

ارزیابی بیوانفورماتیکی پلی مورفیسم‌های تک نوکلئوتیدی غیر مترادف (nsSNPs) بیماری‌زا در ناحیه کدکننده ژن پروتئین پریون انسانی (PRNP)

کوروش بامداد^{۱*}، فاطمه رحیمی قره میرشاملو^۲، سیروس نعیمی^۲

۱- گروه زیست‌شناسی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه پیام نور، ایران

۲- گروه ژنتیک دانشکده علوم پایه، واحد کازرون، دانشگاه آزاد اسلامی، کازرون، ایران

تاریخ پذیرش مقاله: ۱۳۹۵/۰۴/۲۶

تاریخ دریافت مقاله: ۱۳۹۵/۰۲/۰۵

چکیده

زمینه و هدف: پلی مورفیسم‌های تک نوکلئوتیدی عامل ایجاد تنوع ژنتیکی در جانداران می‌باشند و در این میان، پلی مورفیسم‌های تک نوکلئوتیدی غیر مترادف (nsSNPs) باعث تغییر در باقیمانده‌های اسیدآمینه می‌شوند. تحقیق اخیر با هدف بررسی احتمال ارتباط بین تمامی چندشکلی‌های گزارش شده از ژن پریون انسانی و بروز بیماری انجام شده است.

مواد و روش‌ها: در این مطالعه توالی اسیدآمینه ایزوفرما اصلی ژن پروتئین پریون انسانی از پایگاه داده UniProt استخراج و توسط سرورهای FoldAmyloid و AmylPred مورد بررسی قرار گرفت. همچنین تمامی پلی مورفیسم‌های تک نوکلئوتیدی غیر مترادف این پروتئین از پایگاه داده dbSNP استخراج و توسط سرورهای بیوانفورماتیکی SIFT، PolyPhen-2، PANTHER، I-Mutant-3.0، SNPs&GO، PHD-SNP، Meta-SNP و MutPred برای تعیین زیان‌بارترین SNP مورد ارزیابی قرار گرفت.

نتایج: بررسی توالی پروتئین توسط سرورهای FoldAmyloid و AmylPred، نواحی ۱۵-۵، ۱۷۸-۱۷۴، ۱۸۴-۱۸۰، ۲۱۷-۲۱۱ و ۲۵۲-۲۴۰ را به‌عنوان حساس‌ترین بخش‌های پروتئین در روند آمیلوئیدی شدن معرفی کردند. همچنین از غربالگری تمام nsSNPsهای ایزوفرما اصلی پروتئین توسط سرورهای استفاده شده، ۱۰۵ مورد جایگزینی والین به‌جای آسپارتیک اسید در جایگاه ۱۷۸ با شناسه‌ی rs11538766 را به‌عنوان زیان‌بارترین nsSNP در ساختار پروتئین پیش‌بینی کردند.

نتیجه‌گیری: بر اساس نتایج، جایگزینی والین به‌جای آسپارتیک اسید در موقعیت ۱۷۸ (D178V) به‌عنوان زیان‌بارترین جهش در ساختمان پروتئین پریون انسانی پیش‌بینی شد. همچنین مکانیسم مولکولی ارائه شده توسط سرور MutPred نیز دلالت بر افزایش ساختار بتا (Gain of sheet) در فرم فضایی پروتئین دارد که مسبب افزایش احتمال تولید و تجمع تشکیلات فیبریلی خواهد بود.

کلمات کلیدی: پلی مورفیسم‌های تک نوکلئوتیدی غیر مترادف، پروتئین پریون انسانی، جهش D178V

مقدمه

تشکیل شده است و دو ناحیه پپتیدهای سیگنالی که ۲ بخش اسیدآمینه ۲۳-۱ و ۲۵۳-۲۳۱ را دربر می‌گیرد. دومین گلوبولار پروتئین پریون که در انتهای کربوکسیلی این پروتئین قرار دارد دارای ۳ مارپیچ آلفا است که به ترتیب شامل توالی اسیدآمینه‌ای ۱۴۴-۱۵۴ (مارپیچ ۱)، ۱۷۳-۱۹۴ (مارپیچ ۲) و ۲۰۰-۲۲۸ (مارپیچ ۳) است و همچنین این ناحیه شامل ۲ ساختار بتای کوتاه موازی با جهت مخالف که شامل توالی اسیدآمینه‌ای ۱۳۱-۱۲۸ (ساختار بتا ۱) و ۱۶۴-۱۶۱ (ساختار بتا ۲) است. یک پل دی‌سولفیدی بین اسیدهای آمینه سیستئین ۱۷۹ و سیستئین ۲۱۴ قرار دارد که باعث اتصال مارپیچ آلفای ۲ و مارپیچ آلفای ۳

ژن پروتئین پریون انسانی (Human Prion Protein) بر روی بازوی کوتاه کروموزوم ۲۰، نوار ۱ و زیر نوار ۳ قرار دارد که PRNP نامیده می‌شود. پروتئین کد شونده توسط این ژن دارای ۲۵۳ اسیدآمینه در ساختمان اولیه خود است. ساختار پروتئین پریون انسانی از ۳ ناحیه تشکیل می‌شود. ناحیه انتهایی آمینی که از تکرارهای اکتاپپتیدی که به Cu^{++} متصل می‌شود تشکیل شده است و شامل اسیدآمینه ۱۲۴-۲۳ می‌شود و انتهای کربوکسیلی که به‌صورت دومین گلوبولار است و از اسیدآمینه‌های ۱۲۵-۲۳۱

*نویسنده مسئول: کوروش بامداد، گروه زیست‌شناسی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه پیام نور،
Email: k.bamdad@farspnu.ac.ir
ایران

غیرطبیعی در مقابل پروتئازها و رسوب و تجمع رشته‌های آمیلوئیدی در فضای بین سلولی، فرمان مرگ برنامه‌ریزی شده سلولی به وسیله سلول‌های عصبی داده می‌شود که این مرگ برنامه‌ریزی شده (آپتوزیس) باعث ایجاد حفراتی در مغز می‌گردد و در نتیجه باعث ایجاد بیماری پریونی می‌شود (۲۰-۲۳).

