6 از سلول‌های تک هسته‌ای بر سانتی‌متر مکعب به فلاسک‌های T75 انتقال داده شد. فلاسک‌ها در شرایط دمایی ۳۷ درجه سانتی‌گراد و ۵٪ CO_2 نگهداری شده و هفته‌ای سه بار تعویض محیط انجام شد. جهت تکثیر سلول‌ها از محیط DMEM با ۱۰٪ FBS استفاده شد.

۲- بررسی هویت سلول‌های بنیادی مزانشیمی جداسازی شده:

مارکرهای سطحی CD90، CD34، CD37 و CD105 با استفاده از فلوسیتومتری مورد بررسی قرار گرفت. سلول‌ها در غلظت $10^3 \times 3$ بر سانتی‌متر مربع در ۳ فلاسک T25 کشت داده شد و بعد از رسیدن به جمعیت سلولی ۸۰٪-۷۰٪، محیط تکثیری DMEM با محیط تمایزی استئوبلاستی تعویض شد.

برای تهیه محیط تمایزی استئوبلاستی از محیط کشت عمومی DMEM، L-گلوتامین و ۱۰٪ FBS استفاده شد که به این محیط کشت فاکتورهای دگزامتازون با غلظت نهایی ۱۰ نانومولار، بتا-گلیسرول فسفات با غلظت نهایی ۵ میلی‌مولار و آسکوربات -۲ فسفات با غلظت نهایی ۵۰ میکروگرم بر میلی‌لیتر اضافه گردید. بعد از ۲۱ روز، تمایز به سمت استخوان با استفاده از رنگ‌آمیزی آلیزارین قرمز مورد تایید قرار گرفت.

جدول ۱: توالی و اندازه آغازگرهای ژن LPL و ژن بتا اکتین طراحی شده

Amplicon Size	دما درجه سانتی گراد	آغازگرها	ژن‌ها
۱۹۷ bp	۴۹	CCCTACAAAGTCTTCCATTAC	LPL-F
		AGTTCTCCAATATCTACCTCTG	LPL-R
۱۶۸ bp	۵۴	TGAAGATCAAGATCATTGCTCCTC	β -Actin-F
		AGTCATAGTCCGCCTAGAAGC	β -Actin-R

۶- انجام Real time PCR:

الگوی بیان کمی mRNA ژن LPL در طول تمایز آدیپوسیتی سلول‌های بنیادی مزانشیمی با محیط تمایزی با استفاده از روش quantitative Real Time PCR مورد ارزیابی قرار گرفت. بر این اساس آزمون quantitative Real Time PCR بر روی cDNA سلول‌های بنیادی مزانشیمی قبل از تمایز (روز صفر) و بعد از تمایز (روز ۱۴ تمایز) با آغازگرهای اختصاصی صورت گرفت.

۷- کنترل کیفی RNA/ استخراج شده:

مقدار RNA استخراج شده به واسطه جذب در طول موج ۲۶۰ نانومتر اندازه‌گیری شد. هم چنین خلوص RNA استخراج شده از طریق نسبت جذب در طول موج ۲۶۰ نانومتر به ۲۸۰ نانومتر سنجیده شد.

۸- آنالیز داده‌ها:

پس از انجام PCR و خارج کردن نمونه‌ها از دستگاه ترمال سایکلر، آنالیز کیفی ژن LPL با استفاده از الکتروفورز روی ژل آگاروز ۲٪ و با بتا اکتین به عنوان کنترل داخلی مورد ارزیابی قرار گرفت. تمامی مراحل آزمایش به صورت سه بار تکرار انجام شد.

یافته‌ها

۱- یافته‌های حاصل از تمایز سلول‌های بنیادی مزانشیمی به سمت استئوبلاست: نتایج نشان داد که سلول‌های بنیادی مزانشیمی جدا شده قدرت تمایز به سمت سلول‌های استخوانی را داشته‌اند (شکل ۱).

