

بررسی خصوصیات دینامیک باقی مانده های جایگاه اتصال وارفارین-آزاپروپازون در پروتئین آلبومین سرم انسانی

امیر حسین ساعی نیا^۱، محمد تقی زاده^{۲*}، سیدمهدی علوی^۳

• دریافت مقاله: ۱۳۹۸/۱/۲۵ • پذیرش مقاله: ۱۳۹۸/۳/۲۷

مقدمه: آلبومین سرم انسانی یکی از مهم ترین پروتئین های خون است که توانایی اتصال به گستره زیادی از مواد مختلف و داروهای مختلفی مانند وارفارین را دارد؛ بنابراین شناخت سرم آلبومین در مطالعات دارویی نقش بسیار مهمی دارد. در این پژوهش به مطالعه دینامیک باقی مانده های جایگاه اتصال وارفارین سرم آلبومین پرداخته شد.

روش: ابتدا ساختار ۳ بعدی آلبومین (PDB ID:4G04) از پایگاه داده RCSB دریافت شد. سپس به کمک بسته نرم افزاری گرومکس شبیه سازی دینامیک مولکولی در مدت ۳۰ نانوثانیه بر روی زنجیره ای این ساختار کریستالوگرافی انجام شد.

نتایج: با استفاده از آنالیز RMSD که بر روی باقی مانده های جایگاه اتصال انجام شد، مشاهده شد که ۲ باقی مانده آرژنین ۱۸۶ و ۲۱۸ دارای تغییرات RMSD زیادی هستند، ۲ باقی مانده لیزین ۱۸۵ و ۱۹۰ تقریباً دارای تغییرات زیادی هستند؛ ولی از آرژنین ها کمتر است و باقی مانده های دیگر مانند گلیسین ۱۸۹ دارای تغییرات بسیار کمی هستند. تغییرات RMSD باقی مانده ها با سطح در دسترس حلال رابطه مستقیم دارد.

نتیجه گیری: نتایج به دست آمده نشان داد که جایگاه اتصال وارفارین در آلبومین می تواند وضعیت های کنفورماسیونی متنوعی با توجه به دینامیک باقی مانده های خود بگیرد. این مسئله می تواند در طراحی دارو بسیار مهم باشد. در کل بر اساس نتایج، باقی مانده ها به ۳ دسته تقسیم شدند. از میان آن ها تریپتوفان ۲۱۴ که بر اساس مقالات مختلف یکی از مهم ترین باقی مانده های جایگاه اتصال به حساب می آید جزء کم تحرک ترین باقی مانده های جایگاه اتصال دسته بندی شد.

کلید واژه ها: آلبومین سرم انسانی، شبیه سازی دینامیک مولکولی، جایگاه اتصال سادلو I، آزاپروپازون، آر ام اس دی

• **ارجاع:** ساعی نیا امیرحسین، تقی زاده محمد، علوی سیدمهدی. بررسی خصوصیات دینامیک باقی مانده های جایگاه اتصال وارفارین-آزاپروپازون در پروتئین آلبومین سرم انسانی. مجله انفورماتیک سلامت و زیست پزشکی ۱۳۹۸؛ ۶(۳): ۲۵۵-۶۳.

۱. دانشجوی کارشناسی علوم آزمایشگاهی، گروه علوم آزمایشگاهی، دانشکده پیراپزشکی، علوم پزشکی تهران، دانشگاه آزاد اسلامی، تهران، ایران

۲. دکتری تخصصی بیوانفورماتیک، گروه بیوتکنولوژی میکروبی، دانشکده علوم و فناوری های نوین، علوم پزشکی تهران، دانشگاه آزاد اسلامی، تهران، ایران

۳. دکتری تخصصی سلولی-مولکولی، دانشیار، گروه بیوتکنولوژی کشاورزی، پژوهشگاه ملی مهندسی ژنتیک و زیست فناوری، تهران، ایران

* **نویسنده مسئول:** تهران، خیابان شریعتی، دانشگاه علوم پزشکی آزاد اسلامی تهران، دانشکده علوم و فناوری های نوین، گروه زیست فناوری

• Email: mtaghizadeh@ut.ac.ir

• شماره تماس: ۰۲۱۲۲۲۳۷۱۴۷

مقدمه

آلبومین سرم انسانی (Human Serum Albumin) یکی از فراوان‌ترین پروتئین‌های پلاسما خون است که حدود ۸۰٪ فشار اسمزی خون را تأمین می‌کند [۱]. این پروتئین، پروتئینی کروی و تک رشته است که دارای ۵۸۵ باقی مانده است و همچنین مطالعات بر روی کریستال به دست آمده از این پروتئین نشان داده که دارای ۳ دومین (II, I و III) است و هر دومین دارای ۲ زیر دومین A و B است [۴-۱]. سرم آلبومین دارای ۱۷ پیوند دی‌سولفید و یک سیستمین آزاد (CYS34) است [۴، ۵]. سرم آلبومین در کبد ساخته می‌شود و به صورت یک پروتئین غیر گلیکوزیده وارد گردش خون می‌شود. بر روی این پروتئین در طول دهه‌های مختلف تحقیقات زیادی انجام شده است؛ زیرا مطالعات نشان داده که سرم آلبومین توانایی اتصال به گستره زیادی از مواد مختلف نظیر یون روی، اسیدهای چرب، اسیدهای آمینه، متابولیت‌های مختلف (بیلی‌روبین و ...) و مواد دیگر را دارد. همچنین داروهای مختلف مانند وارفارین با کمک این پروتئین در بدن به گردش در می‌آیند؛ بنابراین شناخت سرم آلبومین در مطالعات دارویی نقش بسیار مهمی دارد [۴، ۶-۸].

