

مطالعه برهم کنش‌های نانو موتورهای عملکردی و پروتئین پیش‌ساز آمیلوئید بتا به عنوان استراتژی نوین ضد آلزایمر توسط مدل‌سازی و شبیه‌سازی رایانه‌ای

سعیده جعفری نژاد^۱، محمود دهقانی اشکذری^۲، علی جبالی^{۳*}

• پذیرش مقاله: ۹۵/۶/۱۸

• دریافت مقاله: ۹۵/۴/۱۶

مقدمه: در این تحقیق عملکرد ۳ نانوموتور بر روی ۱۵ پپتید ترانس ممبرن پروتئین پیش‌ساز آمیلوئید بتا از طریق شبیه‌سازی دینامیک مولکولی انجام گرفت.

روش: در این مطالعه ۱۴ نوع موتانت و ۱ نوع نرمال پپتید ترانس ممبرن پروتئین پیش‌ساز آمیلوئید بتا از پایگاه داده NCBI به دست آمده و سپس شبیه‌سازی با استفاده از نرم افزار Designer Ascalaph انجام شد. ۱۵ پپتید با ساختارهای ۳ بعدی پایدار سنتز شده، برای ورود به مرحله شبیه‌سازی انتخاب و سپس با استفاده از نرم‌افزار HyperChem، به مدت ۳۰,۰۰۰ پیکو ثانیه پپتیدها در مجاورت نانوموتورهای بیست الکه، هایپر سینی و رتینولی سنتز شده قرار داده شدند. سرانجام ۴ پارامتر؛ انرژی آزاد، انرژی بین مولکولی، پتانسیل و مجذور مربع اختلاف مقادیر، از نرم افزار استخراج و نسبت تغییرات آن‌ها محاسبه گردید.

نتایج: هر نانوموتوری نسبت به پپتیدهای متفاوت دارای عملکردی متفاوت است. نانوموتور هایپر سینی بر پپتید ۵، نانوموتور رتینولی بر پپتید ۱۰ و نانوموتور بیست الکل نیز تا حدودی بر روی پپتید ۴ بهترین عملکرد را داشتند. اما چون هر نانوموتوری تنها بر روی پپتید موتانتی خاص تأثیرگذار است و آلزایمر ناشی از موتاسیون‌های مختلف می‌باشد، نمی‌توان برای درمان آلزایمر تنها از یک نوع نانوموتور بهره برد.

نتیجه‌گیری: می‌توان نتیجه گرفت که در تحقیقات درمانی آلزایمر با در نظر گرفتن ساختار سه بعدی و پارامترهای دینامیکی، نانوموتور رتینولی بر روی پپتید موتانت ترانس ممبرن بسیار ایده آل بوده و می‌تواند راهکار درمانی مناسبی باشد.

کلید واژه‌ها: پروتئین پیش‌ساز آمیلوئید، آلزایمر، شبیه‌سازی، نانوموتور

• **ارجاع:** جعفری نژاد سعیده، دهقانی اشکذری محمود، جبالی علی. مطالعه برهم کنش‌های نانو موتورهای عملکردی و پروتئین پیش‌ساز آمیلوئید بتا به عنوان استراتژی نوین ضد آلزایمر توسط مدل‌سازی و شبیه‌سازی رایانه‌ای. مجله انفورماتیک سلامت و زیست پزشکی ۱۳۹۵؛ ۳(۲): ۱۱۷-۱۰۰.

۱. دانشجوی کارشناسی ارشد، مرکز تحقیقات زیست فناوری پزشکی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد اشکذر، یزد، ایران.

۲. استادیار سلولی و تکوین، مرکز تحقیقات زیست فناوری پزشکی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد اشکذر، یزد، ایران.

۳. استادیار نانوفناوری پزشکی (دکتری تخصصی)، مرکز تحقیقات زیست فناوری پزشکی، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد اشکذر، یزد، ایران.

* **نویسنده مسئول:** مرکز تحقیقات زیست فناوری پزشکی، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد اشکذر، یزد، ایران.

• **Email:** alijebal2011@gmail.com

• **شماره تماس:** ۰۹۳۹۰۳۴۸۴۷۸

مقدمه

شبیه‌سازی به عنوان آزمایش مجازی زمانی مورد استفاده قرار می‌گیرد که تعیین ساختار تجربی اطلاعات کامل و دقیقی از عملکرد یک ماکرو مولکول به ما ندهد و یا این که اجرای آزمایش در شرایط خاصی مشکل یا ناممکن باشد. بسیاری از روش‌های شبیه‌سازی بر مبنای پتانسیل‌های مدل تجربی برای توصیف برهم‌کنش میان اتم‌های سیستم قرار دارد. چندین روش دینامیک مولکولی، مونت‌کارلو، حداقل‌سازی انرژی یا نیرو و دینامیک شبکه‌ای، همگی بر پایه دانستن پتانسیل بین‌اتمی بنا شده‌اند [۱-۳]. دینامیک مولکولی (Molecular Dynamics) با استفاده از معادله‌های حرکت نیوتن و فورس‌فیلدها، انعطاف و دینامیک مولکول‌ها را در بازه زمانی معین بررسی می‌کند [۴، ۳]. برای ترسیم کامل نقشه تاخوردگی یک پروتئین نیاز به بررسی تمام وضعیت‌های پروتئین در طول مسیر از وضعیت ذاتی تا نخورده (N)، حالت گذرا (Ts)، حالت واسطه (I) وضعیت دناتور (D) و همچنین شناسایی مکانیسم‌های تبدیل این حالت‌ها به یکدیگر تا کسب فولدینگ نهایی است. چنین شناسایی به دلیل دینامیک پویا، هتروژنوس بودن و ماهیت گذرای حالت‌های اکتسابی دشوار است [۵]. شبیه‌سازی MD پروتئین‌ها به منظور تکمیل و گسترش اطلاعات حاصل از آزمایش تجربی، ترسیم نقشه کامل از واکنش‌های عدم تاخوردگی تا تاخوردگی پروتئین، نمایش مسیرهای کینتیک و فعل و انفعالات دقیق بین ذرات حلال و پروتئین‌ها در طی یک بازه زمانی مشخص استفاده می‌شود و در صورتی که ناحیه خاصی از پروتئین مانند جایگاه فعال موردنظر باشد، به‌جای شبیه‌سازی حلال در تمامی نقاط مولکول‌های آب تنها در ناحیه موردنظر به شکل مستقیم شبیه‌سازی خواهند شد [۶، ۵]. شبیه‌سازی MD در زمینه‌های متعدد؛ بیوشیمی ساختاری، بیوفیزیک، آنزیمولوژی، زیست‌شناسی مولکولی، شیمی دارویی و بیوتکنولوژی قابل استفاده است و به جنبه‌های متفاوت بیومولکول‌ها مانند: ثبات ماکرو مولکول‌ها، بررسی دقیق حرکت‌های مولکولی، خواص آلوستریک و کنفورماسیونی، شناسایی ویژگی کمپلکس‌های انتقال یون‌ها و مولکول‌ها، تاخوردگی و آپووشی پروتئین‌ها می‌پردازد [۷]. همچنین امکان کسب جزئیات ساختارهای سه‌بعدی پروتئین‌های به‌دست‌آمده با NMR و X-Ray، پیشگویی دقیق و یافتن ساختار سه‌بعدی پروتئین‌هایی که به دلیل محدودیت اندازه قابل بررسی با این روش‌ها نیستند، رفع کاستی‌های بین بانک اطلاعاتی توالی و بانک اطلاعاتی ساختار

سه‌بعدی پروتئین‌ها و بررسی پایداری ساختارها در اثر تغییرات داخلی یا خارجی را میسر می‌کند [۸، ۹]. بیماری آلزایمر AD (Alzheimer Disease)، شایع‌ترین نوع دمانس، یک اختلال عصبی پیشرونده است که از نظر پاتولوژی مانند بیماری‌های پارکینسون، هانتینگتون، بیماری‌های پریونی و دیابت نوع ۲، بر اثر تاخوردگی نادرست پروتئین ایجاد می‌شود [۱۰]. مغز بیمار آلزایمری از طریق: پلاک‌های پیری خارج نورونی، کلاف‌های نوروفیبریلاری داخل نورونی، القای فعالیت آپوپتوز و در نهایت آسیب به غشای نورون‌ها و مرگ نورون‌ها شناسایی می‌شود [۱۱-۱۴]. بروز AD در ۹۰٪ موارد به علت عوامل اسپورادیک است که ۱۵٪ بیماران در سن ۶۵ سالگی و بالاتر و ۴۵٪ در سن ۸۵ سالگی و بالاتر می‌باشند. در ۱۰٪ موارد آلزایمر به دلیل اختلال خانوادگی است که ۵۰٪ موارد ناشی از جهش در سه ژن پروتئین پیش‌ساز آمیلوئید بتا (APP)، پرسینیلین ۱ و پرسینیلین ۲ است و الگوی توارث به‌صورت اتوزومال غالب با سن شروع ابتلاء قبل از ۶۵ سالگی است [۱۵، ۱۶]. دانشمندان معتقد هستند که پلاک‌های پیری متشکل از پلی پپتید 4Kda شامل؛ پروتئین‌های پرسینیلین ۱، پرسینیلین ۲، آپو لیپوپروتئین E، آلفا یک آنتی کیمو تریپسین، آلفا دو ماکروگلوبین، یوبی کوئیتین و پپتید آمیلوئید بتا Aβ42، در بروز AD دخیل هستند که در نواحی نئوکورتکس و هیپوکمپ مغز در دیواره عروق خونی منتر و مغز یافت می‌شوند [۱۵، ۱۷-۱۸]. از آن‌جا که جزء اصلی این پلاک‌ها، پپتید آمیلوئید بتا (Aβ42) است، لذا بیشتر تحقیقات بر روی این پپتیدها و (APP) پروتئین پیش‌ساز آن‌ها متمرکز شده‌اند. APP در انسان به‌عنوان یک گلیکو پروتئین گذرنده از عرض غشاء به یک خانواده از پروتئین‌های تکمیلی و ساختاری، شامل APP، APLP1 (مشابه APP770) و APLP2 (مشابه APP695) تعلق دارد [۲۳-۱۹]. ژن hous keeping آن با پروموتری فاقد CAAT BOX و TATA BOX با ۱۸ اگزون و اندازه 240Kbp بر روی کروموزوم ۲۱ قرار دارد [۱۹]. با پیرایش متناوب اگزون هشتم APP770 mRNA ایزوفرم APP751 در سلول‌های غیرعصبی، پیرایش اگزون ۷ و ۸، APP695 در سلول‌های عصبی، پیرایش اگزون ۱۵ ایزوفرم L-APP در آستروسیت‌ها، میکروگلیا و لوکوسیت‌ها، حذف اگزون ۲ و ۷ و ۸ ایزوفرم APP639 در بافت جنینی و کبد بزرگسالان و با حذف اگزون ۷ ایزوفرم APP714 تولید می‌شود که APP770/APP751/APP695 در طی رشد و تکامل مغز با نسبت ۱:۱۰:۲۰ در کورتکس مغز بیان می‌شوند

عدم اطلاعات دقیق مولکولی در مورد نحوه عملکرد داروها، استفاده از شبیه‌سازی‌های رایانه‌ای برای درک جایگاه دقیق اتصال داروها و چگونگی تأثیر آن‌ها در طی برهم‌کنش با عامل هدف ضروری است. بر این اساس مدل‌سازی این پروتئین کلیدی به‌عنوان عامل هدف با استفاده از نرم‌افزار Designer Ascalaph و شبیه‌سازی آن هنگام مواجه شدن با نانو متورها به‌عنوان دارو در محیط آبی، با استفاده از نرم‌افزار Hyperchem در این مقاله به انجام رسیده است.

