

Effect of HCV Core Protein on Expression of α -SMA in Human Stellate Cell, LX-2 Cell Line

Ali Maleki¹, Mehrdad Ravanshad^{2*}, Seyed Younes Hosseini³, Mohammad Gholami⁴

- 1- M.Sc. Student, Department of Virology, Faculty of Medical Sciences, Tarbiat Modares University, Tehran, Iran
2- Associated Professor, Department of Virology, Faculty of Medical Sciences, Tarbiat Modares University, Tehran, Iran
3- Assistant Professor, Gastroenterohepatology Research Center, Shiraz University of Medical Sciences, Shiraz, Iran
4- M.Sc., Department of Virology, Faculty of Medical Sciences, Tarbiat Modares University, Tehran, Iran

*Corresponding Address: Postal Code: 1411713116, Department of Virology, Faculty of Medical Sciences, Tarbiat Modares University, Tehran, Iran
Email: ravanshad@modares.ac.ir

Received: 17/Jun/2015, Accepted: 05/Jan/2016

Abstract

Objective: Hepatitis C virus (HCV) is considered to be a worldwide health problem. In most cases, HCV infection becomes chronic and may proceed to fibrosis, cirrhosis, and hepatocellular carcinoma. Many pathological effects in cells may occur by viral proteins. The purpose of this study is to evaluate the effect of the HCV core protein on cells to induction of the fibrogenesis process.

Methods: We use the LX-2 cell line that originated from hepatic stellate cells. Plasmid which expressed HCV core protein was transfected to the cells. After 72 h, RNA was extracted and treated with DNase, followed by synthesis of cDNA. Positive control cells were treated with the leptin fibrotic hormone. We used real-time PCR to measure and statistically analyze α -SMA gene expression.

Results: The HCV core protein significantly increased α -SMA gene expression ($p<0.05$). There was more α -SMA gene expression in cells treated with leptin compared to cells treated with the HCV core protein.

Conclusion: HCV infection is an impressive factor in the development of chronic hepatitis to hepatic fibrogenesis. The HCV core protein can induce a fibrogenesis process in HCV infection.

Keywords: Hepatitis C virus, Hepatic fibrosis, Core protein, α -SMA, Real-time PCR

Pathobiology Research, Vol. 18 (2015-2016), No. 4, Pages: 71-78

تأثیر پروتئین مرکزی ویروس هپاتیت C بر بیان اکتین‌های آلفای عضله صاف در رده سلولی ستاره‌ای انسانی LX-2

علی ملکی^۱، مهرداد روانشاد^{۲*}، سید یونس حسینی^۳، محمد غلامی^۴

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد، گروه ویروس شناسی، دانشکده علوم پزشکی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران

۲- دانشیار، گروه ویروس شناسی، دانشکده علوم پزشکی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران

۳- استادیار، مرکز تحقیقات گوارش و کبد، دانشگاه علوم پزشکی شیراز، شیراز، ایران

۴- کارشناسی ارشد، گروه ویروس شناسی، دانشکده علوم پزشکی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران

*آدرس نویسنده مسئول: ایران، تهران، کدپستی: ۱۴۱۱۳۱۱۶، دانشگاه تربیت مدرس، دانشکده علوم پزشکی، گروه ویروس شناسی
Email: ravanshad@modares.ac.ir

پذیرش مقاله: ۹۴/۱۰/۱۶

دریافت مقاله: ۹۴/۰۳/۲۸

چکیده

هدف: امروزه ویروس هپاتیت C به عنوان یک مشکل سلامت در تمام دنیا مطرح است. عفونت ویروس هپاتیت C در اکثر موارد مزمن می‌شود و در ادامه به سمت فیبروز و سیروز و کارسینومای سلول‌های کبدی پیش می‌رود. بسیاری از تغییرات در سلول به واسطه پروتئین‌های ویروسی صورت می‌گیرد. هدف از این پژوهش، ارزیابی تأثیر پروتئین مرکزی ویروس هپاتیت C بر القای روند فیبریزایی در سلول است.