مطالعات ساختاری و شبیه‌سازی دینامیک مولکولی از دومین‌های کروی پروتئین پریون پستانداران، نقش بالقوه‌ی مارپیچ ۲ (Helix2) و مارپیچ ۳ (Helix3) را در تبدیل PrP^C به PrP^{SC} پیشنهاد کرده‌اند (۲۴، ۲۵). مطالعات بیوانفورماتیکی نشان می‌دهد که مارپیچ ۲ و ۳ به‌طور ذاتی گرایش بالایی به تولید صفحات بتا و توانایی در پذیرفتن ترکیب‌های ساختاری چندتایی دارد در صورتی‌که مارپیچ ۱ این‌گونه نیست (۲۶، ۲۷). شبیه‌سازی‌ها نشان داده‌اند که مارپیچ‌های H_2 و H_3 برای تبدیل PrP^C به PrP^{SC} حیاتی است و فولد نشدن انتهای کربوکسیلی از مارپیچ H_2 توانایی تشکیل فیبریل بتا جدید را القاء می‌کند (۲۸). این مطالعات محاسباتی نشان می‌دهد که مارپیچ H_2 و H_3 بخشی از هسته‌ی رشته آمیلوئیدی پریون هستند. در مقابل مارپیچ H_1 برای پریون عفونی ضروری نیست و ساختار مارپیچی آلفا یک در PrP^C در طیف گسترده‌ای از شرایط تجربی و اسرشته شدن حفظ می‌شود (۲۹).

به‌طور کلی SNP‌های غیر مترادف، عملکرد پروتئین را به‌صورت تغییر در اسیدهای آمینه‌ی جایگاه فعال و همچنین تغییر بر اسکلت و ساختمان آن تحت تأثیر قرار می‌دهند. پلی مورفسم‌های تک نوکلئوتیدی (SNPs) علت بیشتر تنوع ژنتیکی است که در این میان، پلی‌مورفسم‌های تک نوکلئوتیدی غیر مترادف (nsSNPs) باعث تغییر در باقی‌مانده اسیدآمینه‌ای می‌شوند (۳۰-۳۲).

ابزارهای بیوانفورماتیکی مانند سرور SIFT توانایی پیش‌بینی SNP‌های زیان‌آور را دارا می‌باشند. این سرورهای پیش‌بینی کننده به ما کمک می‌کنند تا بتوانیم SNP‌های کاندیدا از میان تعداد زیادی SNP‌های یک ژن درگیر در ایجاد بیماری را موردبررسی قرار دهیم (۳۳). معیار سنجش زیان‌بار بودن این SNP‌ها بر اساس حفظ شدن اسیدآمینه طی تکامل، نقش اسیدآمینه در تغییر ساختار و پایداری پروتئین و یا احتمال حضور آن در ساختارهای دوم پروتئین (مارپیچ آلفا و صفحات بتا)، میزان تغییر در انرژی آزاد گیبس در نتیجه جایگزینی اسیدهای آمینه، پیش‌بینی ارتباط nsSNP با مکانیسم‌های

می‌شود. دو ناحیه گلیکوزیله در اسیدهای آمینه اسپارژین ۱۸۱ و اسپاراژین ۱۹۷ وجود دارد که پس از سنتز پروتئین در دستگاه گلژی، فرایند گلیکوزیلاسیون روی آن‌ها صورت می‌گیرد و پس از اتمام فرایند گلیکوزیلاسیون پروتئین به سطح سلول فرستاده می‌شود تا از طریق انتهای کربوکسیلی خود و به‌واسطه‌ی لنگری از جنس گلیکوزیل فسفاتیدیل اینوزیتول به سطح خارجی غشای پلاسمایی سلول متصل شود (۱-۷).

فعالیت و نقش اصلی پروتئین پریونی هنوز به‌درستی روشن نشده است، لیکن بر اساس شواهد موجود چند نقش احتمالی از جمله تشکیل ساختار میلینی اطراف نورون‌ها، شرکت در ارتباطات بین سلولی و تنظیم چرخه شبانه‌روزی خواب‌بیداری را برای آن در نظر می‌گیرند و همچنین از آنجایی‌که این پروتئین‌ها واجد قسمت‌هایی با تمایل بالا برای یون فلزی مس هستند، آن‌ها را از جمله پروتئین‌های دخیل در متابولیسم مس نیز می‌دانند (۸-۱۱).