روش

۱-۱- انتخاب توالی پروتئین پیش‌ساز آمیلوئید بتا

این مطالعه از نوع مطالعه شبیه‌سازی رایانه‌ای بود. نخست توالی ژنتیکی ژن App در افراد سالم از طریق چندین پایگاه داده مانند: NCBI, Genome Euro بررسی و توالی پروتئینی APP695 انسانی ایزو فرم APP770 (با کد شناسایی P05067 در Uniport) از پایگاه داده NCBI با فرمت FAST A گرفته شد. سپس از ۵۰ موتاسیون گزارش شده در ژن App، ۲۷ جهش مرتبط با فنوتیپ آلزایمر بررسی و بعد از تطابق این جهش‌ها با نواحی اگزون‌های کد کننده پروتئین با بررسی ۱ جهش در اگزون ۱۲، ۳ جهش از ۶ جهش در اگزون ۱۶ و ۱۳ جهش از ۲۵ جهش گزارش شده در اگزون ۱۷ مرتبط با AD، با برآورد بیشترین موتاسیون missense در اگزون شماره ۱۷ دارای قسمت ترانس ممبرن (TM)، موتاسیون‌های این دمین TM دارای پپتید آمیلوئید بتا به همراه توالی نرمال این قسمت به عنوان کنترل انتخاب شدند که جزئیات این موتاسیون‌ها در جدول ۱ جمع‌بندی شده است.

[۲۳، ۱۹]. بیش از ۹۰٪ متابولیسم APP در مسیر non-amyloid genesis انجام می‌شود که در این مسیر آمیلوئید بتا (A β) تولید نمی‌شود. در ۱۰٪ مسیر amyloid genesis نیز بیش از ۹۰٪ قطعات A β 40 و ۱۰٪ قطعات A β 42 و A β 43 تولید می‌شوند که قطعات A β 42 بیشتر مستعد لیگومریزاسیون و بروز بیماری آلزایمر می‌باشند [۲۴، ۲۰]. تولید قطعات آمیلوئیدی در هر مغز نرمالی انجام و پاک‌سازی آن‌ها توسط آستروسیت‌ها و میکروگلیاهای اطراف نوروها صورت می‌گیرد [۲۰] اما مونومرهای A β 42 می‌توانند به دلایل ناشناخته با تغییر شکل فضایی از حالت ماریچ آلفا به صورت صفحات بتا، به اشکال بزرگ‌تری مانند لیگومرهای بزرگ، پروتوفیبریل‌ها و فیبریل‌ها تبدیل و از تجمع فیبریل‌ها به همراه سایر پروتئین‌ها پلاک‌های آمیلوئیدی تشکیل شود که لیگومرهای بزرگ و پروتوفیبریل‌ها بیشتر از پلاک‌ها برای نوروها سمی هستند و منجر به اختلال در سیناپس‌ها و مرگ نوروها می‌شوند [۲۵]. در سال‌های ۲۰۰۰-۲۰۱۰ علی‌رغم کاهش ۱۶٪، ۲۳٪ و ۸٪ نسبت مرگ‌ومیر ناشی از بیماری‌های قلبی، سکته مغزی و سرطان پروستات، نسبت فوت ناشی از AD، ۶۸٪ افزایش یافته بود [۲۶]. شیوع آلزایمر در ایران و جهان در حال افزایش است و این پدیده، نگرانی عمومی برای سلامت جامعه جهانی را به دنبال دارد. بدین جهت روش‌های جدید برای کنترل و درمان بیماری در حال بررسی است. از آنجا که اختلال در APP نقش مهمی در بروز بیماری آلزایمر دارد، لذا هدف قرار دادن موتانت‌های APP، پپتیدهای آمیلوئید بتا و فیبریل‌های A β استراتژی خوبی برای درمان و پیشگیری بیماری آلزایمر است. اما با توجه به عدم موفقیت کامل در درمان این بیماری ناشی از

جدول ۱: موتاسیون‌های گزارش شده ژن App در اگزون ۱۷ (APP770)

نوع جهش	موقعیت ژنومی	تغییر کدون	تغییر آمینواسید پروتئین	cDNA پیش‌بینی شده	ناحیه ژنومی	ناحیه پروتئین	فنوتیپ	میانگین سن شروع	میانگین سن مرگ
Point mutation	g.275305	CTC→GTC	Leu705Val p.L705V	c.2113 C→G	Exon 17	TM	AD	64 y	60.5y
Point mutation	g.275329	GCG→ACG	Ala713Thr p.A713T	c.2137 G→A	Exon 17	TM	AD	64.3y	33y
Point mutation	g.275332	ACA→GCA	Thr714Ala p.T714A	c.2140 A→G	Exon 17	TM	AD	50.2y	67y
Point mutation	g.275333	ACA→ATA	Thr714Ile p.T714Ile	c.2141 C→T	Exon 17	TM	AD	36.3y	42.5y
Point mutation	g.275335	GTG→ATG	Val715Met p.V715M	c.2143 G→A	Exon 17	TM	AD	47y	51y
Point mutation	g.275336	GTG→GCG	Val715Ala p.V715A	c.2144 T→C	Exon 17	TM	AD	45.3y	51y

جدول ۱: موتاسیون‌های گزارش شده زن App در اگزون ۱۷ (APP770) (ادامه)

Point mutation	g.275338 A→G	ATC→GTC	Ile716Val p.I716V	c.2146 A→G	Exon 17	TM	AD	53y	51y
Point mutation	g.275338 A→T	ATC→TTC	Ile716Phe p.I716F	c.2146 A→T	Exon 17	TM	AD	31y	33y
Point mutation	g.275339 T→C	ATC→ACC	Ile716Thr p.I716T	c.2147 T→C	Exon 17	TM	AD	36y	43y
Point mutation	g.275341 G→A	GTC→ATC	Val717Ile p.V717I	c.2149 G→A	Exon 17	TM	AD	51.8y	62.8
Point mutation	g.275341 G→C	GTC→CTC	Val717Leu p.V717L	c.2149 G→C	Exon 17	TM	AD	44.7y	52.8y
Point mutation	g.275341 G→T	GTC→TTC	Val717Phe p.V717F	c.2149 G→T	Exon 17	TM	AD	41.2y	50y
Point mutation	g.275342 T→G	GTC→GGC	Val717Gly P.V717G	c.2150 T→G	Exon 17	TM	AD	51y	51y
Point mutation	g.275360 T→C	CTG→CCG	Leu723Pro p.L723P	c.2168 T→C	Exon 17	TM	AD	50.5y	60y

APP695 (معادل آمینواسیدهای aa700-723 در APP770) با ۱۴ نوع موتانت آن مطابق جدول ۲ مورد هدف قرار گرفتند.

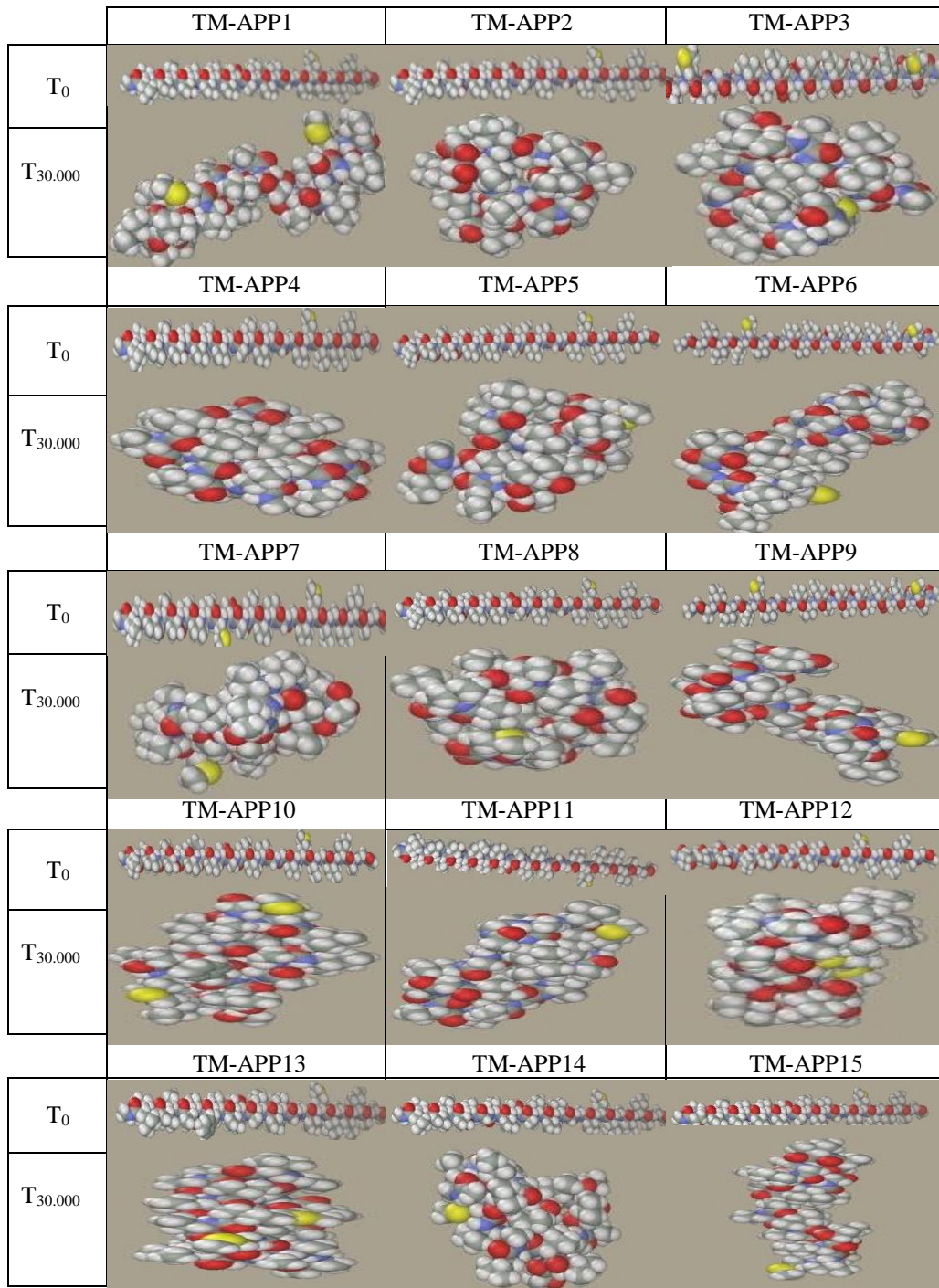
با تطابق جهش‌های گزارش شده و نواحی اگزون ۱۷ در APP695 با APP770، در نهایت توالی نرمال ۲۴ آمینواسیدی TM-APP1 دارای توالی Aβ شامل aa624-647: gaiiglmvggvviatvivitlvm