مواد و روش‌ها: در این رده سلولی LX-2 که از منشأ سلول‌های ستاره‌ای کبد است، استفاده شد. پلاسمید بیان کننده پروتئین مرکزی ویروس هپاتیت C به سلول‌ها ترانسفکت شد. پس از ۷۲ ساعت، استخراج RNA و پس از تیمار با cDNA، DNase تولید شد. سلول‌های کترل مثبت نیز با هورمون فیبروتیک لپتین تیمار شدند. در آخر با استفاده از روش Real-Time PCR میزان بیان ژن اکتین آلفای عضله صاف اندازه‌گیری شد و مورد تجزیه و تحلیل آماری قرار گرفت.

نتایج: یافته‌ها نشان دادند که پروتئین مرکزی ویروس هپاتیت C باعث افزایش بیان معنی دار در بیان ژن اکتین آلفای عضله صاف می‌شود ($P < 0.05$). بیان ژن اکتین آلفای عضله صاف در سلول‌های تیمارشده با لپتین بیشتر از سلول‌های تیمارشده با core ویروس هپاتیت C بوده است.

نتیجه گیری: با توجه به یافته‌های به دست آمده، عفونت ویروس هپاتیت C عامل مؤثر در پیشبرد هپاتیت مزمن به سمت فیبروزه شدن بافت کبد است و در این میان، پروتئین Core ویروس هپاتیت C می‌تواند مسیر فیبریزایی در هپاتیت ویروسی را القا کند.

کلیدواژگان: ویروس هپاتیت C، فیبروز کبدی، پروتئین مرکزی، اکتین‌های آلفا عضله صاف، Real-Time PCR

پژوهش‌های آسیب شناسی زیستی، دوره ۱۸، شماره ۴، زمستان ۱۳۹۴، صفحات: ۷۱-۷۸

مقدمه

عوامل حاد و مزمن مانند مصرف الکل، عفونت‌های ویروسی، عفونت‌های انگلی، داروها، سmom، چربی خون و بیماری‌های کبد را فیبروز می‌نامند. علل ایجاد فیبروز شامل طیف وسیعی از

تأثیر پروتئین مرکزی HCV بر رده سلولی 2-LX

می شوند. این حالت را فعال شدن HSC‌ها می‌نامند. این سلول‌ها تکثیر زیادی دارند و با افزایش سنتز ECM توسط آن‌ها فیروز پیشرفت می‌کند [۵، ۶].

بهترین مثال رده‌های سلولی فیروزی از لحاظ زنده ماندن، متابولیسم رتینوئید (Retinoid)، فیروژنی، توانایی بیان ژن‌های داخلی و خارجی، ترسنگت پذیری و پاسخ به سیتوکاین‌های متفاوت، رده سلولی LX1 و LX2 است [۷].

در این پژوهش از رده سلولی LX2 که در واقع مشتق شده از HSC‌های انسانی هستند استفاده شد. حق استفاده از این سلول‌ها در انحصار سازنده آن‌ها یعنی دکتر اسکات فریدمن (Scott L. Friedman) است. از این رو با اجراه کتبی ایشان، ذخیره این سلول‌ها توسط دکتر یونس حسینی (دانشگاه علوم پزشکی شیراز) از مرکز تحقیقات CIMA کشور اسپانیا تهیه شده است.

با توجه به فراوانی شیوع بالای هپاتیت B و C (Hepatitis B & C) (به ترتیب با ۳۵۰ و ۱۷۰ میلیون نفر در دنیا) می‌توان گفت که این دو ویروس از مهم‌ترین عوامل فیروز هستند. ویروس هپاتیت B، یک ویروس DNA دار است که به‌واسطه تولید مینی کروموزوم در چرخه تکثیر خود توانایی ادغام شدن (Integration) در ژنوم میزان را دارد. این امر به نوبه خود به ناپایداری ژنوم میزان و تغییرات عمده در بیان ژن‌های سلول RNA منجر می‌شود. اما از سوی دیگر ویروس هپاتیت C یک ویروس است و قادر به ادغام شدن در ژنوم میزان نخواهد بود. از این رو خواص سرطان‌زاگی آن را به انواع پروتئین‌هایی مانند پروتئین‌های مرکزی (Core)، پوششی و غیر ساختاری نسبت داده‌اند [۸، ۹].