۳- تمایز سلول‌های مزانشیمی به آدیپوسیت:

برای القای تمایز به آدیپوسیت، $10^3 \times 3$ بر سانتی‌متر مربع سلول در فلاسک‌های T25 برده شده و بعد از رسیدن به جمعیت سلولی ۷۰٪، از محیط اختصاصی آدیپوسیت به جای DMEM استفاده شد. برای تهیه محیط تمایزی آدیپوسیتی از محیط کشت عمومی DMEM، L- گلوتامین و ۱۰٪ FBS استفاده شد که به این محیط کشت، فاکتورهای دگزامتازون با غلظت نهایی ۱۲ نانومولار و آسکوربات ۲- فسفات با غلظت نهایی ۵۰ میکروگرم بر میلی‌لیتر اضافه گردید. فلاسک‌ها به مدت ۱۴ روز در انکوباتور ۳۷ درجه سانتی‌گراد با ۵٪ CO₂ نگهداری شد. سلول‌های کنترل منفی فاقد محیط تمایزی بوده و تنها از ۱۰٪ FBS + DMEM تغذیه می‌کردند. جهت بررسی تمایز از رنگ‌آمیزی Oil Red O استفاده شد. جهت رنگ‌آمیزی، ابتدا سلول‌ها با ۱۰٪ فرمالین (سیگما)، فیکس شد و بعد از شستشو، با محلول Oil Red O به مدت ۵ دقیقه رنگ شدند.

۴- طراحی آغازگر:

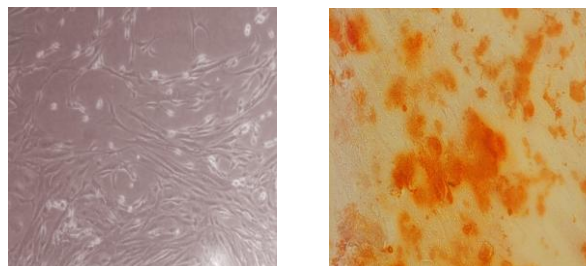
طراحی توالی آغازگرهای مربوطه به صورت Exon Junction توسط Primer Blast انجام گرفت (جدول ۱).

۵- جداسازی RNA و RT-PCR:

استخراج RNA با استفاده از روش دستی و بر پایه جداسازی با فنل و کلروفرم انجام شد. برای ساخت cDNA، ۵ میکروگرم RNA استخراج شده به همراه آغازگرهای اولیگو T در حضور آنزیم ترانس کریپتاز معکوس قرار گرفت و سپس RT-PCR با استفاده از مستر میکس شرکت سیناژن انجام شد.

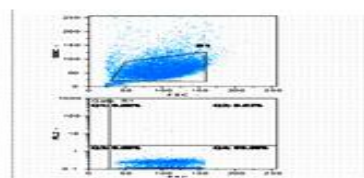
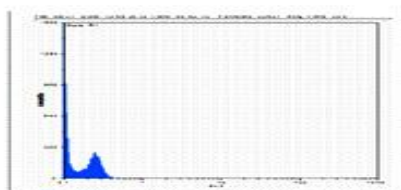
۲- نتایج فلوسیتومتری:

جهت تایید مزانشیم بودن سلول‌ها، فلوسیتومتری برای مارکرهای CD90، CD105، CD31، CD34 و انجام گرفت که نتایج آن در نمودار ۱ قابل مشاهده می‌باشد. نتایج حاصل از فلوسیتومتری نشان داد که سلول‌های جداسازی شده به لحاظ ماهیت، سلول بنیادی مزانشیمی هستند که با بیان بالای CD105، CD90، CD73، و نیز عدم بیان CD34 مشخص می‌شوند.