ایزوفرم طبیعی پروتئین پریونی PrP^C و ایزوفرم غیرطبیعی این پروتئین، (PrP^{SC}) (Scrapie Prion Protein) نام دارد. PrP^C واجد ۴۲ درصد مارپیچ آلفا و مقدار ناچیزی نزدیک به ۳ درصد صفحات بتا است. درحالی‌که شکل بیماری‌زا PrP^{SC} ، دارای مقادیر بالای صفحات بتا در حدود ۴۲ درصد و مارپیچ آلفای کمتری در حدود ۳۰ درصد است (۱۲، ۱۳). تغییرات ساختاری در پریون‌ها به‌ویژه آنکه در سطح سلول‌های عصبی رخ می‌دهند به‌راحتی سبب بیماری‌های تخریب‌کننده سیستم عصبی و یا اصطلاحاً neurodegenerative disease می‌گردد (۱۴). ماهیت بیماری‌های پریونی به سه شکل عفونی، ژنتیکی و پراکنده است که جهش نقش مهمی در حالت‌های ژنتیکی و پراکنده ایفا می‌کند. حدوداً ۹ گونه مختلف بیماری توسط PrP^{SC} به وجود می‌آید (۱۵-۱۷) که مهم‌ترین بیماری‌های ایجادشده توسط پریون پروتئین‌ها در انسان شامل کروتزفولد-جکوب (CJD)، بیماری خواب کشنده خانوادگی (FFI)، نشانگان گریستمن-اشتراسلر-شنکر (GSS) و بیماری کورو می‌باشند (۱۸، ۱۹).

بر اساس مطالعات صورت گرفته PrP^{SC} پس از برقراری تماس با PrP^C ، با مکانیسمی ناشناخته آن را به شکل‌های شبیه خود تبدیل می‌کند و با افزایش مقدار PrP^{SC} ، سرعت تکثیر نیز بیشتر می‌شود. با افزایش تعداد PrP^{SC} ‌ها، این پروتئین‌های غیرطبیعی تمایل خواهند داشت تا به هم متصل شده و رشته‌های آمیلوئیدی نامحلول ایجاد کنند. به دلیل مقاومت نسبی این پروتئین‌های

سرورهای پیش‌بینی کننده nsSNP های زیان‌آور

سرورهای پیش‌بینی کننده پلی‌مورفیسم‌های تک نوکلئوتیدی زیان‌آور مورد استفاده به شرح زیر است:

SIFT: سرور آنلاین (Sorting intolerant from tolerant) سروری است که پیش‌بینی‌های جایگزینی اسیدآمینه-ی اثرگذار بر عملکرد پروتئین را بر اساس همولوژی توالی و ویژگی‌های فیزیولوژیکی اسیدآمینه بازگو می‌کند. از آنجاکه تغییرات اسیدآمینه در ساختار پروتئین می‌تواند ویژگی‌های ساختاری، پایداری و عملکرد پروتئین را تحت تأثیر قرار دهد بنابراین احتمال آن وجود دارد که بر ویژگی‌های فیزیولوژیک پروتئین نیز تأثیرگذار باشد. سرور از طریق همولوژی توالی موردنظر با ژن‌های مرتبط و دومین‌ها از میان گونه‌ها، امکان تماس همه ۲۰ اسیدآمینه ممکن در یک جایگاه را بررسی می‌کند و این امکان را به کاربر می‌دهد که تشخیص دهد کدام nsSNP می‌تواند دارای اهمیت بیشتری باشد و در طی تکامل حفظ‌شده‌تر است. نتیجه به‌دست‌آمده توسط این سرور برای هر nsSNP به‌صورت یک شاخص عددی بین ۰-۱ است، زیان‌آور (intolerant) و در غیر این صورت غیر زیان‌بار (tolerant) پیش‌بینی می‌شود.

Polyphen-2: سرور Polyphen-2 ارزیابی nsSNP ها را بر اساس Position specific (اختصاصی جایگاه) بودن آن جایگاه اسیدآمینه انجام می‌دهد، به عبارت دیگر این سرور جایگزینی‌های اسیدآمینه‌ای را بر اساس عملکردی بودن آن ناحیه از پروتئین انجام می‌دهد، توالی‌هایی از پروتئین که در طول تکامل بین گونه‌های مختلف حفظ‌شده هستند نقش مهم‌تری در عملکرد پروتئین دارند ولی استثناءهایی هم در این باره وجود دارد، سرور Polyphen مکمل سرور SIFT در ارزیابی nsSNP های زیان‌آور به شمار می‌آید. خروجی حاصل از این سرور به‌صورت یک شاخص عددی-PSIC (Position-specific independent count) که دارای عددهای مختلف بین ۱ و ۰ است که هر چه به عدد ۱ نزدیک‌تر باشد مخرب‌تر است. میزان زیان‌بار بودن خروجی حاصل از این سرور با کلمه‌های Probably damaging و Possibly damaging و قابل تحمل با کلمه Benign نشان داده می‌شود.

I-Mutant-3.0: یک تکنیک با روش SVM (Support Vector Machines) است و اساس پیش‌بینی آن پایداری

مولکولی تولیدکننده تغییر در پروتئین و مواردی از این قبیل است. از جمله این دست مطالعات به‌عنوان نمونه می‌توان به موارد زیر اشاره نمود: تحقیقی که در سال ۲۰۱۳ صورت گرفت که در این تحقیق به بررسی حساسیت توالی پروتئین پرین انسان، گوسفند، موش، گاو و بز با استفاده از BLOSUM62 و PSSM (Position-specific scoring matrices) پرداخته‌شده است (۳۴) و یا بررسی توالی‌هایی از پروتئین که به سمت پرینی شدن می‌روند که نتایج شامل توالی‌های غنی از اسیدآمینه گلوتامین و آسپاراژین است (۳۵) و همچنین بررسی SNP های پروتئین پرین به‌وسیله ۳ سرور Auto-Mute، PANTHER و PolyPhen، که این تحقیق بر nsSNP های پاتوزن پروتئین پرین صورت گرفته و نتایج به‌دست‌آمده از شبیه‌سازی دینامیک مولکولی این SNP ها تأیید کننده دقت سرورها در بررسی SNP های زیان‌بار است (۳۶).

