

بررسی نقش کanal پروتئینی $hvdac^1$ در انتخاب پذیری پلاسمای سرطانی

مهسا رضایی^{۱,*}، مریم قاسمی طربی^۲ و محمد قربانعلیلو^۳

^۱ دانشکده فیزیک، دانشگاه شهید بهشتی mahs.rezaei@mail.sbu.ac.ir

^۲ دانشکده فیزیک، دانشگاه صنعتی شریف qasemi.maryam.mamh@gmail.com

^۳ دانشکده فیزیک، دانشگاه شهید بهشتی m_alilu@sbu.ac.ir

*آدرس رایانه نویسنده مسئول: mahs.rezaei@mail.sbu.ac.ir

کلید واژه: پروفایل انرژی آزاد، دینامیک مولکولی، گونه‌های فعال اکسیژن

چکیده

یکی از کاربردهای پزشکی پلاسمای سرد اتمسفری درمان سرطان است. اثرات درمانی، مربوط به حضور گونه‌های فعال اکسیژن و نیتروژن در پلاسمای است. آزمایش‌ها در حال حاضر نشان می‌دهند که پلاسمای تواند به صورت انتخابی سلول‌های سرطانی را از بین بیر و سلول‌های سالم کمتر آسیب می‌یابند، اما هنوز مکانیزم انتخاب پذیری پلاسمای ناشناخته باقی مانده است. با استفاده از شبیه‌سازی‌های کامپیوتری، سعی کردیم مکانیزم انتخاب پذیری را بر پایه‌ی کانال‌های یونی وابسته به ولتاژ ($hvdac^1$) روشن سازیم. این کانال‌های پروتئینی بر روی غشاء سلولی قرار دارند که سایر گونه‌های فعال اکسیژن را به قسمت داخلی سلول انتقال می‌دهند. به طور خاص، ما شبیه‌سازی دینامیک مولکولی را برای بررسی عبور H_2O_2 از کanal $hvdac^1$ روی غشاء DOPC انجام دادیم. انرژی آزاد عبور H_2O_2 از کanal پروتئینی $hvdac^1$ کمتر از انرژی آزاد عبور H_2O_2 از غشاء بدون کanal است. این موضوع نشان می‌دهد که انتقال به داخل سلول از طریق کanal $hvdac^1$ راحت‌تر تحت تاثیر قرار می‌گیرد. با توجه به فراوانی این کanal در سلول‌های سرطانی نسبت به سلول‌های سالم، پلاسمای سلول‌های سرطانی را بیشتر تحت تاثیر قرار می‌دهد. این مطالعه، بینش بهتری را در نقش $hvdac^1$ در انتخاب پذیری پلاسمای سرد برای درمان سرطان ارائه می‌دهد.

Investigation of plasma selectivity in cancer cells through $hvdac^1$ protein channel

Mahsa Rezaei^{۱,*}, Maryam Ghasemitarei^۲ and Mohammad Ghorbanalilu^۳

^۱ Department of physics, Shahid Beheshti University, mahs.rezaei@mail.sbu.ac.ir

^۲ Department of physics, Sharif University of Technology, qasemi.maryam.mamh@gmail.com

^۳ Department of physics, Shahid Beheshti University, m_alilu@sbu.ac.ir

*corresponding e-mail: mahs.rezaei@mail.sbu.ac.ir

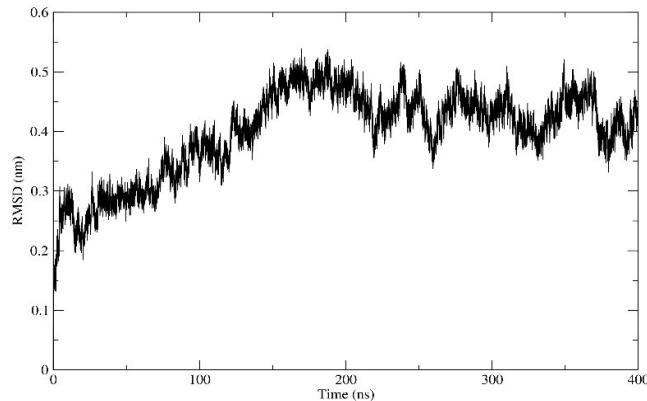
Abstract

One promising new medical application of cold atmospheric plasma (CAP) is cancer treatment. The therapeutic effects of CAPs are related to reactive oxygen and nitrogen species (ROS and RNS) present in plasma. Experiments are currently showing that CAP can selectively kill cancer cells and less damage to healthy cells, but underlying mechanisms remain unclear. Using computer simulations, we try to shed light on the mechanism of selectivity, based on Voltage-dependent anion channels (VDACs). These protein channels are located on the cell membrane that carries H_2O_2 and other active oxygen species to the inner part of the cell. Specifically, we perform molecular dynamics simulations for the permeation of H_2O_2 through $hvdac^1$ (one of the members of the VDAC family) on the dioleoylphosphatidylcholine (DOPC) phospholipid bilayer (PLB). The free energy barrier of H_2O_2 across $hvdac^1$ is lower than for the DOPC PLB. This indicates that the delivery of H_2O_2 into the cell interior more easily through the $hvdac^1$ channel. Due to the abundance of this channel in cancer cells compared to healthy cells,