جدول ۲: توالی نرمال و ۱۴ نوع موتانت TM-APP در APP695

نوع پپتید	توالی آمینواسیدها	آمینواسید متغیر
TM-APP1	Gaiiglmvggvviatvivitlvm	Normal sequence
TM-APP2	Gaiigvmvggvviatvivitlvm	Leu ₆₂₉ → Val ₆₂₉
TM-APP3	Gaiiglmvggvvittvivitlvm	Thr ₆₃₇ → Ala ₆₃₇
TM-APP4	Gaiiglmvggvviaavivitlvm	Ala ₆₃₈ → Thr ₆₃₈
TM-APP5	Gaiiglmvggvviaivivitlvm	Ile ₆₃₈ → Thr ₆₃₈
TM-APP6	Gaiiglmvggvviataivitlvm	Ala ₆₃₈ → Val ₆₃₉
TM-APP7	Gaiiglmvggvviatmivitlvm	Met ₆₃₈ → Val ₆₃₉
TM-APP8	Gaiiglmvggvviatvvivitlvm	Ile ₆₄₀ → Val ₆₄₀
TM-APP9	Gaiiglmvggvviatvtvitlvm	Ile ₆₄₀ → Thr ₆₄₀
TM-APP10	Gaiiglmvggvviatvfitlvm	Ile ₆₄₀ → Phe ₆₄₀
TM-APP11	Gaiiglmvggvviatviiitlvm	Ile ₆₄₁ → Val ₆₄₁
TM-APP12	Gaiiglmvggvviatvilitlvm	Leu ₆₄₁ → Val ₆₄₁
TM-APP13	Gaiiglmvggvviatvifitlvm	Phe ₆₄₁ → Val ₆₄₁
TM-APP14	Gaiiglmvggvviatviglitlvm	Gly ₆₄₁ → Val ₆₄₁
TM-APP15	Gaiiglmvggvviatvivitlvm	Leu ₆₄₇ → Pro ₆₄₇

ثانیه (PS) ساختار سوم سنتز شد. با توجه به پایداری ساختار سوم ۱۵ مدل سنتز شده که در ادامه توضیح داده خواهد شد، از ۱۵ پپتید به عنوان هدف تحقیق استفاده شد که در شکل ۱ نشان داده شده‌اند.

۱-۲- سنتز و ارزیابی ساختار سوم از طریق مدل‌سازی ساختار خطی هر ۱۵ پپتید به ازای هر آمینواسید، در نرم‌افزار Ascalaph Designer تعریف شد و سرانجام در دمای ۳۱۰،۱۵ درجه کلون و pH خنثی در مدت زمان ۳۰،۰۰۰ پیکو



شکل ۱: ساختار خطی و سه بعدی ۱۵ پیپید TM-APP سنتز شده در زمان $t=0$ ، $t=30.000$ ps

CNTs با بررسی سطح انرژی نهایی آنها نسبت به سطح انرژی اولیه طی زمان ۳۰,۰۰۰ پیکو ثانیه با نرم افزار Ascalaph Designer مورد ارزیابی قرار گرفت. با پایدار بودن نانولوله‌ها، ترکیبات هایپرسین، دوپامین، رتینول و تانیک اسید و گروه‌های عاملی الکلی، آمینی، کربوکسیلی مؤثر در تغییر ساختار ۳ بعدی APP شناسایی و بررسی شدند که از این میان ترکیبات هایپرسین، رتینول و بیست الکل

۳-۱- سنتز و ارزیابی نانو موتورها

نخست برای سنتز نانو موتورها، نانو تیوب‌های کربنی (CNTs) در ابعاد $1 \times 1/2$ nm با استفاده از نرم‌افزار HyperChem نسخه ۸.۰.۱۰ محصولی از شرکت MakoLab بر روی لپ‌تاپ ASUS با CPU Core i5- 4200 U, 1.6 GHz ساخته شد. سپس میزان پایداری

کارلو، برای ارزیابی عملکرد هر کدام از نانو موتورها و ۱۵ پپتید، ۴ پارامتر اصلی انرژی آزاد (Free-Energy)، پتانسیل (Potential)، مجذور مربع اختلاف مقادیر (IRMSD) و انرژی بین‌مولکولی (Intermolecular Energy) از نرم‌افزار استخراج شد و نهایتاً در مجموع ۲۷۰ snapshot بررسی شد.

۱-۵- تست نانو موتورها با پپتیدهای سنتز شده

برای بررسی میزان تأثیر هر نانوموتور بر روی پپتید نرمال (کنترل) و پپتیدهای موتانت (نمونه بیمار)، مقدار عددی پارامترهای حاصل از برهم‌کنش ۳ نانوموتور و ۱۵ پپتید را جمع‌بندی و اختلاف تغییرات (Ratio change) هر پارامتر پپتید موتانت در بازه زمانی 0-30.000 ps نسبت به اختلاف تغییرات همان پارامتر در پپتید نرمال بر اساس فرمول زیر محاسبه شد.

$$\text{ratio change} = \frac{\Delta M}{\Delta N} = \left| \frac{(\alpha t_{30.000} - \alpha t_0)m}{(\alpha t_{30.000} - \alpha t_0)n} \right|$$

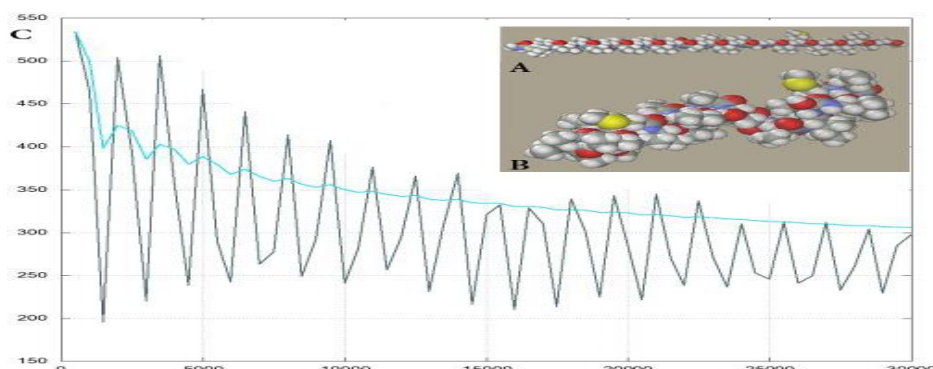
۱-۶- ارزیابی مدل‌سازی

برای ارزیابی صحت و کیفیت مدل‌های پپتیدی، با استفاده از داده‌های کمی گراف‌های انرژی آزاد (Free-Energy) حاصل از نرم‌افزار Ascalaph Designer در بازه زمانی 0-30.000 ps، انرژی اولیه ساختار خطی هر پپتید (t_0) با انرژی نهایی ساختار سوم آن (30.000) مطابق شکل ۲ مقایسه شد. سپس جمع‌آوری داده‌ها با توجه به گراف‌های انرژی طبق جدول ۳ نشان داد که ۱۵ پپتید تقریباً بعد از ۳۰,۰۰۰ پیکو ثانیه، منحنی انرژی ثابتی دارند. کاهش شیب نمودار هر پپتید دال بر پایدار شدن آن‌ها در طی فولدینگ و کسب ساختار سوم نسبت به پپتید اولیه بود. بنابراین قبل از افزودن نانوموتور ۱۵ پپتید دارای سطح انرژی کم و پایداری لازم بودند.

به‌عنوان چرخ‌های نانو موتور انتخاب و تک‌تک اتم‌های چرخ‌ها بر روی بدنه CNT قرار داده شدند. در نهایت ۳ نوع نانوموتور: بیست‌الکل، هایپرسینی، رتینولی یا ویتامین A سنتز و پارامترهای میدان‌های نیرو (Force Feilds) و توپولوژی با پارامترهای پیش‌فرض AMBER بررسی گردید. همچنین مدل آب TIP3P با یک جعبه مکعب (۱۲ Å) برای حلال پوشی تمام ساختارها مورد استفاده قرار گرفت تا پپتیدها به انفورماسیون پایدار در محیط آبی برسند. بعد از سنتز برای ارزیابی عملکرد، سرعت حرکت نانو موتور با در نظر گرفتن سرعت چرخش دورانی نانو موتور بر اساس گراف‌های پتانسیل به‌دست‌آمده از هر ۳ نوع نانوموتور با نرم‌افزار Designer Ascalaph و سرعت حرکت خطی نانوموتور هنگام برهم‌کنش با پپتید، بر اساس فاصله اتم‌های سولفید هر پپتید محاسبه شد.

۱-۴- شبیه‌سازی دینامیک مولکولی و جابه‌جایی نانو موتورها

با استفاده از نرم‌افزار Ascalaph Designer برای برهم‌کنش هر کدام از ۳ نانو موتور با حداقل ۱۴۰ اتم (بدنه نانو موتورها شامل ۱۰۰ اتم کربن) با هر یک از ۱۵ پپتید سنتز شده (تقریباً دارای ۳۷۰ اتم)، فاصله قطع برهم‌کنش‌های الکترواستاتیک ۱۲ Å و واندروالسی بین ۱۴-۱۲ Å در نظر گرفته شد. پس از به حداقل رساندن انرژی سیستم، شبیه‌سازی MD به‌طور جداگانه برای ۳۰,۰۰۰ پیکوثانیه در NVT با ۳۱۰ درجه کلوین و فشار ۱/۰ اتمسفر انجام و درجه حرارت با استفاده از یک ترموستات لانگوین تنظیم و با مقیاس‌بندی مرتبه‌ای ایزوتروپیک ثابت نگه داشته شد. در نهایت ۴۵ مدل از ساختار نهایی نانوموتور و پپتید در بازه زمانی 0-30.000 ps به دست آمد. در پایان این شبیه‌سازی بر پایه مولکولار دینامیک و مونت



شکل ۲: توالی نرمال پروتئین پیش‌ساز آمیلوئید بتا (TM-APP1): (A) ساختار اولیه (T=0 ps)، (B) ساختار نهایی (T=30.000 ps)، (C) گراف انرژی آزاد (kcal / mol)

جدول ۴: مقایسه پارامتر انرژی ساختار خطی و سه بعدی پیپتیدهای سنتز شده TM-APP

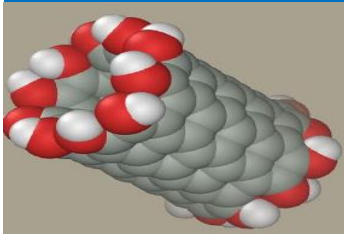
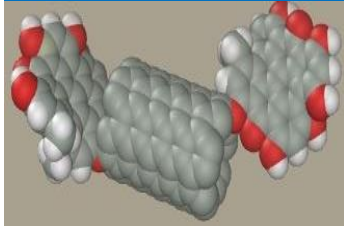
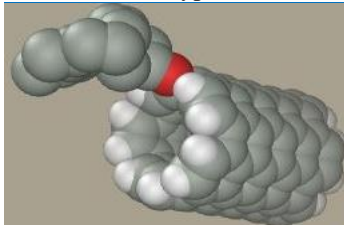
APP	سطح اولیه انرژی (kcal/mol)	سطح پایانی انرژی (kcal/mol)	ΔE
TM-APP1	۵۵۰	۳۰۰	۲۵۰
TM-APP2	۵۵۰	۳۰۰	۲۵۰
TM-APP3	۶۵۰	۳۰۰	۳۵۰
TM-APP4	۶۵۰	۳۲۰	۳۳۰
TM-APP5	۵۷۰	۳۵۰	۲۲۰
TM-APP6	۵۵۰	۳۳۰	۲۲۰
TM-APP7	۵۵۰	۳۰۰	۲۵۰
TM-APP8	۵۵۰	۳۰۰	۲۵۰
TM-APP9	۵۰۰	۲۵۰	۲۵۰
TM-APP10	۶۰۰	۳۰۰	۳۰۰
TM-APP11	۶۰۰	۳۴۰	۲۶۰
TM-APP12	۶۵۰	۲۸۰	۳۷۰
TM-APP13	۶۲۰	۳۲۰	۳۰۰
TM-APP14	۶۵۰	۳۰۰	۳۵۰
TM-APP15	۶۵۰	۳۵۰	۳۰۰

۷-۱- ارزیابی نانوموتورهای سنتز شده

دورانی نانوموتور قبل از مجاورت با پیپتید و سرعت حرکت خطی نانوموتور بعد از مجاورت پیپتید، ارزیابی و نتایج حاصل در جدول ۴ تنظیم شد.

