doi: 10.13241/j.cnki.pmb.2014.11.004

# 大鼠 C6 胶质瘤细胞中 gdnf 基因启动子 [ 区组蛋白高乙酰化 可能参与了其高转录调控过程\*

倪海波¹张宝乐²任庆先³续继军³高殿帅² 虞正权 □△

(1苏州大学附属第一医院神经外科 江苏 苏州 215006;2 徐州医学院生物学教研室 江苏 徐州 221004;

3 滕州市中医医院神经外科 山东 枣庄 277599)

摘要 目的: 探讨大鼠 C6 胶质瘤细胞中 gdnf基因高转录与其启动子 I 区组蛋白乙酰化的关系。方法: 应用 Real-time PCR 和 ChIP-PCR 技术分别检测了大鼠正常星形胶质细胞和 C6 胶质瘤细胞中 gdnf基因 mRNA 的表达水平以及其启动子 I 区组蛋白 H3K9 的乙酰化程度;利用 Real-time PCR 技术,检测了不同浓度的组蛋白乙酰基转移酶抑制剂姜黄素(Curcumin)或去乙酰化酶 抑制剂曲古抑菌素 A(TSA)处理对 C6 胶质瘤细胞中 gdnf基因 mRNA 表达的影响。结果:较之正常星形胶质细胞,C6 胶质瘤细胞中 gdnf基因 mRNA 表达的影响。结果:较之正常星形胶质细胞,C6 胶质瘤细胞中 gdnf基因 mRNA 的表达量极显著增高(P<0.01),并且其启动子 I 区 H3K9 的乙酰化水平也显著升高(P<0.05)。C6 胶质瘤细胞经 Curcumin 处理 24 h 后, gdnf基因 mRNA 的表达量随药物浓度的升高而降低,且 100 µmol/L 作用浓度时其表达量下降了 74.17 %(P<0.001);相反,TSA 处理后 gdnf基因 mRNA 的表达量呈上升趋势,且 200nmol/L 组其表达量约上升 145.35 % (P<0.05)。结论:在大鼠 C6 胶质瘤细胞中 gdnf基因启动子 I 区 H3K9 发生了高乙酰化修饰,这种修饰可能是其高转录的原因。 关键词:gdnf;启动子;组蛋白 H3;乙酰化;胶质瘤

中图分类号:Q95-3,Q75,R741.02 文献标识码:A 文章编号:1673-6273(2014)11-2015-04

# Histone Hyperacetylation of *gdnf* Promoter Region I May be Involved in its High Expression in Rat C6 Glioma Cells\*

NI Hai-bo', ZHANG Bao-le<sup>2</sup>, REN Qing-xian<sup>3</sup>, JI Xu-jun<sup>3</sup>, XU Ji-jun<sup>3</sup>, GAO Dian-shua<sup>2</sup>, YU Zheng-quan<sup>1</sup>

(1 Department of Neurosurgery, The First Affiliated Hospital of Soochow University, Suzhou, Jiangsu, 215006, China;

2 Department of Neurobiology and Anatomy, Xuzhou Medical College, Xuzhou, Jiangsu, 221004, China;

3 Department of Neurosurgery, Chinese Medicine Hospital of Tengzhou city, Zaozhuang, Shandong, 277599, China)

**ABSTRACT Objective:** To investigate the relationship between *gdnf*mRNA expression and histone acetylation of the promoter region I in rat C6 glioma cells. **Methods:** Real-time PCR and ChIP-PCR techniques were used respectively to detect the expression level of *gdnf*mRNA and acetylation status of histone H3K9 in the promoter region I in normal rat astrocytes and C6 glioma cells; After treating with varying concentrations of histone acetyltransferase inhibitor Curcumin or deacetylase inhibitor trichostatin A (TSA) in C6 glioma cells, the expression of *gdnf*mRNA was detected by real-time PCR. **Results:** Compared with that in the normal astrocytes, the gdnf mRNA expression increased significantly in C6 glioma cells (P<0.01), and the acetylation of H3K9 also enhanced in promoter I region significantly (P<0.05). At 24 h after treatment with Curcumin, the expression of *gdnf*mRNA decreased in concentration-dependent manner in C6 glioma cells, and about 74.17% decreased was observed in 100  $\mu$ mol/L group (P<0.001); In contrary, *gdnf*mRNA expression rase after TSA treatment, and a near-maximum increase of 145.35 % was observed in 200 nmol/L group (P<0.05). **Conclusion:** H3K9 hyperacetylation occurred in *gdnf*promoter region I , which may be the cause of high gdnf transcription in rat C6 glioma cells.

