

مطالعه و بررسی برهمکنش‌های پروتوپورفیرین IX (HEM) و فلاوین مونونوکلئوتید (FMN) زنجیره تنفسی سیتوکروم B در گونه گوسفند

Investigating the Interactions Between Protoporphyrin IX (HEM) and Flavin Mononucleotide (FMN) in the Cytochrome B Respiratory Chain of Sheep

جمال فیاضی^۱، مریم شریعت^{۲*}، سعید نیسی^۲

۱- استاد، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی خوزستان

۲- دانشجویان دکتری، ژنتیک و اصلاح نژاد دام دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی خوزستان

Fayazi J¹, Shariat M^{*2}, Neysi S²

1- Professor, Agricultural Sciences and Natural Resources University of Khuzestan

2- PhD Students, of genetics and animal breeding, Agricultural Sciences and Natural
Resources University of Khuzestan

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: Maryamshariat00@gmail.com

(تاریخ دریافت: ۱۴۰۲/۰۲/۰۲ - تاریخ پذیرش: ۱۴۰۲/۱۲/۰۹)

چکیده

سیتوکروم B به عنوان بخشی از زنجیره انتقال الکترون نقش دارد و با توجه به اینکه این ژن منجر به تولید انرژی در دام و افزایش بازدهی می‌شود، شناخت مناسب‌ترین عوامل مؤثر بر این ژن و مقایسه بهترین لیگاندهای کاربردی در مسیر چرخه انتقال الکترون، می‌تواند باعث افزایش و بهبود تولیدات دامی و مطالعه کاربردی ژنتیکی شود. در این پژوهش برهمکنش‌های پروتوپورفیرین و فلاوین مونونوکلئوتید در ترکیب با سیتوکروم B با استفاده از داکینگ مولکولی شبیه‌سازی شد تا با مقایسه دو لیگاند کاربردی، مؤثرترین لیگاند در انتقال الکترون انتخاب شود. نتایج داکینگ مولکولی و بررسی نتایج حاصل با استفاده از سرورهای آنالین نشان داد که پروتوپورفیرین دارای بیشترین تعداد اسید آمینه شرکت کننده در تعامل الکترو استاتیک و هیدروفوبی نسبت به فلاوین مونونوکلئوتید می‌باشد و با توجه به نتایج به دست آمده داکینگ مولکولی از لحاظ بهترین انرژی اتصال (Binding energy) مقایسه و بهترین پوز با منفی‌ترین انرژی و بزرگ‌ترین عدد که بهترین اتصال کمپلکس لیگاند و پروتئین را نشان می‌دهد، پروتوپورفیرین دارای منفی‌ترین و بهترین انرژی اتصال با سیتوکروم B نسبت به فلاوین مونونوکلئوتید بود و می‌توان گفت بیشتر بودن تعداد اینترکشن‌ها و پیوندهای تشکیل شده از ترکیب پروتوپورفیرین با سیتوکروم B می‌تواند صحت و تایید این ادعا باشد. آرژنین دارای بار مثبت زیادی می‌باشد و در تشکیل پیوند هیدروژنی که احتمال باعث افزایش تعامل الکترواستاتیک در ترکیب پروتوپورفیرین با سیتوکروم B شده باشد. شبکه برهمکنش پروتئینی سیتوکروم B پیشگویی شده براساس پروتئین‌های میتوکندری، ۱۰ پروتئین دارای امتیاز بالا از نظر درجه گره بالقوه معرفی شدند.

واژه‌های کلیدی

پروتوپورفیرین

داکینگ مولکولی

سیتوکروم B

شبیه سازی

فلاوین مونونوکلئوتید

گوسفند

مقدمه

ژن سیتوکروم b دارای کدون‌هایی با سرعت تکاملی بالا و کدون‌های با سرعت تکاملی پایین می‌باشد و نیز دارای بخش‌هایی خیلی متغیر و هم خیلی حفاظت شده است. بنابراین این ژن برای پاسخ به انواع سوالات سیستماتیکی از فیلوژنی در سطح بالا تا جمعیت‌ها و سطوح تازه جدا شده به کار برده می‌شود. البته معایبی نظیر انحراف در ترکیب بازهای آن، نرخ تغییرات در بین لاین‌ها، اشباع در موقعیت کدون سوم و تغییرات محدود در موقعیت کدون اول و دوم را دارد که باعث می‌شود در سطوح بالای فیلوژنی اطلاعات کمتری بدهد و در سطوح جمعیت، در موقعیت کدون سوم دارای جایگاه‌های اطلاع‌رسان کمتری باشد (Sultana et al. 2004).

سیتوکروم b در بر گیرنده حدود ۳۸۰ آمینواسید می‌باشد، در همه بافت‌های زنده یافت شده و به سه نوع اصلی a، b و c تقسیم‌بندی می‌شوند. میزان هر یک از انواع برحسب میزان فعالیت تنفسی بافت متفاوت است. (Kocher et al. 1984). در میتوکندری قلب پستانداران، اغلب کمپلکس ۱ (CI) با کمپلکس CIII و CIV در ارتباط بوده و آب کمپلکسی تحت عنوان SC I+III2+IV تشکیل می‌دهند. برخی نیز فقط در ارتباط با CIII (SC I+III2) یافت می‌شود. مطالعات اخیر ساختار و نقش کمپلکس‌ها را در تنفس میتوکندری پستانداران روشن کرده است (Gu et al. 2016; Guo et al. 2017; Letts et al. 2016b; Sousa et al. 2016; Wu et al. 2016). تنفس سلولی هوازی، فرآیندی که طی آن سلول‌ها الکترون‌ها را از قندها، چربی‌ها و پروتئین‌ها به اکسیژن مولکولی (O2) منتقل می‌کنند، در سوخت و ساز انرژی همه یوکاریوت‌ها و بسیاری از پروکاریوت‌ها نقش اساسی دارد. مراحل پایانی تنفس هوازی در میتوکندری انجام می‌شود. زنجیره انتقال الکترون میتوکندری (ETC) مجموعه‌ای از غشای داخلی میتوکندری (IMM)، واکنش‌های انتقال الکترون انتهایی را کاتالیز می‌کند. زنجیره انتقال الکترون میتوکندری (ETC) از چهار کمپلکس پروتئین غشایی بزرگ تشکیل شده است: کمپلکس اول NADH دهیدروژناز، موسوم به کمپلکس I، از فلاوین مونونوکلوئتید (FMN) و پروتئین حاوی آهن-گوگرد (Fe-S) تشکیل شده است FMN شکل بیولوژیکی فعال ویتامین B2 است. این آنزیم‌ها