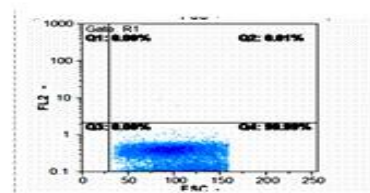
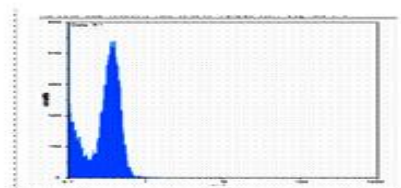


شکل ۱: راست به چپ: رنگ‌آمیزی آلیزارین رد سلول‌های بنیادی مزانشیمال تمایز یافته به سلول استخوان در روز ۲۱ تمایز و سلول‌های بنیادی مزانشیمال در روز ۲۱ (کنترل)

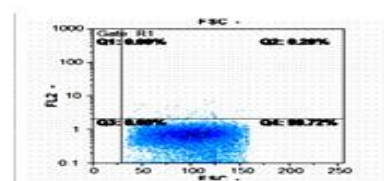
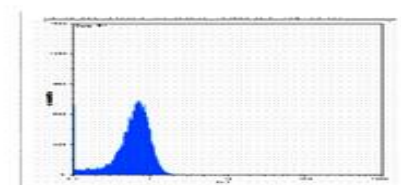
Mouse IgG PE



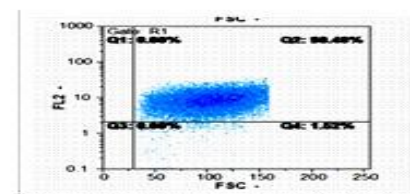
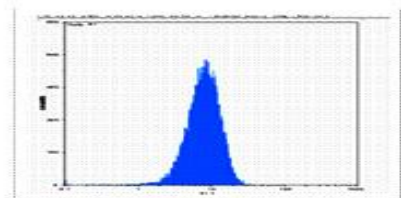
CD34-PE



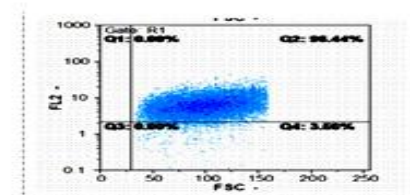
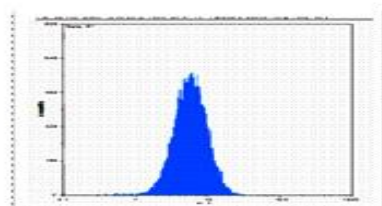
CD31-PE



CD105-PE



CD90-PE



نمودار ۱: نتایج حاصل از فلوسیتومتری سلول‌های بنیادی

۵- پس از انجام آزمایش *Real Time PCR* میانگین حاصل از ۳ نمونه به شرح زیر بود (جدول ۲):

جدول ۲: Ct های میانگین مربوط به ژن *LPL* و β -actin و انحراف معیار آن‌ها (C = control, UD = undifferentiated, D = differentiated و T=test)

C(UD) Housekeeping	SD	T(D) Housekeeping	SD	C(UD) Gene	SD	T (D) Gene	SD
۲۸/۵۱	۱/۲۲	۲۲/۹۲	۰/۸۸	-	-	۳۱/۸	۲/۰۹
۲۷/۱۰	۰/۹۸	۲۰/۱۱	۱/۱	-	-	۲۷/۱۰	۱/۵۵
۳۰/۰۵	۱/۲۸	۲۳/۱۰	۱/۱۲	-	-	۲۷	۱/۶۵

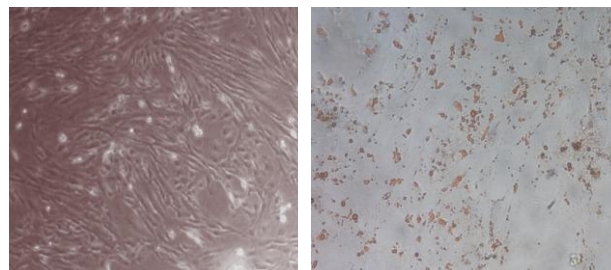
به علت عدم بیان ژن *LPL* قبل از تمایز و بیان آن بعد از تمایز، امکان مقایسه آن و بیان مقدار عددی این افزایش بیان امکان پذیر نمی باشد و تنها می توان از نظر کیفی بیان این ژن را بررسی نمود.

