

مقاله پژوهشی

مطالعات داکینگ بر روی گروهی از مشتقات سالیسیل آلدهید به منظور دستیابی به ترکیبات ضد ملانوزن

شیمای غفاری^۱، عزیزه اسدزاده^{۱*}، حوریا سیدحسینی قهه^۲، فاطمه شعله ور^۳

۱- گروه زیست‌شناسی، دانشکده علوم پایه، موسسه آموزش عالی نور دانش، میمه، اصفهان، ایران

۲- دانشگاه آزاد اسلامی، واحد علوم و تحقیقات، باشگاه پژوهشگران جوان و نخبگان، تهران، ایران

۳- دانشگاه آزاد اسلامی، واحد زرقان، باشگاه پژوهشگران جوان و نخبگان، زرقان، ایران

تاریخ پذیرش مقاله: ۱۳۹۶/۰۴/۲۷

تاریخ دریافت مقاله: ۱۳۹۶/۰۱/۱۶

چکیده

زمینه و هدف: تولید غیرعادی رنگ‌دانه ملانین که سبب ایجاد ملاسما، کک‌ومک، لکه‌های پوستی، لکه‌های سن می‌شود، از مسائل زیبایی می‌باشند. پلی فنول اکسیداز یک آنزیم دارای مس است که در سنتز و تجمع غیرعادی ملانین نقش دارد. هدف از این مطالعه بررسی تعدادی از مشتقات سالیسیل آلدهید به عنوان مهارکننده‌های آنزیم پلی فنول اکسیداز است.

مواد و روش‌ها: در این پژوهش ۳۵ مهارکننده از مشتقات سالیسیل آلدهید مورد مطالعه داکینگ مولکولی قرار گرفت. برای بررسی نحوه اتصال ترکیبات به جایگاه فعال آنزیم پلی فنول اکسیداز، از نرم‌افزار AutoDock 4.2 استفاده شد و در مرحله نهایی، نتایج با استفاده از سه برنامه DS Visualizer، AutoDockTools، و Ligplot مورد آنالیز قرار گرفت.

نتایج: در میان تمام ترکیبات مورد مطالعه، بهترین نتایج داکینگ مربوط به ترکیب 4-isopropylsalicylaldehyde است. در حقیقت این ترکیب با منفی‌ترین سطح انرژی اتصال (-4.01 Kcal/mol) تمایل بیشتری برای اتصال به آمینواسیدهای کلیدی جایگاه فعال پلی فنول اکسیداز دارد. محل برهم‌کنش این ترکیب مشابه مولکول کوکریستال (تروپولن) است. در این ترکیب، اکسیژن گروه کربونیل، با یون مس جایگاه فعال، پیوند فلزی مؤثری برقرار می‌کند. **نتیجه‌گیری:** حضور بخش غیر قطبی در ترکیبات مشتق سالیسیل آلدهید سبب افزایش خلصت مهارتی ترکیب می‌شود.

کلمات کلیدی: مطالعات مولکولی، مشتقات سالیسیل آلدهید، پلی فنول اکسیداز، ضد ملانوزن

مقدمه

رنگ‌دانه‌ها از ویژگی‌های بارز فنوتیپی می‌باشند. از میان رنگ‌دانه‌ها، ملانین در محدوده وسیع از موجودات زنده وجود دارد و نقش‌های متفاوتی را ایفا می‌کند. ملانین یک بیوپلیمر هتروژن با ساختار پیچیده بوده که رنگ آن از زرد تا سیاه متغیر است. عملکرد اصلی آنزیم پلی فنول اکسیداز (PPO) در ارتباط با سنتز ملانین است. این آنزیم یک کلیدی در مسیر بیوسنتز ملانین است و مرحله محدودکننده سرعت در تشکیل ملانین را کاتالیز می‌کند (۱). پلی فنول اکسیداز یک متالوآنزیم است که در جایگاه فعال خود دارای دو یون مس است. این آنزیم با شماره آنزیمی EC: 1,14,18,1 جزء گروه اکسیدوردوکتازها است (۲). نام‌های دیگر این آنزیم تیروزیناز، تیروزین L- دوپا، اکسیژن اکسیدوردوکتاز، کاتکولاز و دی فنول اکسیداز است (۳). Ismaya و همکاران برای اولین بار در سال ۲۰۱۱ ساختار کریستالوگرافی پلی فنول اکسیداز *Agaricus bisporus* را به دست آوردند. در ساختار کریستالی، این آنزیم به صورت اکتامر H2L2 به هم متصل است؛ بنابراین دارای ۸ زنجیر بوده که در سایت PDB نام این زنجیرها A, B, C, D, E, F, G, H است. زنجیر A تا D جزء سابیونیت H بوده و محصول ژن pp03

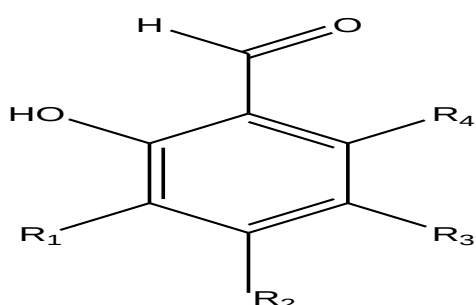
رنگ‌دانه‌ها از ویژگی‌های بارز فنوتیپی می‌باشند. از میان رنگ‌دانه‌ها، ملانین در محدوده وسیع از موجودات زنده وجود دارد و نقش‌های متفاوتی را ایفا می‌کند. ملانین یک بیوپلیمر هتروژن با ساختار پیچیده بوده که رنگ آن از زرد تا سیاه متغیر است. عملکرد اصلی آنزیم پلی فنول اکسیداز (PPO) در ارتباط با سنتز ملانین است. این آنزیم یک کلیدی در مسیر بیوسنتز ملانین است و مرحله محدودکننده سرعت در تشکیل ملانین را کاتالیز می‌کند (۱). پلی فنول اکسیداز یک متالوآنزیم است که در جایگاه فعال خود دارای دو یون مس است. این آنزیم با شماره آنزیمی EC: 1,14,18,1 جزء گروه اکسیدوردوکتازها است (۲). نام‌های دیگر این آنزیم تیروزیناز، تیروزین L- دوپا، اکسیژن اکسیدوردوکتاز، کاتکولاز و دی فنول اکسیداز است (۳). Ismaya و همکاران برای اولین بار در سال ۲۰۱۱ ساختار کریستالوگرافی پلی فنول اکسیداز *Agaricus bisporus* را به دست آوردند. در ساختار کریستالی، این آنزیم به صورت اکتامر H2L2 به هم متصل است؛ بنابراین دارای ۸ زنجیر بوده که در سایت PDB نام این زنجیرها A, B, C, D, E, F, G, H است. زنجیر A تا D جزء سابیونیت H بوده و محصول ژن pp03

*نویسنده مسئول: عزیزه اسدزاده، گروه زیست‌شناسی، دانشکده علوم پایه، موسسه آموزش عالی نور دانش، میمه، اصفهان، ایران
Email: az.asadzadeh@yahoo.com

ایزوپروپیل بنزالدهید یک مهارکننده قوی پلی فنول اکسیداز شناخته شد که از گیاهان دارویی آفریقا استخراج شد. این ترکیب که از یک نوع قارچ استخراج شده تا حدی مانع از اکسیداسیون L-DOPA می‌شود (۱۲). در سال‌های اخیر تمرکز اصلی تحقیقات روی فعالیت تنظیمی آنزیم پلی فنول اکسیداز در صنعت پزشکی، کشاورزی و لوازم آرایشی و بهداشتی بوده است. نرم‌افزارهای محاسباتی یک روش جدید است که پیدایش و عمومیت آن با پیشرفت قدرت محاسبات در طی چندین دهه اخیر همراه بوده است. به‌طوری‌که همراه با دیگر روش‌ها برای درک واکنش‌ها و فرایندهای بیوشیمیایی استفاده می‌شود. روش‌های محاسباتی برای بیان و پیشگویی نحوه اتصال لیگاند به گیرنده، ارزیابی اختلاف انرژی بین حالت‌های مختلف و توضیح مسیرها و مکانیسم‌های واکنش در سطح اتمی است. در این طرح، باهدف بررسی و شناسایی دقیق مکانیسم اتصال ۳۵ ترکیب با اسکلت ساختاری سالیسیل آلدهید به سایت فعال آنزیم پلی فنول اکسیداز، روش مولکولار داکینگ اجرا و نتایج به‌دست‌آمده از آن مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت (۱۳، ۱۴).