وظیفه انتقال الکترون‌ها را در زنجیره انتقال الکترون تنفس سلولی برعهده دارند (Le and Nguye, 2019). کوفاکتور فلاوین مونونوکلوئتید (FMN) بیش از ۸۰ سال پیش کشف شد. آنزیم‌های حاوی فلاوین تقریباً ۱٪ پروتئین‌های سلولی را تشکیل می‌دهند (Leys and Scrutton 2016; Piano et al. 2017; Walsh and Wenciewicz 2013). نقش مهمی در فرآیندهای بیولوژیکی متنوع از جمله واکنش‌های اکسایش و کاهش ایفا می‌کند و اغلب به‌عنوان یک مکمل غذایی استفاده می‌شود (Mansoorabadi et al. 2007). ریبوفلاوین یکی از چندین گروه پروستتیک یا فاکتورهای مشترک در زنجیره انتقال الکترون است. کمپلکس دوم موسوم به سوکسینات دهیدروژناز، کمپلکس II مستقیماً FADH2 را دریافت می‌کند، این حامل الکترونی نمی‌تواند از کمپلکس I عبور کند. ترکیبی که کمپلکس‌های اول و دوم را به کمپلکس سوم متصل می‌کند، یوبی کینون (Ubiquinone Q) نام دارد. این مولکول که به کوآنزیم کیو (Q) نیز معروف است، محلول در چربی بوده و آزادانه از طریق هسته آگریز غشا حرکت می‌کند. کمپلکس ۳ موسوم به سیتوکروم اکسیدوردوکتاز، از سیتوکروم b، پروتئین حاوی آهن - گوگرد (Fe-S) به نام مرکز Rieske و پروتئین سیتوکروم c تشکیل شده است. کمپلکس چهارم از پروتئین‌های سیتوکروم c، a و a3 تشکیل شده است. این مجموعه شامل دو گروه هم و سه یون مس است (Baradaran et al. 2013; Iwata et al. 1996; sun et al. 2005; Tsukihara et al. 1995). اخیراً، مطالعات زیادی در زمینه ساختار کمپلکس ۱ به‌عنوان بزرگ‌ترین کمپلکس زنجیره انتقال الکترون انجام شده است. CI یک کمپلکس پروتئین غشایی با ۴۵ زیر واحد پروتئینی برای تشکیل دو بازو، یکی در غشای داخلی و دیگری در ماتریکس میتوکندری، با یکدیگر ادغام شده‌اند (Hirst 2013; Sazanov 2015). کرایو توموگرافی الکترونی بر روی میتوکندری پستانداران، گیاهان و مخمرها نشان داد که آب کمپلکس SCI+III2 بیشترین حفاظت ساختاری را دارد (Davies et al. 2018). شواهد بر خلاف فرضیه نقش مهم کانال‌های سوسترا در زنجیره تنفسی استوار است، به‌ویژه بر خلاف تصویری که نشان می‌داد دو مخزن CoQ در IMM وجود دارد (Enrique 2016; Lapuente-Brun et al. 2013). پروتوپورفیرین IX یک ترکیب آلی است که به‌عنوان

باشند. هدف از این پژوهش بررسی برهم‌کنش‌های موجود بین سیتوکروم B، پروتوپورفیرین و فلاوین مونونوکلئوتید دوتا از لیگاندهای مؤثر در زنجیره تنفسی میتوکندری از طریق داکینگ ملکولی و انتخاب بهترین ترکیب برای انتقال الکترون می‌باشد.

مواد و روش‌ها

داده‌های ژنومی و پروتئینی شامل توالی‌های نوکلئوتیدی و اسیدآمینه‌های ژن سیتوکروم b از سایت مرکز ملی اطلاعات زیست‌فناوری (NCBI) با شماره دسترسی CCB90266.1 مربوط به گونه گوسفند به‌منظور بررسی خواص فیزیک و شیمیایی و همچنین پیش‌بینی ساختار سه بعدی استخراج شد.

ساختار سوم (سه بعدی) ژن سیتوکروم B با استفاده از روش‌های بیوانفورماتیک پیش‌بینی شدند. بر اساس این روش‌ها، پس از استخراج توالی‌های اسیدآمینه‌ای از طریق نرمافزار و سرورهای آنلاین Swiss-model و Uniprot ساختارهای سه بعدی پیش‌بینی استفاده شد و ساختار آن به فرمت PDB دانلود و ذخیره شد. پروتوپورفیرین IX (HEM) و فلاوین مونونوکلئوتید (FMN) نیز برای بررسی برهم‌کنش‌های آن‌ها با ژن سیتوکروم b از بانک ژن دانلود شدند. مشخصات سیتوکروم B، پروتوپورفیرین IX، فلاوین مونونوکلئوتید (FMN) در جدول ۱ و ۲ ذکر شده است.

جدول ۱- مشخصات ژن سیتوکروم B

cytochrome b (COB, CYTB, MTCYB)	نام ژن
6QBX	دسترسی PDB
Ovis Aries	ارگانیسم
Electron Microscopy Resolution: 4.6 Å	متد
b ₁	زنجیره
379	تعداد اسید آمینه

جدول ۲- مشخصات لیگاندها مورد استفاده در داکینگ ملکولی

مشخصات لیگاندها	(FMN) flavin mononucleotide	(HEM) Protoporphyrin
دسترسی PubChem	440068835	440068832
تعداد اتم	31	43
وزن ملکولی	456.3	616.487
فرمول ملکولی	C ₁₇ H ₂₁ N ₄ O ₉ P	C ₃₄ H ₃₂ FeN ₄ O ₄

با استفاده از نرم‌افزار Auto Dock، لیگاند و کوفاکتورهای اضافی و مولکول‌های آب موجود در ساختار کریستالی پروتئین حذف شدند. نرم‌افزارهایی که برای انجام این برهم‌کنش‌ها انتخاب و مورد استفاده قرار