بحث

در این مطالعه سلول‌های بنیادی مزانشیمی مغز استخوان انسانی (H-MSCs) به وسیله شیب غلظتی فایکول جدا شد. مارکرهای سطحی این سلول‌ها به وسیله فلوسیتومتری تایید شد و تمایز به سلول چربی و استخوان به وسیله دستورالعمل دگزامتازون انجام گرفت و به وسیله رنگ آمیزی تایید شد. سپس بیان کمی و کیفی ژن *LPL* به عنوان یکی از مهم ترین ژن‌های دخیل در تمایز چربی، قبل و بعد از تمایز به آدیپوسیت به وسیله *Real Time PCR* بررسی شد. مطالعه‌های بسیاری در زمینه تمایز سلول‌ها و هم چنین رده‌های سلولی مختلف از جمله *BMS2*، *UAMS33*، *2T3* به سمت سلول چربی انجام شده است (۹-۶).

هم چنین مطالعه‌هایی بر روی تمایز سلول‌های بنیادی مزانشیمی مغز استخوان انسانی نیز انجام شده است. به عنوان مثال در مطالعه‌ای در سال ۲۰۱۳ مشخص شد که هیپوکسی از تمایز سلول‌های *BM-MSCs* به سمت سلول‌های آدیپوسیتی جلوگیری می کند و در مطالعه‌ای در

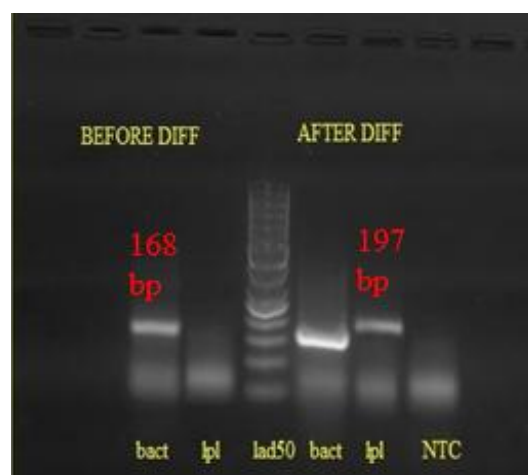
۳- رنگ آمیزی *BM-MSCs* ضمن تمایز به آدیپوسیت‌ها: *MSCs* بعد از تمایز، مورفولوژی سلول‌های آدیپوسیت را به خود گرفته و رنگ آمیزی *Oil Red O* دانه‌های قرمز حاوی تجمع لیپیدها را در داخل سلول‌های آدیپوسیت نشان می دهد (شکل ۲).



شکل ۲: راست به چپ: رنگ آمیزی *Oil-Red-O* سلول‌های بنیادی مزانشیمال تمایز یافته به چربی در روز ۱۴ و سلول‌های بنیادی مزانشیمال در روز ۱۴ تمایز (کنترل)

۴- نتایج حاصل از بیان کیفی ژن *LPL*:

در شکل ۳ نمایی از بیان کیفی ژن *LPL* قبل و بعد از تمایز *BM-MSCs* آورده شده است. همان طور که مشاهده می شود، این ژن قبل از تمایز فاقد بیان بوده با این حال، بعد از تمایز، ژن *LPL* بیان شده و بیان آن کاملاً مشهود است.



شکل ۳: نمای ژل الکتروفورز بعد از الکتروفورز محصول *PCR*: (۱) β actin قبل از تمایز، (۲) *LPL* قبل از تمایز (۳) سایز مارکر 50 bp β actin بعد از تمایز (۴) *LPL* بعد از تمایز (۵) *LPL* بعد از تمایز (۶) *NTC*

سلول‌های چربی می‌باشند و تعداد این سلول‌ها در مغز استخوان این مبتلایان که دارای نقص در تولید مناسب سلول‌های خونی‌اند، نیز بیشتر است (۲۹). همان‌طور که پیشتر نیز اشاره شد، LPL با در اختیار گذاشتن منبعی از اسیدهای چرب برای سلول‌های سرطانی، در افزایش رشد و بقای این سلول‌ها مؤثر بوده و به عنوان هدفی مناسب برای شیمی‌درمانی مد نظر قرار گرفته است.