مواد و روش‌ها

در این تحقیق از نرم‌افزار اتوداک (AutoDock 4.2) برای انجام داکینگ مولکولی استفاده شد. بدین منظور نرم‌افزار اتوداک در کامپیوتر ۵ هسته‌ای که تحت سیستم‌عامل لینوکس بود، نصب شد. در این تحقیق ۳۵ ترکیب از مشتقات سالیسیل آلدهید مورد بررسی قرار گرفت. مشتقات سالیسیل آلدهید از سایت <https://pubchem.ncbi.nlm.nih.gov> به دست آمد. ساختار



شکل ۱- ساختار کلی ترکیبات مورد مطالعه

کلی در شکل ۱ و جزئیات ساختاری ترکیبات مورد مطالعه در جدول ۱ آورده شده است. با توجه به این‌که ساختار کریستالی آنزیم پلی فنول اکسیداز انسانی گزارش نشده است و تشابه زیادی بین آنزیم پلی فنول اکسیداز قارچی *Agaricus bisporus* و نوع

می‌باشند. این زنجیرها دارای تاخوردگی و عملکرد مشابه پلی فنول اکسیداز هستند و ۳۹۱ آمینواسید دارند. هرکدام از این زنجیرها به دو یون مس و یک مولکول تروپولن (مهارکننده آنزیم پلی فنول اکسیداز) متصل شده‌اند؛ بنابراین ساختار کریستالی آنزیم دارای ۸ یون مس و ۴ مولکول مهارکننده است. زنجیرهای E تا H جزء سایبونیست L بوده و محصول ژن orf239342 می‌باشند. این زنجیرها دارای تاخوردگی Lectin-like با عملکرد نامشخص هستند و هرکدام ۱۵۰ آمینواسید دارند. لازم به ذکر است زیرواحدهای آنزیم توسط یون‌های هالمیوم به هم متصل شده‌اند (۴). این آنزیم با اضافه کردن گروه هیدروکسیل به حلقه آروماتیک فعالیت منواکسیژنازی دارد و سپس با اکسیداسیون مجدد محصول واکنش فعالیت دی فنولازی انجام می‌دهد (۵)، (۶). اختلالات پوستی مختلف از جمله ملاسما، لکه‌های پوستی از تجمع بیش از حد ملانین در سلول‌های اپیدرمی پوست به وجود می‌آیند. علاوه بر این واکنش‌های نامطلوب قهوه‌ای شدن میوه‌ها و سبزی‌ها توسط این آنزیم انجام می‌شود که باعث کاهش کیفیت مواد غذایی می‌شود. آنزیم پلی فنول اکسیداز در سنتز کیتین در حشرات نقش مهمی دارد؛ بنابراین مهار این آنزیم در کنترل جمعیت حشرات و ساخت بعضی از آفت‌کش‌ها تأثیر بسزایی دارد (۷). در حال حاضر ناکافی بودن روش‌های معمول برای جلوگیری از فعالیت پلی فنول اکسیداز ما را تشویق به پیدا کردن ترکیبات جدید برای مهار این آنزیم می‌کند (۸) در این تحقیق داکینگ مولکولی تعدادی از مشتقات سالیسیل آلدهید به‌عنوان مهارکننده آنزیم پلی فنول اکسیداز بررسی شده است. سالیسیل آلدهید یک ترکیب آلی با فرمول عمومی $C_6H_4CHO-2-OH$ است. این ترکیب شامل یک حلقه فنولی با گروه عاملی آلدهیدی است. این ترکیب در درختچه گیاه اسپیریا پیدا شده است. ترکیب سالیسیل آلدهید بانام دیگر ۲-هیدروکسی بنزالدهید اثرمهار کنندگی خوبی روی این آنزیم نشان داده (۹-۱۱) و ما امید داریم که مشتقات این ترکیب هم بتوانند همین اثر را باکیفیت بالا القا کنند تا در جهت پیشرفتی در صنایع مختلف باشد. در بررسی‌های گذشته تحقیقاتی روی ترکیبات ۲-هیدروکسی بنزالدهید، آنیسالدهید، بیس-سالیسیل آلدهید، ۲-هیدروکسی ۴-متوکسی بنزالدهید، ترانس-سینمالدهید و دی هیدروکسی بنزالدهید به‌عنوان مهارکننده‌های آنزیم پلی فنول اکسیداز انجام شد و مشاهده شده این ترکیبات فعالیت مهاری و آنتی‌اکسیدانی خوبی از خود نشان می‌دهد (۹-۱۱). ترکیب ۲-هیدروکسی ۴-



جدول ۱- ساختار کلی و جزئیات ساختاری ترکیبات مورد مطالعه

شماره ترکیب	نام ترکیب	R1	R2	R3	R4
۱	Salicylaldehyde	H	H	H	H
۲	4-(diethylamino)salicylaldehyde	H	N(C ₂ H ₅) ₂	H	H
۳	5-chlorosalicylaldehyde	H	H	Cl	H
۴	3,5-dibromosalicylaldehyde	Br	H	Br	H
۵	5-bromosalicylaldehyde	H	H	Br	H
۶	2-hydroxy-5-(hydroxymethyl)benzaldehyde	H	H	CH ₂ OH	H
۷	4-(dimethylamino)-2-hydroxybenzaldehyde	H	N(CH ₃) ₂	H	H
۸	2-hydroxy-4-methoxybenzaldehyde	H	OCH ₃	H	H
۹	4-(dibutylamino)salicylaldehyde	H	N(C ₄ H ₉) ₂	H	H
۱۰	2-hydroxy-5-(trifluoromethoxy)benzaldehyde	H	H	OCF ₃	H
۱۱	5-(chloromethyl)-2-hydroxybenzaldehyde	H	H	CH ₂ Cl	H
۱۲	2-hydroxy-5-methoxybenzaldehyde	H	H	OCH ₃	H
۱۳	2,4-dihydroxybenzaldehyde	H	OH	H	H
۱۴	5-(benzyloxy)-2-hydroxybenzaldehyde	H	H	OCH ₂ (C ₆ H ₅)	H
۱۵	2-hydroxy-6-(trifluoromethyl)benzaldehyde	H	H	H	CF ₃
۱۶	2-hydroxy-3-(trifluoromethyl)benzaldehyde	CF ₃	H	H	H
۱۷	3-allyl-2-hydroxybenzaldehyde	C ₃ H ₅	H	H	H
۱۸	5-aminosalicylaldehyde	H	H	NH ₂	H
۱۹	5-(dimethylamino)-2-hydroxybenzaldehyde	H	H	N(CH ₃) ₂	H
۲۰	5-bromo-2-hydroxy-3-(trifluoromethyl)benzaldehyde	CF ₃	H	Br	H
۲۱	2-hydroxy-4-methylbenzaldehyde	H	CH ₃	H	H
۲۲	salicylaldehyde, 5-[bis(2-chloroethyl)amino]	H	H	N(C ₂ H ₄ Cl) ₂	H
۲۳	4-isopropylsalicylaldehyde	H	C ₃ H ₇	H	H
۲۴	2-hydroxy-4-phenylbenzaldehyde	H	C ₆ H ₅	H	H
۲۵	2-formyl-6-phenylphenol	C ₆ H ₅	H	H	H
۲۶	5-acetylsalicylaldehyde	H	H	COCH ₃	H
۲۷	5-fluoro-2-hydroxybenzaldehyde	H	H	F	H
۲۸	2-hydroxy-5-methylbenzaldehyde	H	H	CH ₃	H
۲۹	5-(bromomethyl)salicylaldehyde	H	H	CH ₂ Br	H
۳۰	2-hydroxy-5-(methylthio)benzaldehyde	H	H	SCH ₃	H
۳۱	2-hydroxy-3,5-dimethylbenzaldehyde	CH ₃	H	CH ₃	H
۳۲	3-(2-hydroxyethyl)salicylaldehyde	(C ₂ H ₄)OH	H	H	H
۳۳	5-chloro-3-cyclohexyl salicylaldehyde	C ₆ H ₁₁	H	Cl	H
۳۴	5-t-butyl-2-hydroxybenzaldehyde	H	H	C ₄ H ₉	H
۳۵	3-ethoxysalicylaldehyde	O(C ₂ H ₅)	H	H	H