در مطالعه حاضر ارزیابی nsSNP های ژن PRNP توسط سرورهای بیوانفورماتیکی SIFT (۳۷)، Polyphen-2 (۳۸)، I-mutant-3.0 (۳۹)، Phd-snp (۴۰)، SNPs&GO (۴۱)، Panther (۴۲)، Meta-SNP و Mutpred (۴۳)، به‌منظور شناسایی زیان‌آورترین SNP های موجود در پروتئین پرین انسانی و از سرورهای Amylpred (۴۴) و FoldAmyloid (۴۵) برای شناسایی توالی‌های حساس به آمیلوئیدی شدن در این پروتئین استفاده شده است. ضمناً سطح معناداری شاخص‌های عددی استفاده شده برای هر سرور، در مقالات استناد داده‌شده برای هر یک از آن‌ها به‌صورت مبسوط مورد بررسی قرار گرفته است.

مواد و روش‌ها

پایگاه داده

پلی‌مورفیسم‌های تک نوکلئوتیدی غیر مترادف (nsSNP) گزارش‌شده برای پروتئین پرین انسانی (PRNP) توسط پایگاه داده (dbSNP) SNP (۴۶) (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/SNP>) و توالی اسیدآمینه این پروتئین به فرمت Fasta از پایگاه داده uniProt با رکورد (P04156) به دست آمد که از ۱۰۵ مورد nsSNP به‌دست‌آمده توسط dbSNP، به‌وسیله سرورهای بیوانفورماتیکی پیش‌بینی کننده SNP های زیان‌آور مورد ارزیابی قرار گرفت و SNP های مرتبط با بیماری‌های پرینی از پایگاه داده OMIM (۴۷) و uniProt مورد مطالعه قرار گرفت.

به‌صورت یک نمودار برای کل توالی پروتئین و شاخص‌های عددی مربوط به هر اسید آمینه موجود در پروتئین است.

نتایج

تمامی nsSNPsهای استخراج‌شده از پایگاه داده‌ی dbSNP، ۱۰۵ مورد را شامل می‌شوند (این تعداد مربوط به بازه زمانی انجام تحقیق است) که در ادامه به بررسی آن‌ها با سرورهای بیوانفورماتیکی اشاره خواهد شد. لازم به ذکر است که به دلیل حجم بالای شاخص‌های عددی مستخرج از سرورها، صرفاً نتایج مربوط به ارزیابی‌های نهایی در متن گزارش شده‌اند.

SNPهای زیان‌بار استخراج‌شده از سرور SIFT بر اساس نتایج به‌دست‌آمده از سرور SIFT برای تک‌تک کدون‌ها از ۱۰۵ nsSNP، ۶۰ مورد توسط سرور، زیان‌آور پیش‌بینی شده‌اند که دارای نمره شاخص تحمل کوچک‌تر مساوی ۰/۰۵ می‌باشند.

SNPهای زیان‌بار یافت شده توسط سرور PolyPhen-2 از ۱۰۵ nsSNP که توسط این سرور بررسی شد، ۶۴ مورد زیان‌بار شناسایی شدند که دارای نمره شاخص PSIC (Position-specific independent count) مابین ۱ و ۰ است. هر چه خروجی حاصل به عدد ۱ نزدیک‌تر باشد جایگزینی مخرب‌تر خواهد بود.

SNPهای زیان‌بار یافت شده توسط سرور I-Mutant-3.0 در این مرحله از سرور I-Mutant-3.0 برای بررسی nsSNPها استفاده شده است، بر اساس نتایج حاصل از خروجی این سرور برای ۱۰۵ nsSNP مورد مطالعه، ۷۳ nsSNP زیان‌آور شناسایی شده است. با توجه به نتایج به‌دست‌آمده از این سرور، یعنی SNPهایی که توسط هر ۳ سرور به‌طور مشترک زیان‌آور شناخته شوند استخراج می‌شود تا توسط ۵ سرور دیگر بررسی شود که ۳۵ nsSNP توسط این ۳ سرور به‌طور مشترک زیان‌بار شناخته شده است.

SNPهای زیان‌بار یافت شده توسط سرور SNPs&GO و PHD-SNP:

از بررسی ۳۵ SNP زیان‌بار استخراج‌شده توسط ۳ سرور قبلی که توسط ۲ سرور SNPs&GO و PHD-SNP به‌طور مشترک بررسی شده است ۱۵ SNP، استخراج شدند که زیان‌بارتر از سایرین می‌باشند و شامل: E200K, P105Q, D178N, D178V, R208H, G131V, Q217R, F198S.

پروتئین است. فایل خروجی میزان تغییرات انرژی آزاد گیبس ($\Delta\Delta G = \Delta G$) را نشان می‌دهد. فایل خروجی به‌صورت $0.5 \leq \Delta\Delta G$ (طبیعی و $-0.5 < \Delta\Delta G$ و $\Delta\Delta G > 0.5$) زیان‌آور (پیش‌بینی می‌شود (که زیان‌آور بودن SNPها با کلمه Decrease و غیر زیان‌آور بودن SNPها با کلمه Increase نشان داده می‌شود).