شناخت بیشتر جایگاه‌های اتصال سرم آلبومین کمک مهمی به مطالعه برهمکنش سرم آلبومین با ترکیباتی که به وسیله این پروتئین در خون جابه‌جا می‌شوند، می‌کند. در دهه ۱۹۷۰ Sudlow و همکاران اولین کسانی بودند که بر روی برهمکنش بین سرم آلبومین و ترکیبات دارویی به وسیله روش‌های آزمایشگاهی کار کردند. جایگاه‌های اتصال که این گروه بر روی آن کار کردند به نام‌های جایگاه (Sudlow-site I, II) بود [۹]. جایگاه اتصال I مخصوص اتصال به آنیون‌های دارای ساختار حلقه‌ای ناهمگن (heterocyclic anions) با بار خنثی است و جایگاه اتصال II مخصوص اتصال به کربوکسیلات‌های دارای حلقه آروماتیکی است همچنین بر پایه اتصال دو دارو مهم وارفارین و ایبوپروفن این جایگاه‌ها به نام‌های جایگاه اتصال وارفارین (warfarin site) و جایگاه اتصال ایبوپروفن (ibuprofen site) نیز شناخته می‌شوند [۹، ۱۰]. تحقیقات درباره برهمکنش اسیدهای چرب و سرم آلبومین به وسیله گروه‌های مختلفی گزارش شده است [۱۰-۱۲]. به عنوان مثال Curry و همکاران هفت جایگاه اتصال مجزا برای اتصال اسیدهای چرب به سرم آلبومین از روی کریستال گرافی سرم آلبومین فرض کرده‌اند [۶].

آزاپروپازون یک داروی ضدالتهاب غیراستروئیدی می‌باشد که

دارای ساختار حلقه‌ای ناهمگن است. از این دارو در درمان دردهای مفصلی و عضلانی، روماتوئید مفصلی، نقرس و ... استفاده می‌شود. این دارو به جایگاه اتصال وارفارین آلبومین سرم انسانی متصل می‌شود [۱۵-۱۳].

در مطالعات طراحی دارو شناخت موانع کنفورماسیونی در روند شناسایی لیگاند هدف بسیار مهم است. برای انجام این کار روش‌های مختلفی که شامل کریستالو گرافی اشعه ایکس، ام آر (Nuclear Magnetic Resonance) و میکروسکوپ الکترونی نگاره (Scanning Electron Microscope) وجود دارد. علاوه بر این‌ها می‌توان از روش‌های محاسباتی مانند شبیه‌سازی دینامیک مولکولی (Molecular Dynamics Simulation) استفاده کرد، شبیه‌سازی دینامیک مولکولی این امکان را می‌دهد تا پروتئین از حالت استاتیک به حالت دینامیک درآمده و مطالعات بهتر و دقیق‌تری بر روی آن انجام شود [۱۶، ۱۷]. همچنین مشاهده شده است وقتی که برای بازدهی بهتر داده‌های شبیه‌سازی دینامیک مولکولی از شبیه‌سازی داکینگ استفاده می‌شود، نتایج بهتری در مقایسه با روش‌های تجربی به دست می‌آید [۱۸]. برای شناخت بهتر سرم آلبومین هم از مطالعات دینامیک مولکولی و آنالیزهای آن مانند (Root-Mean-Square Deviation) RMSD و (Root-Mean-Square Fluctuation) RMSF استفاده شده است [۲۱-۱۹]؛ اما در این مطالعات کمتر به آنالیز باقی‌مانده‌ها به صورت مجزا پرداخته شده است. در این مطالعه سعی شد به آنالیز مجزای باقی‌مانده‌های جایگاه اتصال پروتئین آلبومین سرم انسانی با استفاده از تکنیک شبیه‌سازی دینامیک مولکولی پرداخته شود.

روش

پایگاه داده RCSB PDB، یک پایگاه داده ذخیره‌سازی اطلاعات ساختارهای ۳ بعدی درشت مولکول‌های زیستی از جمله پروتئین‌ها است [۲۲، ۲۳]. با کمک این پایگاه داده، ساختار ۳ بعدی آلبومین سرم انسانی نوع وحشی با شناسه پی دی بی ID:4G03 به منظور انجام شبیه‌سازی دینامیک مولکولی دریافت شد. ساختار ۳ بعدی پروتئین که به همراه داروی آزاپروپازون با شناسه پی.دی.بی PDBID:2BX8 به صورت کو-کریستال در پایگاه داده RCSB موجود بود نیز دریافت شد و برای شناسایی جایگاه اتصال آزاپروپازون از آن استفاده شد. شبیه‌سازی دینامیک مولکولی به کمک بسته نرم‌افزاری

دیمانسیون آن برابر آنگستروم مربع بود.