آماده کردن لیگاندها و پروتئین 2Y9X برای داکینگ

ساختار دوبعدی لیگاندهای موردنظر توسط برنامه
ChemDraw Ultra 8.0 ترسیم و سپس با استفاده از نرم افزار
Hyperchem و توسط الگوریتم Polak-Ribiere از نظر انرژی

انسانی است؛ بنابراین ساختار کریستالی مناسب از آنزیم پلی
فنول اکسیداز حاوی بخش کاتالیتیکی مرکزی از سایت
<http://www.rcsb.org/pdb> انتخاب و دانلود شد. کد این آنزیم
در این سایت 2Y9X با وضوح 2.78 Å است.

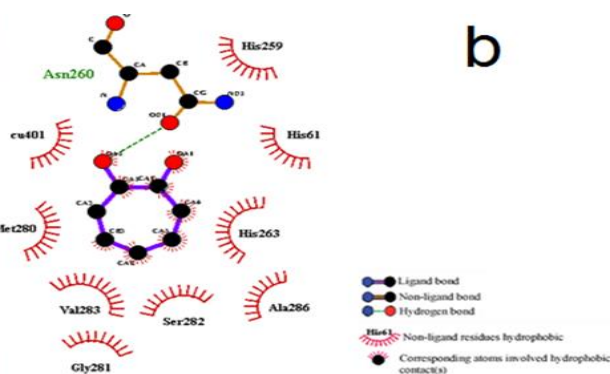
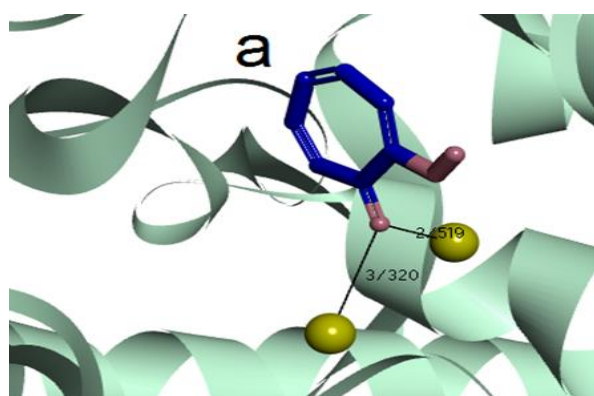
ژنتیک الگوریتم لامارکین موجود در نرم افزار اتوداک برای انجام داکینگ استفاده گردید.

مشاهده و آنالیز نتایج داکینگ

پس از انجام عملیات داکینگ، نتایج شامل کنفورماسیون‌های ترکیب، خوشه‌ها، انرژی اتصال لیگاندها (ΔG_{bind})، انرژی درونی مولکول، انرژی الکترواستاتیک، انواع برهم‌کنش‌های لیگاند با پروتئین شامل برهم‌کنش‌های هیدروژنی، برهم‌کنش‌های هیدروفوبی، انواع برهم‌کنش‌های π ، برهم‌کنش با یون‌های مس موجود در جایگاه فعال آنزیم پلی فنول اکسیداز و سایر موارد قابل مشاهده و تجزیه و تحلیل می‌باشند. به منظور دستیابی به اطلاعات مذکور از هر سه نرم افزار DS Visualizer 3.5، Autodock tools و Ligplot استفاده شد.

نتایج

در ابتدا برای اعتبارسنجی عملیات داکینگ، مولکول کوکریستال تروپولن از جایگاه فعال آنزیم پلی فنول اکسیداز برداشته شد و مجدد مورد داکینگ قرار گرفت. در شکل ۲- a نتایج بررسی نرم افزار Discovery Studio و در شکل ۲- b نرم افزار lig plot نشان داده شده است. همان‌طوری که در شکل ۲- a مشخص است تروپولن در فاصله ۳/۳۲ و ۲/۵۱ آنگسترومی از دو یون مس موجود در جایگاه فعال قرار گرفته است و در شکل ۲- b این مهارکننده با آمینواسیدهای His₂₅₉, Val₂₈₃, Gly₂₈₁, His₆₁, His₂₆₃, Ala₂₈₆ و Ser₂₈₂ در تشکیل پیوند هیدروفوبی و با آمینواسید Asn₂₆₀ در تشکیل پیوند هیدروژنی



شکل ۲- a) داکینگ مجدد لیگاند تروپولن در جایگاه فعال آنزیم پلی فنول اکسیداز. یون‌های مس به رنگ زرد، فاصله‌های بین تروپولن با یون‌های مس با خط سیاه نشان داده شده است. شکل ۲- b) بررسی اسید آمینه‌های درگیر در تشکیل پیوند هیدروفوبی با نرم افزار lig plot

شرکت می‌کند. بعد از اعتبارسنجی پروتکل داکینگ، ساختار سه‌بعدی ترکیبات مهارکننده به داخل جایگاه فعال آنزیم پلی

بهینه شدند در مرحله بعد لیگاندهای بهینه‌شده به‌عنوان ورودی نرم افزار اتوداک تولز استفاده و سپس با استفاده از Gasteiger-Marsili بار جزئی برای مولکول‌های مهارکننده محاسبه شد، هیدروژن‌های غیر یونیزه ادغام گردید و بعد از مشخص کردن مرکز ثقل مولکول تمامی باندهای قابل چرخش تعیین گردید. با استفاده از نرم افزار DS Visualizer 3.5 تمامی زنجیره‌های پروتئین به جز یک زنجیر H، لیگاندهای کوکریستال، مولکول‌های آب و یون‌های هالیموم حذف شدند. بعد از حذف قسمت‌های غیرضروری در عملیات داکینگ، پروتئین به‌عنوان ورودی نرم افزار اتوداک تولز استفاده شد تا بعد از اضافه شدن اتم‌های هیدروژن به پروتئین، بار کلی آن با استفاده از Kollman charge تعیین گردد، سپس هیدروژن‌های غیر یونیزه در اتم کربن مجاور ادغام شدند.