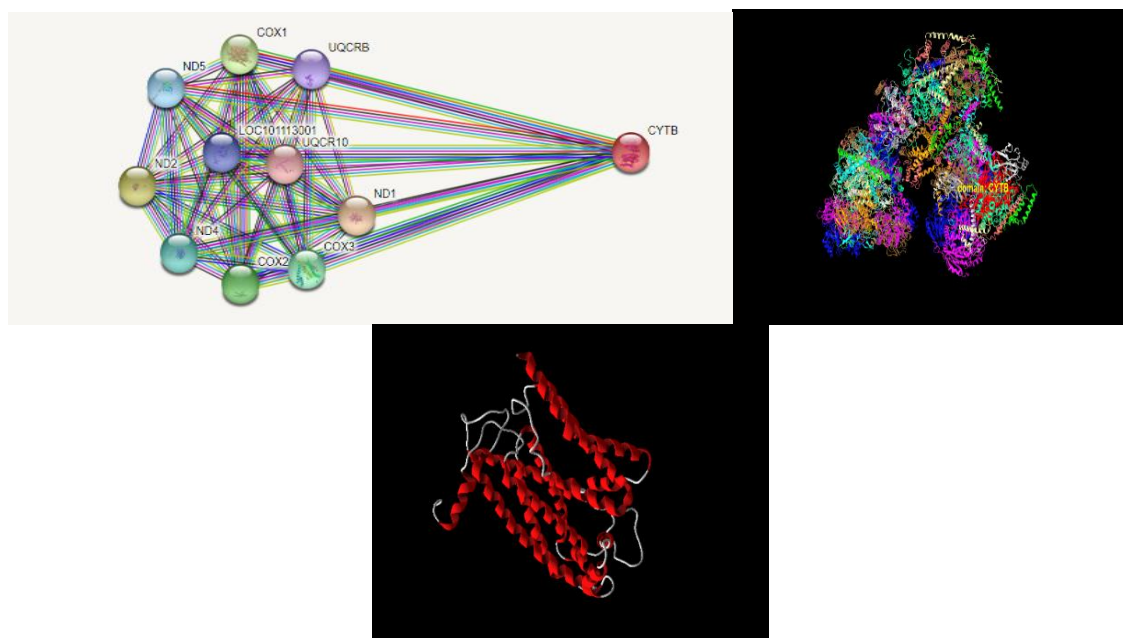
پروتوپورفیرین طبقه‌بندی می‌شود و نقش مهمی در موجودات زنده به‌عنوان پیش ساز سایر ترکیبات حیاتی مانند هم و کلروفیل دارد این نام اغلب به‌صورت اختصاری PPIX است (McNeely et al. 2021). پروتوپورفیرین IX یک تتراپیرول حاوی ۴ زنجیره جانبی متیل، ۲ پروپینیک و ۲ زنجیره جانبی وینیل است که پیش ساز متابولیک هم، سیتوکروم c و کلروفیل است. پروتوپورفیرین IX از اکسیداسیون پل متیلن پروتوپورفیرینوژن توسط آنزیم پروتوپورفیرینوژن اکسیداز تولید می‌شود. یک تتراپیرول حلقوی که شامل پورفیرین حاوی چهار جایگزین متیل در موقعیت‌های ۳، ۸، ۱۳ و ۱۷، دو جایگزین وینیل در موقعیت‌های ۷ و ۱۲ و دو جایگزین ۲-کربوکسی اتیل در موقعیت‌های ۲ و ۱۸ است. پروتوپورفیرین به‌طور معمول در غلظت بسیار کم در گلبول‌های قرمز RBC وجود دارد. مقادیر بالا نشان‌دهنده اختلال اولیه در وضعیت تغذیه‌ای آهن است که اطلاعاتی در مورد تغییرات تدریجی در تأمین آهن به مغز می‌دهد (Hisamatsu et al. 2018). تداخل بین پروتئین‌ها و سایر مولکول‌ها نقش مهمی در فرایندهای مختلف بیولوژیکی از جمله رونویسی و بیان ژن، تنظیم متابولیک، انتقال سیگنال و ارتباط سلولی ایفا می‌کند. آگاهی از جنبه‌های ساختاری یک پروتئین با شریک اتصال دهنده آن می‌تواند به درک مکانیسم چنین تعاملی کمک کند و بنابراین برای کشف و توسعه دارو مهم است. با این حال، به‌دست آوردن ساختارهای پیچیده با روش‌های آزمایشی مانند کریستالوگرافی اشعه ایکس یا NMR همچنان مشکل و گران قیمت است. بنابراین، داکینگ مولکولی یک رویکرد مهم برای پیش‌بینی ساختارهای سه بعدی این قطعات مکمل در نظر گرفته می‌شود (Kiebert et al. 1998). داکینگ مولکولی یکی از ابزارهای کلیدی در زیست‌شناسی مولکولی ساختاری است. هدف از داکینگ پروتئین-لیگاند، پیش‌بینی جایگاه اتصال مناسب لیگاند به پروتئینی با ساختار سه بعدی شناخته شده است. روش‌های موفقیت آمیز داکینگ فضاهای با ابعاد بالا را به‌طور مؤثر بررسی می‌کند و از تابع امتیازدهی استفاده می‌کند تا به درستی کاندیدهای داکینگ را امتیازبندی کند. روش داکینگ مولکولی می‌تواند جهت‌گیری مناسب این مولکول در این ترکیب و همچنین شدت پیوند بین این دو مولکول را پیش‌بینی کند. به این منظور ساختار این دو مولکول باید شناخته شده

می‌رود و گاهی می‌تواند منجر به شناسایی نادرست شود، اما استفاده از روش‌های دقیق‌تر و سریع‌تر می‌تواند منجر به شناسایی موجودات زنده و بررسی ژن‌های کاربردی آن‌ها شود. این ژن در تحقیقات ژنتیکی مرتبط با با جانوران، ژنوم میتوکندری ارجعیت بیشتری به ژنوم هسته دارد (Wade 2004). ژن سیتوکروم به‌عنوان مناسب‌ترین ژن برای تحقیقات جانوری، و جداسازی و تمایز گونه‌های بسیار نزدیک به هم می‌باشد (Hebert et al. 2003). یکی از روش‌هایی که می‌توانند در این مسیر کمک شایانی به این روند داشته باشد داکینگ ملکولی می‌باشد. با استفاده از داکینگ مولکولی، می‌توان به اطلاعاتی مانند محل اتصال لیگاند به پروتئین، نقش هر یک از آمینو اسیدهای پروتئین یا اتم‌های لیگاند در برهمکنش و انرژی‌های اتصال دست یافت. هم‌چنین ارزیابی برهمکنش دو پروتئین با یکدیگر و یا لیگاند با DNA نیز با این تکنیک امکان‌پذیر است. یافتن بهترین جهت‌گیری لیگاند نسبت به سایت فعال گیرنده و تخمین انرژی پیوندی دو جنبه مهم الگوریتم داکینگ می‌باشند. ساختار رسپتور و لیگاندها در شکل ۱ و ۲ نشان داده شده است.