Key words: Gdnf; Promoter; Histone H3; Acetylation; Glioma

Chinese Library Classification: Q95-3, Q75, R739.41 Document code: A Article ID: 1673-6273(2014)11-2015-04

# 前言

胶质细胞系源性神经营养因子 (glial cell line-derived neurotrophic factor, GDNF)是胶质瘤细胞的重要促生长因子,在原 发性胶质瘤组织和多种胶质瘤细胞系中转录异常升高<sup>[1]</sup>。目前, 有关 gdnf基因高转录对胶质瘤细胞恶性增殖与迁移机制的研 究已经很多<sup>[2,3]</sup>,然而鲜见对其高转录发生机制的报道。本课题 组前期的研究发现,gdnf基因的高转录与基因突变无关,推测 基于非 DNA 序列改变的表观遗传修饰可能参与其高转录调控 过程<sup>[1]</sup>。近来的研究表明,翻译后组蛋白的乙酰化修饰在调节基 因转录过程中发挥了重要作用<sup>[4]</sup>。在胶质瘤细胞中,基因启动子 区组蛋白的异常乙酰化,导致了多种抑癌基因的表达失调<sup>[5,6]</sup>。 为了明确 gdnf基因高转录与启动子 I 区组蛋白乙酰化修饰的 关系,本研究检测了大鼠 C6 胶质瘤细胞中 gdnf基因 mRNA

\* 基金项目:国家自然科学基金项目(31271358);江苏省自然科学青年基金(SBK201341565);江苏省博士后基金(1301068C); 枣庄市医药卫生科技发展计划项目(2013005);枣庄市科学技术发展计划项目(201361)

作者简介:倪海波(1988-),男,硕士研究生,主要研究方向:胶质瘤的临床与基础研究,E-mail: nihaibo1988@163.com

△通讯作者:虞正权,电话:051267780998,E-mail: yuzquan2008@163.com

<sup>(</sup>收稿日期:2013-11-14 接受日期:2013-12-10)

表达及其启动子 I 区组蛋白 H3K9 的乙酰化修饰状态,并使用 组蛋白乙酰基转移酶抑制剂姜黄素(Curcumin)或组蛋白去乙 酰化酶抑制剂曲古抑菌素 A(TSA)处理 C6 胶质瘤细胞,以验 证两者之间的关系。

## 1 材料与方法

### 1.1 主要试剂

大鼠 C6 胶质瘤细胞株购自中国科学院细胞库, DMEM/F12 培养基、胎牛血清购自美国 Gibco 公司,抗 acH3K9 抗体、EZ-ChIP 试剂盒购自 Millipore 公司,二甲基亚砜(DM-SO)、Curcumin 及 TSA 均购自 Sigma-Aldrich 公司,TRIzol 购 自 Invitrogen 公司,Prime Script<sup>™</sup>II 逆转录试剂盒、SYBR Premix Ex Taq<sup>™</sup>II 试剂盒购自大连 TaKaRa 公司。

#### 1.2 细胞培养及药物处理

大鼠星形胶质细胞的原代培养参照文献 <sup>[7]</sup> 报道的方法进行。取出生 48 h 内的 SD 大鼠的双侧大脑皮质,剪碎并用 PBS 冲洗数次,加入 0.25 %胰酶 37 ℃ 消化 5 min。收集细胞培养于含有 10 %胎牛血清的 DMEM/F12 培养液,每周换液两次。在原代培养 7-9 天后,将培养瓶置于恒温摇床 37 ℃,200 rpm,20 h 震荡纯化,以去除小胶质细胞及少突胶质细胞。经 GFAP 免疫荧光鉴定阳性的细胞视为成熟的星形胶质细胞。取第 4 代的

#### 处于对数生长期的细胞用于实验研究。

大鼠 C6 胶质瘤细胞株用含 10%胎牛血清、100 U/ml 青霉 素,100 U/ml 链霉素的 DMEM/F12 培养基,置于 37℃,5% CO<sub>2</sub> 培养箱中培养。取对数生长期细胞培养 24 h 同步化后进行药 物处理,分别加入终浓度为 100、200、500 nmol/L 的 TSA 或 25、50、100 µmol/L 的 Curcumin 继续培养 24 h。其中对照组添 加等体积的溶剂 DMSO。