انجام داکینگ مولکولی

به منظور دستیابی به نحوه اتصال ترکیبات مورد مطالعه با جایگاه فعال آنزیم از داکینگ مولکولی استفاده شد. برای داکینگ مهارکننده‌ها از اندازه باکس $40 \times 40 \times 40$ استفاده شد. به منظور به دست آوردن اندازه مناسب باکس برای هر مهارکننده از نرم افزار DS Visualizer 3.5 استفاده گردید. به این ترتیب که دورترین دونقطه در مهارکننده انتخاب و سپس فاصله آن‌ها محاسبه شد و در نهایت ۴ برابر فاصله به دست آمد. در این مرحله به منظور چرخش آزادانه مهارکننده در جایگاه فعال بیشترین عدد انتخاب می‌شود. Point spacing عدد 0.375 (معادل یک‌چهارم

طول پیوند کربن - کربن) انتخاب شد. سپس مرکز دو یون مس موجود در جایگاه فعال به‌عنوان مرکز گرید باکس تعیین شد. از

فنول اکسیداز داک شدند. نتایج نشان می‌دهد که مولکول‌های
فعال در فضای مشابه با تروپولن قرار می‌گیرند. داده‌های مربوط
به تغییرات انرژی آزاد، انرژی درون مولکولی، انرژی
الکترواستاتیک، انرژی کل درونی، انرژی پیچشی و کلیه

برهم‌کنش‌های لیگاندها شامل پیوندهای هیدروژنی،
برهم‌کنش‌های هیدروفوبی، انواع برهم‌کنش‌های π ، برهم‌کنش با
یون‌های مس در جدول ۲ آورده شده است.

جدول ۲- برهم‌کنش‌های موجود بین ترکیبات مورد مطالعه و اسید آمینه‌های جایگاه فعال آنزیم پلی فنول اکسیداز و انرژی ترکیبات داک شده. واحد انرژی تمامی داده‌ها kcal/mol است.

شماره ترکیبات	تغییرات انرژی آزاد اتصال	انرژی پیچشی	برهم‌کنش با یون فلزی	اسید آمینه‌های درگیر در برهم‌کنش‌ها		
				برهم‌کنش‌های هیدروژنی	برهم‌کنش‌های Pi	برهم‌کنش‌های هیدروفوبی
۱	-۳/۲۳	۰/۶	C=O...Cu ²⁺ (۱/۵۱۷)	His259, His263 Asn260, His296	-	Gly ₂₈₁ , His ₉₄ , Val ₂₈₃ , Ser ₂₈₂ , His ₆₁ , His ₂₆₃ , Asn ₂₆₀ , His ₂₅₉ , Phe ₂₆₄ , Phe ₉₀ , Phe ₂₉₂ , Ala ₂₈₆
۲	-۲/۷۱	۱/۴۹	C=O...Cu ²⁺ (۱/۴۷۲)	Asn260, His259 His263, His296	-	His ₈₅ , His ₆₁ , His ₂₅₉ , His ₂₆₃ , Phe ₂₆₄ , Ala ₂₈₆ , Asn ₂₆₀ , Gly ₂₈₁ , Val ₂₈₃ , Ser ₂₈₂
۳	-۳/۲۴	۰/۶	C=O...Cu ²⁺ (۱/۶۱۴)	His259, His263 His296, Asn260	-	Val ₂₈₃ , Ser ₂₈₂ , His ₈₅ , His ₂₅₉ , Ala ₂₈₆ , Pro ₂₈₄ , His ₂₆₃ , Phe ₂₆₄ , Phe ₂₉₂ , His ₈₅ , His ₈₅
۴	-۲/۸۶	۰/۶	C=O...Cu ²⁺ (۱/۴۶۱)	His259, His263 His296	-	Gly ₂₈₁ , Asn ₂₆₀ , His ₈₅ , His ₂₄₄ , Ser ₂₈₂ , Glu ₂₅₆ , His ₂₅₉ , His ₂₆₃ , Phe ₂₆₄
۵	-۳/۲۱	۰/۶	C=O...Cu ²⁺ (۱/۶۴۷)	His259, His263 His296, Asn260	His263 (Pi-Sigma)	His ₂₅₉ , Ala ₂₈₆ , Pro ₂₈₄ , His ₂₆₃ , Phe ₂₆₄ , Phe ₂₉₂ , His ₈₅ , His ₈₅
۶	-۳/۱۱	۱/۱۹	C=O...Cu ²⁺ (۱/۵۴۵)	Met280, His259 His263, His296 Asn260	-	His ₈₅ , His ₂₄₄ , Ser ₂₈₂ , Glu ₂₅₆ , His ₂₅₉ , His ₂₆₃ , Phe ₂₆₄
۷	-۳/۳۷	۰/۸۹	C=O...Cu ²⁺ (۱/۵۵۷)	Asn260, His259 His263, His296	-	His ₈₅ , His ₂₅₉ , His ₂₆₃ , Phe ₂₆₄ , Gly ₂₈₁ , Val ₂₈₃
۸	-۳/۱۸	۰/۸۹	C=O...Cu ²⁺ (۱/۵۱۵)	His259, His263 His296, Asn260	-	Asn ₂₆₀ , Val ₂₈₃ , Ser ₂₈₂ , His ₆₁ , His ₂₅₉ , Phe ₂₉₂ , Ala ₂₈₆
۹	-۱/۹۵	۲/۶۸	C=O...Cu ²⁺ (۱/۴۳۲)	His259, His263 His296	His263 (Pi-Sigma)	Val ₂₈₃ , Ser ₂₈₂ , His ₈₅ , His ₂₅₉ , Ala ₂₈₆ , Pro ₂₈₄ , His ₂₆₃ , Phe ₂₆₄ , Phe ₂₉₂ , His ₈₅ , His ₈₅
۱۰	-۲/۰۱	۱/۱۹	C=O...Cu ²⁺ (۱/۴۷۵)	Ser282, His259 His263, His296	His263 (Pi-Sigma)	His ₂₅₉ , His ₂₆₃ , Ala ₂₈₆ , Phe ₂₆₄ , His ₈₅ , Val ₂₄₈ , His ₂₄₄ , Gly ₂₈₁
۱۱	-۲/۴۹	۰/۸۹	C=O...Cu ²⁺ (۱/۴۶۷)	His259 His263 His296	-	Ser ₂₈₂ , His ₆₁ , His ₂₅₉ , His ₂₆₃ , Ala ₂₈₆ , Phe ₂₆₄ , His ₂₄₄ , Gly ₂₈₁ , Asn ₂₆₀ , Glu ₂₅₆
۱۲	-۲/۶۵	۰/۸۹	C=O...Cu ²⁺ (۱/۵۵۳)	His259, His263 His296, Asn260	His263 (Pi-Sigma)	Ser ₂₈₂ , His ₆₁ , His ₂₅₉ , His ₂₆₃ , Ala ₂₈₆ , Phe ₂₆₄ , His ₈₅ , Val ₂₄₈ , His ₂₄₄ , Gly ₂₈₁ , Asn ₂₆₀ , Glu ₂₅₆
۱۳	-۳/۱۷	۰/۸۹	C=O...Cu ²⁺ (۱/۵۸۰)	Ser282, His259 His263, His296 Asn260, Met280	-	His ₈₅ , His ₂₅₉ , Ala ₂₈₆ , Pro ₂₈₄ , His ₂₆₃ , Phe ₂₆₄ , Phe ₂₉₂ , His ₈₅ , His ₈₅
۱۴	-۲/۵۹	۱/۴۹	-	Val283, Asn260	Phe264 (Pi-Sigma)	Met ₂₈₀ , Ser ₂₈₂ , His ₆₁ , His ₂₅₉ , His ₂₆₃ , Ala ₂₈₆ , Phe ₂₆₄ , Phe ₂₈₄ , Pro ₂₇₇
۱۵	-۱/۹۳	۰/۸۹	-	His259, Asn260	-	His ₂₅₉ , His ₂₆₃ , Ala ₂₈₆ , Phe ₂₆₄ , His ₈₅ , Val ₂₄₈ , His ₂₄₄ , Gly ₂₈₁ , Asn ₂₆₀
۱۶	-۲/۹	۰/۸۹	C=O...Cu ²⁺ (۱/۵۲۶)	Asn260, His259 His263, His296	-	Ser ₂₈₂ , His ₆₁ , His ₂₅₉ , Pro ₂₇₇ , His ₂₆₃ , Phe ₂₆₄ , Ala ₂₈₆ , Phe ₂₉₂ , Arg ₂₆₈
۱۷	-۳/۳۱	۱/۱۹	C=O...Cu ²⁺ (۱/۶۲۵)	Asn260, His259 His263, His296	-	His ₈₅ , Val ₂₈₃ , Ser ₂₈₂ , His ₆₁ , His ₂₅₉ , Pro ₂₇₇ , His ₂₆₃ , Phe ₂₆₄ , Ala ₂₈₆ , Phe ₂₉₂ , Arg ₂₆₈