با سنتز نانو تیوب‌های کربنی به وسیله نرم‌افزار Hyperchem، عملکرد هر نانوموتور در نرم‌افزار Ascalaph Designer با محاسبه سرعت چرخش

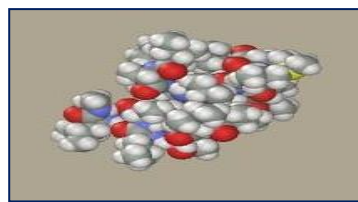
جدول ۴: مشخصات فیزیکی و شیمیایی نانوموتورها

تصویر نانوموتور	سایز تقریبی	سرعت چرخش دورانی rate per second	سرعت حرکت خطی Angstrom per second	تعداد اتم	فرمول چرخ‌ها
	2×1 nm	6×10^8	300×10^8	۱۴۰	OH
	3.5×1 nm	7×10^8	100×10^8	۱۵۴	C ₃₀ H ₁₆ O ₈
	2.5×1 nm	6.6×10^8	150×10^8	۱۵۱	C ₂₀ H ₃₀ O ₁

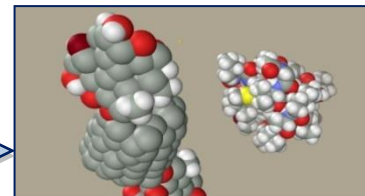
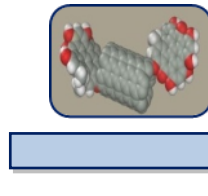
۸-۱- برهم‌کنش نانوموتورها و پپتیدهای سنتز شده

در طول شبیه‌سازی MD در محیط آبی فاصله بین دو اتم بارز هر پپتید (اتم‌های سولفیدی زرد رنگ) و فاصله چند آنگسترومی دو اتم منتخب از نانوموتور و پپتید بر اثر دور یا نزدیک شدن نانوموتور تغییر می‌کند و این تأثیر نانوموتور را بر تغییر ساختار پپتید در طی ۳۰,۰۰۰ ps نشان می‌دهد. در واقع با استفاده از این شبیه‌سازی، امکان بررسی تغییرات هندسی پپتیدها در طی برهم‌کنش با نانوموتورها ناشی از تغییرات انرژی به خصوص انرژی بین مولکولی نانوموتور و پپتید در طی گام‌های مختلف میسر شد. در پایان شبیه‌سازی ۴ پارامتر؛ انرژی بین مولکولی (ناشی از نیروهای دوقطبی- دوقطبی، پیوندهای هیدروژنی و نیروهای لاندون)، انرژی پتانسیل و مجذور مربع اختلاف مقادیر (RMSD) برای کاهش نوسانات زیادی هر متغیر و انرژی

آزاد به عنوان یکی از مهم‌ترین پارامترهای اتصال نانوموتور به پروتئین (ΔG_{bind}) که به انرژی آزاد برهم‌کنش بین ۲ مولکول نانوموتور و پروتئین (ΔG_{inter}) + تغییرات انرژی درونی هر دو مولکول نانوموتور و پروتئین ($\Delta G_{intra;S} + \Delta G_{intra;L}$) انرژی آزاد حلال با نانوموتور و پروتئین ($\Delta G_{solv;L} + \Delta G_{solv;S}$) وابسته است، محاسبه شد. بنابراین با استفاده از پارامترهای اساسی در این شبیه‌سازی تقریب‌هایی از برخی نیروها را که نزدیک به واقعیت است، به دست آوردیم و در مجموع ۱۸۰ گراف و ۹۰ تصویر به دست آمده از ۳ نانوموتور و ۱۵ پپتید همانند شکل‌های ۳-۵ برای ارزیابی میزان تأثیر هر نانوموتور بر روی هر پپتید، بررسی شد.



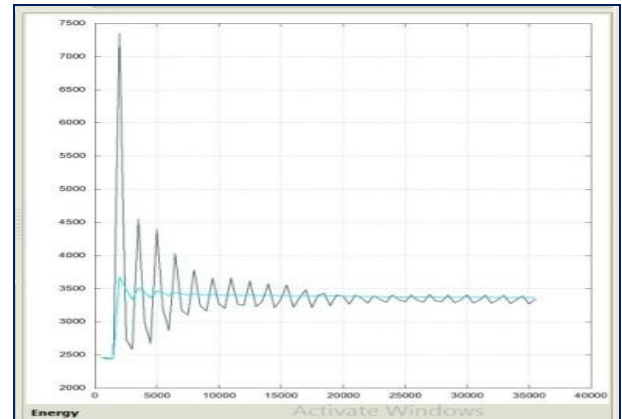
(الف)



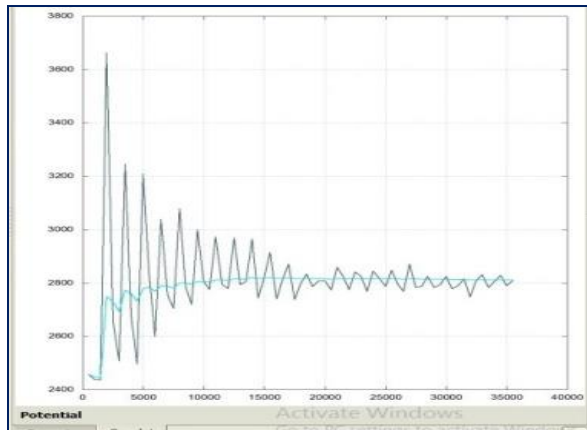
(ب)



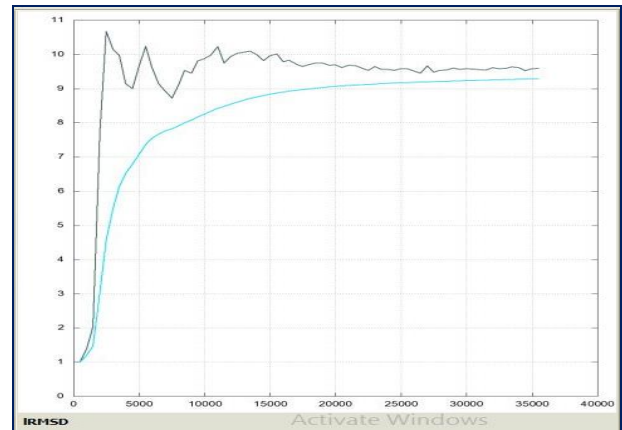
(ج)



(د)

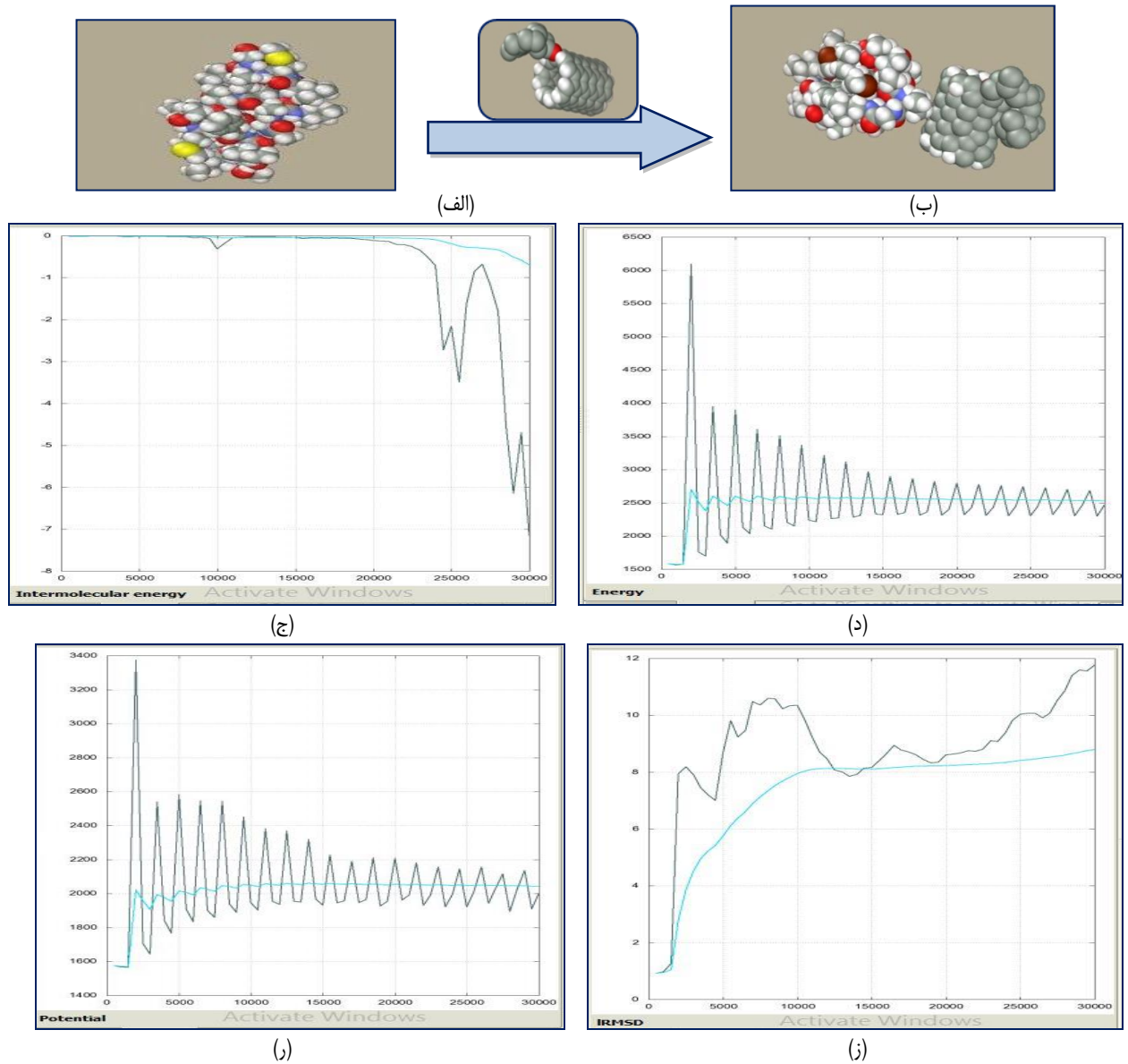


(ز)