### 1.3 Real-time PCR

采用 TRIzol 一步法从细胞中提取总 RNA,取 RNA 模板 2µg 用 Prime Script<sup>™</sup>II 逆转录试剂盒行逆转录反应合成 cD-NA 第一链,再以逆转录反应液 1µl 作为模板,加入相应引物 进行 PCR 扩增。引物序列见表 1。反应条件设置如下:95 ℃ 预 变性 30 s;95 ℃ 变性 20 S,60 ℃ 退火 15 s; 72 ℃ 延伸 15 s,扩增 40 个循环。通过溶解曲线分析 PCR 产物特异性。每个样品以 GAPDH 基因的 mRNA 表达作为内参照,通过相对定量 (2- $\Delta \Delta$  CT) 法计算目的基因在各样品中相对 mRNA 的表达水平。1.4 ChIP-PCR

大鼠星形胶质细胞和 C6 胶质瘤细胞分别以 106 细胞密度 接种于 10 cm 培养皿,按 EZ-ChIP 试剂盒说明书的步骤操作。 甲醛交联组蛋白和 DNA,超声破碎细胞和剪切 DNA,加入抗 acH3K9 抗体沉淀,蛋白 G 琼脂糖珠收集抗体绑定的组蛋白

表1 Real-time PCR 引物序列

Table 1	Primer	sequence	for	Real-tir	ne PCR
---------	--------	----------	-----	----------	--------

Gene name	GenBank number	Primer sequence	Annealing temperature (°C )	Primer length (bp)
		F:5'TCCCTCAAGATTGTCAGCAA3'		
gapdh	NM_017008	R:5'AGATCCACAACGGATACATT3'	60	308
gdnf	NM_019139	F:5'GACTTGGGTTTGGGCTACGA3'	60	209
		R:5'TGGTAAACCAGGCTGTCGTC3'		

-DNA 复合物,逆转组蛋白 -DNA 交联,用蛋白酶 K 处理和纯 化 DNA。ChIP 实验后,用 real-time PCR 方法检测目的抗体免 疫沉淀下来的 DNA。设计 gdnf 启动子 I 区的引物,F:5'CTC-CGCTGGGATGAGTTGAT3',R:5'GGGAGTGCGT CTTTCTG-GAT3'。同时,以超声断裂并纯化后的染色质片段(Input DNA) 检测 ChIP 效率。PCR 反应体系为:12.5  $\mu$ l rTaq 或 SYBR Premix Ex Taq<sup>™</sup>II;上下游引物(10  $\mu$ mol/1)各 1  $\mu$ l 以及 DNA 模板 3  $\mu$ l;加灭菌消毒的双蒸水补充至总体积 25  $\mu$ l。扩增条件:95℃ 15 s,60℃ 30 s,72℃ 20 s,共 40 个循环。PCR 产物大小为 278 bp。以%Input 的形式计算结果:%Input =2 (CtInput-CtChIP)× Input dilution factor× 100。

#### 1.5 统计学分析

所有数据均采用统计软件 SPSS16.0 进行处理, 计量资料 以均数±标准差表示。其中,两样本均数比较采用独立样本t 检验,多个样本均数的比较采用单因素方差分析(ANOVA)。取 P<0.05 表示差异有统计学意义。

# 2 结果

#### 2.1 大鼠 C6 胶质瘤细胞中 gdnf 基因 mRNA 的表达水平

Real-time PCR 结果显示, 大鼠 C6 胶质瘤细胞中 gdnf 基因 mRNA 的表达水平明显升高, 与正常星形胶质细胞相比差

异极显著(P<0.01)(图1)。





Fig.1 *Gdnf*mRNA levels in astrocytes and C6 glioma cells. \*\* P<0.01 as compared with astrocytes

#### 2.2 超声断裂染色质后 DNA 的电泳结果

大鼠正常星形胶质细胞和 C6 胶质瘤细胞经超声破碎染色 质后各取 25 µL 直接进行解交联和纯化。2%琼脂糖凝胶电泳 显示:切割后的 DNA 片段主要分布在 200-1000 bp 之间(图 2)。



图 2 超声波切割染色质后 DNA 的电泳图:M:DL2,000 Marker;泳道 1-4: 正常星形胶质细胞切割后的 DNA;泳道 5-9:大鼠 C6 细胞切割后的 DNA; Fig.2 electrophoresis of chromatin DNA after ultrasonic cutting:M: DL2, 000 Marker; Lanes 1-4: DNA of astrocytes after cutting; Lanes 5-9: DNA of rat C6 cells after cutting;