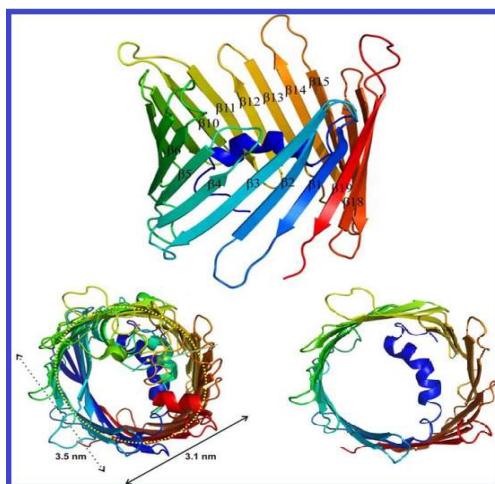
plasma is more likely to affect cancer cells. This study gives a better insight into the role of VDACs in the selectivity of CAPs for treating cancer cells.

Keywords: free energy profile, molecular dynamics, reactive oxygen species

مقدمه



شکل ۲. محاسبه‌ی RMSD که پایداری سیستم را تایید می‌کند، ساختار تقریباً از زمان ۲۰۰ نانوثانیه به حالت پایدار درآمده است.



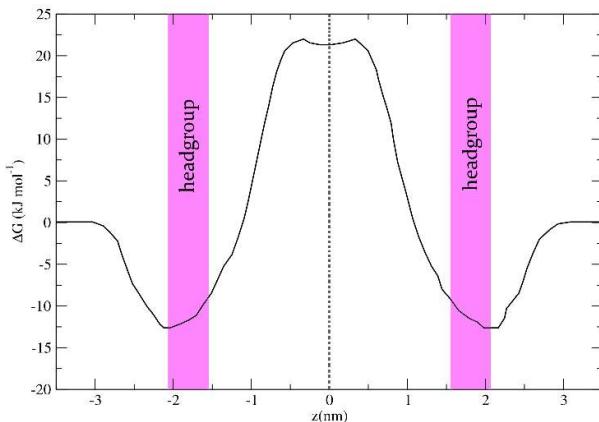
شکل ۱. ساختار h-vdac1 از نمای بالا و رو به رو

پلاسمای سرد اتمسفری برای درمان سرطان بسیار قابل توجه است. پلاسمما به صورت انتخابی سلول‌های سرطانی را از بین می‌برد و به سلول‌های سالم آسیب خیلی کمی می‌رساند. درک مکانیزم انتخاب‌پذیری پلاسمای سرد یک چالش مهم در درمان سرطان است. این انتخاب‌پذیری مربوط به سطح بالای گونه‌های فعال اکسیژن و نیتروژن در سلول‌های سرطان در مقایسه با سلول‌های سالم است. شبیه‌سازی‌های اخیر توضیحات گوناگونی را برای انتخاب‌پذیری پلاسمما در درمان سرطان ارائه داده‌اند. در یک بررسی جدید، ما عبور یکی از گونه‌های فعال اکسیژن (H_2O_2) را از غشای فسفولیپیدی DOPC همراه با کanal پروتئینی hvdac1 بررسی کردیم. بدین منظور ما از شبیه‌سازی دینامیک مولکولی استفاده کردیم. به طور خاص، ما انرژی آزاد عبور H_2O_2 از غشای ذکر شده را محاسبه کردیم. این شبیه‌سازی بیش جدیدی در درک انتخاب‌پذیری سلول‌های سرطانی، از طریق کanal پروتئینی ارائه می‌دهد.

روش محاسباتی

ما شبیه‌سازی دینامیک مولکولی را برای بررسی نفوذپذیری H_2O_2 به داخل غشای فسفولیپید DOPC و کanal پروتئینی hvdac1 توسط نرمافزار GROMACS-۲۰۱۸ انجام دادیم. ساختار سه بعدی کanal از قبل بدست آمده است [۱] (شکل ۱). برای ساخت غشای اولیه از سرور CHARMM-GUI [۲] استفاده کردیم. پارامترهای مربوط به مولکول H_2O_2 از سایت SWISSPARAM [۳] استخراج شده است. در ابتدا ساختار غشا به همراه کanal به مدت ۴۰۰ نانوثانیه به تعادل رسیده است (شکل ۲).

محاسبه‌ی پروفایل انرژی آزاد

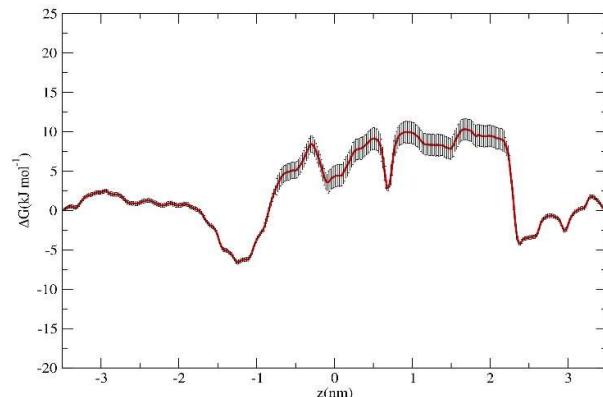


شکل ۴. پروفایل انرژی آزاد عبور H_2O_2 از غشای DOPC بدون کanal.