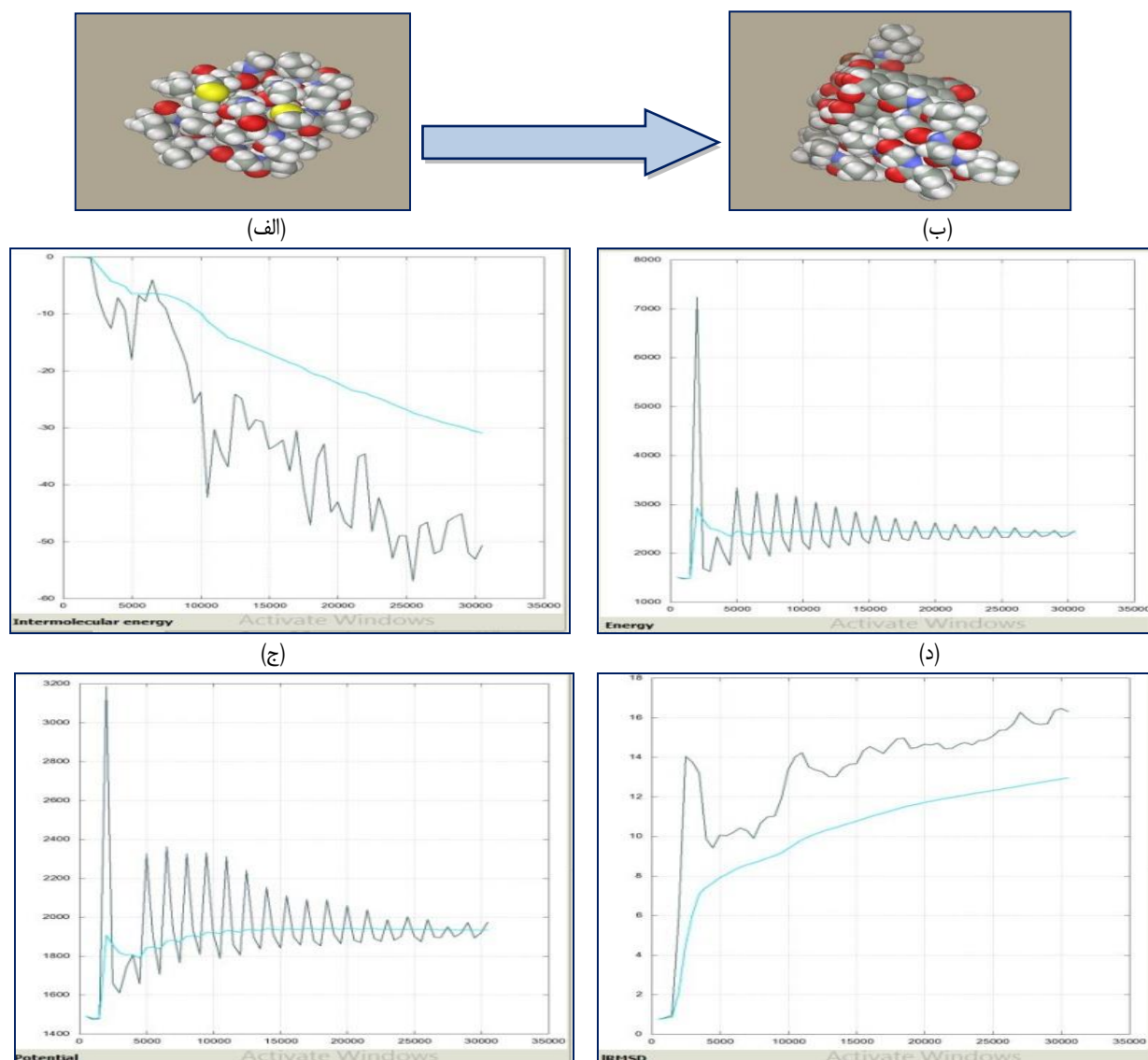


(ز)

شکل ۳: برهم‌کنش نانوموتور هایپرسینی و پپتید جهش یافته نوع ۴ (TM-APP5) در 0-30,000 ps. (الف) ساختار نانوموتور و پپتید در T = 0 ps (ب) ساختار نانوموتور و پپتید در T = 30,000 ps (ج) انرژی بین مولکولی (د) انرژی آزاد (ز) پتانسیل (ز) irmsd



شکل ۴: برهم‌کنش نانوموتور رتینولی و پپتید موتانت نوع ۹ (TM-APP10) در 0-30.000 ps. (الف) ساختار نانوموتور و پپتید در $T = 0$ ps (ب) ساختار نانوموتور و پپتید در زمان $T = 30.000$ ps (ج) انرژی بین مولکولی (د) انرژی آزاد (ه) پتانسیل (ز) irmsd



شکل ۵: برهم‌کنش نانوموتور بیست الکل و پپتید موتانت نوع ۳ (TM-APP4) در $T = 0$ ps تا $T = 30.000$ ps. (الف) ساختار نانوموتور و پپتید در $T = 0$ ps (ب) ساختار نانوموتور و پپتید در $T = 30.000$ ps (ج) انرژی بین مولکولی (د) انرژی آزاد (ر) پتانسیل (ز) irmsd

نتایج

نتایج محاسبات ratio change حاصل از برهم‌کنش‌های ۳ نانوموتور و ۱۵ پپتید که در قالب جدول‌های ۱۷-۵ جمع‌بندی شده‌اند، نشان می‌دهد که در این مطالعه با توجه به در نظر گرفتن پارامترهای اصلی؛ تغییرات انرژی آزاد، پتانسیل، irmsd و انرژی بین مولکولی هر نانوموتور بر روی پپتیدی متفاوت مؤثر واقع بوده است. در جدول‌های ۵-۸ که داده‌های ratio change حاصل از این ۴ پارامتر را به ازای نانوموتور هایپرسانی و ۱۵ پپتید نشان می‌دهد، به ازای نانوموتور هایپرسانی و TM-APP5 (پپتید جهش یافته نوع ۴)، انرژی آزاد، پتانسیل، irmsd دارای مقادیر بیشتر از یک می‌باشند و

در نهایت برای ارزیابی عملکرد نانوموتورها، صرف نظر از افزایش یا کاهش پارامترها، اختلاف تغییرات هر ۴ پارامتری که در پپتید موتانت نسبت به اختلاف تغییرات همان پارامتر در پپتید نرمال طی T_0 -30.000 ps به ازای هر پپتید و هر نانوموتور محاسبه شده بود، مقایسه شد. به این ترتیب تنها در صورتی که نتیجه نسبت تغییرات، بزرگتر از ۱ می‌شد، بدین معنا بود که آن نانوموتور بر روی پپتید موتانت اثر بیشتری نسبت به پپتید نرمال داشته است. بر همین اساس با محاسبه نسبت تغییرات و بررسی داده‌های حاصل، عملکرد ۳ نانوموتور سنجیده و مقایسه برای تعیین بهترین عملکرد انجام شد.

آن که ratio change پارامتر انرژی بین مولکولی به ازای آن $31/81$ برابر بیشتر از نوع نرمال آن (TM-APP1) است. با بررسی جداول $13-16$ نیز که داده‌های ratio change این 4 پارامتر به ازای نانوموتور بیست الکه و 15 پپتید را نشان می‌دهد، مشخص شد که این ناموتور بر روی TM-APP4 (پپتید جهش یافته نوع 3) تأثیر گذارتر از سایر پپتیدها است.

پارامتر مهم انرژی بین مولکولی، 8 برابر انرژی بین مولکولی این نانوموتور و پپتید سالم است. به علاوه از جدول‌های $9-12$ که داده‌های ratio change حاصل از این پارامترها به ازای نانوموتور رتینولی و 15 پپتید جمع‌بندی شده‌اند، استنتاج شد که با توجه به تغییرات irmsd ، انرژی و مقدار تغییرات انرژی بین مولکولی، نانوموتور رتینولی (ویتامین A) بر روی TM-APP10 (پپتید جهش یافته نوع 9) اثر بیشتری دارد، به ویژه

جدول 6: مقدار تغییرات irmsd سکانس‌های نرمال و موتانت پپتید TM-APP بعد از مواجهه با Nanomotor Hypercini ابتدا و انتهای شبیه‌سازی

	T ₀	T ₃₀₀₀₀	ΔT	Ratio change
APP 1	1	9	8	1
APP 2	1	9/5	8/5	1/0.625
APP 3	1	6	5	0/625
APP 4	1	5	4	0/5
APP 5	1	9/3	8/3	1/0.37
APP 6	1	9	8	1
APP 7	1	6/8	5/8	0/725
APP 8	1	9	8	1
APP 9	1	8/5	7/5	0/937
APP 10	1	7/5	6/5	0/812
APP 11	1	6	5	0/625
APP 12	1	6	5	0/625
APP 13	1	6/5	5/5	0/687
APP 14	1	7/5	6/5	0/812
APP 15	1	8/5	7/5	0/937

جدول 5: مقدار تغییرات انرژی در سکانس‌های نرمال و موتانت پپتید TM-APP بعد از مواجهه با Nanomotor Hypercini ابتدا و انتهای شبیه‌سازی

	T ₀	T ₃₀₀₀₀	ΔT	Ratio change
APP 1	2200	3000	800	1
APP 2	2300	3100	800	1
APP 3	2300	3200	900	1/1
APP 4	2000	2850	850	1
APP 5	2500	3400	900	1/1
APP 6	2400	3400	1000	1/2
APP 7	2300	3050	750	0/9
APP 8	2700	3200	500	0/6
APP 9	2300	3300	1000	1/25
APP 10	2400	3400	1000	1/25
APP 11	2400	3300	700	0/8
APP 12	2450	3200	750	0/9
APP 13	2500	3400	900	1/1
APP 14	2000	3000	1000	1/2
APP 15	2300	3300	1000	1/2

جدول 8: تغییرات انرژی بین مولکولی سکانس‌های نرمال و موتانت پپتید TM-APP بعد از مواجهه با Nanomotor Hypercini در طول شبیه‌سازی

	T ₀	T ₃₀₀₀₀	ΔT	change Ratio
APP 1	0/01	0/005	0/005	1
APP 2	0/005	0/008	0/003	0/6
APP 3	0/0043	0/004	0/001	0/2
APP 4	0/0045	0/0065	0/020	4
APP 5	0/0045	0/005	0/04	8
APP 6	0/004	0/0039	0/0005	0/1
APP 7	0/005	0/011	0/006	1/2
APP 8	0/004	0/0043	0/0003	0/6
APP 9	0/004	0/005	0/0006	0/12
APP 10	0/004	0/0047	0/0001	0/2
APP 11	0/004	0/0041	0/0006	0/12
APP 12	0/003	0/0043	0/0008	0/16
APP 13	0/003	0/0045	0/001	0/2
APP 14	0/004	0/0043	0/0004	0/8
APP 15	0/003	0/0042	0/0004	0/8

جدول 7: مقدار تغییرات پتانسیل سکانس‌های نرمال و موتانت پپتید TM-APP بعد از مواجهه با Nanomotor Hypercini در طول شبیه‌سازی

	T ₀	T ₃₀₀₀₀	ΔT	Ratio change
APP 1	2200	2500	300	1
APP 2	2250	2600	350	1/1
APP 3	2250	2700	450	1/5
APP 4	2050	2350	300	1
APP 5	2450	2800	350	1/1
APP 6	2400	2800	400	1/3
APP 7	2350	2550	200	0/6
APP 8	2700	2800	100	0/3
APP 9	2200	2750	550	1/8
APP 10	2350	2800	450	1/5
APP 11	2400	2700	300	1
APP 12	2450	2600	150	0/5
APP 13	2400	2700	300	1
APP 14	1950	2400	450	1/2
APP 15	2300	2700	400	1/3

جدول ۹: مقدار تغییرات انرژی سکانس‌های نرمال و موتانت TM-APP بعد از مواجهه با Nanomotor retinol ابتدا و انتهای شبیه‌سازی