ادامه جدول ۲

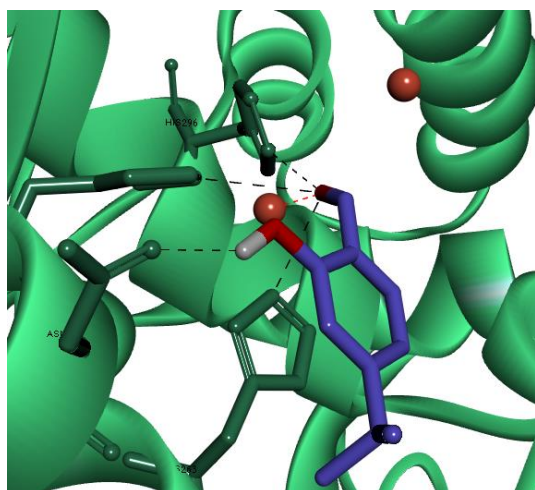
۱۸	-۳/۰	۰/۸۹	$C=O...Cu^{2+}$ (۱/۵۶۷)	Ser282, Met280 His259, His263 His296, Asn260	-	Met ₂₈₀ His ₈₅ , His ₆₁ , Phe ₂₆₄ , Val ₂₈₃ , Ser ₂₈₂ , His ₂₅₉ , His ₂₆₃
۱۹	-۲/۶۹	۰/۸۹	$C=O...Cu^{2+}$ (۱/۶۵۸)	His259, His263 His296, Asn260	His263 (Pi-Sigma)	Val ₂₈₃ , Ser ₂₈₂ , His ₈₅ , His ₂₅₉ , Ala ₂₈₆ , Gly ₂₈₁ , His ₂₆₃ , Phe ₂₆₄ , Phe ₂₉₂ , Phe ₉₀
۲۰	-۲/۷۳	۰/۸۹	$C=O...Cu^{2+}$ (۱/۴۴۷)	Ser282, Val283 His259, His263 His296	-	Gly ₂₈₁ , Met ₂₈₀ His ₈₅ , His ₆₁ , Phe ₂₆₄ , Val ₂₈₃ , Ser ₂₈₂ , His ₂₅₉ , His ₂₆₃
۲۱	-۳/۵۹	۰/۶	$C=O...Cu^{2+}$ (۱/۵۱۳)	His259, His263 His296 Asn260	-	Val ₂₈₃ , Ser ₂₈₂ , His ₆₁ , His ₂₆₃ , Asn ₂₆₀ , His ₂₅₉ , Phe ₂₆₄ , Phe ₉₀ , Phe ₂₉₂ , Ala ₂₈₆
۲۲	-۲/۱۶	۲/۰۹	$C=O...Cu^{2+}$ (۱/۵۷۶)	His259, His263 His296	-	Ser ₂₈₂ , His ₆₁ , His ₂₅₉ , His ₂₆₃ , Ala ₂₈₆ , Phe ₂₆₄ , Val ₂₄₈ , His ₂₄₄
۲۳	-۴/۰۱	۰/۸۹	$C=O...Cu^{2+}$ (۱/۴۶۷)	Asn260, His259 His263, His296	-	Gly ₂₈₁ , His ₉₄ , Val ₂₈₃ , Ser ₂₈₂ , His ₆₁ , His ₂₆₃ , Asn ₂₆₀ , His ₂₅₉ , Phe ₂₆₄ , Phe ₉₀ , Phe ₂₉₂ , Ala ₂₈₆
۲۴	-۳/۰۱	۰/۸۹	$C=O...Cu^{2+}$ (۱/۴۲۲)	Asn260, His259 His263, His296	-	Met ₂₈₀ His ₈₅ , His ₆₁ , Phe ₂₆₄ , Val ₂₈₃ , Ser ₂₈₂ , His ₂₅₉ , His ₂₆₃
۲۵	-۳/۶۲	۰/۸۹	$C=O...Cu^{2+}$ (۱/۴۲۳)	Asn260, His259 His263, His296	-	Ser ₂₈₂ , His ₆₁ , His ₂₅₉ , His ₂₆₃ , Ala ₂₈₆ , Phe ₂₆₄ , Val ₂₄₈ , His ₂₄₄
۲۶	-۳/۳۱	۰/۸۹	$C=O...Cu^{2+}$ (۱/۵۹۶)	Met280, Ser282 His259, His263 His296, Asn260	-	Gly ₂₈₁ , Met ₂₈₀ His ₈₅ , His ₆₁ , Phe ₂₆₄ , Val ₂₈₃ , Ser ₂₈₂ , His ₂₅₉ , His ₂₆₃
۲۷	-۲/۹۸	۰/۶	$C=O...Cu^{2+}$ (۱/۵۰۹)	Ser282, Val283 Asn260, His259 His263, His296	-	His ₈₅ , His ₂₅₉ , Ala ₂₈₆ , Gly ₂₈₁ , His ₂₆₃ , Phe ₂₆₄ , Phe ₂₉₂ , Phe ₉₀
۲۸	-۳/۲۳	۰/۶	$C=O...Cu^{2+}$ (۱/۵۴۳)	Asn260, His259 His263, His296	-	Gly ₂₈₁ , Met ₂₈₀ , His ₈₅ , Val ₂₈₃ , Ser ₂₈₂ , His ₂₅₉ , His ₂₆₃ , Phe ₂₆₄
۲۹	-۲/۵۲	۰/۸۹	$C=O...Cu^{2+}$ (۱/۴۵۹)	His259, His263 His296	-	Gly ₂₈₁ , His ₂₅₉ , Val ₂₈₃ , Ser ₂₈₂ , His ₆₁ , His ₂₆₃ , Ala ₂₈₆ , Met ₂₈₀
۳۰	-۲/۷۶	۰/۸۹	$C=O...Cu^{2+}$ (۱/۴۶۹)	His259, His263 His296	His263 (Pi-Sigma)	Gly ₂₈₁ , Met ₂₈₀ , His ₈₅ , Val ₂₈₃ , Ser ₂₈₂ , His ₂₅₉
۳۱	-۳/۳۳	۰/۶	$C=O...Cu^{2+}$ (۱/۶۰۶)	His259, His263 His296, Asn260	-	Val ₂₈₃ , Ser ₂₈₂ , His ₂₅₉ , His ₂₆₃ , Phe ₂₆₄ , Ala ₂₈₆
۳۲	-۳/۲۴	۱/۴۹	$C=O...Cu^{2+}$ (۱/۶۲۵)	His259, His263 His296, Asn260	-	Gly ₂₈₁ , Met ₂₈₀ , His ₈₅ , Val ₂₈₃ , Ser ₂₈₂ , His ₂₅₉ , His ₂₆₃ , Phe ₂₆₄ , Ala ₂₈₆ , Phe ₂₉₂ , Phe ₉₀
۳۳	-۲/۸	۰/۸۹	$C=O...Cu^{2+}$ (۱/۵۵۷)	His ₆₁ , His ₈₅ His ₉₄ , His ₂₉₆	-	His ₂₅₉ , His ₂₆₃ , Ala ₂₈₆ , Phe ₂₆₄ , Phe ₂₈₄
۳۴	-۲/۷۷	۰/۸۹	$C=O...Cu^{2+}$ (۱/۴۵۰)	His259, His263 His296	-	Ser ₂₈₂ , His ₂₅₉ , His ₂₆₃ , Phe ₂₆₄ , Ala ₂₈₆
۳۵	-۲/۹۶	۱/۱۹	$C=O...Cu^{2+}$ (۱/۵۱۱)	His259, His263 His296, Asn260	His263 (Pi-Sigma)	Met ₂₈₀ , Ser ₂₈₂ , His ₆₁ , His ₂₅₉ , His ₂₆₃ , Ala ₂₈₆ , Phe ₂₆₄ , Phe ₂₈₄
تروپولن	-۳/۱۱	۰/۲۷	$C=O...Cu^{2+}$ (۲/۵۱۹)	Asn ₂₆₀	His ₂₆₃ (cation- π) (π - π)	Gly ₂₈₁ , His ₂₅₉ , Val ₂₈₃ , Ser ₂₈₂ , His ₆₁ , His ₂₆₃ , Ala ₂₈₆ , Met ₂₈₀

