توپولوژی ساختار دامین اتصال مولیبدوپترین در گزانتین اکسیداز انسانی

علی اصغر رستگاری*

استادیار، گروه بیوشیمی سلولی و مولکولی، دانشکده زیست شناسی، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد فلاورجان، اصفهان

* نویسنده مسئول: rastegari@iaufala.ac.ir

خلاصه:

سابقه و هدف: دامین‌ها اساس واحدهای عملکردی پروتئین‌ها هستند. اطلاعات برهم‌کنش دامین-دامین برای فهم حزئیات بر هم‌کنش‌های پروتئین - پروتئین، عملکرد سلول و فرآیندهای بیولوژیکی مطلوب است. آنزیم‌های مولیبدوپترین در محدوده وسیعی از سیستم‌های حیاتی در دهه‌های مختلف شناسایی شده‌اند. این آنزیم‌ها نه تنها تسهیم‌کننده مشترک دورنمای ساختاری، بلکه آشکار کننده توپولوژی‌های تاخوردگی پلی‌پپتیدهای متفاوت می‌باشند.

مواد و روش‌ها: بر اساس توالی‌های مترادف، ٦ خانواده از آنزیم‌ها مشمول کوفاکتور مولیبدنیم مشخص شده است. دامین‌های ساختاری متمرکز شده، شاخص روشنی را برای ارتباطات ساختاری فراهم می‌کنند که ناشی از نتایج درختچه‌های فیلوژنی به‌عنوان انعکاسی از عملکرد می‌باشد. اغلب این فرآیند از مقایسه پروفایل‌های توالی پروتئین یا مدل‌های مخفی مارکوف حاصل می‌شود. توانایی روش‌های پیش‌گویی را با استفاده از محل‌های برهم‌کنش به‌عنوان تداخل‌های هدف نشان می‌دهیم.

نتایج: امکان پیش‌گویی محل‌های برهم‌کنش دامین با صحت و درستی زیاد با استفاده از اطلاعات توالی است.

نتیجه‌گیری: این الگوریتم‌ها و آنالیزهای ارائه شده، پیشرفت شاخصی از توانایی مدل را برای تعیین دامین اتصال مولیبدوپترین و درک بیشتری از ارتباط بین تکامل توالی متمرکز شده و خواص ساختمان – عمل پروتئین‌ها فراهم می‌کند.

واژگان کلیدی: برهم‌کنش دامین- دامین، مولیبدوپترین، مدل‌های مخفی مارکوف

[Downloaded from feyz.kaums.ac.ir on 2026-11-23]

Topological structure of Molybdopterin-binding domain in human Xanthine oxidase

Rastegari AA*

Department of Molecular and Cell Biochemistry, Faculty of Biology, Islamic Azad University, Falavarjan Branch, Isfahan, I. R. Iran.
* **Corresponding Author:** rastegari@iaufala.ac.ir

Abstract:

Background: Domains are the basic functional units of proteins. Information on domain-domain interaction is favorable for more detailed understanding of protein-protein interactions, cellular function and biological processes. Molybdopterin containing enzymes are present in a wide range of living systems and have been known for several decades. The enzymes share common structural features, but reveal different polypeptide folding topologies.
Materials and Methods: On the basis of sequence alignments, six families of molybdenum-cofactor-containing enzymes were identified. These conserved structural domains provide clear indications for structural relationships that emerge from these trees and result in groupings that also reflect related functions. Most commonly, this process occurs through comparison of protein sequence profiles or hidden markov models (HMMs). The applicability of these prediction methods by using predicted interaction sites as target binding interfaces were demonstrated.
Results: The results suggest that it is possible to predict domain interaction sites with quite a high accuracy using only sequence information.
Conclusion: The algorithms and analysis presented here significantly improve the ability to identify molybdopterin-binding domain and further advance of the relationship between evolutionary sequence conservation and structure-function attributes of proteins.

Keywords: Domain-domain interaction, Molybdopterin, Hidden markov models (HMMs)

[Downloaded from feyz.kaums.ac.ir on 2026-11-23]