بررسی بیوانفورماتیکی پروتئین استئاریل کوآنزیم A دساچوراز(SCD) در ۱۸ گونه با تاکید بر حیوانات اهلی

محمد سلمانی ایزدی[۱]،عباسعلی ناصریان[۲] ،محمد رضا نصیری[۲]،رضا مجید زاده هروی[۲]

۱- دانشجوی دکتری پردیس بین الملل دانشگاه فردوسی مشهد

۲- عضو هیئت علمی گروه علوم دامی دانشگاه فردوسی مشهد

Ms_izadi87@yahoo.com

چکیده

پروتئین استئاریل کوآنزیم A دساچوراز(SCD) یک پروتئین مهم در متابولیسم اسید های چرب می باشد و در تبدیل فرم اشباع شده ی اسید های چرب به نوع غیر اشباع ایفای نقش می کند.علیرغم نقش مهم این پروتئین در متابولیسم اسید های چرب، تاکنون تحقیقاتی بسیار اندک در مورد فیلوژنتیک توالی های ژنی این پروتئین انجام شده است و در مورد فیلوژنتیک توالی های پروتئینی آن هیچ تحقیقی انجام نشده است.هدف از این مطالعه بررسی روابط فیلوژنتیک پروتئین (SCD) در ۱۸ گونه ی مختلف با تاکید بر حیوانات اهلی بر اساس توالی های پروتئینی آن ها می باشد. ابتدا توالی های آمینو اسیدی این پروتئین در موجودات مورد بررسی از پایگاه NCBI دریافت شد.سپس همردیفی چندگانه ی پروتئین ها صورت گرفت و در ادامه توالی های حفاظت شده ی پروتئین مذکور بدست آمد.همچنین درخت فیلوژنتیک پروتئین (SCD) با دو روش مختلف Neighbor-joining و Maximum Likelihood رسم شد.نتایج نشان دادند که این پروتئین دارای میزان حفاظت شدگی بالایی در گونه های مورد تحقیق می باشد. همچنین پروتئین SCD در گونه های مورد تحقیق بعد از رسم درخت فیلوژنی در سه دسته مجزا قرار می گیرند.

واژه های کلیدی: پروتئین استئاریل کوآنزیم A دساچوراز- روابط فیلوژنتیک – بیوانفورماتیک- متابولیسم اسید های چرب

مقدمه

پروتئین استئاریل کوآنزیم A دساچوراز(SCD) یک پروتئین مهم در متابولیسم اسید های چرب و تولید شیر می باشد و با تبدیل فرم اشباع شده ی اسید های چرب به نوع غیر اشباع ایفای نقش می کند.این پروتئین در تولید تری گلیسیرید ها،فسفولیپیدها و استرهای کلستروئیدی دارای نقش بسیار مهمی می باشد(1,2).مکانیسم عمل این آنزیم بدین گونه است که با وارد کردن یک پیوند دو گانه ی Cis در موقعیت delta-9 اسید های چرب سیر شده سبب تولید اسید های چرب مونوساچوریت monounsaturated fatty acids (MUFAs) می شود(۳). علیرغم نقش مهم این پروتئین در متابولیسم اسید های چرب، تاکنون تحقیقاتی بسیار اندک در مورد فیلوژنتیک توالی های ژنی این پروتئین انجام شده است(۴) و در مورد فیلوژنتیک توالی های پروتئینی این پروتئین هیچ تحقیقی انجام نشده است.در این تحقیق ما بر آن شدیم تا روابط فیلوژنتیک پروتئین SCD را در ۱۸ گونه ی مختلف (جدول ۱) با تاکید بر گونه های اهلی و دامی در سطح توالی های پروتئینی بررسی کنیم.

مواد و روش‌ها

دریافت توالی های مورد نظر

ابتدا توالی های آمینواسیدی پروتئین استئاریل کوآنزیم A دساچوراز (SCD) مربوط به ۱۸ گونه ی مختلف از پایگاه اطلاعاتی NCBI دریافت شد(جدول ۱).