بحث و نتیجه گیری

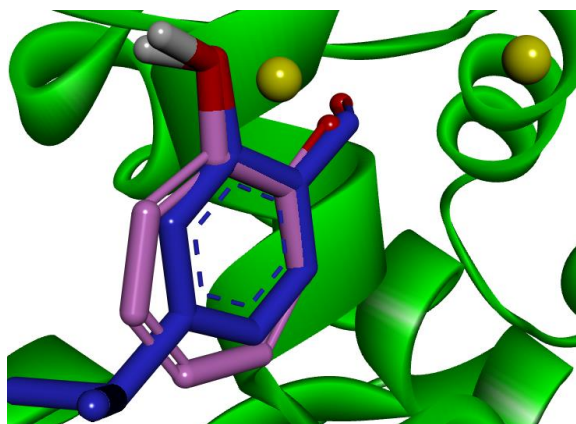
می کردند و به این ترتیب خاصیت مهاري خود را نشان می دادند. با توجه به این که سالیسیل آلدهید هم دارای بخش کربونیل آلدهیدی و هیدروکسیلی است بنابراین انتظار می رفت که مهارکننده خوبی برای آنزیم پلی فنول اکسیداز باشد، درحالی که با مقایسه انرژی اتصال ترکیبات دو مقاله مهارکننده های مشتق از کوچیک اسید انرژی اتصال منفی تر و تمایل بیشتری برای برهم کنش با آمینواسیدهای جایگاه فعال داشتند. با این حال نتایج

در مطالعات عملی و تئوری قبلی که بر روی مشتقات کوچیک اسید انجام گرفت ترکیباتی شناسایی شدند که اثرات مهاري قوی تری نسبت به مهارکننده معمول پلی فنول اکسیداز (کوچیک اسید و تروپولن) نشان دادند، حضور گروه هیدروکسیل و کربونیل در کوچیک اسید و مشتقات آن از عوامل مهمی بودند که با یون های مس موجود در جایگاه فعال پیوند فلزی برقرار

کوکریستال تروپولن در جایگاه فعال آنزیم پلی فنول اکسیداز قابل مشاهده است.



شکل ۳- نتایج داکینگ ترکیب 4-isopropylsalicylaldehyde (مولکول بارنگ آبی) در جایگاه فعال آنزیم پلی فنول اکسیداز. پیوندهای هیدروژنی (خطچین سیاه)، پیوندهای فلزی (خطچین قرمز)، یون فلزی به رنگ قرمز.



شکل ۴- نتایج داکینگ ترکیب 4-isopropylsalicylaldehyde (مولکول بارنگ آبی) با لیگاند کوکریستال تروپولن (مولکول بارنگ صورتی) نشان می دهد که موقعیت قرارگیری دو مولکول در جایگاه فعال آنزیم پلی فنول اکسیداز یکسان است. یون های فلزی بارنگ زرد نشان داده شده است.

مقایسه دو ترکیب ۲- هیدروکسی ۴- متوکسی بنزالدهید و ۴- ایزوپروپیل سالیسیل آلدهید در مطالعات داکینگ نشان داد که ترکیب ۴- ایزوپروپیل سالیسیل آلدهید با سطح انرژی منفی تر و اینترکشن های بهتر پتانسیل مهاری خوبی برای غیرفعال کردن آنزیم پلی فنول اکسیداز دارد که باز این نتیجه نیز منطبق بر نتایج *in vitro* بود (۱۲). بااینکه هر دو ترکیب

حاصل از داکینگ مشتقات سالیسیل آلدهید نشان داد که این ترکیبات نیز توانایی اتصال به جایگاه فعال آنزیم پلی فنول اکسیداز را داشته و تا حدودی موجب مهار این آنزیم می گردند. بر اساس نتایج داکینگ، پتانسیل مهاری ترکیبات مورد مطالعه باهم فرق می کنند و سطح انرژی اتصال از ۱/۹۳- تا ۴/۰۱- کیلوکالری بر مول است. بیشترین پتانسیل مهاری مربوط به ترکیب شماره ۲۳ بانام ۴- ایزوپروپیل سالیسیل آلدهید است و کمترین انرژی اتصال مربوط به ترکیب ۱۵ بانام ۲- هیدروکسی-۶- (تری فلورومتیل) بنزالدهید است. ΔG_{bind} نشان دهنده قدرت اتصال بین ترکیبات مولکولی و جایگاه فعال آنزیم است (۱۷-۱۴).