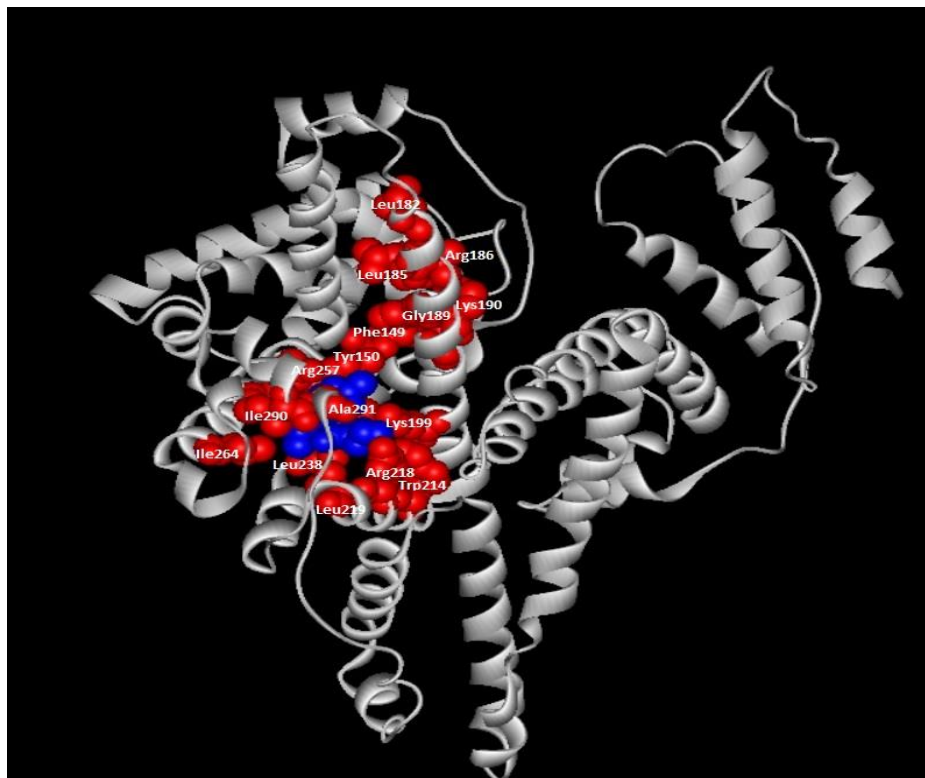
نتایج

برای تشخیص باقی مانده های جایگاه اتصال به کمک نرم افزار کایمرا از ساختار آلومین سرم انسانی به همراه یکی از لیگندهای آن به نام آزاپروپازون که در جایگاه اتصال وارفارین قرار دارد و در دردهای مفصلی و عضلانی هم کاربرد دارد، استفاده شد؛ لذا در این پژوهش به جایگاه اتصال مورد مطالعه، جایگاه اتصال وارفارین-آزاپروپازون گفته شد. با کمک نرم افزار کایمرا باقی مانده هایی که در فاصله ۴ آنگسترومی قرار داشتند، شناسایی شد که ۲۰ باقی مانده آن عبارتند از: آرژینین ۱۸۶، ۲۱۸ و ۲۵۷، ایزولوسین ۱۴۲، ۲۶۴ و ۲۹۰، لوسین ۱۸۲، ۱۸۵، ۲۱۹ و ۲۳۸، هیستیدین ۱۴۶ و ۲۴۲، لیزین ۱۹۰ و ۱۹۹، فنیل آلانین ۱۴۹، تیروزین ۱۵۰، گلیسین ۱۸۹، سرین ۱۹۳، تریپتوفان ۲۱۴، آلانین ۲۹۱ (شکل ۱). به تقریب می توان گفت که این باقی مانده ها متعلق به جایگاه اتصال اول سرم آلومین که به جایگاه اتصال وارفارین معروف است، بودند.

گرومکس (GROMACS) نسخه ۴.۵.۵ انجام شد. از آب TIP3P به عنوان حلال استفاده شد، همچنین برای خنثی سازی سامانه، ۱۵ یون سدیم اضافه شد تا بار سامانه به تعادل برسد و خنثی شود. برای میدان های نیرو از امبر ۹۹ اس بی (AMBER99SB) استفاده شد. مدت زمان شبیه سازی ۳۰ نانو ثانیه بود و هر گام آن معادل ۲ فمتوثانیه در نظر گرفته شد.

از نرم افزار کایمرا (Chimera) نسخه ۱.۱۳.۱ به منظور پیدا کردن باقی مانده هایی که در شکاف جایگاه اتصال قرار دارند، استفاده شد. بدین صورت باقی مانده هایی که در حد فاصل ۴ آنگسترومی ترکیب دارویی قرار داشتند، انتخاب شدند که ۲۰ باقی مانده بودند.

سطح در دسترس حلال (Accessible Surface Area) با استفاده از سرور اینترنتی وادار (VADAR) سطح در دسترس حلال (ASA) باقی مانده های جایگاه اتصال سرم آلومین به دست آورده شد. از داده های این سرور فرم مطلق سطح در دسترس حلال مورد استفاده قرار گرفت که



شکل ۱: سرم آلومین به همراه لیگاند آزاپروپازون به شکل فضا پر کن

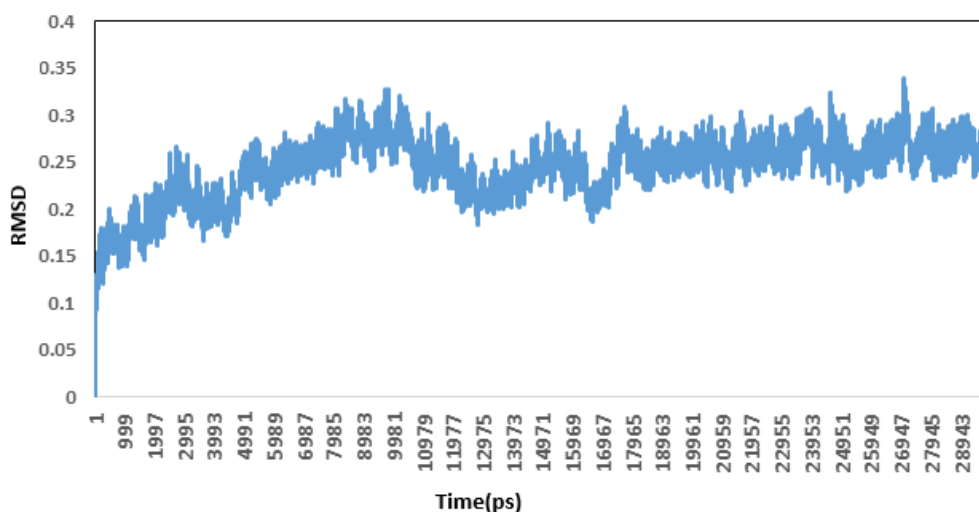
* لیگاند با رنگ آبی و باقی مانده های جایگاه اتصال با رنگ قرمز مشخص شده اند و تعدادی از باقی مانده ها برجسته خورده اند.