نواحی نسبتاً حفاظت شده ویروس هپاتیت C مانند core، NS5، E1 بسیار مطالعه و بررسی شده‌اند و بر اساس جدیدترین طبقه‌بندی، جدایه‌های این ویروس در هفت ژنوتیپ (Subtype) مشخص [۱۰، ۱۱] و بیش از شصت و هفت زیرتایپ (Subtype) دسته‌بندی می‌شوند [۱۲].

هپاتوسیت‌های آلووده به ویروس هپاتیت C علاوه بر آن‌که با ترشح انواع مواد واسطه باعث فراخوانی سلول‌های التهابی و

متابولیکی است. به عبارت دیگر؛ فیروز کبدی به معنی تجمع بیش از حد پروتئین‌های ماتریکس خارج سلولی (Extra Cellular Matrix: ECM) در بافت کبدی است. پیشرفت فیروز در نهایت به سیروز (Cirrhosis)، سرطان کبد و حتی مرگ منجر می‌شود. شکل‌گیری و پیشرفت فیروز کبدی نیازمند انباسته شدن رشته‌های کلائز در ECM است [۱، ۲].

در ایجاد فیروز افزایش ساخت ECM و کاهش تجزیه ماتریکس ضروری است. در حالت طبیعی ماتریکس به طور مدام توسعه گروهی از آنزیم‌های وابسته به عناصر فلزی کلسیم و روی به نام ماتریکس متالوپروتئیناز (Matrix metalloproteinase) یا ماتریکسین (Matrixin) تجزیه می‌شود [۱].

در مراحل پیشرفتی فیروز، کبد حاوی شش برابر طبیعی از ECM‌ها شامل کلائز (تیپ ۱، ۳، ۴)، فیرونکتین (fibronectin)، α -Smooth muscle actin: (α-SMA)، اکتین (Elastin)، اندولین (Endothelin)، الستین (Laminin)، هیالورونان (Hyaluronan) و پروتوگلیکان‌ها (Proteoglycans) است. منبع اصلی تولید ECM سلول‌های ستاره‌ای کبد (Hepatic Stellate Cell: HSC) است [۳]. از میان این عوامل α -SMA‌ها مشخص می‌شود. به استثنای سلول‌های عضلات صاف احاطه کننده عروق بزرگ، فقط توسط سلول‌های ستاره‌ای کبد تولید می‌شوند و توسط مابقی سلول‌های کبدی، چه در حالت طبیعی چه در حالت آسیب دیدگی بیان نمی‌شوند [۴].

جایگاه اصلی این سلول‌ها که پیشتر با نام‌های سلول‌های ایتو (Ito Cells)، لیپوسیتوسلول‌های ذخیره کننده چربی شناخته می‌شدند در کبد طبیعی و در حالت آرامش در فضای دیس (Space of Disse) یعنی فضای بین هپاتوسیت‌ها (Hepatocytes) و سلول‌های اندوتیال سینوزوئیدال (Sinusoidal) است. در پی آسیب‌ها و تحریکات کبدی، این سلول‌ها از این فضا خارج شده، ذخایر ویتامین A خود را از دست داده و شروع به سنتز α -SMA می‌کنند و با فنوتیپ شبیه فنوتیپ میوفیروبلاست‌ها (Myofibroblast) وارد پارانشیم

(Transformation) استفاده شد. ابتدا باکتری به روش شوک حرارتی و محلول CaCl_2 مستعد (Competent) شد و سپس پلاسمید بیان کننده پروتئین مرکزی ویروس هپاتیت C به باکتری DH5α ترانسفورم و درون محیط LB مایع حاوی آمپیسیلین (Ampicillin) در انکوباتور انکوبه شد.