	T ₀	T ₃₀₀₀₀	ΔT	Ratio change		T ₀	T ₃₀₀₀₀	ΔT	Ratio change
APP 1	۱	۹/۵	۸/۵	۱	APP 1	۱۸۰۰	۲۷۰۰	۹۰۰	۱
APP 2	۱	۷/۵	۶/۵	-۰/۷	APP 2	۱۴۰۰	۲۳۰۰	۹۰۰	۱
APP 3	۱	۸	۷	-۰/۸	APP 3	۱۶۰۰	۲۴۰۰	۸۰۰	-۰/۸
APP 4	۱	۷	۶	-۰/۷	APP 4	۱۵۰۰	۲۴۰۰	۹۰۰	۱
APP 5	۱	۹	۸	-۰/۹	APP 5	۱۷۰۰	۲۶۰۰	۹۰۰	۱
APP 6	۱	۸/۵	۷/۵	-۰/۸	APP 6	۱۷۰۰	۲۷۰۰	۱۰۰۰	۱/۱
APP 7	-۰/۸	۷/۶	۶/۸	-۰/۷	APP 7	۱۵۰۰	۲۵۰۰	۱۰۰۰	۱/۱
APP 8	۱	۹	۸	-۰/۹	APP 8	۱۵۰۰	۲۳۰۰	۸۰۰	-۰/۸
APP 9	-۰/۸	۸	۷/۲	-۰/۸	APP 9	۱۵۰۰	۲۵۰۰	۱۰۰۰	۱/۱
APP 10	۱	۸/۸	۷/۸	-۰/۹	APP 10	۱۵۰۰	۲۵۰۰	۱۰۰۰	۱/۱
APP 11	۱	۸/۶	۷/۶	-۰/۸	APP 11	۱۶۰۰	۲۵۰۰	۹۰۰	۱
APP 12	۱	۹/۵	۸/۵	۱	APP 12	۱۸۰۰	۲۷۰۰	۹۰۰	۱
APP 13	۱	۸	۷	-۰/۸	APP 13	۱۵۰۰	۲۵۰۰	۱۰۰۰	۱/۱
APP 14	۱	۷	۶	-۰/۷	APP 14	۱۵۰۰	۲۴۰۰	۹۰۰	۱
APP 15	۱	۸	۷	-۰/۸	APP 15	۱۷۰۰	۲۷۰۰	۱۰۰۰	۱/۱

جدول ۱۱: مقدار تغییرات پتانسیل سکانس‌های نرمال و موتانت TM-APP بعد از مواجهه با Nanomotor retinol در ابتدا و انتهای شبیه‌سازی

	T ₀	T ₃₀₀₀₀	ΔT	Ratio change		T ₀	T ₃₀₀₀₀	ΔT	Ratio change
APP 1	-۰/۰۴	-۰/۰۱۸	-۰/۰۲۲	۱	APP 1	۱۸۵۰	۲۲۵۰	۴۰۰	۱
APP 2	-۰/۰۰۹	-۰/۰۱۴	-۰/۰۰۵	-۰/۲۲	APP 2	۱۴۰۰	۱۸۵۰	۴۵۰	۱/۱
APP 3	-۰/۰۱	-۰/۰۰۴	-۰/۰۰۹۶	-۰/۴۳	APP 3	۱۶۰۰	۱۹۰۰	۳۰۰	-۰/۷۵
APP 4	-۰/۰۱	-۰/۰۲	-۰/۰۱	-۰/۴۵	APP 4	۱۵۰۰	۱۹۰۰	۴۰۰	۱
APP 5	۰	-۰/۴	-۰/۴	۱۸/۱	APP 5	۱۷۰۰	۲۷۰۰	۴۰۰	۱
APP 6	-۰/۰۰۹	-۰/۰۰۷۸	-۰/۰۰۱۷	-۰/۰۷۷	APP 6	۱۷۰۰	۲۳۰۰	۵۰۰	۱/۲
APP 7	-۰/۰۱۲	-۰/۰۱	-۰/۰۰۲	-۰/۰۹۰	APP 7	۱۵۰۰	۲۰۵۰	۵۵۰	۱/۳
APP 8	-۰/۰۱	-۰/۰۰۹۵	-۰/۰۰۰۵	-۰/۰۲۲	APP 8	۱۵۰۰	۱۸۰۰	۳۰۰	-۰/۷
APP 9	-۰/۰۱	-۰/۰۱۲۵	-۰/۰۰۲۵	-۰/۱	APP 9	۱۵۵۰	۲۰۵۰	۵۰۰	۱/۲
APP 10	۰	-۰/۷	-۰/۷	۳۱/۸	APP 10	۱۶۰۰	۲۱۰۰	۵۰۰	۱/۲
APP 11	-۰/۰۱	-۰/۰۱	-۰/۰۰۱۲	-۰/۰۵	APP 11	۱۶۵۰	۲۰۵۰	۴۰۰	۱
APP 12	-۰/۰۰۸	-۰/۰۱۳۵	-۰/۰۰۵۵	-۰/۲۵	APP 12	۱۷۰۰	۲۳۰۰	۶۰۰	۱/۵
APP 13	-۰/۰۰۸	-۰/۰۱۲	-۰/۰۰۴	-۰/۱۸	APP 13	۱۶۰۰	۲۰۰۰	۴۰۰	۱
APP 14	-۰/۰۱	-۰/۰۱۵	-۰/۰۰۵	-۰/۲۲	APP 14	۱۵۰۰	۱۹۵۰	۴۵۰	۱/۱
APP 15	-۰/۰۰۶۵	-۰/۰۰۹۴	-۰/۰۰۲۹	-۰/۱۳	APP 15	۱۸۰۰	۲۲۵۰	۴۵۰	۱/۱

جدول ۱۲: مقدار تغییرات انرژی بین مولکولی سکانس‌های نرمال و موتانت TM-APP بعد از مواجهه با Nanomotor retinol در ابتدا و انتهای شبیه‌سازی

جدول ۱۴: مقدار تغییرات *irmsd* سکانس‌های نرمال و موتانت *TM-APP* بعد از مواجهه با *Nanomotor 20-Oh* ابتدا و انتهای شبیه‌سازی

	T ₀	T ₃₀₀₀₀	ΔT	Ratio change
APP 1	۱	۱۴/۵	۱۳/۵	۱
APP 2	۱	۸	۷	۰/۵
APP 3	۱	۷	۶	۰/۴
APP 4	۱	۱۳	۱۲	۰/۸
APP 5	۱	۹	۸	۰/۶
APP 6	۱	۹/۵	۸/۵	۰/۶
APP 7	۱	۱۱	۱۰	۰/۷
APP 8	۱	۱۱	۱۰	۰/۷
APP 9	۱	۱۰	۹	۰/۶
APP 10	۱	۱۲	۱۱	۰/۸
APP 11	۱	۱۳	۱۲	۰/۸
APP 12	۱	۹	۸	۰/۶
APP 13	۱	۱۰	۹	۰/۶
APP 14	۱	۱۰	۹	۰/۶
APP 15	۱	۱۱	۱۰	۰/۷

جدول ۱۳: مقدار تغییرات انرژی در سکانس‌های نرمال و موتانت *TM-APP* بعد از مواجهه با *Nanomotor 20-Oh* در ابتدا و انتهای شبیه‌سازی

	T ₀	T ₃₀₀₀₀	ΔT	Ratio change
APP 1	۱۷۰۰	۲۵۰۰	۸۰۰	۱
APP 2	۱۹۰۰	۲۹۰۰	۱۰۰۰	۱/۲
APP 3	۱۶۰۰	۲۶۰۰	۱۰۰۰	۱/۲
APP 4	۱۵۰۰	۲۵۰۰	۱۰۰۰	۱/۲
APP 5	۱۶۰۰	۲۶۰۰	۱۰۰۰	۱/۲
APP 6	۱۶۵۰	۲۶۰۰	۹۵۰	۱/۱
APP 7	۱۹۰۰	۲۹۰۰	۱۰۰۰	۱/۲
APP 8	۱۵۰۰	۲۵۰۰	۱۰۰۰	۱/۲
APP 9	۲۴۰۰	۱۴۰۰	۱۰۰۰	۱/۲
APP 10	۱۸۰۰	۲۷۰۰	۹۰۰	۰/۹
APP 11	۱۷۰۰	۲۷۰۰	۱۰۰۰	۱/۲
APP 12	۱۶۰۰	۲۵۰۰	۹۰۰	۰/۹
APP 13	۱۹۰۰	۲۹۰۰	۱۰۰۰	۱/۲
APP 14	۱۳۰۰	۲۲۰۰	۹۰۰	۰/۹
APP 15	۱۴۰۰	۲۵۰۰	۱۱۰۰	۱/۳

جدول ۱۶: مقدار تغییرات انرژی بین مولکولی سکانس‌های نرمال و موتانت *TM-APP* بعد از مواجهه با *Nanomotor 20-Oh* ابتدا و انتهای شبیه‌سازی

	T ₀	T ₃₀₀₀₀	ΔT	Ratio change
APP 1	۰	۱۹	۱۹	۱
APP 2	۰	۰/۲	۰/۲	۰/۰۱
APP 3	۰	۲	۲	۰/۱
APP 4	۰	۳۰	۳۰	۱/۵
APP 5	۰	۶	۶	۰/۳
APP 6	۰	۳	۳	۰/۱
APP 7	۰	۹	۹	۰/۴
APP 8	۰	۱۶/۵	۱۶/۵	۰/۸
APP 9	۰	۱۳/۵	۱۳/۵	۰/۷
APP 10	۰	۱۷	۱۷	۰/۹
APP 11	۰	۳۰	۳۰	۱/۵
APP 12	۰	۱۱	۱۱	۰/۵
APP 13	۰	۸	۸	۰/۴
APP 14	۰	۱۸	۱۸	۰/۹
APP 15	۰	۲/۱	۲/۱	۰/۱

جدول ۱۵: مقدار تغییرات پتانسیل سکانس‌های نرمال و موتانت *TM-APP* بعد از مواجهه با *Nanomotor 20-Oh* ابتدا و انتهای شبیه‌سازی

	T ₀	T ₃₀₀₀₀	ΔT	Ratio change
APP 1	۱۶۵۰	۲۱۰۰	۴۵۰	۱
APP 2	۱۷۰۰	۲۳۰۰	۶۰۰	۱/۳
APP 3	۱۶۰۰	۲۱۰۰	۵۰۰	۱/۱۱
APP 4	۱۴۵۰	۱۹۵۰	۵۰۰	۱/۱۱
APP 5	۱۶۰۰	۲۰۵۰	۴۵۰	۱
APP 6	۱۶۵۰	۲۱۵۰	۵۰۰	۱/۱۱
APP 7	۱۸۵۰	۲۳۰۰	۴۵۰	۱
APP 8	۱۵۰۰	۱۹۰۰	۴۰۰	۰/۸
APP 9	۱۳۵۰	۱۸۵۰	۵۰۰	۱/۱۱
APP 10	۱۸۰۰	۲۳۰۰	۵۰۰	۱/۱۱
APP 11	۱۶۰۰	۲۰۰۰	۴۰۰	۰/۸
APP 12	۱۵۵۰	۲۰۵۰	۵۰۰	۱/۱۱
APP 13	۱۷۵۰	۲۳۰۰	۵۵۰	۱/۲
APP 14	۱۷۰۰	۲۲۰۰	۵۰۰	۱/۱۱
APP 15	۱۶۰۰	۲۰۵۰	۴۵۰	۱