پروتئین محاسبه شد. نتیجه این محاسبه در نمودار ۱ قابل مشاهده است. چنان که در این نمودار دیده شد تغییرات آر ام

در ابتدا برای بررسی پایداری ساختار در محیط شبیه سازی دینامیک مولکولی آنالیز آر ام اس دی (RMSD) برای کل

نشان داد.

اس دی از حدود ۱۸۰۰۰ پیکوثانیه که معادل ۱۸ نانوثانیه بود تا انتهای زمان شبیه سازی که ۳۰ نانوثانیه است، پایداری آن را



نمودار ۱: آر ام اس دی کل برای کربن آلفا در پروتئین آلبومین سرم انسانی در مدت ۳۰ نانوثانیه

* محور ایکس زمان بر حسب پیکو ثانیه است و محور وای مقدار آر ام اس دی بر حسب نانومتر است.

دسته سوم قرار گرفت. سطح در دسترس حلال برای ۳ آرژینین مورد بحث یعنی ۱۸۶، ۲۱۸ و ۲۵۷ به ترتیب شامل ۱۱۳، ۴۵/۷ و ۱۴/۳ آنگستروم مربع بود. این مسئله در بردارنده ۲ نکته جالب بود: ۱- مقدار سطح در دسترس حلال برای این ۳ باقی مانده متناسب با مقدار متوسط آر ام اس دی آن ها تغییر نمود. ۲- مقدار سطح در دسترس آرژینین دوم (۲۱۸) به مقدار قابل توجهی نسبت به آرژینین اول (۱۸۶) کاهش نشان داد؛ اما این مقدار قابل توجه کاهش تأثیر چندانی بر روی مقدار متوسط آر ام اس دی نداشت. این مسئله نشان داد که تغییر مقدار متوسط آر ام اس دی برای باقی مانده های آرژینینی تا حدود زیادی در برابر کاهش سطح در دسترس حلال مقاومت کرد.

در مورد لیزین های جایگاه اتصال دیده شد که یکی از آن ها دارای متوسط آر ام اس دی بالا بود؛ اما در گروه دوم قرار گرفت. به طور کلی می توان گفت متوسط تغییرات آر ام اس دی و به تبع آن تغییرات کنفورماسیونی در آرژینین های جایگاه اتصال به طور متوسط بیشتر از لیزین ها است؛ اما بررسی سطح در دسترس حلال نشان داد که همانند آرژینین ها میزان تغییرات آر ام اس دی باقی مانده ها با سطح در دسترس حلال رابطه مستقیم دارد. سطح در دسترس حلال برای لیزین ۱۹۰، ۷۴/۵ و برای لیزین ۱۹۹، ۱۸/۴ بود.

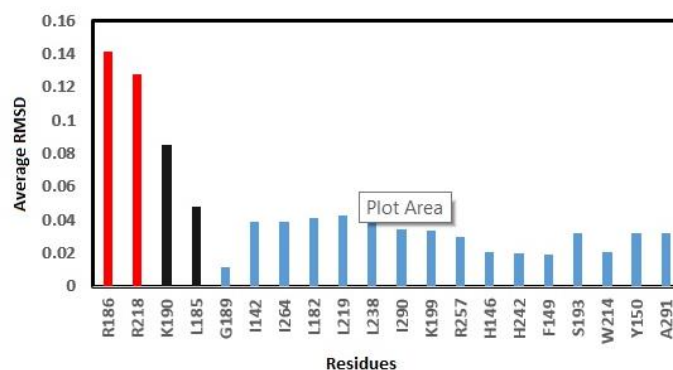
برای مطالعه تغییرات کنفورماسیونی باقی مانده ها آنالیز آر ام اس دی به صورت اختصاصی برای تک تک باقی مانده های جایگاه اتصال وارفارین محاسبه شد که نتایج حاصل از آنالیز در نمودار ۲ و ۳ ارائه شد. نمودار ۲ نشان دهنده دسته بندی باقی مانده های این جایگاه اتصال بر اساس میانگین آر ام اس دی بود و نمودار ۳ نشان دهنده تغییرات مقادیر آر ام اس دی باقی مانده های جایگاه اتصال در مدت زمان ۳۰ نانوثانیه است. در نمودار ۲ چنان که دیده شد باقی مانده ها بر اساس مقدار متوسط آر ام اس دی خود به ۳ دسته تقسیم شده اند. دسته اول شامل ۲ آرژینین ۱۸۶ و ۲۱۸ بود که دارای بیشترین مقدار متوسط تغییرات آر ام اس دی بودند. این مقدار بین ۰/۱۲۷ و ۰/۱۴۰ است. دسته دوم شامل ۲ باقی مانده لیزین ۱۹۰ و لوسین ۱۸۵ است که مقدار متوسط آر ام اس دی آن ها بین ۰/۰۴۸ و ۰/۰۸۵ بود و دسته سوم که مقدار متوسط آر ام اس دی آن ها بین ۰/۰۱۱ و ۰/۰۴۲ است و شامل ۱۶ باقی مانده شد. در بخش الف نمودار ۳، تغییرات آر ام اس دی ۳ آرژینین مربوط به این جایگاه اتصال دیده شد. بر اساس نمودار ۲ از ۳ آرژینین این جایگاه اتصال ۲ مورد در دسته اول و ۱ مورد در دسته سوم قرار دارد. به این معنی که ۲ آرژینین ۱۸۶ و ۲۱۸ دارای بیشترین تغییرات کنفورماسیونی در میان همه باقی مانده های این جایگاه اتصال بودند و آرژینین سوم (۲۵۷) به شکل غیر منتظره ای در