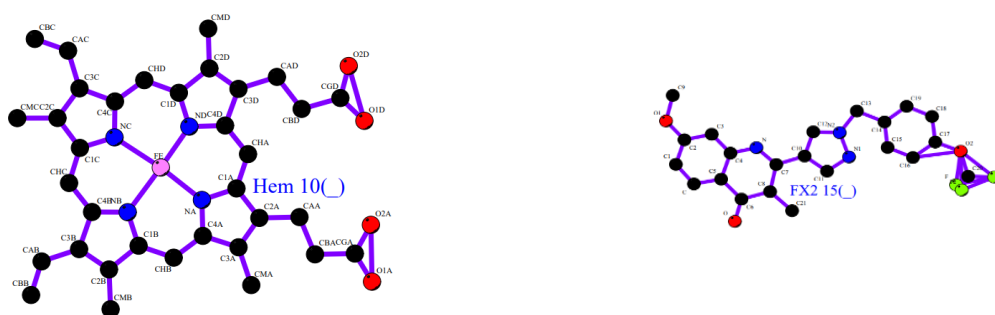
گرفت Ucsf chimera و Molegro Virtual Docker بود. نتایج حاصل با استفاد از سرورهای آنلاین که شامل: بررسی میزان صحت با نرم‌افزار SAVES 0.v5 و بررسی پالت رامچاندرا، LIGPLOT جهت ارزیابی پیوندهای هیدروژنی و آبگریز بین لیگاند و رسپتور و همچنین تعداد و طول آن‌ها، برای مشخص کردن نواحی الفا و بتا، بررسی برهمکنش، اتم‌های لیگاند و پیوندهای هیدروفوبیک برای نمایش و تفکیک نوع پیوند، برهمکنش‌های لیگاند با رسپتور، تفکیک نوع پیوند، برهمکنش‌های لیگاند با رسپتور مشخص کردن اسیدآمینه‌هایی که در آن شرکت دارند، protein-ligand interaction profiler Expasy ProtParam استفاده شد. در نهایت با استفاده از الگوریتم‌های مختص هر سرور و نرم‌افزار نتایج زیر حاصل شد.

نتایج

تعیین خصوصیات ژنتیکی موجودات زنده، اولین قدم برای اصلاح آن‌ها می‌باشد. این تحقیق در راستای مطالعه و بررسی یکی از مهم‌ترین و کاربردی‌ترین ژن‌ها (سیتوکروم B) در تولید انرژی و بررسی برهمکنش دو لیگاند مهم و بررسی نوع پیوندها و میزان انرژی اتصال می‌باشد. بهینه کردن کمپلکس، به لیگاند این اجازه را می‌دهد تا در جایگاه فعال پروتئین، موقعیتی با کمترین انرژی را کسب کند. انعطاف‌پذیری فنوتیپی و تغییرپذیری ژنتیکی در صفات ژنتیکی که در تشخیص گونه‌ها و کاربرد ژن‌ها به‌کار

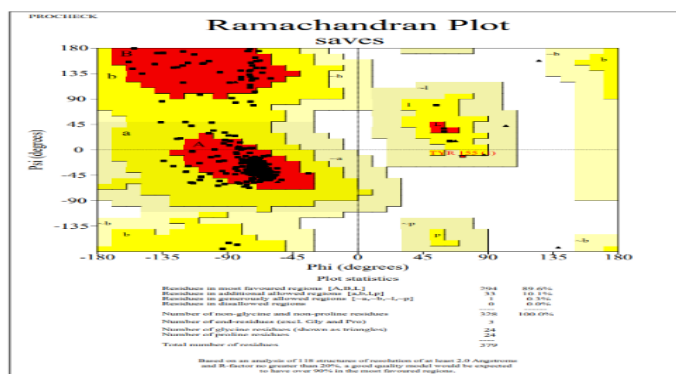


شکل ۱- از سمت راست (آ) کمپلکس ساختار سه بعدی میتوکندری (NCBI)، (ب) آنالیز شبکه برهمکنش پروتئین-پروتئین توسط پایگاه داده (STRING)، (پ) ساختار سه بعدی ژن سیتوکروم B جدا شده از کمپلکس



شکل ۲- ساختار (FMN) فلاوین مونونوکلئوتید و (HEM) پروتوپورفیرین IX

نتایج مربوط به بررسی توالی اسید آمینه ای سیتوکروم B، با استفاده از روش Blast در سایت NCBI نشان داد که شباهت بسیار کمی بین این توالی با سایر ساختارهای سه بعدی ثبت شده وجود دارد. در نتیجه از نرم افزار Tasser-I استفاده شد. بررسی میزان صحت با نرم افزار SAVES 0.v5 و بررسی نقشه رامچاندرا با میزان صحت حدود ۸۳٪ پیش بینی شد که نشان می دهد که این ساختار دارای زنجیره استروکیمی خوبی است، درصد گروه های باقی مانده که در ناحیه قرمز قرار می گیرند دارای بیشترین میزان مقبولیت است (شکل ۱).



شکل ۱- نقشه رامچاندرا پیش بینی شده ساختار پروتئینی ژن سیتوکروم B

بعد از آماده سازی رسپتور و لیگاندها که شامل حذف ملکول های اضافی که با رسپتور کریستاله شده اند حذف ملکول های آب، کامل کردن زنجیرهای پروتئینی ناقص، مینی مایز کردن برای کاهش سطح انرژی رسپتور که برای رسیدن به بهترین حالت داکینگ ملکولی لازم می باشد. مرحله بعد مشخص کردن آمینواسیدهای اکتیو سایت برای گرفتن بهترین نتیجه لازم می باشد.