نتیجه‌گیری

در این مطالعه ژن *LPL* بعد از تمایز، بیان بسیار بالایی در مقایسه با سلول‌های بنیادی مزانشیمی مغز استخوان انسانی به عنوان کنترل داشت.

مشاهدات ما در این مطالعه می‌تواند به عنوان یکی از فرآیندهای درمانی برای بیماری‌های اشاره شده به کار رود و با مهار تمایز *MSCs* به چربی، بهبودی شرایط بیماری را سبب شود. شاید بتوان با مهار بیان آن در درمان بیماری‌های مختلف از جمله چاقی مفرط، آنمی آپلاستیک، پوکی استخوان، برخی سرطان‌ها به خصوص سرطان پروستات، آلزایمر و دیابت از آن بهره برد.

تشکر و قدردانی

لازم است که از اساتید راهنما در سازمان انتقال خون ایران و گروه هماتولوژی دانشکده پزشکی دانشگاه تربیت مدرس و سایر افرادی که بنده را به نحوی در انجام این پژوهش یاری نمودند، تشکر نمایم. این مقاله از پایان‌نامه کارشناسی ارشد اینجانب که مصوب مرکز تحقیقات مؤسسه عالی آموزشی و پژوهشی طب انتقال خون می‌باشد منتج شده است.

سال ۲۰۱۵، تمایز *MSC* ها به رده‌های استئوژنیک، آدیپوژنیک، کندروژنیک و میوژنیک بررسی شد و توانایی *MSC* ها در تمایز به چربی با مشاهده وزیکول‌های چربی پس از رنگ‌آمیزی Oil-Red-O به اثبات رسیده ولی اشاره‌ای بر روی بیان ژن *LPL* نشده است (۱۱، ۱۰). ساخت چربی فرآیندی پیچیده است که نیازمند همکاری بین فاکتورهای مختلف از جمله *LPL*، *PPARγ* و *C/EBPs* می‌باشد (۱۲).

تمایز *BM-MSCs* به سلول‌های چربی دارای اهمیت زیادی است. استئوپورزی و افزایش خطر شکستگی استخوان به علت افزایش سن، نه تنها به دنبال کاهش سلول‌های استخوانی است، بلکه جایگزینی بافت مغز استخوان با چربی نیز می‌تواند در آن اثرگذار باشد (۱۳-۱۵). در نتیجه علاوه بر تحریک استئوژنیزس، نیاز به مهار آدیپوژنیزس نیز هست (۱۶، ۱۷). از این رو مهار تمایز *BM-MSCs* به آدیپوسیت با واسطه سرکوب بیان *LPL* می‌تواند مفید باشد. امروزه چاقی به صورت یک نگرانی تهدید کننده حیات در آمده است (۲۰-۱۸). هم‌چنین یکی از عوارض کم‌خونی آپلاستیک، افزایش سلول‌های چربی در مغز استخوان است که منجر به اختلال در حمایت داربست مغز استخوان از سلول‌های بنیادی خونساز می‌شود. چنین نقصی می‌تواند به علت تمایز بیش از حد *BM-MSCs* به سلول‌های چربی باشد. مطالعه‌ها نشان داده‌اند که مهار چربی‌سازی در مبتلایان به کم‌خونی آپلاستیک می‌تواند به طور چشمگیری نیاز به پیوند مغز استخوان را کاهش دهد (۲۸-۲۰). اخیراً مشخص شده که *BM-MSCs* جدا شده از بیماران لوسمی حاد میلوئیدی (*AML*)، دارای قدرت بیشتری در تمایز به سمت

References :

- Whitelaw NC, Whitelaw E. Transgenerational epigenetic inheritance in health and disease. *Curr Opin Genet Dev* 2008; 18(3): 273-9.
- Pastinen T, Sladek R, Gurd S, Sammak A, Ge B, Lepage P, *et al.* A survey of genetic and epigenetic variation affecting human gene expression. *Physiol Genomics* 2004; 16(2): 184-93.
- Vaissiere T, Sawan C, Herceg Z. Epigenetic interplay between histone modifications and DNA methylation in gene silencing. *Mutat Res* 2008; 659(1-2): 40-8.
- ubicek S, Schotta G, Lachner M, Sengupta R, Kohlmaier A, Perez-Burgos L, *et al.* The role of histone modifications in epigenetic transitions during normal and perturbed development. *Ernst Schering Res Found Workshop* 2006; (57): 1-27.
- Mohtat D, Susztak K. Fine tuning gene expression: the epigenome. *Semin Nephrol* 2010; 30(5): 468-76.
- Bohacek J, Mansuy IM. Epigenetic inheritance of disease and disease risk. *Neuropsychopharmacology* 2013; 38(1): 220-36.