۲۹۱ قرار دارد. در قسمت ث تغییرات الگوی نوسان چندان مشاهده نشد فقط برای فنیل آلانین به مقدار اندک مشاهده شد. در قسمت ت که مربوط به ایزولوسین و لوسین های جایگاه اتصال بود، نوسان هایی مشاهده شد که در اکثر مواقع زیاد نیستند. در این قسمت ماکزیمم نوسان ها بیشتر به لوسین ۱۸۵ و ایزولوسین ۲۶۴ مربوط بود. نوسان تغییرات قابل ذکری در قسمت پ مشاهده نشد. در قسمت ب در هر دو لیزین ۱۹۰ و ۱۹۹ تغییرات الگو نوسان مشاهده نشد. این تغییرات الگوی نوسان بیشتر نشان دهنده امکان انتخاب کنفورماسیون های پایدار به وسیله زنجیره جانبی اسید آمینه ها است؛ بنابراین در مواردی که تغییرات الگوی نوسان مشاهده نشد، تنها یک کنفورماسیون برای باقی مانده مربوطه امکان دارد. البته این تغییرات در الگوی نوسان ممکن است به دلیل تغییرات مربوط به جایگاه زنجیره جانبی یا اسکلت اصلی پروتئین هم باشد.

از ۴ لوسین موجود در جایگاه اتصال، ۱ مورد (۱۹۰) در دسته دوم و ۳ مورد در دسته سوم قرار گرفت.

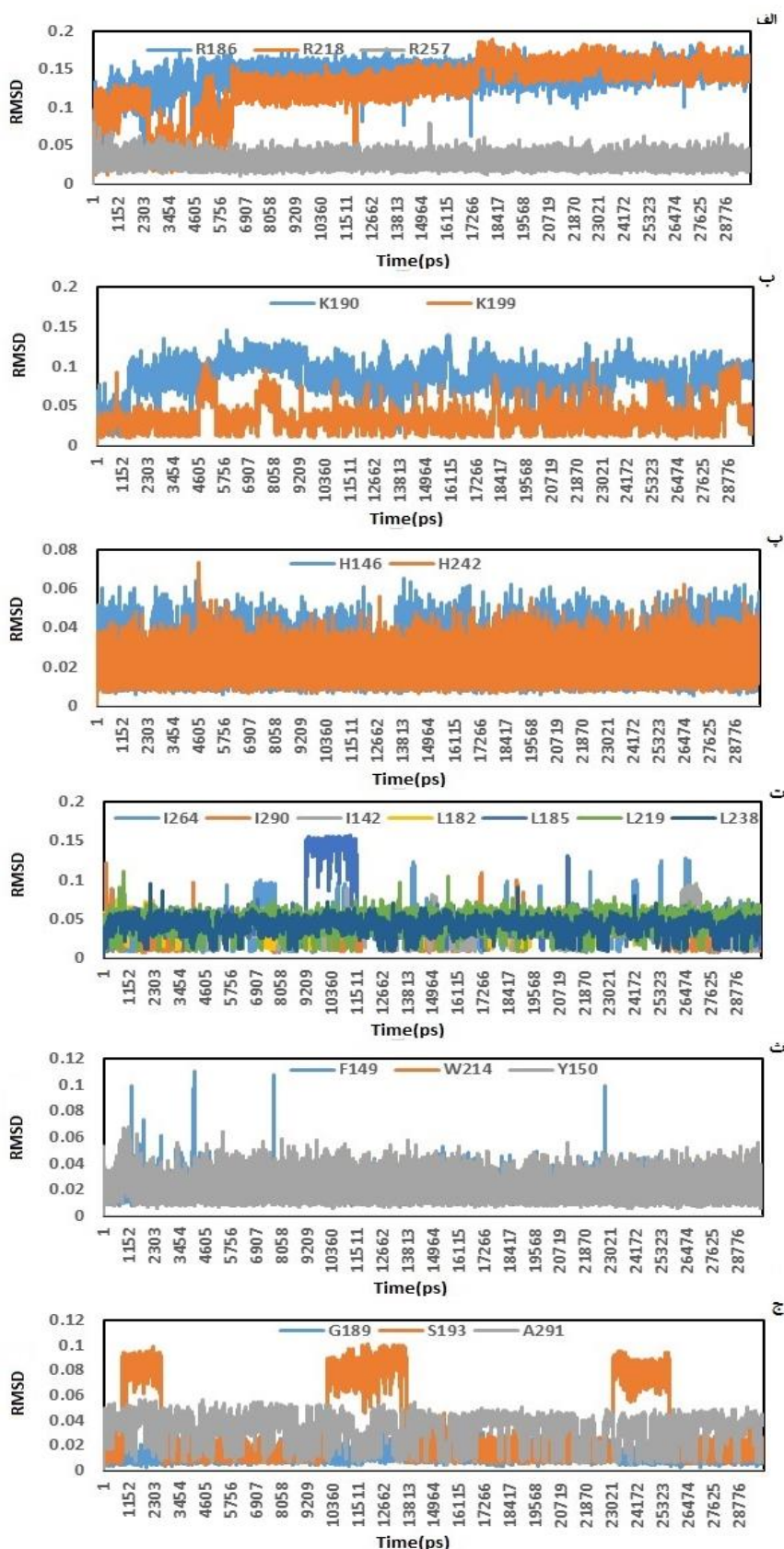
در نمودار ۳ بخش الف، مشاهده شد الگوی تغییرات آر ام اس دی برای ۳ باقی مانده آرژینینی ۱۸۶، ۲۱۸ و ۲۵۷ با یکدیگر تفاوت هایی دارد. همچنین آرژینین ۲۵۷ با دامنه نوسان اندک در طول شبیه سازی در پایین نمودار مشاهده شد؛ اما آرژینین ۱۸۶ و ۲۱۸ دارای نوسان آر ام اس دی هستند که در رنج متفاوتی نسبت به ۲۵۷ رخ داد. به این ترتیب آرژینین ۱۸۶ و ۲۱۸ در ارتفاع بالاتری از آر ام اس دی نسبت به ۲۵۷ در طول ۳۰ نانوثانیه شبیه سازی، نوسان دارند. همچنین در بخش الف نمودار ۳ مشاهده شد در ابتدای منحنی های مربوط به آرژینین های ۱۸۶ و ۲۱۸ کمی تغییرات الگوی نوسان مشاهده شد؛ اما برای کل طول ۲۵۷ و بخش اعظم ۱۸۶ و ۲۱۸ تغییرات الگوی نوسان مشاهده نشد.