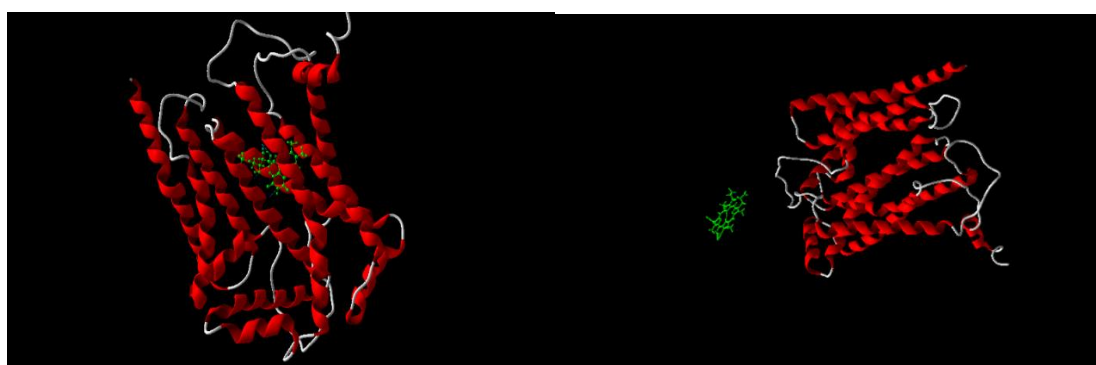
ژن سیتوکروم B ۳۷۹ اسید آمینه دارد که تعداد و نوع آن ها در جدول ۳ آمده است. بررسی اسید آمینه های تشکیل دهنده ی سیتوکروم B نشان داد که بیشترین میزان مربوط به لوسین و لیزین می باشد. با وجود اینکه مکانیسم های درگیر در تمایز مایوژنیک نسبتاً خوب شناخته شده است، نقش محرک های خارج سلولی در کنترل تمایز به مقدار زیادی غیره قابل حل مانده است. لوسین و لیزین به عنوان اسید آمینه های ضروری در کنترل رشد می تواند مهم باشد لوسین به عنوان یک تنظیم کننده سنتز پروتئین عضله به خوبی شناخته شده است (Averous et al. 2012). لوسین و لیزین دو اسید آمینه ی ضروری هستند که ثابت شده است وجود آن ها در جیره باعث افزایش رشد و نمو می شود. اسید آمینه لیزین تأثیر زیادی بر بیان ژن ها و فاکتورهای رشد و عضله سازی دارد و نبود و کمبود این اسید آمینه باعث کاهش سطح فاکتورهای رشد می شود (Azizi et al. 2017).

جدول ۳- تعداد و انواع اسید آمینه های سیتوکروم B گوسفند

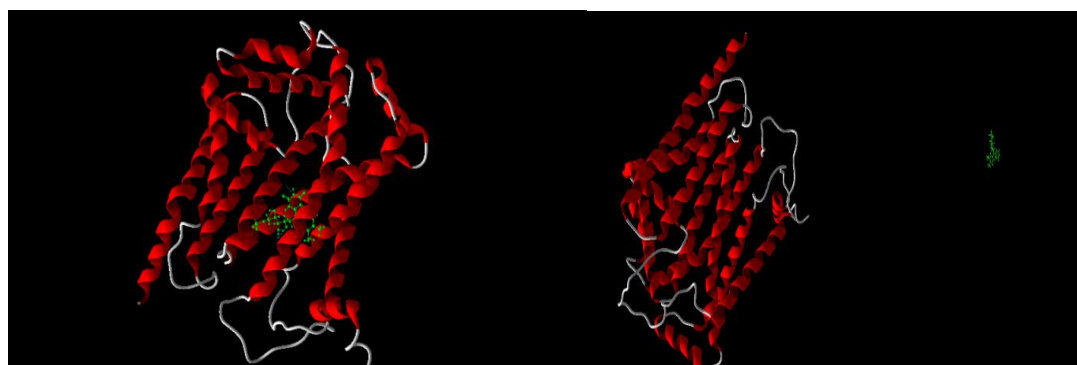
تعداد	آمینو اسید	تعداد	آمینو اسید
۵۳	Lys	۲۳	Ala
۸	Met	۸	Arg
۱۸	Phe	۱۹	Asn
۲۶	Pro	۱۱	Asp
۲۴	Ser	۴	Cys
۲۷	Thr	۶	Gln
۱۲	Trp	۶	Gly
۱۵	Tyr	۲۴	His
۱۸	Val	۱۲	Ile
		۴۵	Leu

نشان داده شده است. بعد از انجام فرایند داکینگ، نتایج به دست آمده از لحاظ بهترین انرژی اتصال (Binding energy) مقایسه و بهترین پوز با منفی‌ترین انرژی و بزرگ‌ترین عدد که بهترین اتصال کمپلکس لیگاند و پروتئین را نشان می‌دهد، انرژی اتصال نشان‌دهنده قدرت اتصال بین ترکیبات مولکولی طراحی شده و جایگاه فعال آنزیم است. برای پروتوپورفیرین ۱۵۷/۳۸۶-عدد و برای فلاوین مونونوکلئوتید ۱۳۷/۵۳-انتخاب شدند. مشخص شد که پروتوپورفیرین دارای منفی‌ترین و بهترین انرژی اتصال با سیتوکروم B نسبت به فلاوین مونونوکلئوتید بود.

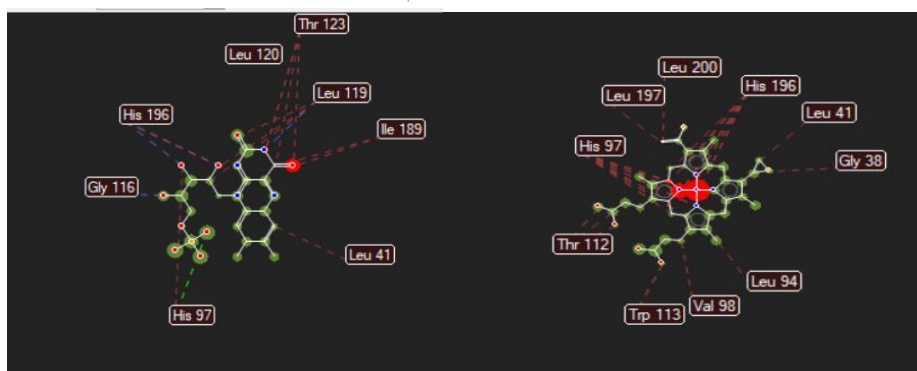
مختصات برای لیگاند پروتوپورفیرین برای مشخص کردن آمینواسیدهای اکتیو سایت به صورت X:414.09, Y:385.04, Z:239.01 و برای لیگاند فلاوین مونونوکلئوتید X:414.77, Y:385.69, Z:292.70 به دست آمد. بعد از انجام این مراحل جهت انجام داکینگ از برنامه اتوداک وینا (AutoDockVina) استفاده شد. جعبه گرید یا (Box) به صورتی تعریف شد تا تمامی پروتئین را پوشش دهد. فضای سه بعدی برای داکینگ منظور جایگاه فعال و آمینو اسیدهای واکنش دهنده در ساختار سه بعدی مشخص شد که اصطلاحاً به آن گرید می‌گویند. در شکل ۲ و ۳ قبل و بعد ساختار سیتوکروم B لیگاندهای شرکت کننده در فرایند داکینگ