استخراج پلاسمید

پلاسمیدهای مورد استفاده در این پژوهش شامل دو پلاسمید PIRES2 (به طول تقریبی ۵ کیلوباز، محصول تجاری Clontech، آمریکا) و پلاسمید بیانی pAAV/Full core (به طول تقریبی ۹ کیلوباز، طراحی شده توسط دکتر یونس حسینی از مرکز CIMA اسپانیا) است. برای استخراج پلاسمیدها از کیت AccuPrep® Plasmid Extraction (Bioneer) استفاده شد.

آماده سازی و کشت سلول

سلول‌های رده LX-2 در شرایط ۳۷ درجه سانتی‌گراد و ۵ درصد CO_2 در محیط کشت DMEM (Dulbecco's Modified Fetal Bovine Eagle Medium) شامل ۱۰ FBS (Penicillin/Streptomycin)، پنی‌سیلین/سترپتومایسین (Serum) به میزان ۱۰۰ واحد در میلی‌لیتر انکوبه شدند. سلول‌ها هر دو روز یک بار تعویض محیط شدند. سلول‌های تیمار پنجم توسط تریپسین-EDTA (Ethylenediaminetetraacetic acid) به میزان ۵۰۰ میلی‌گرم از کف پلیت جدا و تعداد ۳۰۰ هزار سلول به هر یک از خانه‌های پلیت شش خانه منتقل و حجم نهایی توسط محیط دارای ۸ درصد سرم به ۲/۵ میلی‌لیتر رسانده شد.

ترانسفکشن (Transfection)

ابتدا سلول‌ها توسط لام نئوبار و رنگ حیاتی تریپان بلو (Trypan blue) (نسبت ۱:۱) شمارش و پس از محاسبه ضریب رقت، تعداد ۴۰۰ هزار سلول به هر چاهک از پلیت ۶

گسترش فیروز می‌شوند، به واسطه پروتئین‌های ویروسی نیز به روند فیبرازایی (Fibrogenesis) در بافت کبد کمک می‌کنند. ترشح مواد واسطه‌های التهابی و محصولات ویروسی به HCV فعال شدن بیشتر HSC‌ها متوجه می‌شود. پروتئین مرکزی (Core) یک پروتئین متصل به RNA (نوکلئوپروتئین) است که در تشکیل نوکلئوپسید نقش دارد و بسته به نوع سلول هدفش، می‌تواند آثار مختلفی بر رشد سلولی، مرگ سلولی برنامه‌ریزی شده (Apoptosis)، استرس اکسیداتیو (Oxidative Stress) سلطان زایی، ایجاد التهاب... بگذارد [۱۱].

هدف از انجام پژوهش ارزیابی اثر فیروتیک پروتئین مرکزی ویروس HCV بر HSC‌های انسانی است. برای تحقیق این امر از پلاسمید بیانی پروتئین مرکزی ویروس HCV استفاده شد. این پلاسمید پس از ورود به رده سلولی LX2 که از بهترین رده‌های سلولی فیروزی انسانی به شمار می‌رود، شروع به تولید پروتئین مرکزی HCV می‌کند. به دنبال تولید این پروتئین‌کننده‌ای بیان ژن سلول‌ها تغییر کرده و به سمت فیروزی شدن پیش خواهد رفت. اندازه‌گیری و بررسی این تغییرات با روش Real-time PCR (به منظور ثبت تغییرات بیان ژن α -SMA) صورت گرفت.

هورمون لپتین (Leptin) و سایتوکاین TGF- β 1 (Transforming growth factor beta 1) به عنوان فعال‌کننده‌های سلول‌های LX2 شناخته می‌شوند [۷، ۱۲]. در این پژوهش هورمون لپتین به عنوان کنترل مثبت آزمایش استفاده شد.