# 2.3 大鼠 C6 胶质瘤细胞中 gdnf基因启动子 [区组蛋白 H3K9 乙酰化状态

大鼠 C6 胶质瘤细胞中 gdnf基因启动子 [区 H3K9 的乙 酰化水平为 0.4363± 0.0871,高于正常星形胶质细胞(0.1937± 0.0821),组间比较差异显著(P<0.05)(图 3)。





C6 glioma cells. \*P<0.05 as compared with astrocytes

# 2.4 HAT 抑制剂 Curcumin 对 C6 胶质瘤细胞中 gdnf 基因 mRNA 表达的影响

C6 胶质瘤细胞经 Curcumin 处理 24 h 后 gdnf 基因 mRNA 的相对表达量明显下调,并随药物浓度的升高而降低,其中 100 µmol/L curcumin 处理组的 gdnf 基因表达量下降了 74.17%, 与对照组比较具有显著性差异(P<0.001)(图 4)。



图 4 HAT 抑制剂 Curcumin 对 C6 细胞中 gdnf 基因 mRNA 表达的影响:1:DMSO 对照组;2:25 μmol/L Curcumin;3:50 μmol/L Curcumin; 4:100 μmol/L Curcumin;与 DMSO 对照组比较,\*表示 P<0.05;\*\*\*表示 P<0.001

Fig.4 The impact of HAT inhibitor Curcumin on mRNA expression of gdnfgene in C6 cells:1: DMSO control group; 2: 25 μmol/L Curcumin;
3: 50 μmol/L Curcumin; 4: 100 μmol/L Curcumin; \*P<0.05,</li>
\*\*\* P<0.001 as compared with control group</li>

# 2.5 HDAC 抑制剂 TSA 对 C6 细胞中 gdnf 基因 mRNA 表达的 影响

Real-time PCR 结果显示: gdnf 基因 mRNA 相对表达量随着 TSA 浓度的升高呈上升趋势,使用 200 nmol/L 的 TSA 处理 24 h 后 C6 细胞的 gdnf 基因 mRNA 表达量上升 145.35 %,与 对照组相比差异具有统计学意义(P<0.05)(图 5)。



图 5 HDAC 抑制剂 TSA 对 C6 细胞中 gdnf基因 mRNA 表达的影响: 1:DMSO 对照组;2:100 nmol/L TSA;3:200 nmol/L TSA;4:500 nmol/L TSA;与 DMSO 对照组比较,\*表示 P<0.05

Fig.5 The impact of HDAC inhibitor Curcumin on mRNA expression of *gdnf* gene in C6 cells:1: DMSO control group; 2: 100 nmol/L TSA; 3: 100 nmol/L TSA; 4: 100 nmol/L TSA; \* P<0.05, \*\*\*P<0.001 as compared with control group

# 3 讨论

GNDF 是转化生长因子 -β(TGF-β)超家族成员的远亲,位 于人染色体 5p12-p13.1,含有 2 个启动子和 5 个外显子<sup>[8]</sup>。最初 的研究认为,GDNF 仅能作为神经营养因子特异性地维持中脑 多巴胺能神经元的存活和分化<sup>[9]</sup>。随着研究的深入,发现 GDNF 对其它神经元,包括脊髓运动神经元、交感神经元及感觉神经 元等同样具有营养和保护作用<sup>[10]</sup>。近年来研究发现GDNF 还是 胶质瘤细胞强有力的促增殖因子<sup>[2]</sup>,能通过改变小胶质细胞的 趋化反应促进胶质瘤生长<sup>[11]</sup>。同时,GDNF 还能通过活化 JNK, ERK-1/2,p38 MAPK 等信号通路以及上调金属基质蛋白 -13 促进胶质瘤细胞迁移<sup>[3,12]</sup>。

目前,尽管对胶质瘤细胞中 gdnf基因的生物学功能已有 广泛研究,但对其高转录机制的研究尚少。为了明确 gdnf基因 高转录与其启动子区组蛋白 H3K9 乙酰化之间的关系,我们首 先利用 real-time PCR 和 ChIP-PCR 的方法检测了大鼠 C6 胶质 瘤细胞中 gdnf基因转录水平及该基因启动子 I 区组蛋白 H3K9 乙酰化状态。结果表明,gdnf基因在 C6 胶质瘤细胞中转 录水平显著升高,与 Wiesenhofer<sup>13</sup>等报道的 GDNF 蛋白水平 变化趋势相一致。并且发现,gdnf基因启动子 I 区的组蛋白 H3K9 也发生了高乙酰化修饰。