همردیفی و مشخص کردن مناطق حفظ شده

توالی های آمینواسیدی پروتئین (SCD) بدست آمده از NCBI با استفاده از نرم افزار آنلاین ClustalW

(*www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalw2*) مورد همردیفی چند گانه قرار گرفتند.همچنین بصورت موازی از نرم افزار *Geneious 7.1.2* (۵) نیز به منظور همردیفی چند گانه توالی های پروتئینی مذکور استفاده شد(شکل ۱).

رسم درخت فیلوژنتیک

درخت فیلوژنی با استفاده از نرم افزار *MEGA 5.2* (۶) برای توالی های های مذکور انجام شد.بدین منظور از دو الگوریتم مختلف *Neighbor-joining* و *Maximum Likelihood* برای رسم درخت فیلوژنی بصورت جداگانه استفاده شد و مقدار آنالیز آماری بوت استرپ در هریک از الگوریتم ها ۲۰۰۰ مرتبه لحاظ شد (تصاویر ۲ و ۳).

نتایج و بحث

بررسی های بیوانفورماتیکی نشان داد که پروتئین های استئاریل کوآنزیم *A* دساچوراز موجود در ۱۸ گونه ی مورد تحقیق دارای میزان حفاظت شدگی بالایی می باشد.در تصویر ۱ مناطق سبز رنگ نشان دهنده ی ۱۰۰ در صد حفاظت شدگی می باشد. همچنین این مطالعه نشان داد که پروتئین *SCD* در گونه های مورد تحقیق بعد از رسم درخت فیلوژنی در سه دسته مجزا قرار می گیرند(تصاویر ۲ و ۳).دسته ی ۱ شامل چهار گونه ی *(Homo sapiens,Pan troglodytes , Pongo abelii and Macaca mulatta)* می باشد که دارای کم ترین فاصله ی تکاملی می باشند و دسته ی ۲ شامل ده گونه ی *(Canis lupus,Camelus ferus,Sus scrofa,Mus musculus ,Rattus norvegicus ,Bos taurus, Bubalus bubalis , Capra hircus , Ovis aries and Equus caballus)* و دسته ی ۳ نیز شامل چهار گونه ی *(Danio rerio,Xenopus laevis,Gallus gallus and Taeniopygia guttata)* می باشد.درخت فیلوژنتیک رسم شده با هر دو روش *N.J* و *M.L* نشان دادند که روابط فیلوژنتیک پروتئین *SCD* در گونه های مورد تحقیق تقریبا مشابه روابط تکاملی گونه های مربوطه با یکدیگر می باشد.

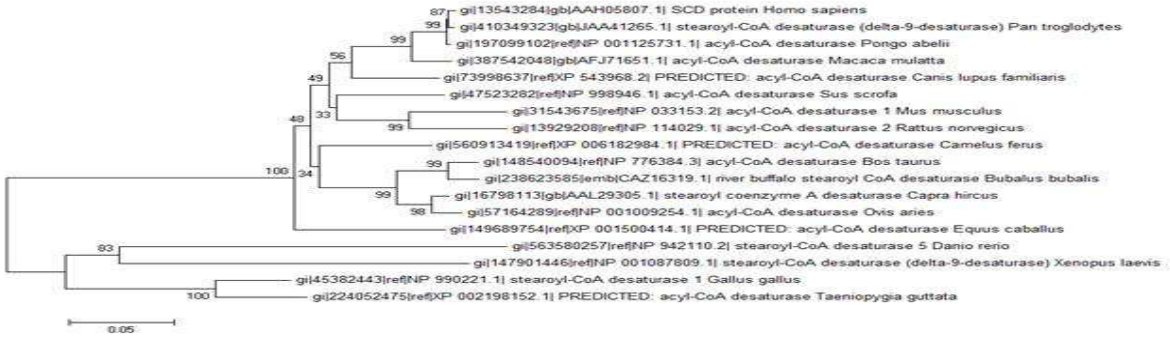
جدول ۱- توصیف توالی پروتئین *SCD* در هجده کونه مختلف و *ID* استفاده شده در تحقیق