مواد و روش‌ها

کشت باکتری و ترانسفورماتیون

ابتدا یک کلونی از سویه DH5α باکتری اشريشیا کلی (Escherichia coli) درون لوله آزمایش حاوی ۵ میلی‌لیتر LB (Lysogeny broth) مایع بدون آنتی‌بیوتیک تلقیح شد و پس از یک شب (۱۶-۱۲ ساعت) در انکوباتور ۳۷ درجه سانتی‌گراد، از باکتری رشد کرده برای ترانسفورماتیون

تأثیر پروتئین مرکزی HCV بر رده سلولی 2 LX

دستورالعمل کیت در مجاورت آنزیم DNaseI به مدت ۳۰ دقیقه در ۳۷ درجه سانتی گراد انکوبه و پس از اضافه کردن مهارکننده آنزیم، به مدت ۱۰ دقیقه در ۶۵ درجه سانتی گراد قرار داده شد.

تولید cDNA تام

در این پژوهش از کیت RevertAid First Strand cDNA Synthesis (Thermo Scientific، آمریکا) استفاده شد و با استفاده از آغازگرهای (Primers) Hexamer و Oligo dT از نمونه‌ها cDNA تام تولید شد. برای افزایش دقت کار در مرحله Real-Time PCR، تمامی نمونه‌های RNA یکسان‌سازی شد و به میزان ۳۰۰ نانوگرم در واکنش اضافه شد. تیوب واکنش به مدت ۶۰ دقیقه در ۴۲ درجه سانتی گراد و ۵ دقیقه در ۷۰ درجه سانتی گراد انکوبه شد.

طراحی آغازگر و Real-Time PCR

ابتدا توالی ژن‌های α -SMA و بتا اکتین (β -Actin) از پایگاه داده‌های ژنی NCBI (http://www.ncbi.nlm.nih.gov) تهیه شد. سپس آغازگرهای با استفاده از نرمافزار oligo7 و Oligoanalyzer طراحی و ارزیابی شد. از ژن بتا اکتین به عنوان کنترل درون زاد (Endogenous control) استفاده شد. اطلاعات آغازگرهای درون جدول ۱ آمده است.

خانه منتقل شد و با محیط کامل (سرم ۸ درصد) حجم نهایی به ۲/۵ میلی لیتر رسانده شد. بعد از رسیدن سلول‌ها به تراکم ۷۰-۸۰ درصد، محیط سلولی با یک محیط DMEM بدون سرم و آنتی‌بیوتیک پنی‌سیلین/استرپتومایسین تعویض و برای مدت دو ساعت در ۳۷ درجه سانتی گراد انکوبه شد. سپس محیط رویی سلول‌ها خارج شد و سوسپانسیون حاوی میزان ۲۵۰۰ نانوگرم از پلاسمیدها و ۶ مایکرونیتر ماده لیپوفکتامین ۲۰۰۰ (Invitrogen) (Lipofectamine 2000) مخلوط و پس از ۳۰ دقیقه انکوباسیون در دمای اتاق، مستقیماً به روی سلول‌ها اضافه شد. بعد از مدت ۴ ساعت محلول رویی سلول‌ها با محیط DMEM بدون سرم و آنتی‌بیوتیک پنی‌سیلین/استرپتومایسین به حجم ۲/۵ میلی لیتر رسانده شد.

استخراج RNA سلولی و تیمار

سلول‌ها طبق دستورالعمل کیت CinaClone (CinnaPure ایران) استخراج RNA روی آن‌ها انجام گرفت و با استفاده از نانودراب (Nanodrop) کمیت و کیفیت RNA استخراج شده بررسی شد. با توجه به این‌که هنگام استخراج RNA آلدگی با DNA وجود دارد، برای رفع این مشکل RQ1 RNase-Free کیت (Promega، آمریکا) تیمار شد. نمونه‌ها طبق

جدول ۱ مشخصات آغازگرها

نام	توالی	درصد GC	دما (درجه سانتی گراد)	اندازه محصول (جفت باز)
α-SMA F	GACAATGGCTCTGGGCTCTG	۶۰	۶۰/۷۵	۱۴۷
	CTGTGCTTCGTCACCCACG	۶۳/۱۶	۶۱/۳۱	
α-SMA R	TCCCTGGAGAACAGAGCTACG	۵۷/۸	۵۷/۸	۱۳۱
	GTAGTTCTGTTGGATGCCACA	۵۸/۲	۵۸/۲	
β-Actin F				
B-Actin R				