PHD-SNP، SNP&GO و Meta-SNP: سرور PHD-SNP بر اساس روش SVM به دسته‌بندی اثر پلی مورفسم‌های تک نوکلئوتیدی می‌پردازد. برای پیش‌بینی احتمال مشارکت nsSNP ایجادشده در پروتئین در ایجاد بیماری، از این سرور استفاده می‌شود برای هر nsSNP ارتباط آن با بیماری با کلمه DISEASE و غیر مرتبط بودن SNP با بیماری با کلمه NEUTRAL نشان داده می‌شود.

PANTHER (protein analysis through evolutionary relationships likelihood) سرور PANTHER، SNPهایی را که می‌تواند سبب اثرگذاری بر عملکرد پروتئین شود را پیش‌بینی می‌کند. این سرور بر اساس هم‌ردیفی تکاملی در پروتئین‌های مرتبط از طریق جایگزینی جایگاه‌های خاص تکاملی حفاظت‌شده SubPSEC (substitution position specific evolutionary conservation) این پیش‌بینی را انجام می‌دهد، زمانی که مقدار SubPSEC به صفر نزدیک‌تر باشد جایگزینی بدون تأثیر است و هرچه میزان آن منفی‌تر باشد زیان‌آور خواهد بود ($P < -3$ زیان‌آور و $P > -3$ غیر زیان‌آور).

MutPred: برای پیش‌بینی احتمال مشارکت nsSNP ایجادشده در پروتئین در ایجاد بیماری از این سرور استفاده می‌شود با این قابلیت که این سرور توانایی پیش‌بینی ۱۴ مکانیسم مولکولی ایجاد تغییر در پروتئین توسط nsSNPها را دارا است (به‌عنوان مثال افزایش یا کاهش تمایل رشته پلی پپتیدی به مارپیچ آلفا، پس از جانشینی اسید آمینه و یا کم یا زیاد شدن مکان‌های فسفریلاسیون در رشته، پس از ایجاد تغییر اسید آمینه و مکانیسم‌های دیگر است) که با ارزیابی نمرات g و p خروجی توسط این سرور nsSNPهای زیان‌آور انتخاب می‌شوند.

سرورهای پیش‌بینی کننده توالی‌های حساس به توده‌ای شدن پروتئین و آمیلوئیدی شدن

FoldAmyloid و Amylpred: این ۲ سرور توالی‌های حساس به آمیلوئیدی شدن را در پروتئین بر اساس الگوی آمیلوئیدی شدن شناسایی می‌کنند که خروجی حاصل از این سرورها

به دلیل اهمیت نقش پلی مورفیسم‌های تک نوکلئوتیدی غیر مترادف (nsSNPs) در این تحقیق علمی به بررسی nsSNPهای پروتئین پریون انسانی (PRNP) با سرورهای بیوانفورماتیکی مختلف با قابلیت‌های مختلف برای تعیین زیان‌بارترین nsSNPهای پروتئین پریون انسانی (PRNP) پرداخته شده است. لازم به ذکر است که اگرچه ممکن است تقدم و تأخر استفاده از سرورها در نتایج نهایی تغییر ایجاد کند اما با توجه به عملکرد و دقت سرورها سعی شده است بهترین ترکیب انتخاب شود. از بررسی کل nsSNPها (۱۰۵ مورد) توسط ۳ سرور SIFT،

والین به‌جای آسپارتیک اسید در جایگاه ۱۷۸ با شناسه rs11538766 و همچنین مکانیسم مولکولی پیش‌گویی شده توسط سرور MutPred برای این nsSNP به‌صورت افزایش ایجاد صفحات بتا (Gain of sheet) به‌عنوان زیان‌آورترین nsSNP در ساختار پروتئین PRNP پیش‌بینی شد و از بررسی کل توالی اسیدآمینه‌ای پروتئین پریون انسانی به‌وسیله سرورهای FoldAmyloid و AmylPerd، توالی‌های اسیدآمینه‌ای ۵-۱۵، ۱۷۴-۱۷۸، ۱۸۰-۱۸۴، ۲۱۱-۲۱۷ و ۲۵۲-۲۴۰ به‌طور مشترک توسط هر ۲ سرور به‌عنوان حساس‌ترین توالی‌های اسیدآمینه‌ای در ایجاد آمیلوئیدی شدن در ساختار این پروتئین پیش‌بینی گردید.

تشکر و قدردانی

نویسندگان بر خود لازم می‌دانند از دانشگاه پیام نور استهبان و سایر عزیزانی که در به انجام رسیدن تحقیق اخیر، ما را حمایت و راهنمایی کردند تشکر و قدردانی نمایند.

تعارض منافع

نویسندگان هیچ گونه تعارض منافع را اعلام نکرده‌اند.