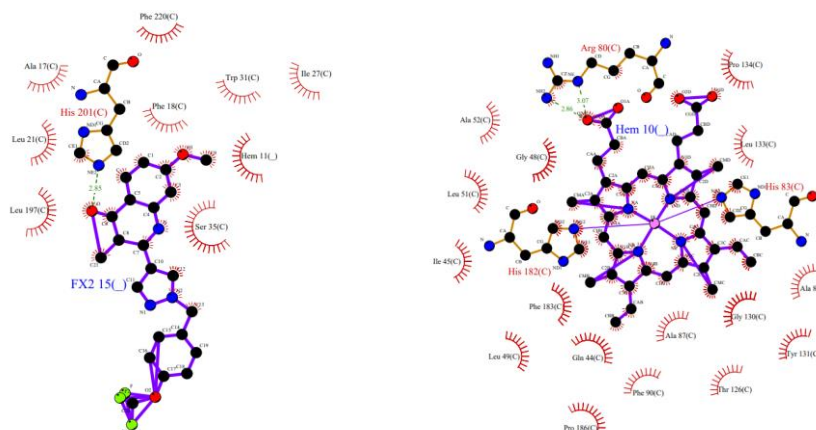
شکل ۲- قبل و بعد از برهمکنش سیتوکروم B و پروتوپورفیرین



شکل ۳- قبل و بعد از برهمکنش سیتوکروم B و فلاوین مونونوکلئوتید



شکل ۴- بررسی رزیدوهای (آمینو اسیدهای) در گیر در تشکیل پیوند با (سمت راست) پروتوپورفیرین و (سمت چپ) فلاوین مونونوکلئوتید



شکل ۵- بررسی آمینو اسیدهای در گیر در تشکیل پیوند هیدروژنی خط چین سبز رنگ، و هیدروفوبی ترکیب پروتوپورفیرین و فلاوین مونونوکلوئید با رسپتور سیتوکروم B توسط نرم‌افزار Lig plot

انرژی که ایجاد شده با ۴۵ اتم لیگاند و انرژی که ایجاد شده ۱۵۶/۰۰۴- بود.

نتایج داکینگ ملکولی با استفاده از سایت protein-ligand interaction profiler که در شکل برای هر دو لیگاند نیز مورد بررسی قرار گرفت نتایج حاصل نشان داد برای لیگاند پروتوپورفیرین گروه هیدروکسیل موجود، با آمینو اسید آرژینین ۸۰ و برای لیگاند فلاوین مونونوکلوئید هیستیدین ۲۰۱ در برهم‌کنش هیدروژنی شرکت می‌کند و همچنین با آمینو اسیدهای پرولین ۱۳۴، لوسین ۱۳۳، آلانین ۸۴، گلیسین ۱۳۰، ترئونین ۱۲۶، تیروزین ۱۳۱، فنیل آلانین ۹۰، پرولین ۱۸۶، لوسین ۴۹، فنیل آلانین ۱۸۳، ایزولوسین ۴۵، لوسین ۵۱، گلیسین ۴۸ و آلانین ۵۲ در ترکیب پروتوپورفیرین با سیتوکروم B برهم‌کنش‌های هیدروفوبی را نشان می‌دهد. برهم‌کنش‌های هیدروفوبی فلاوین مونونوکلوئید را اسید آمینه‌های فنیل آلانین ۲۲۰، آلانین ۱۷، لوسین ۲۱، لوسین ۱۹۷، سرین ۳۵، فنیل آلانین ۱۸، تریپتوفان ۳۱، ایزولوسین ۲۷ را شامل شد. اسید آمینه‌های شرکت کننده در تشکیل برهم‌کنش‌های هیدروفوبی برای لیگاند پروتوپورفیرین بیشتر از فلاوین مونونوکلوئید بود.

بحث

هدف از این پژوهش پیدا کردن بهترین لیگاند جهت انتقال الکترون برای تولید انرژی بود. با توجه به نتایج حاصل از آنالیزها و مقایسات بین دوتا لیگاند، پروتوپورفیرین با مرکزیت آهن

با استفاده از نرم‌افزار مولیگرو (MVD) برهم‌کنش‌های هر دو لیگاند که پوز مناسب آن‌ها انتخاب شده بود به صورت جداگانه مورد بررسی قرار گرفت (شکل ۴). بررسی اینترکشن‌های لیگاند فلاوین مونونوکلوئید نشان داد که هیستیدین ۱۹۶، گلیسین ۱۱۶ و لوسین ۱۱۹ که با خط چین آبی در تشکیل پیوند هیدروژنی، هیستیدین ۹۷ با خط چین سبز در تشکیل پیوند الکترواستاتیک، هیستیدین ۱۹۷، گلیسین ۱۱۶، هیستیدین ۹۷، لوسین ۱۲۰، ترئونین ۱۲۳، ایزولوسین ۱۸۹ و لوسین ۴۱ باز با خط چین قرمز در تشکیل پیوند استری شرکت داشتند، بیشترین اینترکشن‌ها مربوط به پیوندهای استری و اسید آمینه لوسین بود. سهم هر کدام از اتم‌ها و باقی‌مانده‌ها در انرژی که ایجاد شده با ۳۱ اتم لیگاند و انرژی که ایجاد شده ۱۲۵/۹۷۲- بود. بررسی اینترکشن‌های لیگاند پروتوپورفیرین با رسپتور سیتوکروم B، سرین ۱۰۶ در تشکیل پیوند هیدروژنی، هیستیدین ۱۹۷ و ۹۷ با خط چین قرمز در تشکیل پیوند الکترو استاتیک و هیستیدین ۹۷، لوسین ۲۰۰، هیستیدین ۱۹۶، لوسین ۴۱، گلیسین ۳۸، لوسین ۹۴، والین ۹۸، ترئونین ۱۱۲، والین ۹۸، تریپتوفان ۱۱۳ شرکت داشتند که تعداد اسید آمینه‌های بیشتری در این پیوند شرکت داشتند و نسبت به لیگاند فلاوین مونونوکلوئید، اسید آمینه‌های دیگری مانند تریپتوفان و والین در برهم‌کنش شرکت داشتند که در لیگاند قبلی در برهم‌کنش با سیتوکروم B شرکت نداشتند و در ترکیب لیگاند پروتوپورفیرین با رسپتور سیتوکروم B باز لوسین بیشترین سهم را به خود اختصاص داد. سهم هر کدام از اتم‌ها و باقی‌مانده‌ها در