组蛋白乙酰化修饰是基因表观转录调控的重要方式。正常 生理状态下,组蛋白乙酰化在组蛋白乙酰基转移酶(HATs)和 组蛋白去乙酰化酶(HDACs)共同作用下处于动态平衡状态,这 种平衡有助于维持基因稳态表达以及正常的细胞功能<sup>[4,15]</sup>。然 而,在 gdnf基因高转录的胶质瘤细胞中,组蛋白乙酰化的动态 平衡遭到破坏,第Ⅱ、Ⅳ类组蛋白去乙酰化酶 mRNA 表达下 降,并导致组蛋白 H3 乙酰化水平显著升高<sup>[4]</sup>。由于在组蛋白 H3 已知的 5 种高度保守的乙酰化修饰位点中,处于赖氨酸 9 位点(H3K9)上的乙酰化修饰对于基因转录的激活最为重要<sup>[17]</sup>。 本研究发现大鼠 C6 胶质瘤细胞的 gdnf 基因启动子 I 区组蛋 白 H3K9 乙酰化水平明显高于正常星形胶质细胞。由此推测启 动子 I 区的组蛋白 H3K9 高乙酰化可能参与了 gdnf 基因在 C6 胶质瘤细胞中的高转录。

为验证以上假说,本研究分别使用 HAT 抑制剂 Curcumin 和组蛋白去乙酰化酶 HDAC 抑制剂 TSA 处理 C6 胶质瘤细 胞,分析组蛋白乙酰化修饰改变后对 gdnf基因转录的影响。在 真核细胞中,组蛋白的乙酰化修饰受两类关键酶调节,其中 HATs 使组蛋白尾巴乙酰化,形成"开放"的染色质结构,有利于 基因的表达;相反,HDACs可诱导组蛋白发生去乙酰化,使染 色质形成"封闭"结构,抑制基因转录[18]。HAT 和 HDAC 特异的 抑制剂能够通过调节可逆性的乙酰化修饰调控基因的转录[19.20]。 本试验结果显示,在体外培养的C6胶质瘤细胞中,Curcumin 的去乙酰化作用能够以剂量依赖的方式下调 gdnf 基因 mRNA 的表达量,当药物浓度达到 100 µmol/L 时,抑制效果最佳。相 反,HDAC 抑制剂 TSA 诱导的乙酰化作用可进一步上调 C6 胶 质瘤细胞中 gdnf基因 mRNA 的表达水平, 然而其表达量仅轻 微增加,这与另一种 HDAC 抑制剂 Valproic acid (VPA)的作 用<sup>[21]</sup>一致,推测可能是由于胶质瘤细胞中内源性 gdnf基因本身 已处于高转录状态所致。以上结果表明组蛋白乙酰化修饰很可能 参与了 C6 胶质瘤细胞中 gdnf 基因的转录调控。

综上所述,本研究发现在大鼠 C6 胶质瘤细胞中,gdnf基因 mRNA 的表达水平显著升高,并且其启动子 I 区组蛋白 H3K9 也发生了高乙酰化修饰。去乙酰化处理可有效抑制 C6 细胞 gdnf基因 mRNA 的表达,而乙酰化处理使其表达进一步上调,表明 gdnf启动子 I 区组蛋白 H3K9 高乙酰化可能是胶质瘤细胞中该基因高转录的原因,为进一步研究胶质瘤细胞中 gdnf异常高转录的机制提供了新的线索。