در کل منحنی های نمودار ماکزیمم تغییرات الگوی نوسان در قسمت ج، باقی مانده سرین ۱۹۳ و در این قسمت پس از آلانین



نمودار ۲: میانگین تغییرات آر ام اس دی باقی مانده های جایگاه اتصال ترکیب آزاپروپازون بر روی پروتئین آلبومین سرم انسانی

* محور ایکس نام باقی مانده های جایگاه اتصال است و محور وی مقدار میانگین تغییرات آر ام اس دی آن ها بود.



نمودار ۳: آر ام اس دی باقی مانده های جایگاه اتصال ترکیب آزاپروپازون بر روی پروتئین آلبومین سرم انسانی

* محور ایکس زمان بر حسب پیکو ثانیه است. محور وی مقدار آر ام اس دی باقی مانده ها است. نمودار الف، نمودار آرژنینین ۱۸۶، ۲۱۸ و ۲۵۷، نمودار ب شامل لیزین ۱۹۰ و ۱۹۹، نمودار پ هیستیدین ۱۴۶ و ۲۴۲، نمودار ت ایزولوسین ۲۶۴، ۲۹۰، ۱۴۲ و لوسین ۱۸۲، ۱۸۵، ۲۱۹ و ۲۳۸، نمودار ث فنیل آلانین ۱۴۹، تربیتوفان ۲۱۴، تیروزین ۱۵۰ و نمودار ج شامل گلیسین ۱۸۹، سرین ۱۹۳ و آلانین ۲۹۱ بود.

بحث و نتیجه گیری

آلبومین سرم انسانی یکی از مهم ترین پروتئین های انسانی با عملکردهای گوناگون است که در پلاسمای خون انجام وظیفه می کند. داروی آزاپروپازون که جایگاه اتصال آن در این پژوهش مورد مطالعه قرار گرفت، یکی از مهم ترین داروها در حوزه درمان بیماری های مفصلی و عضلانی است. در این پژوهش به مطالعه دینامیک باقی مانده های این جایگاه اتصال با استفاده از تکنیک شبیه سازی دینامیک مولکولی پرداخته شد. نتایج به دست آمده نشان داد که این جایگاه اتصال می تواند وضعیت های متنوعی با توجه به دینامیک باقی مانده های خود بگیرد. این مسئله می تواند در مطالعات اتصال دارو به این پروتئین بسیار مهم باشد. در پژوهش حاضر فقط به مطالعه یک جایگاه اتصال پرداخته شد و برای شناخت بیشتر آلبومین سرم انسانی بهتر است که جایگاه های اتصال دیگر آلبومین نیز مورد مطالعه قرار بگیرد.

در بسیاری از مطالعات دینامیک مولکولی بر روی آلبومین تمرکز بر روی مقایسه فرم با دارو و بدون دارو بود، در حالی که در مقاله حاضر تمرکز بر روی مطالعات دینامیک باقی مانده های مربوط به جایگاه اتصال وارفارین بدون اتصال دارو بود [۲۷-۲۴].

دینامیک باقی مانده های جایگاه اتصال در آلبومین جدیداً مورد توجه قرار گرفته است. در پژوهش Mukherjee و همکاران، مشخص شده است که روتامرهای مختلف تربیتوفان ۲۱۴ در تنوع ساختاری این پروتئین نقش دارد. در این پژوهش دینامیک همه باقی مانده های جایگاه اتصال از جمله تربیتوفان ۲۱۴ مورد بررسی قرار گرفت و بر اساس نتایج این پژوهش تربیتوفان

۲۱۴ جزء کم تحرک ترین باقی مانده ها در جایگاه اتصال بود. در بخش یافته های این پژوهش تربیتوفان ۲۱۴ در دسته سوم (میانگین RMSD بین ۰/۰۱۱ و ۰/۰۴۲) قرار دارد. البته این مطالعه در عدم حضور لیگاند صورت گرفته است [۲۸].

با بررسی های فراوانی که انجام شد مطالعات چندانی مربوط به دینامیک جایگاه اتصال آلبومین مشاهده نشد. به این ترتیب می توان گفت این پژوهش جزء اولین پژوهش هایی است که دینامیک باقی مانده های جایگاه اتصال آلبومین را با استفاده از شبیه سازی دینامیک مولکولی به صورت جامع مورد بررسی قرار داد. با استفاده از پژوهش های انجام شده در این مطالعه می توان رفتار دینامیکی باقی مانده های جایگاه اتصال را شناخت که این شناخت می تواند در طراحی دارو و شناخت بهتر آلبومین کمک کند. البته استفاده از آر ام اس دی باقی مانده ها (یا آر ام اس دی باقی مانده محور) در کارهای قبلی به دفعات مورد استفاده قرار گرفته است؛ اما چنین آنالیزی برای مطالعه جایگاه اتصال وارفارین در پروتئین سرم آلبومین انسانی مشاهده نشد [۲۹،۳۰].