۱ مطرح است. از آنجاکه این پلی‌مورفیسم تک نوکلئوتیدی غیر مترادف، ایزوفرم پلی‌مورفیسم تک نوکلئوتیدی غیر مترادف D178N که یک پلی‌مورفیسم پاتوزن در ناحیه مارپیچ آلفای ۲ در ساختار پروتئین است، ناحیه‌ای حساس از پروتئین برای شروع ناپایداری‌های ساختاری است و با توجه به این که در مورد این جایگزینی، یک اسیدآمینه آب‌دوست (D) به یک اسیدآمینه آب‌گریز (V) تبدیل می‌شود و همچنین با عنایت به اینکه نتایج اخیر با مطالعات آزمایشگاهی نیز همخوانی دارد (۵۹-۵۶، ۳۶) بنابراین می‌توان چنین ادعا کرد که پلی‌مورفیسم تک نوکلئوتیدی غیر مترادف D178V با کد شناسه rs11538766 می‌تواند کاندیدای مناسبی برای انجام تحقیقات آزمایشگاهی به‌منظور تخمین میزان زیان‌بار بودن جهش موردبررسی باشد.

نتیجه‌گیری

با بررسی ۱۰۵ مورد nsSNP به‌دست‌آمده از پایگاه داده SNP برای پروتئین پریون انسانی با ۸ سرور بیوانفورماتیکی SIFT، PolyPhen-2، PANTHER، I-Mutant-3.0، SNPs&GO، PHD-SNP و Meta-SNP جایگزینی اسیدآمینه‌ی

References

1. Puckett C, Concannon P, Casey C, Hood L. Genomic structure of the human prion protein gene. *Am J Hum Genet.* 1991;49(2):320-329.
2. Viles JH, Cohen FE, Prusiner SB, Goodin DB, Wright PE, Dyson HJ. Copper binding to the prion protein: structural implications of four identical cooperative binding sites. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 1999;96(5):2042-7.
3. Zahn R, Liu A, Lühns T, Riek R, Von Schroetter C, García FL, et al. NMR solution structure of the human prion protein. *Proc Natl Acad Sci USA.* 2000;97(1):145-50.
4. DeMarco ML, Silveira J, Caughey B, Daggett V. Structural properties of prion protein protofibrils and

- fibrils: an experimental assessment of atomic models. *Biochem.* 2006;45(51):15573-82.
5. Govaerts C, Wille H, Prusiner SB, Cohen FE. Evidence for assembly of prions with left-handed β -helices into trimers. *Proc Natl Acad Sci USA.* 2004;101(22):8342-7.
6. Cobb NJ, Sönnichsen FD, Mchaurab H, Surewicz WK. Molecular architecture of human prion protein amyloid: A parallel, in-register β -structure. *Proc Natl Acad Sci USA.* 2007;104(48):18946-51.
7. Gossert AD, Bonjour S, Lysek DA, Fiorito F, Wüthrich K. Prion protein NMR structures of elk and of mouse/elk hybrids. *Proc Natl Acad Sci USA.* 2005;102(3):646-50.
8. Perez-Pineiro R, Bjorndahl TC, Berjanskii MV, Hau D, Li L, Huang A, et al. The prion protein binds thiamine. *FEBS J.* 2011;278(21):4002-14.