نتیجه‌گیری

شکل ۳ و ۴ میانگین پروفایل انرژی آزاد عبور H_2O_2 از غشای DOPC و کanal hvdac ۱ را نشان می‌دهد. همان‌طور که از نمودارها پیداست، انرژی آزاد عبور H_2O_2 از کanal تقریباً چهار برابر کمتر از عبور H_2O_2 از غشای فسفولیپیدی است. این موضوع نشان می‌دهد که پروتئین‌های غشایی hvdac ۱ در مقابل لایه‌های فسفولیپیدی مسیر مطلوب‌تری برای نفوذ H_2O_2 داخل سلول هستند. از این رو شبیه‌سازی انجام شده، بیشتری در مورد مکانیزم‌های نفوذ H_2O_2 (یکی از گونه‌های ROS) به داخل سیتوپلاسم ارائه می‌دهند. این موضوع ممکن است مشاهدات تجربی مصرف سریع تر H_2O_2 خارج سلولی توسط سلول‌های سرطانی نسبت به سلول‌های سالم را توضیح دهد؛ که به دلیل فراوانی بالای hvdac ۱ در سلول‌های سرطانی نسبت به سلول‌های سالم است [۵]. بنابراین بررسی انجام شده تایید می‌کند که مکانیزم برای انتخاب‌پذیری سلول‌های سرطانی توسط CAP می‌تواند بر اساس فراوانی کanal hvdac ۱ در غشای سلولی آنها توضیح داده شود. این نکته هم قابل ذکر است که ماهیت نفوذ گونه‌های ROS به داخل غشای سلول و کanal hvdac ۱ هنوز مشخص نیست. این موضوع می‌تواند در آینده مورد مطالعه قرار گیرد.

محاسبه‌ی انرژی آزاد عبور H_2O_2 از کanal پروتئینی hvdac ۱ توسط نمونه‌گیری چتری انجام شده است. داده‌های مربوط به غشای بدون کanal از مقاله [۴] استخراج شده است. (شکل ۳ و ۴). برای پروفایل انرژی آزاد، تعدادی از پنجره‌های نمونه‌گیری در طول محور z استخراج شده است. این ساختارها با فاصله‌ی ۰.۲ از یکدیگر فاصله دارند. نیروی هارمونیک $\text{nm}^{-۲} \text{ KJ mol}^{-۱}$ او در جهات x و y حرکت مولکول Z به مولکول H_2O_2 اعمال شده و در جهات x و y حرکت مولکول محدود شده است. روی هر کدام از ساختارهای انتخابی شبیه‌سازی به صورت مستقل و به مدت ۲۰ نانوثانیه انجام شده است. با توجه به اینکه ۳۳ ساختار نمونه‌گیری شدند، ۳۳ بار شبیه‌سازی چتری و در مجموع ۶۶۰ نانوثانیه شبیه‌سازی برای محاسبه‌ی انرژی آزاد انجام شد.



شکل ۳. پروفایل انرژی آزاد عبور H_2O_2 از کanal hvdac ۱.

مرجع ها

[۱] Bayrhuber, Monika, Meins, Thomas, Habeck, Michael, Becker, Stefan, Giller, Karin, Villinger, Saskia, Vonrhein, Clemens, Griesinger, Christian, Zweckstetter, Markus, and Zeth, Kornelius.

Structure of the human voltage-dependent anion channel. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, ۱۰۵(۴۰):۱۵۳۷۰–۱۵۳۷۵, ۲۰۰۸.

[۲] Wu, Emilia L, Cheng, Xi, Jo, Sunhwan, Rui, Huan, Song, Kevin C, Dávila-Contreras, Eder M, Qi, Yifei, Lee, Jumin, Monje-Galvan, Viviana, Venable, Richard M, et al. Charmm-gui membrane builder toward realistic biological membrane simulations. *Journal of computational chemistry*, ۳۵(۲۷):۱۹۹۷–۲۰۰۴, ۲۰۱۴.

[۳] Zoete, Vincent, Cuendet, Michel A, Grosdidier, Aurélien, and Michelin, Olivier. Swissparam: a fast force field generation tool for small organic molecules. *Journal of computational chemistry*, ۳۲(۱۱):۲۳۵۹–۲۳۶۸, ۲۰۱۱.

[۴] Razzokov, Jamoliddin, Yusupov, Maksudbek, Cordeiro, Rodrigo M, and Bogaerts, Annemie. Atomic scale understanding of the permeation of plasma species across native and oxidized membranes. *Journal of Physics D: Applied Physics*, 51(36):365203, 2018.

[۵] Shoshan-Barmatz, Varda, Krelin, Yakov, Shteiher-Kuzmine, Anna, and Arif, Tasleem. Voltage dependent anion channel 1 as an emerging drug target for novel anti-cancer therapeutics. *Frontiers in oncology*, 7:104, 2017.