تشکر و قدردانی

این مقاله هیچ گونه حامی مالی نداشته است. بدین وسیله از همکاری آقایان عبدالله شیرازی و دکتر رهبر قاسمی صمیمانه تشکر و قدردانی می شود.

تعارض منافع

بدین وسیله نویسندگان تصریح می نمایند که هیچ گونه تضاد منافی در خصوص پژوهش حاضر وجود ندارد.

References

1. Riahi-Madvar A, Ghaseminesab A. Study of the CuO nanoparticles interaction with human serum albumin using fluorescence technique. Journal of Molecular and Cellular Research 2017; 30(4):339-48. [In Persian]
2. Chen L, Wu M, Lin X, Xie Z. Study on the interaction between human serum albumin and a novel bioactive acridine derivative using optical spectroscopy. Luminescence 2011;26(3):172-7. doi: 10.1002/bio.1201.
3. Wardell M, Wang Z, Ho JX, Robert J, Ruker F, Ruble J, et al. The atomic structure of human methemalbumin at 1.9 Å. Biochem Biophys Res Commun 2002;291(4):813-9. doi: 10.1006/bbrc.2002.6540
4. Sugio S, Kashima A, Mochizuki S, Noda M, Kobayashi K. Crystal structure of human serum

- albumin at 2.5 Å resolution. Protein Eng 1999;12(6):439-46. doi:10.1093/protein/12.6.439
5. Bodedi A, Cattani G, Stella L, Massoud R, Ricci G. Thiol disulfide exchange reactions in human serum albumin: the apparent paradox of the redox transitions of Cys34. FEBS J 2018;285(17):3225-7. doi: 10.1111/febs.14609.
6. Curry S, Brick P, Franks NP. Fatty acid binding to human serum albumin: new insights from crystallographic studies. Biochim Biophys Acta 1999;1441(2-3):131-40. doi:10.1016/s1388-1981(99)00148-1
7. Li Y, He W, Liu H, Yao X, Hu Z. Daidzein interaction with human serum albumin studied using optical spectroscopy and molecular modeling methods. Journal of Molecular Structure 2007;831(1):144-50. doi.org/10.1016/j.molstruc.2006.07.034
8. Petitpas I, Bhattacharya AA, Twine S, East M, Curry S. Crystal structure analysis of warfarin binding to

- human serum albumin: anatomy of drug site I. *J Biol Chem*. 2001;276(25):22804-9. doi: 10.1074/jbc.M100575200
9. Sudlow G, Birkett DJ, Wade DN. Further characterization of specific drug binding sites on human serum albumin. *Mol Pharmacol* 1976;12(6):1052-61.
10. Tugaeva KV, Faletrov YV, Allakhverdiev ES, Shkumatov VM, Maksimov EG, Sluchanko NN. Effect of the NBD-group position on interaction of fluorescently-labeled cholesterol analogues with human steroidogenic acute regulatory protein STARD1. *Biochem Biophys Res Commun* 2018;497(1):58-64. doi: 10.1016/j.bbrc.2018.02.014.
11. Simard JR, Zunszain PA, Hamilton JA, Curry S. Location of high and low affinity fatty acid binding sites on human serum albumin revealed by NMR drug-competition analysis. *J Mol Biol* 2006;361(2):336-51. doi:10.1016/j.jmb.2006.06.028
12. Bhattacharya AA, Grune T, Curry S. Crystallographic analysis reveals common modes of binding of medium and long-chain fatty acids to human serum albumin. *J Mol Biol* 2000;303(5):721-32. doi:10.1006/jmbi.2000.4158
13. Gaihede ML. Treatment of otitis media with retroauricular injection of an anti-inflammatory drug. Google Patents; 2019.
14. Markovic OS, Cvijetic IN, Zlatovic MV, Opsenica IM, Konstantinovic JM, Terzic Jovanovic NV, et al. Human serum albumin binding of certain antimalarials. *Spectrochim Acta A Mol Biomol Spectrosc* 2018;192:128-39. doi: 10.1016/j.saa.2017.10.061.
15. Kress HG, Baltov A, Basinski A, Berghea F, Castellsague J, Codreanu C, et al. Acute pain: a multifaceted challenge - the role of nimesulide. *Curr Med Res Opin* 2016;32(1):23-36. doi: 10.1185/03007995.2015.1100986.
16. McGee TD, Edwards J, Roitberg AE. Preliminary molecular dynamic simulations of the estrogen receptor alpha ligand binding domain from antagonist to apo. *Int J Environ Res Public Health* 2008;5(2):111-4. doi: 10.3390/ijerph2008050014
17. Kaye SL, Sansom MS, Biggin PC. Molecular dynamics simulations of the ligand-binding domain of an N-methyl-D-aspartate receptor. *J Biol Chem* 2006;281(18):12736-42. doi:10.1074/jbc.M512728200
18. Talele TT, McLaughlin ML. Molecular docking/dynamics studies of Aurora A kinase inhibitors. *J Mol Graph Model* 2008;26(8):1213-22. doi:10.1016/j.jmgm.2007.11.003
19. Deeb O, Rosales-Hernandez MC, Gomez-Castro C, Garduno-Juarez R, Correa-Basurto J. Exploration of human serum albumin binding sites by docking and molecular dynamics flexible ligand-protein interactions. *Biopolymers* 2010;93(2):161-70. doi: 10.1002/bip.21314.
20. Artali R, Bombieri G, Calabi L, Del Pra A. A molecular dynamics study of human serum albumin binding sites. *Farmaco* 2005;60(6-7):485-95. doi:10.1016/j.farmac.2005.04.010
21. Sudhamalla B, Gokara M, Ahalawat N, Amooru DG, Subramanyam R. Molecular dynamics simulation and binding studies of beta-sitosterol with human serum albumin and its biological relevance. *J Phys Chem B* 2010;114(27):9054-62. doi: 10.1021/jp102730p.
22. Rose PW, Bi C, Bluhm WF, Christie CH, Dimitropoulos D, Dutta S, et al. The RCSB Protein Data Bank: new resources for research and education. *Nucleic Acids Res* 2013;41(Database issue):D475-82. doi: 10.1093/nar/gks1200.
23. Deshpande N, Address KJ, Bluhm WF, Merino-Ott JC, Townsend-Merino W, Zhang Q, et al. The RCSB Protein Data Bank: a redesigned query system and relational database based on the mmCIF schema. *Nucleic Acids Res* 2005;33(Database issue):D233-7. doi:10.1093/nar/gki057
24. Narwal M, Kumar D. Molecular dynamics simulation as a tool for assessment of drug binding property of human serum albumin. *Mol Biol Rep* 2018;45(6):1647-52. doi: 10.1007/s11033-018-4308-3.
25. Guan J, Yan X, Zhao Y, Lu J, Sun Y, Peng X. Investigation of the molecular interactions of triclocarban with human serum albumin using multispectroscopies and molecular modeling. *J Biomol Struct Dyn* 2019;37(13):3550-65. doi: 10.1080/07391102.2018.1520149.
26. Ding X, Suo Z, Sun Q, Gan R, Tang P, Hou Q, et al. Study of the interaction of broad-spectrum antimicrobial drug sitafloxacin with human serum albumin using spectroscopic methods, molecular docking, and molecular dynamics simulation. *J Biomol Struct Dyn* 2019;37(13):3550-65. doi: 10.1080/07391102.2018.
27. Gan N, Sun Q, Zhang M, Tang P, Zhao L, Xie T, et al. Insights into the interaction of ulipristal acetate and human serum albumin using multi-spectroscopic methods, molecular docking, and dynamic simulation. *J Biomol Struct Dyn* 2019;37(11):2989-98. doi: 10.1080/07391102.2018.1502686.
28. Mukherjee S, Ganorkar K, Kumar A, Sehra N, Ghosh SK. Switching of Trp-214 intrinsic rotamer population in human serum albumin: An insight into the aftermath of embracing therapeutic bioorganic luminophore azapodophyllotoxin into sudlow site I. *Bioorganic Chemistry* 2019;84:63-75. doi.org/10.1016/j.bioorg.2018.11.015
29. Liu WS, Wang RR, Sun YZ, Li WY, Li HL, Liu CL, et al. Exploring the effect of inhibitor AKB-9778 on VE-PTP by molecular docking and molecular dynamics simulation. *J Cell Biochem* 2019;120(10):17015-29. doi: 10.1002/jcb.28963.
30. Bhuyan R, Seal A. Exploration and validation of diphosphate-based Plasmodium LytB inhibitors using computational approaches. *Journal of Molecular Recognition* 2019;32(2):e2762. doi.org/10.1002/jmr.2762