### 参考文献(References)

- [1] Yu ZQ, Zhang BL, Ren QX, et al. Changes in Transcriptional Factor Binding Capacity Resulting from Promoter Region Methylation Induce Aberrantly High GDNF Expression in Human Glioma [J]. Mol Neurobiol, 2013, 48(3):571-580
- [2] Ng WH, Wan GQ, Peng ZN, et al. Glial cell-line derived neurotrophic factor (GDNF) family of ligands confer chemoresistance in a ligand-specific fashion in malignant gliomas [J]. J Clin Neurosci, 2009, 16(3):427-436
- [3] Lu DY, Leung YM, Cheung CW, et al. Glial cell line-derived neurotrophic factor induces cell migration and matrix metalloproteinase-13 expression in glioma cells [J]. Biochemical Pharmacology, 2010, 80(8):1201-1209
- [4] Verdone L, Agricola E, Caserta M, et al. Histone acetylation in gene regulation [J]. Brief Funct Genomic Proteomic, 2006, 5(3):209-221
- [5] Gao J, Chen T, Liu J, et al. Loss of NECL1, a novel tumor suppressor, can be restored in glioma by HDAC inhibitor-Trichostatin A through Sp1 binding site [J]. Glia, 2009, 57(9): 989-999

- [6] Schmidt N, Windmann S, Reifenberger G, et al. DNA hypermethylation and histone modifications downregulate the candidate tumor suppressor gene RRP22 on 22q12 in human gliomas [J]. Brain Pathology, 2012, 22(1):17-25
- [7] Terashvili M, Sarkar P, Nostrand M, et al. The protective effect of astrocyte-derived 14, 15-epoxyeicosatrienoic acid on hydrogen peroxide-induced cell injury in astrocyte-dopaminergic neuronal cell line co-culture [J]. Neuroscience, 2012, 223(20):68-76
- [8] Baecker PA, Lee WH, Verity AN, et al. Characterization of a promoter for the human glial cell line-derived neurotrophic factor gene [J]. Molecular brain research, 1999, 69(2):209-222
- [9] Lin LF, Doherty DH, Lile JD, et al. GDNF: a glial cell line-derived neurotrophic factor for midbrain dopaminergic neurons [J]. Science, 1993, 260(5111):1130-1132
- [10] Airaksinen MS, Saarma M. The GDNF family: signalling, biological functions and therapeutic value [J]. Nature Reviews Neuroscience, 2002, 3(5):383-394
- [11] Ku MC, Wolf SA, Respondek D, et al. GDNF mediates glioblastoma-induced microglia attraction but not astrogliosis [J]. Acta Neuropathologica, 2013, 125(4):609-620
- [12] Song H, Moon A. Glial cell-derived neurotrophic factor (GDNF) promotes low-grade Hs683 glioma cell migration through JNK, ERK-1/2 and p38 MAPK signaling pathways [J]. Neuroscience research, 2006, 56(1): 29-38
- [13] Wiesenhofer B, Stockhammer G, Kostron H, et al. Glial cell line-derived neurotrophic factor (GDNF) and its receptor (GFR-α1) are strongly expressed in human gliomas [J]. Acta neuropathologica, 2000, 99(2):131-137
- [14] MacDonald VE, Howe LJ. Histone acetylation: where to go and how to get there [J]. Epigenetics, 2009, 4(3):139-143
- [15] Scott I. Regulation of cellular homoeostasis by reversible lysine acetylation [J]. Essays in Biochemistry, 2012, 52(1):13-22
- [16] Lucio-Eterovic AK, Cortez MA, Valera ET, et al. Differential expression of 12 histone deacetylase (HDAC) genes in astrocytomas and normal brain tissue: class II and IV are hypoexpressed in glioblastomas [J]. BMC Cancer, 2008, 8 (1):243-243
- [17] Kouzarides T. Chromatin modifications and their function [J]. Cell, 2007, 128(4):693-705
- [18] Choi JK, Howe LJ. Histone acetylation: truth of consequences? This paper is one of a selection of papers published in this Special Issue, entitled CSBMCB's 51st Annual Meeting-Epigenetics and Chromatin Dynamics, and has undergone the Journal's usual peer review process [J]. Biochemistry and Cell Biology, 2009, 87(1):139-150
- [19] Wang L, Sun H, Pan B, et al. Inhibition of histone acetylation by curcumin reduces alcohol-induced expression of heart development-related transcription factors in cardiac progenitor cells [J]. Biochem Biophys Res Commun, 2012, 424(3): 593-600
- [20] Matsushita Y, Araki K, Mukae T, et al. HDAC inhibitors restore Cfibre sensitivity in experimental neuropathic pain model [J]. British journal of pharmacology, 2013, 170(5):991-998
- [21] Rincó n Castro LM, Gallant M, Niles LP. Novel targets for valproic acid: up-regulation of melatonin receptors and neurotrophic factors in C6 glioma cells [J]. Journal of neurochemistry, 2005,95 (5): 1227-1236