بهترین و مناسب‌ترین انرژی اتصال و جهت‌گیری را نسبت به فلاوین مونونوکلئوتید به خود اختصاص داد. نتایج به شرح به‌دست آمد: مینیمم مقدار انرژی یا بهینه کردن، تکنیک مهمی در محاسبات اتصال مولکولی می‌باشد. بهینه کردن کمپلکس به لیگاند این اجازه را می‌دهد تا در جایگاه فعال پروتئین، موقعیتی با کمترین انرژی را کسب کند. این فرایند برای هر دولیگاند مورد استفاده در پژوهش، پروتوپورفیرین انرژی اولیه ۱۱۰۱۶ بود که به ۸۹۲۱/۹ کاهش یافت و برای فلاوین مونونوکلئوتید انرژی از ۷۰۲/۲۹۱ به ۵۴۶/۰۳۵ کاهش یافت که این نتیجه حاکی از این است که هر دو لیگاند با بهینه کردن سطح انرژی خود در جایگاه مناسبی برای اتصال با سیتوکروم B قرار گرفتند و این نتایج در پروتوپورفیرین نشان اتصال بهینه و مناسب‌تری نسبت فلاوین مونونوکلئوتید بود. همچنین ارزیابی بر همکنش دو پروتئین با یکدیگر و یا لیگاند با DNA نیز با این تکنیک امکان پذیر است. یافتن بهترین جهت‌گیری لیگاند نسبت به سایت فعال گیرنده و تخمین انرژی پیوندی دو جنبه مهم الگوریتم داکینگ می‌باشند، نتایج به‌دست آمده داکینگ ملکولی از لحاظ بهترین انرژی اتصال (Binding energy) مقایسه و بهترین پوز با منفی‌ترین انرژی و بزرگ‌ترین عدد که بهترین اتصال کمپلکس لیگاند و پروتئین را نشان می‌دهد، پروتوپورفیرین دارای منفی‌ترین و بهترین انرژی اتصال با سیتوکروم B نسبت به فلاوین مونونوکلئوتید بود و می‌توان گفت بیشتر بودن تعداد ایتترکشن‌ها و پیوندهای تشکیل شده از ترکیب پروتوپورفیرین با سیتوکروم B می‌تواند صحت و تایید این ادعا باشد. مولکول‌های هیدروفوب یا آب گریز غیرقطبی هستند و به‌همین خاطر تمایل به دیگر مولکول‌ها و حلال‌های غیرقطبی دارند. نتایج داکینگ ملکولی برای مشخص کردن پیوندهای هیدروفوب، اسید آمینه‌های شرکت کننده در تشکیل بر همکنش‌های هیدروفوبی برای لیگاند پروتوپورفیرین بیشتر از فلاوین مونونوکلئوتید بود. در پژوهشی اعلام داشتند که کردند ایتترکشن‌ها در ساختار سوم پروتئین‌ها، نیروی اصلی در پروتئین‌ها حاصل ایتترکشن‌های هیدروفوبیک در ساختار است (Li et al. 1997). بررسی شکل پیوند الکترو استاتیک نشان داد

که اسید آمینه‌های دیگری مانند تریپتوفان و والین در برهمکنش شرکت داشتند که در لیگاند فلاوین مونونوکلئوتید در برهمکنش با سیتوکروم B شرکت نداشتند و در ترکیب لیگاند پروتوپورفیرین با رسپتور سیتوکروم B لوسین بیشترین سهم را به خود اختصاص داد. اما نتیجه تشکیل پیوندهای هیدروژنی، حاصل از ترکیب فلاوین مونونوکلئوتید با سیتوکروم B از پروتوپورفیرین بیشتر بود. آرژنین دارای بار مثبت زیادی می‌باشد و در تشکیل پیوند هیدروژنی که احتمال باعث افزایش تعامل الکترواستاتیک در ترکیب پروتوپورفیرین با سیتوکروم B شده باشد. شبکه برهمکنش پروتئینی سیتوکروم B پیشگویی شده بر اساس پروتئین‌های میتوکندری، ۱۰ پروتئین دارای امتیاز بالا از نظر درجه گره بالقوه معرفی شدند.

نتیجه‌گیری کلی

نتایج حاصل از این پژوهش نشان داد که با بررسی و شناخت عوامل تاثیر گذار کوفاکتورهای مهم و مؤثر می‌تواند به عملکرد بهینه زنجیره تنفسی و شناخت ساختار آن‌ها کمک شایانی داشته باشد و با برهمکنش بین لینگاندها و رسپتورهای کاربردی می‌توان اسید آمینه‌هایی که بیشترین ایتترکشن را با توجه به انرژی بهینه‌ای که در بهترین پوز مناسب انتخاب شده‌اند شناسایی و مکانیسم آن‌ها را در تولید و بازدهی بررسی کرد. که در این پژوهش مشخص شد که اسید آمینه لیزین و لوسین تأثیر زیادی بر بیان ژن‌ها و فاکتورهای رشد، عضله‌سازی و تولید انرژی دارند بیشترین تعداد را به خود اختصاص داد. با توجه به اینکه که متابولیسم انرژی برای سلامتی حیوان حائز اهمیت می‌باشد، و با علم به اینکه ژن‌ها و لیگاندهای دیگری در مسیر تولید انرژی و انتقال الکترون نیز نقش دارند پیشنهاد می‌شود که دیگر لیگاندهای مربوط به ژن‌های کاربردی و مؤثر در تولید نیز بررسی شود تا با شناخت عوامل مؤثر بتوانیم مسیرهای تولید انرژی را شناسایی و مورد بررسی قرار دهیم و از نتایج آن در زمینه تولیدات دامی استفاده کنیم.