در مطالعه ای که توسط Nihei و همکاران در سال ۲۰۰۴ انجام شد، نشان داده شد که سالیسیل آلدهید در *in vitro* با IC50 برابر ۳۳۰۰ میکرومولار قادر به مهار آنزیم پلی فنول اکسیداز بود (۱۲). در مطالعه داکینگ نیز این مهارکننده با انرژی اتصال ۳/۲۳- کیلوکالری بر مول آنزیم پلی فنول اکسیداز را مهار می کند و با یون مس موجود در جایگاه فعال برهم کنش فلزی برقرار می کند. سالیسیل آلدهید با آمینواسیدهای His259, His263, His296, Asn260 در تشکیل پیوند هیدروژنی و با آمینواسیدهای Gly281, His94, Val283, Ser282, His61, His263, Asn260, His259, Phe264, Phe90, Phe292, Ala286 در تشکیل پیوندهای هیدروفوب شرکت می کند. منفی ترین پتانسیل مهاری در بین ترکیبات مربوط به ترکیب ۴- ایزوپروپیل سالیسیل آلدهید است. در مطالعات *in vitro* این ترکیب با IC50 برابر ۲/۳ میکرومولار بهتر از سالیسیل آلدهید قادر به مهار آنزیم پلی فنول اکسیداز بود (۱۲). در بررسی های *in silico* در این تحقیق نیز انرژی اتصال ترکیب مذکور منفی تر از سالیسیل آلدهید بود. این مولکول با یون مس موجود در جایگاه فعال برهم کنش فلزی برقرار می کند. از ۶ اسید آمینه هیستیدین که در جایگاه فعال با یون های فلزی در کنوردیناس هستند (His296 و His61, His85, His94, His259, His263) اسید آمینه های His296, His259, His263 در تشکیل پیوند هیدروژنی با این ترکیب شرکت می کنند. اسید آمینه های Ser282, His259, Ala286, Val283, His61 پیوند هیدروفوبی با مولکول ۴- ایزوپروپیل سالیسیل آلدهید شرکت دارند در داکینگ کوکریستال مهارکننده تروپولن نیز مشاهده می شود. در شکل ۳ داکینگ ترکیب ۴- ایزوپروپیل سالیسیل آلدهید به تنهایی و در شکل ۴ این ترکیب با مولکول

روی مشتقات ترکیب dihydrostilbene به عنوان مهارکننده های جدید آنزیم موردنظر ما انجام شد. در این تحقیق ترکیب deoxybenzoin با گروه های مختلف عملکردی هیدروکسی، فلورید و کلرید موردبررسی قرار گرفت که در نتیجه ی آن این ترکیب با آمینواسیدهای Asn260, His244 و Val283 در بخش جایگاه فعال آنزیم پیوند هیدروژنی دارد (۲۰). اتصال با آمینواسید Asn260 در نتایج داکینگ ترکیبات سالیسیل آلدهید، ۲-هیدروکسی ۶-تری فلورو متیل بنز آلدهید و ۴-ایزوپروپیل بنز آلدهید نیز مشاهده شد.

در سال ۲۰۱۳ تحقیقی روی خاصیت مهارکنندگی گاسترو دین به عمل آمد. نتایج این پژوهش نشان داد آمینواسیدهای Asn260 و His263 با حلقه بنزن، دو یون مس و آمینواسیدهای His85 و His263 با حلقه هگزان در تعامل هستند (۲۲).

در بررسی که بر روی اثر مهارتی ترکیب استیل سالیسیلیک اسید انجام شد، نشان داده شد که آمینواسیدهای His61, His263, His259, His94, His85 و Ala286 در تشکیل پیوند هیدروژنی شرکت می کنند (۲۳). آمینواسیدهای مشترک در این ترکیب و ترکیبات مورد مطالعه در مقاله ی حاضر His259 است که در داکینگ هر ۳ ترکیب سالیسیل آلدهید، ۲-هیدروکسی ۶-تری فلورو متیل بنز آلدهید و ۴-ایزوپروپیل بنز آلدهید مشاهده شد و آمینواسید His263 در سالیسیل آلدهید و ۴-ایزوپروپیل بنز آلدهید در تشکیل پیوند هیدروژنی مشترک است.

تشکر و قدردانی

مقاله فوق بخشی از پایان نامه دوره کارشناسی ارشد مصوب موسسه آموزش عالی نور دانش با شماره ثبت ۱۲۹۳۹۶۰ است لذا نویسندگان مقاله مراتب قدردانی و سپاس خود را از جناب آقای دکتر محمدرضا زمانی، جناب آقای دکتر مرتضی اسکری، سرکار خانم دکتر حیدریان، سرکار خانم دکتر ظهرا بی و سرکار خانم دکتر زمانزاده اعلام می دارند.

تعارض منافع

نویسندگان هیچ گونه تعارض منافی را اعلام نکرده اند.

مورد مطالعه هر دو قادر به تشکیل باز شیف و شلات کردن دو یون مس موجود در جایگاه فعال می باشند اما ترکیب ۴-ایزوپروپیل سالیسیل آلدهید در هر دو مطالعه *in vitro* و *in silico* اثر مهارتی خوبی را نشان می دهد. مهارکننده ۴-ایزوپروپیل سالیسیل آلدهید نسبت به ترکیب ۲-هیدروکسی ۴-متوکسی بنز آلدهید غیر قطبی تر است بنابراین بخش هیدروفوب باعث القای برهم کنش های هیدروفوب بیشتر و تشکیل باز شیف با آمینواسیدهای نزدیک بخش هیدروفوب می شود، این پدیده باعث افزایش پتانسیل مهارتی ترکیب ۲۳ می شود (۱۲). در بقیه ترکیبات نیز حضور بخش آب دوست در کنار بخش آلدهیدی و الکلی سبب کاهش پتانسیل مهارتی شده است. ترکیب ۲-هیدروکسی ۶-تری فلورو متیل بنز آلدهید ضعیف ترین اثر مهارتی را نسبت به دیگر ترکیبات مورد مطالعه داشت. برخلاف ترکیب ۴-ایزوپروپیل سالیسیل آلدهید که مولکول دارای یک بخش آب گریز است، این ترکیب با سه اتم فلور دارای بخش قطبی است؛ بنابراین می توان نتیجه گرفت که حضور بخش غیر قطبی در ترکیبات مشتق سالیسیل آلدهید سبب افزایش خصلت مهارتی ترکیب می شود. لازم به ذکر است این اثر در داکینگ برخی از مشتقات هیدروکسی نیترو دی فنیل اتر نیز قابل مشاهده بود (۱۸).

پیوندهای هیدروژنی که توسط مشتقات سالیسیل آلدهید ایجاد شده اند مشابه با برهم کنش هایی هستند که در مطالعات داکینگ سایر مهارکننده های آنزیم پلی فنول اکسیداز گزارش شده اند (۲۳-۱۹). در پژوهشی که Wen و همکاران در سال ۲۰۱۳ روی ترکیباتی به عنوان مهارکننده های آنزیم پلی فنول اکسیداز انجام دادند، نشان داده شد ترکیب تایروسول در جایگاه فعال این آنزیم با آمینواسید Ser282 پیوند هیدروژنی برقرار می کند. ترکیب دیگر مورد بررسی آنان ۴-هیدروکسی فنیل استیک اسید بوده که همانند تایروسول پیوند هیدروژنی آن با آمینواسید Ser282 بوده است علاوه بر این ترکیب ۲-هیدروکسی فنیل استیک اسید ۳ پیوند هیدروژنی با آمینواسیدهای Val283, Gly281 و Ser282 در جایگاه فعال آنزیم پلی فنول اکسیداز برقرار کرده و باعث مهار این آنزیم می شود (۱۹). در سال ۲۰۱۲ پژوهشی توسط Vontzalidou و همکاران وی