- 7- Lund AH, van Lohuizen M. Epigenetics and cancer. *Genes Dev* 2004; 18(19): 2315-35.
- 8- Berdasco M, Esteller M. Hot topics in epigenetic mechanisms of aging. *Aging Cell* 2012; 11(2): 181-6.
- 9- Surani MA. Genomic imprinting: control of gene expression by epigenetic inheritance. *Curr Opin Cell Biol* 1994; 6(3): 390-5.
- 10- Zhang YB, Chu JY. Progress of research on epigenetic and human disease. *Yi Chuan* 2005; 27(3): 466-72. [Article in Chinese]
- 11- Turner BM. Histone acetylation and an epigenetic code. *Bioessays* 2000; 22(9): 836-45.
- 12- Chen S, Bohrer LR, Rai AN, Pan Y, Gan L, Zhou X, *et al*. Cyclin-dependent kinases regulate epigenetic gene silencing through phosphorylation of EZH2. *Nat Cell Biol* 2010; 12(11): 1108-14.
- 13- Calvo V, Beato M. BRCA1 counteracts progesterone action by ubiquitination leading to progesterone receptor degradation and epigenetic silencing of target promoters. *Cancer Res* 2011; 71(9): 3422-31.
- 14- Stielow B, Krüger I, Diezko R, Finkernagel F, Gillemans N, Kong-a-San J, *et al*. Epigenetic silencing of spermatocyte-specific and neuronal genes by SUMO modification of the transcription factor Sp3. *PLoS Genet* 2010; 6(11): e1001203.
- 15- Klose RJ, Bird AP. Genomic DNA methylation: the mark and its mediators. *Trends Biochem Sci* 2006; 31(2): 89-97.
- 16- Bird AP. Functions for DNA methylation in vertebrates. *Cold Spring Harb Symp Quant Biol* 1993; 58: 281-5.
- 17- Guz J, Foksinski M, Olinski R. Mechanism of DNA methylation and demethylation--its role in control of genes expression. *Postepy Biochem* 2010; 56(1): 7-15. [Article in Polish]
- 18- Hendrich B, Bird A. Identification and characterization of a family of mammalian methyl-CpG binding proteins. *Mol Cell Biol* 1998; 18(11): 6538-47.
- 19- Lan J, Hua S, He X, Zhang Y. DNA methyltransferases and methyl-binding proteins of mammals. *Acta Biochim Biophys Sin (Shanghai)* 2010; 42(4): 243-52.
- 20- Feinberg AP, Cui H, Ohlsson R. DNA methylation and genomic imprinting: insights from cancer into epigenetic mechanisms. *Semin Cancer Biol* 2002; 12(5): 389-98.
- 21- Rottach A, Leonhardt H, Spada F. DNA methylation-mediated epigenetic control. *J Cell Biochem* 2009; 108(1): 43-51.
- 22- Byvoet P, Sayre DF, Baxter CS. Methods for the assessment of histone methylation. *Methods Cell Biol* 1978; 19: 95-100.
- 23- Mack FA, Patel JH, Biju MP, Haase VH, Simon MC. Decreased growth of Vhl^{-/-} fibrosarcomas is associated with elevated levels of cyclin kinase inhibitors p21 and p27. *Mol Cell Biol* 2005; 25(11): 4565-78.
- 24- Tollefsbol TO. Methods of epigenetic analysis. *Methods Mol Biol* 2004; 287: 1-8.
- 25- Otera H, Harano T, Honsho M, Ghaedi K, Mukai S, Tanaka A, *et al*. The Mammalian Peroxin Pex5pL, the Longer Isoform of the Mobile Peroxisome Targeting Signal (PTS) Type 1 Transporter, Translocates the Pex7pPTS2 Protein Complex into Peroxisomes via Its Initial Docking Site, Pex14p. *J Biol Chem* 2000; 275(28): 21703-14.
- 26- Ghaedi K, Kawai A, Okumoto K, Tamura S, Shimozawa N, Suzuki Y, *et al*. Isolation and characterization of novel peroxisome biogenesis-defective Chinese hamster ovary cell mutants using green fluorescent protein. *Exp Cell Res* 1999; 248(2): 489-97.
- 27- Fujiki Y, Okumoto K, Kinoshita N, Ghaedi K. Lessons from peroxisome-deficient Chinese hamster ovary (CHO) cell mutants. *Biochim Biophys Acta* 2006; 1763(12): 1374-81.
- 28- Ghaedi K, Masanori H, Shimozawa N, Suzuki Y, Kondo N, Yukio F. PEX3 Is the causal gene responsible for peroxisome membrane assembly-defective Zellweger syndrome of complementation group G. *Am J Hum Genet* 2000; 67(4): 976-81.
- 29- Hihi AK, Michalik L, Wahli W. PPARs: transcriptional effectors of fatty acids and their derivatives. *Cell Mol Life Sci* 2002; 59(5): 790-8.