بحث و نتیجه‌گیری

در بیماری آلزایمر (*AD*) مسیرهای عصبی کولینرژیک تخریب می‌شود و به دنبال آن استیل کولین مغز کاهش می‌یابد. به همین دلیل از داروهای کولینرژیک جهت درمان اختلالات شناختی استفاده می‌شود. مهارکننده‌های استیل کولین مانند؛ تاکرین، دونپیزیل، گالاتامین، ریواستیگمین، فیزوستیگمین، متریفونات و اپتاستیگمین بهبود تقریباً ۵٪ در درمان بیماری ایجاد می‌کنند. داروهای ضد افسردگی و ضد اضطراب نیز در بهبود اختلالات رفتاری بیمار آلزایمری می‌توانند مفید باشند اما

اکثر داروهای موجود تنها به عنوان مسکن عمل می‌کنند و نقش مؤثری در درمان نداشته‌اند [۲۷]. با این که هر گامی با هدف قرار دادن پروتئین *tau* یا با تداخل در روند تجمع پپتید-های آمیلوئید بتا و پاک‌سازی فیبریل‌های آمیلوئیدی، یک راهکار درمان برای جلوگیری یا به تأخیر انداختن شروع *AD* محسوب می‌شود، اما تاکنون با وجود تعداد بازدارنده‌ها، واکسن‌ها و ترکیبات مورد آزمایش تمامی آن‌ها برای کاهش سرعت پیشرفت *AD* اثری و اکتسابی ناموفق بوده‌اند. دانشمندان بر این باور هستند که داروهای فعلی فاقد اختصاصیت و تمایل اتصال بهینه به الیگومرهای سمی *Aβ42*

لوودوپا، دوپامین، کامپفرول، پرفنازین و فتالوسیانین و ... بر روی مهار تجمع الیگومرهای آمیلوئید بتا نشان داده شده است [۳۱-۳۳]. همان‌طور که Bramanti و همکاران با استفاده از روش FTIR به همراه تکنیک فلورسنس تیوفلاوین (Th T) T، با اندازه‌گیری‌های فلئورسنس نشان دادند که هایپرسین با دوز مشخصی با کنفورماسیون‌های β - Sheet الیگومرهای $A\beta$ برهم‌کنش می‌دهد و مانع از تشکیل فیبریل‌ها می‌گردد. ضمن این‌که با استنباط نتایج FTIR بیان کردند، از آنجاکه در فرآیند تجمع بخشی از الیگومرهای $A\beta$ (دایمرها، تریمرها و تترامرها) افزایش می‌یابند، بنابراین دوزهای β - Sheet افزایش یافته و در نتیجه تعداد جایگاه‌های اتصال هایپرسین نیز بیشتر خواهد شد. بنابراین می‌توان از هایپرسین به عنوان مهارکننده تشکیل الیگومرهای بزرگتر و در نهایت تشکیل فیبریل‌ها استفاده کرد [۳۴].

در این مطالعه نیز که از شبیه‌سازی رایانه‌ای برای ارزیابی ساختار پپتیدهای آمیلوئید که شامل انواع موتانت و نرمال بود، هنگام مواجه شدن با چند نوع نانوموتور به عنوان دارو استفاده شد، نخست توالی ژنتیکی ژن app در افراد سالم از طریق چندین پایگاه داده مانند: NCBI، GenomeEuro بررسی و توالی پروتئینی APP695 انسانی ایزوفرم APP770 (با کد شناسایی P05067 در Uniport) از پایگاه داده NCBI با فرمت FASTA گرفته شد. سپس ۱۴ موتاسیون دمین ترانس ممبرن (TM)، دارای پپتید آمیلوئید بتا به همراه توالی نرمال این قسمت به عنوان کنترل انتخاب شدند و سنتز ساختار ۳ بعدی ۱۴ پپتید با طول ۲۴ آمینو اسید (TM-APP) در بیماران مبتلا به آلزایمر و توالی افراد سالم، در نرم‌افزار Ascalaph Designer انجام و ۱۵ پپتید به عنوان هدف انتخاب شدند. ضمن این‌که به طور جالب توجهی مشاهده شد که پپتیدهای سنتز شده تنها در دمای ۳۱۰،۱۵ درجه کلوین معادل دمای بدن انسان، به ساختار ۳ بعدی پایدار خواهند رسید و به عنوان عامل هدف می‌توانند مورد استفاده قرار گیرند. سپس سنتز نانو موتورها توسط نرم‌افزار Hyper Chem با نسخه ۱۰، ۰۸ محصولی از شرکت MakoLab بر روی لپ‌تاپ Asus با CPU Core i5- 4200 U، 1.6 GHz انجام شد و بعد از بررسی پایداری آن‌ها در نرم‌افزار Ascalaph، تک‌به‌تک اتم‌های چرخ‌ها بر روی بدنه CNT (نانو تیوب‌های کربنی) قرار داده شد. در نهایت ۳ نوع نانو موتور سنتز و پارامترهای میدان نیرو و توپولوژی، با پارامترهای پیش‌فرض AMBER بررسی شد. همچنین مدل آب

و فیبریل‌ها و قطعات حاصل از آن‌ها هستند. با وجود مطالعات آزمایشگاهی گسترده نیز محققان تاکنون به درک کاملی از چگونگی تشکیل هسته و سنتز سریع فیبریل‌های آمیلوئیدی دست نیافته‌اند و اطلاعاتی در مورد جزئیات این‌که چگونه بعضی از ترکیبات و مهارکننده‌ها در محیط کشت سلول‌های آلوده به الیگومرها، منجر به کاهش تشکیل فیبریل‌ها و سمیت ناشی از آن‌ها می‌شوند، کسب نکرده‌اند [۲۸]. از طرفی شواهد آزمایشگاهی نشان می‌دهد که الیگومرهای کوچک $A\beta_{42}$ گونه‌های سمی اولیه هستند، اما با این وجود چون $A\beta_{42}$ تمایل ذاتی بالایی برای کسب مجموعه‌ای از کنفورماسیون‌ها و پلی مورفیسیم‌ها دارد، ابزارهای استاندارد بیولوژی برای ارائه ساختار کمپلکس مونومری و الیگومری $A\beta_{42}$ با مهارکننده‌ها موفق نبوده‌اند و اطلاعات آزمایشگاهی جزئی در مورد الیگومر-ها وجود دارد [۲۹].

از سوی دیگر به دلیل حساسیت شرایط آزمایشگاهی از جمله: pH، دما، غلظت، قدرت یونی و استرس و... بررسی رشد فیبریل‌ها با استفاده از پپتیدهای $A\beta$ مصنوعی (سنتز شده) یا برگرفته شده از مغز بیماران آلزایمری در شرایط *in vitro* دشوار می‌باشد [۳۰]. بنابراین، با توجه به محدودیت‌ها و عدم موفقیت کامل در درمان این بیماری، شبیه‌سازی‌های کامپیوتری برای کسب اطلاعات دقیق در رابطه با گردهم آبی و تجمع پپتیدهای آمیلوئیدی و مکانیسم‌های مولکولی مهارکننده‌ها ابزار مهمی هستند [۲۸]. شبیه‌سازی‌های رایانه‌ای در زمینه‌های مختلف در حال تبدیل شدن به بخش جدا نشدنی بسیاری از پژوهش‌ها است و به درک مسائل مختلف در سطح اتمی کمک می‌کند و فرصت مناسبی برای انجام انواع مطالعات شامل: طراحی مولکولی و پروتئین، طراحی داروهای جدید با کارایی و سرعت بالاتر و هزینه کمتر و همچنین مدل‌سازی فراهم کرده است [۷].

با وجود پیشرفت‌های مستمر در علوم کامپیوتر، شبیه‌سازی-های اتمی کامل از تشکیل پلاک آمیلوئید به علت درجه آزادی بیش از حد اتم‌های فیبریل‌ها و ظرفیت زمانی محدود، هنوز دور از دسترس هستند. اما تاکنون تحقیقات بسیاری از این طریق بر روی مهارکننده‌ها و تأثیر آن‌ها بر روی پپتیدهای مونومری یا الیگومری شده با طول و توالی‌های مختلف انجام شده است [۲۸]. به دنبال مطالعات آزمایشگاهی و شبیه‌سازی، تأیید و درک چگونگی اثر بسیاری از ترکیبات از جمله: بروموکریپتین، کاروتن، کانتچین، ریتینال، اسید ریتنوئیک، ریفامپین، ریفامپیسین، B، تتراسیکلین، پروتوپورفیرین روی، کورکومین، هیدروکلراید،

بیشتر آن‌ها بر روی قسمت ترانس ممبرن، منجر به تغییر شکل ساختار ۳ بعدی پروتئین APP شود. همان‌گونه که در سال Li و همکاران برای بررسی اثرات نانو پارسیکل‌های هیدروفوبیک (HP) بر روی قطعه اکتامر (۱۶-۲۲) β ، با ۳ شبیه‌سازی RMSD توسط نرم افزار GROMACS و نیروی میدان GROMOS9643A1 به این نتیجه رسیدند که در نبود نانو تیوب‌های کربنی SWCNT، (۱۶-۲۲) β اکتامرهای غنی از β -Sheet تشکیل می‌دهند. در حالی که وجود نانو تیوب‌ها باعث کاهش و ناپایدار شدن قابل توجه محتوای β -Sheet های منظم پیش‌ساز فیبریلی و تشکیل تجمعات کوئل نامنظم شده می‌شود [۳۵]. از طرفی بسیاری از خواص منحصر به فرد در نانو تیوب‌های کربنی (CNTs) از جمله: ساختار منظم، مساحت سطحی، نسبت ابعاد بالا، وزن خیلی کم، قدرت مکانیکی بالا و... منجر به استفاده از آن‌ها به عنوان سنسورهای بیومولکولی در پزشکی، هم برای برهم‌کنش مستقیم با عامل بیماری‌زا و هم برای تحویل دارو به جایگاه اختصاصی می‌شود. علاوه بر این برهم‌کنش‌های CNTs با پپتیدها، پروتئین‌ها، چربی‌های غشاء، قندها و اسید نوکلئیک‌ها، تغییرات ساختاری و عملکردی و کنفورماسیونی مولکول‌های جذب شده بر روی سطح CNT را نشان می‌دهد [۲۹]. از آنجا که نانولوله‌های کربنی تک دیواره- Single (Walled Carbon Nanotube)، ساختارهای لوله‌ای مانند با قطر ۳/۵_۰/۴ و هیدروفوبیک (HP) هستند، بدون ایجاد سمیت کوتاه مدت یا بلند مدت در سلول از طریق دو لایه لیپیدی به راحتی وارد سیتوپلاسم و هسته می‌شوند. بنابراین نسبت به مهار کننده‌های پپتیدی و برخی مولکول‌های کوچک به دلیل مشکل نفوذپذیری سد خونی-مغزی که برای درمان قابل استفاده نمی‌باشند، برتری دارند. اما برخی محدودیت‌ها نیز برای استفاده از آن‌ها وجود دارد از جمله: در ابعاد بسیار بزرگ نانو لوله‌های کربنی می‌توانند بسیار سیتوتوکسیک باشند به طوری که قادر هستند دیواره سلول‌های زنده را تغییر بدهند [۳۵]. بر این اساس در مطالعات مبنی بر سلول، سایزهای محدود نانولوله‌های کربنی باید استفاده شود. ضمن این که CNTs در آب نامحلول هستند و حلالیت CNTs عامل‌دار شده به میزان زیادی افزایش می‌یابد. بنابراین می‌توان در محیط محلول با ترکیبات غیر کووالانسی آن‌ها را عامل‌دار کرد [۲۹].