Seq.nu.	Organism	Protein ID (NCBI Reference Sequence)	Locus	DEFINITION	VERSION	Length
1	Bos taurus(cattle)	NP_776384.3	NP_776384	acyl-CoA desaturase	NP_776384.3 GI:148540094	359 aa
2	Bubalus (bubalis Water)buffalo	CAZ16319.1	CAZ16319	stearoyl CoA desaturase	CAZ16319.1 GI:238623585	359 aa
3	Camelus (ferus Camel)	XP_006182984.1	XP_006182984	PREDICTED: acyl-CoA desaturase	XP_006182984.1 GI:560913419	359 aa
4	Canis lupus familiaris (dog)	XP_543968.2	XP_543968	PREDICTED: acyl-CoA desaturase	XP_543968.2 GI:73998637	360 aa
5	Capra aegagrushircus (goat)	AAL29305.1	AAL29305	stearoyl coenzyme A desaturase	AAL29305.1 GI:16798113	359 aa
6	Danio rerio (zebrafish)	NP_942110.2	NP_942110	stearoyl-CoA desaturase 5	NP_942110.2 GI:563580257	326 aa
7	Equus caballus(Horse)	XP_001500414.1	XP_001500414	PREDICTED: acyl-CoA desaturase	XP_001500414.1 GI:149689754	359 aa

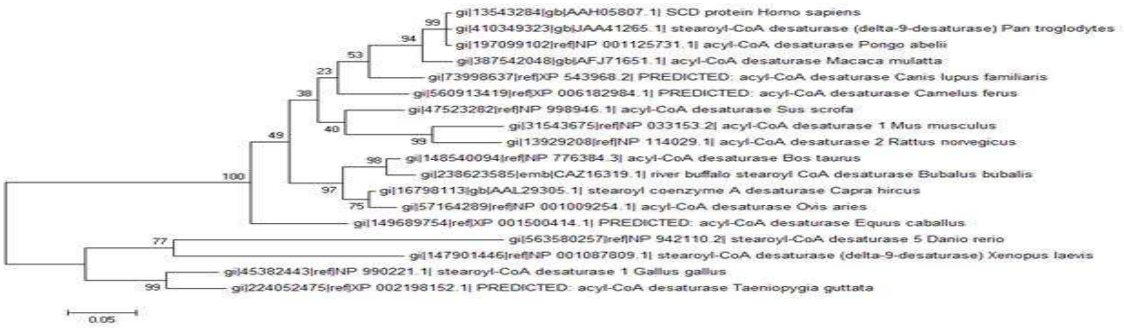
8	*Gallus gallus (chicken)*	*NP_990221.1*	*NP_990221*	*stearoyl-CoA desaturase 1*	*NP_990221.1 GI:45382443*	*357 aa*
9	*Homo sapiens*	*AAH05807.1*	*AAH05807*	*SCD protein*	*AAH05807.1 GI:13543284*	*355 aa*
10	*Macaca mulatta (Rhesus monkey)*	*AFJ71651.1*	*AFJ71651*	*acyl-CoA desaturase*	*AFJ71651.1 GI:387542048*	*359 aa*
11	*Mus musculus*	*NP_033153.2*	*NP_033153*	*acyl-CoA desaturase 1*	*NP_033153.2 GI:31543675*	*355 aa*
12	*Ovis aries (Sheep)*	*NP_001009254.1*	*NP_001009254*	*acyl-CoA desaturase*	*NP_001009254.1 GI:57164289*	*359 aa*
13	*Pan troglodytes (chimpanzee)*	*JAA41265.1*	*JAA41265*	*stearoyl-CoA desaturase (delta-9-desaturase)*	*JAA41265.1 GI:410349323*	*359 aa*
14	*Pongo abelii (Sumatran)orangutan*	*NP_001125731.1*	*NP_001125731*	*acyl-CoA desaturase*	*NP_001125731.1 GI:197099102*	*359 aa*
15	*Rattus norvegicus (Norway rat)*	*NP_114029.1*	*NP_114029*	*acyl-CoA desaturase 2*	*NP_114029.1 GI:13929208*	*358 aa*
16	*Sus scrofa (pig)*	*NP_998946.1*	*NP_998946*	*acyl-CoA desaturase*	*NP_998946.1 GI:47523282*	*359 aa*
17	*Taeniopygia guttata (zebra finch)*	*XP_002198152.1*	*XP_002198152*	*PREDICTED: acyl-CoA desaturase*	*XP_002198152.1 GI:224052475*	*360 aa*
18	*Xenopus laevis (African clawed frog)*	*NP_001087809.1*	*NP_001087809*	*stearoyl-CoA desaturase (delta-9-desaturase)*	*NP_001087809.1 GI:147901446*	*339 aa*