9. Mariante RM, Nóbrega A, Martins RA, Areal RB, Bellio M, Linden R. Neuroimmunoendocrine regulation of the prion protein in neutrophils. *J Biol Chem.* 2012;287(42):35506-15.
10. Kovacs GG, Budka H. Molecular pathology of human prion diseases. *Int J Mol Sci.* 2009;10(3):976-99.
11. Herms J, Tings T, Gall S, Madlung A, Giese A, Siebert H, et al. Evidence of presynaptic location and function of the prion protein. *J Neurosci.* 1999;19(20):8866-75.
12. Sekijima M, Motono C, Yamasaki S, Kaneko K, Akiyama Y. Molecular dynamics simulation of dimeric and monomeric forms of human prion protein: insight into dynamics and properties. *Biophys J.* 2003;85(2):1176-85.
13. Alonso DO, DeArmond SJ, Cohen FE, Daggett V. Mapping the early steps in the pH-induced conformational conversion of the prion protein. *Proc Natl Acad Sci USA.* 2001;98(6):2985-9.
14. DeArmond SJ. Discovering the mechanisms of neurodegeneration in prion diseases. *Neurochem Res.* 2004;29(11):1979-98.
15. Linden R, Martins VR, Prado MA, Cammarota M, Izquierdo I, Brentani RR. Physiology of the prion protein. *Physiol Rev.* 2008;88(2):673-728.
16. Imran M, Mahmood S. An overview of human prion diseases. *Virol J.* 2011;8(1):1-9.
17. Pan KM, Baldwin M, Nguyen J, Gasset M, Serban A, Groth D, et al. Conversion of alpha-helices into beta-sheets features in the formation of the scrapie prion proteins. *Proc Natl Acad Sci USA.* 1993;90(23):10962-6.
18. Dearmond SJ, Prusiner SB. Etiology and pathogenesis of prion diseases. *Am J Pathol.* 1995;146(4):785-811.
19. Wadsworth JD, Hill AF, Beck JA, Collinge J. Molecular and clinical classification of human prion disease. *Br Med Bull.* 2003;66(1):241-54.
20. Demarco ML, Daggett V. Characterization of cell-surface prion protein relative to its recombinant analogue: insights from molecular dynamics simulations of diglycosylated, membrane-bound human prion protein. *J Neurochem.* 2009;109(1):60-73.
21. Villa A, Mark AE, Saracino GA, Cosentino U, Pitea D, Moro G, et al. Conformational polymorphism of the PrP106-126 peptide in different environments: a molecular dynamics study. *J Phys Chem B.* 2006;110(3):1423-8.
22. Glatzel M, Stoeck K, Seeger H, Lührs T, Aguzzi A. Human prion diseases: molecular and clinical aspects. *Arch Neurol.* 2005;62(4):545-52.
23. Moore RA, Taubner LM, Priola SA. Prion protein misfolding and disease. *Curr Opin Struct Biol.* 2009;19(1):14-22.
24. Dima RI, Thirumalai D. Exploring the propensities of helices in PrP C to form β sheet using NMR structures and sequence alignments. *Biophys J.* 2002;83(3):1268-80.
25. Dima RI, Thirumalai D. Probing the instabilities in the dynamics of helical fragments from mouse PrPC. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 2004;101(43):15335-40.
26. Gendoo D, Harrison PM. Discordant and chameleon sequences: their distribution and implications for amyloidogenicity. *Protein Sci.* 2011;20(3):567-79.
27. Kuznetsov IB, Rackovsky S. Comparative computational analysis of prion proteins reveals two fragments with unusual structural properties and a pattern of increase in hydrophobicity associated with disease-promoting mutations. *Protein Sci.* 2004;13(12):3230-44.
28. Khorvash M, Lamour G, Gsponer Jr. Long-time scale fluctuations of human prion protein determined by restrained MD simulations. *Biochem.* 2011;50(47):10192-4.
29. Ziegler J, Sticht H, Marx UC, Müller W, Rösch P, Schwarzingen S. CD and NMR Studies of Prion Protein (PrP) Helix 1 NOVEL IMPLICATIONS FOR ITS ROLE IN THE PrPC $\rightarrow$ PrPSc CONVERSION PROCESS. *J Biol Chem.* 2003;278(50):50175-81.
30. Collins FS, Brooks LD, Chakravarti A. A DNA polymorphism discovery resource for research on human genetic variation. *Genome Res.* 1998;8(12):1229-31.
31. Lander ES. The new genomics: global views of biology. *Sci.* 1996;274(5287):536-9.
32. Studer RA, Dessailly BH, Orengo CA. Residue mutations and their impact on protein structure and function: detecting beneficial and pathogenic changes. *Biochemical Journal.* 2013;449(3):581-94.
33. Ng PC, Henikoff S. SIFT: Predicting amino acid changes that affect protein function. *Nucleic Acids Res.* 2003;31(13):3812-4.
34. Lee JH, Bae SE, Jung S, Ahn I, Son HS. Discriminant analysis of prion sequences for prediction of susceptibility. *Exp Mol Med.* 2013;45(10):e48.
35. Sabate R, Rousseau F, Schymkowitz J, Ventura S. What makes a protein sequence a prion? *PLoS Comput Biol.* 2015;11(1):e1004013.
36. Jahandideh S, Zhi D. Systematic investigation of predicted effect of nonsynonymous SNPs in human prion protein gene: a molecular modeling and molecular dynamics study. *J Biomol Struct Dyn.* 2014;32(2):289-300.
37. Kumar P, Henikoff S, Ng PC. Predicting the effects of coding non-synonymous variants on protein function using the SIFT algorithm. *Nat Protoc.* 2009;4(7):1073-81.
38. Adzhubei IA, Schmidt S, Peshkin L, Ramensky VE, Gerasimova A, Bork P, et al. A method and server for predicting damaging missense mutations. *Nat Methods.* 2010;7(4):248-9.
39. Capriotti E, Fariselli P, Rossi I, Casadio R. A three-state prediction of single point mutations on protein stability changes. *BMC bioinformatics.* 2008;9(2):1.
40. Capriotti E, Calabrese R, Casadio R. Predicting the insurgence of human genetic diseases associated to single point protein mutations with support vector machines and evolutionary information. *Bioinformatics.* 2006;22(22):2729-34.

