

عنوان مقاله:

بررسی تاثیر چندشکلی های گیرنده هورمون لوتهینه کننده بر تمایل اتصال آن ها به هورمون لوتهینه کننده در گاوشیری به روش داکینگ مولکولی

محل انتشار:

مجله پژوهش در نشخوارکنندگان، دوره 10، شماره 1 (سال: 1401)

تعداد صفحات اصل مقاله: 14

نویسندگان:

محمد یحیایی - ایران، اراک، دانشگاه اراک، دانشکده کشاورزی و محیط زیست، گروه علوم دامی

مهدی خدایی - گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه اراک

محمدحسین مرادی - گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه اراک

خلاصه مقاله:

چکیده سابقه و هدف: هورمون لوتهینه کننده (LH) از جمله هورمون های مهم تولیدمثلی است که از لب پیشین هیپوفیز ترشح می شود و نقش کلیدی در تنظیم چرخه فحلی، بلوغ فولیکول های تخمدانی، تخمک ریزی، تشکیل جسم زرد، توسعه جسم زرد و نگهداری آن دارد. انتقال پیام LH از طریق اتصال آن به گیرنده های برون سلولی صورت می گیرد به طوری که LH بعد از اتصال به گیرنده خود (LHR) از طریق فعال سازی پیامبر ثانویه cAMP منجر به فعال شدن زنجیره آبخاری درون سلولی و در نهایت بیان پروتئین ها و آنزیم های مخصوص می گردد. لذا برهمکنش هورمون لوتهینه کننده (LH) با گیرنده اختصاصی خود (LHR) یک از گام های کلیدی در مسیر بلوغ فولیکولی و تخمک گذاری آن ها است. چندشکلی و ایزوفورم های مختلف LHR از جمله تغییرات ژنتیکی می باشند که می توانند بر روی عملکرد LH و متعاقباً بازدهی تولیدمثلی تاثیر گذار باشند. هدف از انجام مطالعه حاضر مقایسه چندشکلی های مختلف LHR از نظر ساختار سوم پروتئینی و تمایل برهمکنش آن ها با LH در 'گاو شیری بود. مواد و روش ها: به منظور انجام مطالعه توالی های آمینواسیدی LHR از Genebank گرفته شد. در ابتدا چندشکلی ها با آنالیز هم ترازای شناسائی شدند. ساختارهای سوم مربوط به آنها با روش همولوژی مدلینگ و با استفاده از نرم افزار Modeller و پیش بینی گردید. ساختارهای ایجاد شده با استفاده از نرم افزار گرافیکی PyMol ۲.۵.۱ و نمودار Ramachandran مورد مشاهده و ارزیابی قرار گرفتند. همچنین شاخص های مختلف فیزیکی-شیمیایی پروتئین های مدل شده مانند نقطه ایزوالکتریک، وزن مولکولی، تعداد دنباله های منفی و مثبت و مقدار Grand Average of hydropathicity (GRAVY) با استفاده از ابزار ProtParam در پایگاه Expasy محاسبه گردید. در ادامه میزان تمایل LH به هر کدام از چندشکلی های LHR با استفاده از تکنیک داکینگ مولکولی و بر پایه دو شاخص موقعیت فضائی و انرژی اتصال مورد ارزیابی قرار گرفت. یافته ها: براساس نتایج بدست آمده تنها دو چندشکلی (LHR1 و LHR2) در میان توالی های مورد مطالعه شناسائی شد. مدل های ایجاد شده برای دو چندشکلی یافت شده از کیفیت مناسبی برخوردار بودند و تفاوتی در شاخص های ساختاری و فیزیکی-شیمیایی بین آن ها مشاهده نشد. نتایج داکینگ نشان داد علی رغم تفاوت انرژی اتصال کل در دو چندشکلی، این تفاوت را نمی توان به جایگزینی آمینواسیدی ارتباط داد و احتمالاً این اختلاف مرتبط با تفاوت جزئی در جهت گیری LH نسبت به چندشکلی های LHR1 و LHR2 می باشد. بخش زیادی از آمینواسیدهای درگیر در پیوند هیدروژنی در هر دو کمپلکس LH-LHR1 و LH-LHR2 مشابه بودند. نتیجه گیری: به طور کلی نتایج حاصل از این مطالعه می تواند نقش موثری در درک رابطه چندشکلی و فعالیت فیزیولوژیک داشته باشد. واژه های کلیدی: چندشکلی، LHR، آمینواسید، داکینگ مولکولی، گاوشیری

کلمات کلیدی:

واژه های کلیدی: اسید آمینه، چندشکلی، داکینگ مولکولی، گیرنده هورمون لوتهینه کننده، گاوشیری

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/1464636>