Original Article

Study of quantitative and qualitative gene expression of lipoprotein lipase before and after differentiation of human bone marrow mesenchymal stem cells into adipocytes

Razavi Babaheidary S.R.¹, Mousavi Hosseini K.¹, Atashi A.², Esmaeili Sh.²

¹Blood Transfusion Research Center, High Institute for Research and Education in Transfusion Medicine, Tehran, Iran

²School of Medical Sciences, Tarbiat Modares University, Tehran, Iran

Abstract

Background and Objectives

Serum TG plays an important role in carcinogenesis and the LPL as a key enzyme that hydrolyses plasma TG involves in this process. Abnormal regulation and/or expression of LPL play roles in many human diseases such as atherosclerosis. Serum TG levels increase the risk of chylomicronaemia, obesity and type 2 diabetes; thus, in this study we reported LPL expression before and after BM-MSCs differentiation into adipocyte under controlled conditions.

Materials and Methods

MSCs from human bone marrow were isolated from 3 healthy people and then differentiated into adipocytes by chemical materials for 14 days. Then, total RNA was extracted and cDNA was synthesized and finally RT-PCR and Real Time PCR analysis were performed for LPL gene.

Results

After 14 days, the analysis of morphology with invert microscopy indicated that BM-MSCs have the capacity of differentiation into adipocytes. BM-MSCs serving as the negative control do not have any expression of LPL while in BM-MSCs derived-adipocytes there has been the significant expression of LPL.

Conclusions

BM-MSCs can differentiate into either adipocytes or osteoblastic cells; LPL has the important role in the differentiation decision for either one. The inhibition or stimulation of LPL expression can be used for the treatment of various diseases including prostate cancer, aplastic anemia, and osteoporosis.

Key words: Mesenchymal Stromal Cells, Adipocytes, Lipoprotein Lipase, Cell Differentiation

Received: 24 Sep 2015

Accepted: 30 Jan 2016

Correspondence: Mousavi Hosseini K., PhD in Medicinal Chemistry. Associate Professor of Blood Transfusion Research Center, High Institute for Research and Education in Transfusion Medicine.

P.O.Box: 14665-1157, Tehran, Iran. Tel: (+9821) 82052160; Fax: (+9821) 88601599

E-mail: mkmousavi@yahoo.com

Correspondence: Atashi A., PhD of Hematology & Blood Banking. Assistant Professor of Faculty of Medical Sciences, Tarbiat Modares University.

Postal Code: 14115-111, Tehran, Iran. Tel: (+9821) 82883579; Fax: (+9821) 82884507

E-mail: atashia@modares.ac.ir