شکل ۱- توالی های مشابه تشخیص داده شده توسط *boxshade server*

شکل ۲- روابط تکاملی پروتیئن *SCD* با روش نایبورد جوینینگ



شکل ۳- روابط تکاملی پروتئین *SCD* با روش لایکلی هود



منابع

1. Yonezawa T, Haga S, Kobayashi Y et al .Unsaturated fatty acids promote proliferation via ERK1/2 and Akt pathway in bovine mammary epithelial cells.BiochemBiophys Res Commun2008 367:729–735

2. Ntambi JM (1995) The regulation of stearoyl-CoA desaturase (SCD). Prog Lipid Res 34:139–150

3. C. M. Paton and J. M. Ntambi, (2009) Biochemical and physiologicalfunction of stearoyl-CoA desaturase. American Journal ofPhysiology—Endocrinology and Metabolism, vol. 297, no. 1, pp.E28–E37.

4. L. F. C. Castro, J. M. Wilson, O. Gonc¸alves et al (2011) The evolutionary history of the stearoyl-CoA desaturase gene family in vertebrates. BMC Evolutionary Biology, vol. 11, no. 1, article 132

5. Matthew Kearse, Richard Moir, Amy Wilson and et al(2012).Geneious Basic: An integrated and extendable desktop software platform for the organization and analysis of sequence data. Bioinformatics Vol. 28 no. 12, pages 1647–1649

6. Tamura K., Peterson D., Peterson N., Stecher G., Nei M., and Kumar S. (2011). MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods. Molecular Biology and Evolution 28: 2731-2739.

A Bioinformatic analysis of Stearoyl-CoA desaturase (SCD) Protein Sequences from 18 different species with emphasis on domesticated species

Mohammad Slamani Izadi[1], Abbas Ali Naserian[2],*
Mohammad Reza Nasiri[2], Reza Majidzadeh Heravi[2]
E-mail: ms_izadi87@yahoo.com

Abstract

Stearoyl-CoA desaturase (SCD) is a key enzyme that converts saturated fatty acids (SFAs) to monounsaturated fatty acids (MUFAs) in the biosynthesis of fat. Despite being crucial for interpreting SCDs roles across species, the evolutionary relations of the SCD Proteins in several organisms has yet to be elucidated. This study aims to present this evolutionary relationship based

on amino acid sequences.Using Multiple Sequence Alignment and Phylogenetic construction methods,a hypothetical evolutionary relationship was generated between the Stearoyl-CoA desaturase (SCD) Protein sequences between 18 different species.
The phylogenetic tree constructed by MEGA 5.2 for SCD Protein sequences show that the Evolutionary relations between SCD Protein sequences from 18 different species are similar to their species evolutionary relationships nearly.
Keywords: *Phylogenetic Analysis, Stearoyl-CoA desaturase (SCD) Proteins, Multiple Sequence Alignment,Bionformatics.*