تمامی واکنش‌ها به صورت دوباره (Duplicate) انجام شد. در هر واکنش میزان ۴ میکرولیتر از ۵x HOT FIREPol® (Solis Biodyne)، EvaGreen® qPCR Supermix (استونی)، ۰/۸ میکرولیتر آغازگر، ۲ میکرولیتر الگو (به نسبت ۱:۲۰ رقيق

سیستم Real-Time PCR بر اساس بررسی کمی میزان ماده فلورسانس عمل می‌کند. با ثبت میزان تابش در هر چرخه می‌توان واکنش را در طول مرحله تصاعدی ثبت کرد. در این پژوهش از دستگاه ABI StepOne™ Applied Biosystems استفاده شد.

(ANOVA) برای ارزیابی اختلاف بین گروه‌ها استفاده شد. $P<0.05$ به عنوان معنی دار بودن از لحاظ آماری در نظر گرفته شد. شاخص تغییر برابر یا روش $2^{-\Delta\Delta CT}$ متداول‌ترین روش برای محاسبه کمیت نسبی (Relative quantification) است. نحوه محاسبه آن هم همان فرمول نوشته شده در پرانتز است.

شده) ریخته شد و تا حجم ۲۰ میکرولیتر آب اضافه شد. برنامه زمانی Real-Time PCR به صورت زیر تنظیم شد: واسرشتگی (Denaturation) اولیه ۹۵ درجه سانتی‌گراد به مدت ۱۵ دقیقه، واسرشتگی ثانویه ۹۵ درجه سانتی‌گراد ۲۰ ثانیه، مرحله اتصال ۶۰ درجه سانتی‌گراد ۳۰ ثانیه و مرحله طویل شدن ۷۲ درجه سانتی‌گراد ۳۰ ثانیه

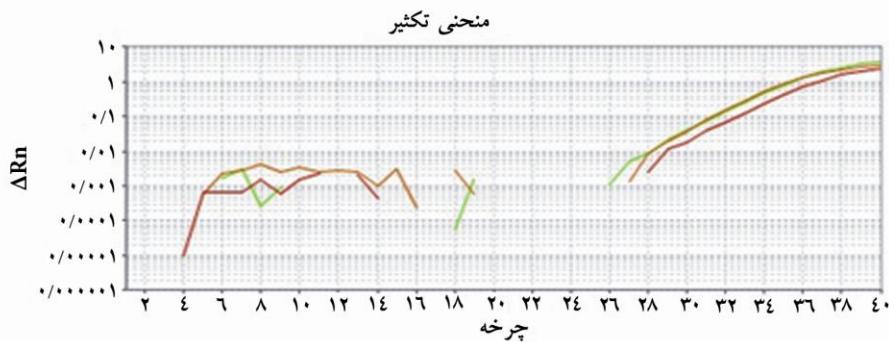
نتایج

یافته‌های حاصل از Real-Time PCR

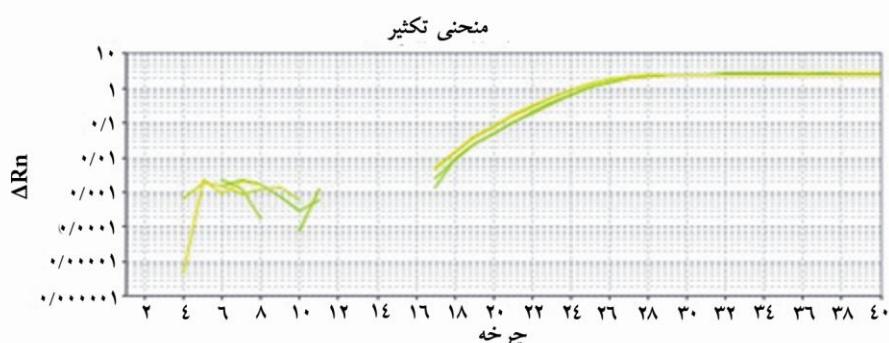
در این آزمایش از ژن بتا اکتین به عنوان کنترل درونزاد برای ارزیابی میزان بیان ژن α -SMA استفاده شد. تمامی آزمایش‌ها دوبار و هر بار به صورت مضاعف (Duplicate) انجام شد و نتایج تکرارپذیر بود.