منابع

- Agip AA, Blaza JN, Bridges HR, Viscomi C, Rawson S, Muench SP, Hirst J (2018) Cryo-EM structures of complex I from mouse heart mitochondria in two biochemically defined states. *Nature structural and molecular biology* 25:548-556.
- Averous J, Gabillard JC, Seiliez I, Dardevet D (2012) Leucine limitation regulates myf5 and myoD expression and inhibits myoblast differentiation. *Experimental cell research* 318:217-227.
- Azizi S, Nematollahi MA, Mojazi Amiri B, Gutiérrez J (2016) The study of impacts of IGF-I, IGF-II, leucine and lysine starvation on myogenesis in gilthead sea bream cultured myocytes (*Sparus aurata*). *Journal of Fisheries* 69:367-376. (In Farsi)
- Baradaran R, Berrisford JM, Minhas GS, Sazanov LA (2013) Crystal structure of the entire respiratory complex I. *Nature* 494:443-448.
- Blaza JN, Vinothkumar KR, Hirst J (2018) Structure of the deactive state of mammalian respiratory complex I. *Structure* 26:312-319.
- Dare NA, Brammer L, Bourne SA, Egan TJ (2018) Fe (III) Protoporphyrin IX Encapsulated in a Zinc Metal-Organic Framework Shows Dramatically Enhanced Peroxidatic Activity. *Inorganic Chemistry* 57:1171-1183.
- Davies KM, Blum TB, Kuhlbrandt W (2018) Conserved in situ ϵ arrangement of complex I and III2 in mitochondrial respiratory chain supercomplexes of mammals, yeast, and plants. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 115:3024-3029.
- Enríquez JA (2016) Supramolecular organization of respiratory complexes. *Annu. Rev. Physiol* 78:533-561.
- Fiedorczuk K, Letts JA, Degliesposti G, Kaszuba K, Skehel M, Sazanov LA (2016) Atomic structure of the entire mammalian mitochondrial complex I. *Nature* 538:406-410.
- Gu J, W, M, Guo R, Yan K, Lei J, Gao N, Yang M (2016) The architecture of the mammalian respirasome. *Nature* 537:639-643.
- Guo R, Zong S, Wu M, Gu J, Yang M (2017) Architecture of human mitochondrial respiratory megacomplex I2III2IV2. *Cell* 170:1247-1257.e12.
- Hebert PD, Cywinska A, Ball SL, DeWaard JR (2003) Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences* 270:313-321.
- Hirst J (2013) Mitochondrial complex I. *Annual review of biochemistry* 82:551-575.
- Hisamatsu Y, Umezawa N, Yagi H, Kato K, Higuchi T (2018) Design and synthesis of a 4-aminoquinoline-based molecular tweezer that recognizes protoporphyrin IX and iron (iii) protoporphyrin IX and its application as a supramolecular photosensitizer. *Chemical science* 9:7455-7467.
- Howell N (1989) Evolutionary conservation of protein regions in the protonmotive cytochrome b and their possible roles in redox catalysis. *Journal of molecular evolution* 29:157-169.
- Iwata S, Lee JW, Okada K, Lee JK, Iwata M, Rasmussen B, Link TA, Ramaswamy S, Jap BK (1998) Complete structure of the 11-subunit bovine mitochondrial cytochrome bc1 complex. *Science* 281:64-71.
- Kiebert GM, Curran D, Aaronson NK, Bolla M, Menten J, Rutten EHJM, Group ERCO (1998) Quality of life after radiation therapy of cerebral low-grade gliomas of the adult: results of a randomised phase III trial on dose response (EORTC trial 22844). *European Journal of Cancer* 34:1902-1909.
- Kocher TD, Thomas WK, Meyer A, Edwards SV, Pääbo S, Villablanca FX, Wilson AC (1989) Dynamics of mitochondrial DNA evolution in animals: amplification and sequencing with conserved primers. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 86:6196-6200.
- Lapiente-Brun E, Moreno-Loshuertos R, Acín-Pérez R, Latorre-Pellicer A, Colas C, Balsa E, Perales-Clemente E, Quiro's P.M, Calvo E, Rodríguez-Hernández M.A (2013). Supercomplex assembly determines electron flux in the mitochondrial electron transport chain. *Science* 340:1567-1570.
- Letts JA, Fiedorczuk K, Degliesposti G, Skehel M, Sazanov LA (2019) Structures of respiratory supercomplex I+ III2 reveal functional and conformational crosstalk. *Molecular cell* 75:1131-1146.
- Letts JA, Sazanov LA (2017) Clarifying the supercomplex: the higher order organization of the mitochondrial electron transport chain. *Nat. Struct. Mol. Biol* 24:800-808.
- Lays D, Scrutton, NS (2016) Sweating the assets of flavin cofactors: new insight of chemical versatility from knowledge of structure and mechanism. *Current opinion in structural biology* 41:19-26.
- Li H, Tang C, Wingreen NS (1997) Nature of driving force for protein folding: a result from analyzing the statistical potential. *Physical review letters* 79:765.
- Mansoorabadi SO, Thibodeaux CJ, Liu HW (2007) The diverse roles of flavin coenzymes nature's most versatile thespians. *The Journal of organic chemistry* 72:6329-6342.
- McNeely J, Ingraham HM, Premasiri WR, Ziegler LD (2021) Chemical enhancement effects on protoporphyrin IX surface-enhanced Raman spectra: Metal substrate dependence and a vibronic theory analysis. *Journal of Raman Spectroscopy* 52:323-338.
- Piano V, Palfey BA, Mattevi A (2017) Flavins as covalent catalysts: new mechanisms emerge. *Trends in biochemical sciences* 42:457-469.
- Sazanov LA (2015) A giant molecular proton pump: structure and mechanism of respiratory complex I. *Nat. Rev. Mol. Cell Biol* 16:375-388.
- Sousa JS, Mills DJ, Vonck J, Kuhlbrandt W (2016) Functional asymmetry and electron flow in the bovine respirasome. *Elife* 5:e21290.
- Sultana S, Mannen H (2004) Polymorphism and evolutionary profile of mitochondrial DNA control region inferred from the sequences of Pakistani goats. *Animal Science Journal* 75:303-309.
- Sun F, Huo X, Zhai Y, Wang A, Xu J, Su D, Bartlam M, Rao Z (2005) Crystal structure of mitochondrial

respiratory membrane protein complex II. Cell 121:1043-1057.

Tsukihara T, Aoyama H, Yamashita E, Tomizaki T, Yamaguchi H, Shinzawa-Itoh K, Nakashima R, Yaono R, Yoshikawa S (1996). The whole structure of the 13-subunit oxidized cytochrome c oxidase at 2.8 Å. Science 272:1136-1144.

Wade NICHOLAS (2004) A species in a second: Promise of DNA 'bar codes'. The New York Times 14.

Walsh CT, Wencewicz TA (2013) Flavoenzymes: versatile catalysts in biosynthetic pathways. Natural product reports 30:175-200.

Wu M, Gu J, Guo R, Huang Y, Yang M (2016) Structure of mammalian respiratory supercomplex I1III2IV1. Cell 167:1598-1609.e10.

Wu M, Gu J, Guo R, Huang Y, Yang M (2016) Structure of mammalian respiratory super complex I1III2IV1. Cell 167:1598-1609

Zhang K (2016) Gctf: real-time CTF determination and correction. J. Struct. Biol 193 1-12.

Zhu J, Vinoth Kumar K.R, Hirst J (2016) Structure of mammalian respiratory complex I. Nature 536:354-3.