Investigating Dynamic Properties of Residues of Warfarin-Azapropazone Binding Site in Human Serum Albumin

Saeinia Amir Hossein¹, Taghizadeh Mohammad^{2*}, Alavi Seyed Mehdi³

• Received: 14 Apr, 2019

• Accepted: 17 Jun, 2019

Introduction: Human Serum Albumin is one of the most important proteins in blood that can bind a wide range of components and different drugs such as Warfarin. Therefore, studying human serum albumin is very significant in pharmacology. In this research, dynamic behavior of residues of Warfarin binding site of human serum albumin was investigated.

Method: First, three-dimensional format of human serum albumin (PDB ID: 4G04) was downloaded from RCSB. Then, using GROMACS package, molecular dynamics simulation has been done on chain A of crystallography structure during 30ns.

Results: RMSD analysis on residues of binding site showed that Arginines 186 and 218 have wide fluctuations in their RMSD plot. Also, Lysines 185 and 190 have nearly wide fluctuations of RMSD; however, these fluctuations were less than Arginine's. Other residues such as Glycine 189 have few fluctuations. Fluctuations in RMSD have direct relationship with accessible surface area of the residues.

Conclusion: The results show that Warfarin binding site in human serum albumin can have various conformational situations because of the dynamics of its residues. This can be important in drug design. Overall, according to the results of this study, residues are divided into 3 categories. Among them, Tryptophan 214, that is one of the most important residues according to different studies, was placed in the category of residues with the least mobility.

Keywords: Human Serum Albumin, Molecular Dynamics simulation, Sudlow site I, Azapropazone, RMSD

• **Citation:** Saeinia AH, Taghizadeh M, Alavi SM. Investigating Dynamic Properties of Residues of Warfarin-Azapropazone Binding Site in Human Serum Albumin. Journal of Health and Biomedical Informatics 2019; 6(3): 255-63. [In Persian]

1. B.Sc. Student in Laboratory Science, Laboratory Science Dept., Faculty of Paramedical, Tehran Medical Science, Islamic Azad University, Tehran, Iran.

2. Ph.D. in Bioinformatics, Biotechnology Dept., Faculty of Advance Science and Technology, Tehran Medical Science, Islamic Azad University, Tehran, Iran

3. Ph.D. in Cellular and Molecular Biology, Associate Professor, Agricultural Biotechnology Dept., National Institute of Genetic Engineering and Biotechnology (NIGEB), Tehran, Iran

***Correspondence:** Biotechnology Dept., Faculty of Advance Science and Technology, Tehran Medical Science Islamic Azad University, Shariati Street, Tehran, Iran.

• **Tel:** 0982122237147

• **Email:** mtaghizadeh@ut.ac.ir