تجزیه و تحلیل آماری

برای محاسبه تفاوت میزان بیان بین سه گروه سلولی، از شاخص تغییر برابر (Fold Change) استفاده شد. برای محاسبه این شاخص از فرمول $2^{-\Delta\Delta CT}$ استفاده می‌شود. تجزیه و تحلیل آماری پژوهش توسط نرم‌افزار GraphPad Prism 5 و آزمون آنالیز واریانس یک طرفه (One-way Analysis of variance)



شکل ۱ تصویر بیان ژن α -SMA



شکل ۲ تصویر بیان ژن کنترل درونزاد بتا اکتین

تأثیر پروتئین مرکزی HCV بر روی سلولی LX-2

ثابت شده است [۱۴]. هم تکثیر RNA ویروس و هم بیان پروتئین‌های ویروس می‌تواند مستقیماً با فیبروز کبدی در ارتباط باشد. این مطالعه به اهمیت پروتئین مرکزی در فیبرزایی سلول‌های ستاره‌ای و بیان آن در فیبروز می‌پردازد. این داده‌ها با نتایجی که آقای کونن (Coenen) و همکارانش در تحقیق خود به دست آورده است مطابقت دارد [۱۵]. برای تأیید این نتایج در شرایط درون بدنی می‌توان از مدل حیوانی تاریخته (Chouteau) استفاده نمود. آقای کوتشو (Transgenic) و همکارانش نیز نقش پروتئین‌های ویروس هپاتیت C در موش تاریخته نشان دادند [۱۶]. در مطالعه دیگری نیز که اثر پروتئین مرکزی در سلول‌های HSC رت بررسی کردند، نقش این پروتئین به واسطه TGF- β ۱ در القای فیبرزایی نشان داده شده است [۱۷]. در کنار پروتئین مرکزی، استفاده از پروتئین‌های NS2 و NS3/4a ویروس هپاتیت C نیز در القای روند فیبرزایی در سلول‌های کبدی اهمیت دارد. بررسی‌های بیشتر در زمینه عوامل ویروسی و میزانی مؤثر در فیبروز مورد نیاز است.

تشکر و قدردانی

از آقای دکتر احسان عارفیان برای همکاری در این طرح قدردانی می‌شود.

نتایج نشان می‌دهد که پروتئین مرکزی ویروس هپاتیت C می‌تواند باعث القای HSC‌ها شود. در این پژوهش نشان داده شد که پروتئین مرکزی دارای توانایی القای مسیر فیبرزایی در سلول‌های کبدی آلوده به HCV است. با توجه به اینکه رده سلولی LX-2 از منشأ HSC است، که سلول‌های اصلی تولید کننده ECM (از جمله α -SMA) در روند فیبرزایی بافت کبدی است، می‌توان پیش‌بینی کرد که نتایج به دست آمده با وضعیت ایجاد شده در شرایط درون بدنی (In vivo) بسیار نزدیک است.

بحث

فیبروزه شدن کبدی از شایع‌ترین بیماری‌های این عضو مهم بدن است. با توجه به آلودگی بیش از ۱۷۰ میلیون نفر به ویروس هپاتیت C، می‌توان این ویروس را اصلی‌ترین علت فیبروز کبدی معرفی کرد. اگرچه میزان ابتلا به عفونت ویروس هپاتیت B نیز زیاد است و حتی شیوع آن نزدیک به ۲ برابر (حدود ۳۵۰ هزار نفر) موارد آلودگی به ویروس هپاتیت C تخمین زده می‌شود ولی باید توجه کرد که عفونت ویروس هپاتیت B در اکثریت موارد بهبودی می‌یابد ولی در عفونت ویروس هپاتیت C در بیش از دو سوم موارد عفونت مزمن می‌شود [۱۳]. اهمیت تکثیر ویروس در سلول‌های ستاره‌ای