References

1. Sánchez-Ferrer Á, Rodríguez-López JN, García-Cánovas F, García-Carmona F. Tyrosinase: a comprehensive review of its mechanism. *Biochim. Biophys. Acta.* 1995; 1247(1):1.
2. Chang TS. An updated review of tyrosinase inhibitors. *Int. J. Mol. Sci.* 2009;10(6):2440-75.
3. de Faria RO, Moure VR, de Almeida Amazonas ML, Krieger N, Mitchell DA. The biotechnological potential of mushroom tyrosinases. *Food Technol. Biotechnol.* 2007;45(3):287.
4. Ismaya WT, Rozeboom HJ, Weijn A, Mes JJ, Fusetti F, Wichers HJ, et al. Crystal structure of *Agaricus bisporus* mushroom tyrosinase: Identity of the tetramer subunits and interaction with tropolone. *Adv. Biochem.* 2011;50(24):5477-86.
5. de Faria RO, Moure VR, de Almeida Amazonas ML, Krieger N, Mitchell DA. The biotechnological potential of mushroom tyrosinases.. *Food Technol. Biotechnol.* 2007;45(3):287
6. Haghbeen K, Tan EW. Direct spectrophotometric assay of monooxygenase and oxidase activities of mushroom tyrosinase in the presence of synthetic and natural substrates. *Anal. Biochem.* 2003;312(1):23-32.
7. Beerntsen BT, James AA, Christensen BM. Genetics of mosquito vector competence. *Microbiol. Mol. Biol. Rev.* 2000;64(1):115-37.
8. Kim YJ, Uyama H. Tyrosinase inhibitors from natural and synthetic sources: structure, inhibition mechanism and perspective for the future. *Cell. Mol. Life Sci.* 2005;62(15):1707-23.
9. Delogu G, Podda G, Corda M, Fadda MB, Fais A, Era B. Synthesis and biological evaluation of a novel series of bis-salicylaldehydes as mushroom tyrosinase inhibitors. *Bioorg. Med. Chem. Lett.* 2010;20(20):6138-40.
10. Maghsoudi S, Adibi H, Hamzeh M, Ashrafi-Kooshk MR, Rezaei-Tavirani M, Khodarahmi R. Kinetic of mushroom tyrosinase inhibition by benzaldehyde derivatives. *J. Rep. Pharm. Sci.* 2013;2(2):156-64
11. Xue CB, Luo WC, Chen QX, Ma DY, Wang Q. Inhibitory effects of 2-hydroxybenzaldehyde on the activity of phenoloxidase from *Pieris rapae* (Lepidoptera) larvae. *Indian J. Biochem. Biophys.* 2008;45(3):184
12. Nihei KI, Yamagiwa Y, Kamikawa T, Kubo I. 2-Hydroxy-4-isopropylbenzaldehyde, a potent partial tyrosinase inhibitor. *Bioorg. Med. Chem. Lett.* 2004;14(3):681-3.
13. Huang SY, Zou X. Advances and challenges in protein-ligand docking. *Int. J. Mol. Sci.* 2010;11(8):3016-34.
14. Mukesh B, Rakesh K. Molecular docking: a review. *Int. J. Res. Ayurveda Pharm.* 2011;2(6):746-1751.
15. Asadzadeh A, Fassihi A, Yaghmaei P, Pourfarzam M. Docking Studies of Some Novel Kojic Acid Derivatives As Possible Tyrosinase Inhibitors. *Biomed. Pharmacol. J.* 2015;8(2):535-45.
16. Asadzadeh A, Fassihi A, Yaghmaei P, Pourfarzam M. In Silico Approach for Designing Potent Inhibitors against Tyrosinase. *Biotech. Res. Asia.* 2015;12(spl.edn.2):1
17. Asadzadeh A, Sirous H, Pourfarzam M, Yaghmaei P, Afshin F. In vitro and in silico studies of the inhibitory effects of some novel kojic acid derivatives on tyrosinase enzyme. *Iran. J. Basic Med. Sci.* 2016;19(2):132.
18. Sholehvar F, Asadzadeh A, Seyedhosseini Ghaheh H. Molecular Docking Studies of Some Hydroxy Nitrodiphenyl Ether Analogues as Tyrosinase Inhibitors. *J. Fasa Univ. Med. Sci.* 2017 6(4):548-555
19. Wen KC, Chang CS, Chien YC, Wang HW, Wu WC, Wu CS, et al. Tyrosol and its analogues inhibit alpha-melanocyte-stimulating hormone induced melanogenesis. *Int. J. Mol. Sci.* 2013 Nov;14(12):23420-40.
20. Vontzalidou A, Zoidis G, Chaita E, Makropoulou M, Aliagiannis N, Lambrinidis G. Design, synthesis and molecular simulation studies of dihydrostilbene derivatives as potent tyrosinase inhibitors. *Bioorg. Med. Chem. Lett.* 2012;22(17):5523-6.
21. Chung KW, Jeong HO, Jang EJ, Choi YJ, Kim DH, Kim SR, et al. Characterization of a small molecule inhibitor of melanogenesis that inhibits tyrosinase activity and scavenges nitric oxide (NO). *Biochim. Biophys. Acta.* 2013;1830(10):4752-61.
22. Pei CJ, Lee J, Si YX, Oh S, Xu WA, Yin SJ, et al. Inhibition of tyrosinase by gastrodin: An integrated kinetic-computational simulation analysis. *Process Biochem.* 2013;48(1):162-8.
23. Wang ZJ, Lee J, Si YX, Oh S, Yang JM, Shen D, et al. Toward the inhibitory effect of acetylsalicylic acid on tyrosinase: Integrating kinetics studies and computational simulations. *Process Biochem.* 2013;48(2):260-6.



Original Article

Docking Study on Salicylaldehyde Derivatives as Anti-melanogenesis Agents Anti-melanogenic Potential of Salicylaldehyde Derivatives

Ghaffari S¹, Asadzadeh A^{1*}, Seyedhosseini Ghaheh H², Sholehvar F³

1. Department of biology, faculty of science, Nour Danesh institute of higher education, Meymeh, Isfahan, Iran

2. Young Researchers and Elites Club, Science and Research Branch, Islamic Azad University, Tehran, Iran

3. Young Researchers and Elites Club, Zarghan Branch, Islamic Azad University, Zarghan, Iran

Received: 05 Apr 2017

Accepted: 18 Jul 2017

Abstract

Background & Objective: Abnormal production of melanin pigment which causes melasma, freckles, ephelides, and age spots, are esthetic problems. Polyphenol oxidase (PPO), a copper-containing enzyme, is involved in melanin biosynthesis and the abnormal accumulation of melanin pigments. Thus, its inhibitors are of great importance in the medical and cosmetic fields. The aim of this study was to investigate some salicylaldehyde Analogues as Polyphenol oxidase inhibitors.

Material & Methods: In the present study, thirty five derivatives of salicylaldehyde scaffold were subjected to molecular docking studies to investigate the mode of interaction of the compounds with tyrosinase active site. Docking study was performed by AutoDock 4.2 program and the resulting docking poses were analyzed in AutoDockTools, DS Visualizer 3.5 and Ligplot softwares.

Results: Among the all studied compounds, Ligand 4-isopropylsalicylaldehyde displayed good docking results. In fact, this compound had the most negative ΔG_{bind} (-4.01 Kcal/mol) that indicated favorable interactions with the key amino acid residues at active site of Polyphenol oxidase. Docking results for this compound are in accordance with the docking results of Co-crystallized ligand (tropolone). In this compound, the oxygen of a carbonyl group has an efficient metal-ligand interaction with the Cu^{2+} ion in the active site.

Conclusion: The presence of non-polar moiety in salicylaldehyde Analogues increases the inhibitory property.

Keywords: Docking Study, Salicylaldehyde Derivatives, Polyphenol oxidase, Anti-melanogenesis

*Corresponding Author: Azizeh Asadzadeh, Department of biology, faculty of science, Nour Danesh institute of higher education, Meymeh, Isfahan, Iran
Email: az.asadzadeh@yahoo.com