41. Calabrese R, Capriotti E, Fariselli P, Martelli PL, Casadio R. Functional annotations improve the predictive score of human disease-related mutations in proteins. *Hum Mutat.* 2009;30(8):1237-44.
42. Thomas PD, Campbell MJ, Kejariwal A, Mi H, Karlak B, Daverman R, et al. PANTHER: a library of protein families and subfamilies indexed by function. *Genome Res.* 2003;13(9):2129-41.
43. Li B, Krishnan VG, Mort ME, Xin F, Kamati KK, Cooper DN, et al. Automated inference of molecular mechanisms of disease from amino acid substitutions. *Bioinformatics.* 2009;25(21):2744-50.
44. Frousios KK, Iconomidou VA, Karletidi CM, Hamodrakas SJ. Amyloidogenic determinants are usually not buried. *BMC Struct Biol.* 2009;9(1):44.
45. Garbuzynskiy SO, Lobanov MY, Galzitskaya OV. FoldAmyloid: a method of prediction of amyloidogenic regions from protein sequence. *Bioinformatics.* 2010;26(3):326-32.
46. Sherry ST, Ward MH, Kholodov M, Baker J, Phan L, Smigielski EM, et al. dbSNP: the NCBI database of genetic variation. *Nucleic Acids Res.* 2001;29(1):308-11.
47. Amberger J, Bocchini CA, Scott AF, Hamosh A. McKusick's online Mendelian inheritance in man (OMIM®). *NucleicAcidsRes.* 2009;37(suppl 1):D793-D6.
48. Goldfarb L, Mitrová E, Brown P, Toh BH, Gajdusek DC. Mutation in codon 200 of scrapie amyloid protein gene in two clusters of Creutzfeldt-Jakob disease in Slovakia. *Lancet.* 1990;336(8713):514-5.
49. Rodríguez-Martínez AB, Barreau C, Couprie I, Yagüe J, Sánchez-Valle R, Galdós-Alcelay L, et al. Ancestral origins of the prion protein gene D178N mutation in the Basque Country. *Hum Genet.* 2005;117(1):61-9.
50. Marcon G, Indaco A, Di Fede G, Suardi S, Finato N, Moretti V, et al. Panencephalopathic Creutzfeldt-Jakob Disease with Distinct Pattern of Prion Protein Deposition in a Patient with D178N Mutation and Homozygosity for Valine at Codon 129 of the Prion Protein Gene. *Brain Pathol.* 2014;24(2):148-51.
51. Piccardo P, Dlouhy SR, Lievens PM, Young K, Phil D, Bird TD, et al. Phenotypic variability of Gerstmann-Sträussler-Scheinker disease is associated with prion protein heterogeneity. *J Neuropathol Exp Neurol.* 1998;57(10):979-88.
52. Vanik DL, Surewicz WK. Disease-associated F198S mutation increases the propensity of the recombinant prion protein for conformational conversion to scrapie-like form. *J Biol Chem.* 2002;277(50):49065-70.
53. Capellari S, Cardone F, Notari S, Schininà M, Maras B, Sità D, et al. Creutzfeldt-Jakob disease associated with the R208H mutation in the prion protein gene. *Neurol.* 2005;64(5):905-7.
54. Jansen C, Parchi P, Capellari S, Strammiello R, Dopfer EG, van Swieten JC, et al. A second case of Gerstmann-Sträussler-Scheinker disease linked to the G131V mutation in the prion protein gene in a Dutch patient. *J Neuropathol Exp Neurol.* 2011;70(8):698-702.
55. Krebs B, Lederer RM, Windl O, GrasbonFrodl EM, Zerr I, Kretschmar HA. Creutzfeldt-Jakob disease associated with an R148H mutation of the prion protein gene. *Neurogenet.* 2005;6(2):97-100.
56. Chikan NA, Bukhari S, Shabir N, Amin A, Shafi S, Qadri RA, et al. Atomic Insight into the Altered O 6-Methylguanine-DNA Methyltransferase Protein Architecture in Gastric Cancer. *PloS one.* 2015 May 26;10(5):e0127741.
57. Kumar A, Purohit R. Use of long term molecular dynamics simulation in predicting cancer associated SNPs. *PLoS Comput Biol.* 2014;10(4):e1003318.
58. Kumar CV, Kumar K, Swetha R, Ramaiah S, Anbarasu A. Protein aggregation due to nsSNP resulting in P56S VABPprotein is associated with amyotrophic lateral sclerosis. *J Theor Biol.* 2014;354:72-80.
59. Doss CGP, Rajith B, Rajasekaran R, Srajan J, Nagasundaram N, Debajyoti C. In silico analysis of prion protein mutants: a comparative study by molecular dynamics approach. *Cell Biochem Biophys.* 2013;67(3):1307-18.



Original Article

Bioinformatic Analysis of Deleterious Non-Synonymous Single Nucleotide Polymorphisms (nsSNPs) in the Coding Regions of Human Prion Protein Gene (PRNP)**Bamdad K^{1*}, Rahimi Gharemirshamlu F², Naeimi S²**

1- Department of Biology, Faculty of Science, Payame Noor University (PNU), Iran

2- Department of Genetic, Colleague of Science, Kazerun Branch, Islamic Azad University, Kazerun, Iran

Received: 24 Apr 2016

Accepted: 16 Jul 2016

Abstract

Background & Objective: Single nucleotide polymorphisms are the cause of genetic variation to living organisms. Single nucleotide polymorphisms alter residues in the protein sequence. In this investigation, the relationship between prion protein gene polymorphisms and its relevance to pathogenicity was studied.

Material & Method: Amino acid sequence of the main isoform from the human prion protein gene (PRNP) was extracted from UniProt database and evaluated by FoldAmyloid and AmylPred servers. All non-synonymous single nucleotide polymorphisms (nsSNPs) from SNP database (dbSNP) were further analyzed by bioinformatics servers including SIFT, PolyPhen-2, I-Mutant-3.0, PANTHER, SNPs & GO, PHD-SNP, Meta-SNP, and MutPred to determine the most damaging nsSNPs.

Results: The results of the first structure analyses by FoldAmyloid and AmylPred servers implied that regions including 5-15, 174-178, 180-184, 211-217, and 240-252 were the most sensitive parts of the protein sequence to amyloidosis. Screening all nsSNPs of the main protein isoform using bioinformatic servers revealed that substitution of Aspartic acid with Valine at position 178 (ID code: rs11538766) was the most deleterious nsSNP in the protein structure.

Conclusion: Substitution of the Aspartic acid with Valine at position 178 (D178V) was the most pathogenic mutation in the human prion protein gene. Analyses from the MutPred server also showed that beta-sheets' increment in the secondary structure was the main reason behind the molecular mechanism of the prion protein aggregation.

Keywords: Non-Synonymous Single Nucleotide Polymorphism, Human Prion Protein, D178V

*Corresponding author: Kourosh Bamdad, Department of Biology, Faculty of Science, Payame Noor University (PNU), Iran
Email: k.bamdad@farspnu.ac.ir