منابع

- [1] Hemmann S, Graf J, Roderfeld M, Roeb E. Expression of MMPs and TIMPs in liver fibrosis - a systematic review with special emphasis on anti-fibrotic strategies. *J Hepatol* 2007; 46(5): 955-75.
- [2] Mormone E, George J, Nieto N. Molecular pathogenesis of hepatic fibrosis and current therapeutic approaches. *Chem Biol Interact* 2011; 193(3): 225-31.
- [3] Bataller R, Brenner DA. Liver fibrosis. *J Clin Invest* 2005; 115(2): 209-18.
- [4] Atzori L, Poli G, Perra A. Hepatic stellate cell: a star cell in the liver. *Int J Biochem Cell Biol* 2009; 41(8-9): 1639-42.
- [5] Lee UE, Friedman SL. Mechanisms of hepatic fibrogenesis. *Best Pract Res Clin Gastroenterol* 2011; 25(2): 195-206.
- [6] Schuppan D, Ruehl M, Somasundaram R, Hahn EG. Matrix as a modulator of hepatic fibrogenesis. *Semin Liver Dis* 2001; 21(3): 351-72.

- [7] Xu L, Hui AY, Albanis E, Arthur MJ, O'Byrne SM, Blaner WS, Mukherjee P, Friedman SL, Eng FJ. Human hepatic stellate cell lines, LX-1 and LX-2: new tools for analysis of hepatic fibrosis. *Gut* 2005; 54(1): 142-51.
- [8] Franco E, Bagnato B, Marino MG, Meleleo C, Serino L, Zaratti L. Hepatitis B: Epidemiology and prevention in developing countries. *World J Hepatol* 2012; 4(3): 74-80.
- [9] Messina JP, Humphreys I, Flaxman A, Brown A, Cooke GS, Pybus OG, Barnes E. Global distribution and prevalence of hepatitis C virus genotypes. *Hepatology* 2015; 61(1): 77-87.
- [10] Smith DB, Bukh J, Kuiken C, Muerhoff AS, Rice CM, Stapleton JT, Simmonds P. Expanded classification of hepatitis C virus into 7 genotypes and 67 subtypes: updated criteria and genotype assignment web resource. *Hepatology* 2014; 59(1): 318-27.
- [11] Moradpour D, Penin F, Rice CM. Replication of hepatitis C virus. *Nat Rev Microbiol* 2007; 5(6): 453-63.
- [12] Marra F. Leptin and liver fibrosis: a matter of fat. *Gastroenterology* 2002; 122(5): 1529-32.
- [13] Knipe DM, Howley PM, Cohen JI, Griffin DE, Lamb RE, Martin MA, Racaniello VR, Roizman B. *Fields virology*. 6th ed., Philadelphia: Lippincott Williams & Wilkins One, 2013, p: 800-20.
- [14] Busca A, Kumar A. Innate immune responses in hepatitis B virus (HBV) infection. *Virol J* 2014; 11: 22.
- [15] Coenen M, Nischalke HD, Krämer B, Langhans B, Glässner A, Schulte D, Körner C, Sauerbruch T, Nattermann J, Spengler U. Hepatitis C virus core protein induces fibrogenic actions of hepatic stellate cells via toll-like receptor 2. *Lab Invest* 2011; 91(9): 1375-82.
- [16] Chouteau P, Defer N, Florimond A, Caldéraro J, Higgs M, Gaudin A, Mérour E, Dhumeaux D, Lerat H, Pawlotsky JM. Hepatitis C virus (HCV) protein expression enhances hepatic fibrosis in HCV transgenic mice exposed to a fibrogenic agent. *J Hepatol* 2012; 57(3): 499-507.
- [17] Shin JY, Hur W, Wang JS, Jang JW, Kim CW, Bae SH, Jang SK, Yang SH, Sung YC, Kwon OJ, Yoon SK. HCV core protein promotes liver fibrogenesis via up-regulation of CTGF with TGF-beta1. *Exp Mol Med* 2005; 37(2): 138-45.