نانو موتورها یا ماشین آلات مصنوعی نوید بزرگی برای آینده متفاوت برنامه‌های زیست‌پزشکی به ارمغان می‌آورند. پیشرفت

TIP3P با یک جعبه مکعب (12 \AA) برای حل کردن تمام ساختارها مورد استفاده قرار گرفت. فاصله قطع تعامل الکترواستاتیک بین APPs و CNT، 12 \AA و واندروالسی بین $12-14 \text{ \AA}$ بود. پس از به حداقل رساندن انرژی سیستم، شبیه‌سازی MD به‌طور جداگانه برای $30,000$ پیکوثانیه (PS) در NVT با 310 درجه کلونین انجام شد. درجه حرارت با استفاده از یک ترموستات لانگوین تنظیم و فشار در $1/0$ اتمسفر با استفاده از مقیاس‌بندی مرتبه‌ای ایزوتروپیک ثابت نگه داشته شد. در پایان شبیه‌سازی، پارامترهای مختلف، از قبیل انرژی آزاد، انرژی مولکولی، انرژی پتانسیل و RMSD به‌طور جداگانه برای هر یک از ساختارها بررسی شدند. سپس، نسبت اختلاف تغییرات برای هر پارامتر محاسبه شد. در نهایت با برآوردهای ۴ پارامتر به ازای هر نانو موتور و ۱۵ پپتید، این مطالعه نشان داد به دلیل تفاوت در ساختار ۳ بعدی APP نرمال و انواع موتانت، میزان نیروهای متفاوتی از انواع نانوموتورها به پپتیدها وارد می‌گردد که منجر به درجاتی از تغییر ساختار در آن‌ها می‌شود. در واقع هر نانوموتوری برای نوعی موتاسیون مناسب است و فردی که دچار آلزایمر با موتاسیون خاصی است، باید برای درمان و پیشگیری از نانوموتورهای خاصی استفاده کند و یک نانوموتور جوابگوی تمام موتاسیون‌ها نیست. ضمن این که مشخص شد، برای درمان بیماری آلزایمر ناشی از TM-APP5 که آمینو اسید ترئونین ۷۱۴ واقع در ترانس ممبرن، به دلیل mutation missense در نوکلئوتید ۲۷۵۳۳۳ توالی ژن app، به ایزولوسین تبدیل شده است، نانوموتور هایپرسینی مؤثرتر از سایر نانوموتورها می‌باشد. علاوه بر این نانوموتور رتینولی نیز بر روی TM-APP10 که آمینواسید ایزولوسین ۷۱۶ واقع در ترانس ممبرن، به دلیل جهش نقطه‌ای missense در نوکلئوتید ۲۷۵۳۳۸ توالی ژن app، به فنیل آلانین تبدیل می‌شود، بسیار کارآمد هست. در عین حال نانوموتور بیست الکل نیز تا حدودی بر روی TM-APP4 که اسید آمینه ترئونین ۶۳۸ بر اثر جهش نقطه‌ای missense در نوکلئوتید ۲۷۵۳۳۲ توالی ژن app با آلانین تعویض می‌شود، متمر ثمر است. ناگفته نماند؛ با توجه به این که APP یک گلیکو پروتئین قطبی است و پپتیدهای ۲۴ آمینو اسیدی سنتز شده دارای گروه‌های قطبی هستند، نانوموتورهایی بیشتر بر روی تغییر ساختار پپتید و در نهایت جلوگیری از تشکیل فیبریل و پلاک و در واقع پیشگیری و درمان آلزایمر مؤثر هستند، که دارای چرخ‌هایی با گروه‌های قطبی باشند تا اثر و برهم کنش

از این ساختارها به عنوان یک دارو در جهت درمان و پیشگیری استفاده نمود. همچنین مطالعات اولیه بر روی حیوان و انسان نیز در آینده باید انجام گردد و میزان ورودی این ساختارهای نوین به مغز و عملکرد آنها در شرایط واقعی باید مورد ارزیابی قرار گیرد.

تشکر و قدردانی

این مقاله برگرفته از پایان‌نامه کارشناسی ارشد سعیده جعفری نژاد از دانشگاه آزاد اسلامی واحد اشکذر می‌باشد. بدین وسیله از کلیه افرادی که در این تحقیق به ما یاری رسانیدند تشکر به عمل می‌آید.

های اخیر در قسمت‌های مختلف پزشکی مانند: داروسازی هدفمند، افزایش دقت در جراحی‌های مغز و اعصاب، بیوپسی سلول، مرتب‌سازی سلول و سنجش‌های تشخیص علائم بیماری‌ها با استفاده از آنها صورت گرفته است [۳۶]. این ذرات با استفاده از انرژی شیمیایی قادر به حرکت جهت‌دار در محیط‌هایی مانند رگ‌های خونی هستند و می‌توانند اختلالاتی که در محیط به وجود می‌آید مانند نوسانات حرکتی را تحمل کنند [۳۷] و این مطالعه شواهد اولیه دال بر تأثیر مثبت برخی نانوموتورهای سنتز شده را به ما نشان داد. اما ضمن نتایج گرفته شده می‌بایست این شبیه‌سازی را به طور گسترده‌تر و با بررسی ساختار کامل پروتئین APP با استفاده از ابر کامپیوترها و در عمل نشان داد که نانوموتورها می‌توانند در این راستا کارآمد باشند. در صورت موفق بودن داده‌های تجربی می‌توان

References

- Jalili S. Computer simulations (molecular dynamics and Monte Carlo). 2th ed. Tehran: Nasir al-Din Tusi's Industrial School; 2007. Persian.
- Scheraga HA, Khalili M, Liwo A. Protein-folding dynamics: overview of molecular simulation techniques. *Annu Rev Phys Chem*. 2007;58:57-83.
- Beck DA, Daggett V. Methods for molecular dynamics simulations of protein folding/unfolding in solution. *Methods*. 2004;34(1):112-20.
- Kantor AL, Long LN, Micci MM. Molecular dynamics simulation of dissociation kinetics. *Journal of Thermophysics and Heat Transfer*. 2001; 15(4): 478-83.
- Daggett V. Molecular dynamics simulations of the protein unfolding/folding reaction. *Acc Chem Res*. 2002;35(6):422-9.
- Leach AR. *Molecular Modelling: Principles and Applications*. 2th ed. UK: Prentice Hall; 2001.
- Adcock SA, McCammon JA. Molecular dynamics: survey of methods for simulating the activity of proteins. *Chem Rev*. 2006;106(5):1589-615.
- Karplus M, McCammon JA. Molecular dynamics simulations of biomolecules. *Nat Struct Biol*. 2002;9(9):646-52.
- Leach AR, Gillet VJ. *An introduction to chemoinformatics*: Springer; 2007.
- Moreno-Gonzalez I, Soto C. Misfolded protein aggregates: mechanisms, structures and potential for disease transmission. *Semin Cell Dev Biol*. 2011;22(5):482-7.
- Irizarry MC. Mechanism of Neuronal Death in Alzheimer's Disease. Springer; 2002. p. 133-8.
- Ondrejcek T, Klyubin I, Hu NW, Barry AE, Cullen WK, Rowan MJ. Alzheimer's disease amyloid beta-protein and synaptic function. *Neuromolecular Med*. 2010;12(1):13-26.
- Li M, Chen L, Lee DH, Yu LC, Zhang Y. The role of intracellular amyloid beta in Alzheimer's disease. *Prog Neurobiol*. 2007;83(3):131-9.
- Al-Hilaly YK, Williams TL, Stewart-Parker M, Ford L, Skaria E, Cole M, et al. A central role for dityrosine crosslinking of Amyloid- β in Alzheimer's disease. *Acta Neuropathologica Communications*. 2013; 1(83): 1-17.
- Newman M, Musgrave IF, Lardelli M. Alzheimer disease: amyloidogenesis, the presenilins and animal models *Biochim Biophys Acta*. 2007;1772(3):285-97.
- Kowalska A. Genetic basis of neurodegeneration in familial Alzheimer's disease. *Pol J Pharmacol*. 2004;56(2):171-8.
- Chan KY, Wang W, Wu JJ, Liu L, Theodoratou E, Car J, et al. Epidemiology of Alzheimer's disease and other forms of dementia in China, 1990–2010: a systematic review and analysis. *The Lancet*. 2013; 381(9882): 2016-23.
- Price DL, Sisodia SS. Mutant genes in familial Alzheimer's disease and transgenic models. *Annu Rev Neurosci*. 1998;21:479-505.
- Dawkins E, Small DH. Insights into the physiological function of the β -amyloid precursor protein: beyond Alzheimer's disease. *J Neurochem*. 2014;129(5):756-69.
- van der Kant R, Goldstein LS. Cellular functions of the amyloid precursor protein from development to dementia. *Dev Cell*. 2015;32(4):502-15.
- Glabe C. Intracellular mechanisms of amyloid accumulation and pathogenesis in Alzheimer's disease. *J Mol Neurosci*. 2001;17(2):137-45.
- Zheng H, Koo EH. The amyloid precursor protein: beyond amyloid. *Molecular Neurodegeneration*. 2006; 1(1): 5.
- Nalivaeva NN, Turner AJ. The amyloid precursor protein: a biochemical enigma in brain development,

- function and disease. *FEBS Lett.* 2013;587(13):2046-54.
24. Hamley IW. The amyloid beta peptide: a chemist's perspective. Role in Alzheimer's and fibrillization. *Chem Rev.* 2012;112(10):5147-92.
25. Kirkitadze MD, Kowalska A. Molecular mechanisms initiating amyloid beta-fibril formation in Alzheimer's disease. *Acta Biochim Pol.* 2005;52(2):417-23.
26. Alzheimer's Association. 2013 Alzheimer's disease facts and figures. *Alzheimers Dement.* 2013;9(2):208-45.
27. Aminoff M, Greenberg D, Simon R. *Clinical Neurology*. Translated by Mirafzal A, Sadraei A, Alizadeh F. Tehran: Meyer's Book Publishing Cultural Institute; 2012. Persian.
28. Nguyen P, Derreumaux P. Understanding amyloid fibril nucleation and $\alpha\beta$ oligomer/drug interactions from computer simulations. *Acc Chem Res.* 2014;47(2):603-11.
29. Jana AK, Sengupta N. Adsorption mechanism and collapse propensities of the full-length, monomeric $A\beta(1-42)$ on the surface of a single-walled carbon nanotube: a molecular dynamics simulation study. *Biophys J.* 2012;102(8):1889-96.
30. Cheon M, Chang I, Mohanty S, Luheshi LM, Dobson CM, Vendruscolo M, et al. Structural reorganisation and potential toxicity of oligomeric species formed during the assembly of amyloid fibrils. *PLoS Comput Biol.* 2007;3(9):1727-38.
31. Bajic V, Milovanovic ES, Spremo-Potparevic B, Zivkovic L, Milicevic Z, Stanimirovic J, et al. Treatment of Alzheimer's disease: classical therapeutic approach. *Current Pharmaceutical Analysis.* 2016; 12(2): 82-90.
32. Huang Y, Mucke L. Alzheimer mechanisms and therapeutic strategies. *Cell.* 2012;148(6):1204-22.
33. Re F, Airoidi C, Zona C, Masserini M, La Ferla B, Quattrocchi N, et al. Beta amyloid aggregation inhibitors: small molecules as candidate drugs for therapy of Alzheimer's disease. *Curr Med Chem.* 2010;17(27):2990-3006.
34. Bramanti E, Lenci F, Sgarbossa A. Effects of hypericin on the structure and aggregation properties of β -amyloid peptides. *Eur Biophys J.* 2010;39(11):1493-501.
35. Li H, Luo Y, Derreumaux P, Wei G. Carbon nanotube inhibits the formation of β -sheet-rich oligomers of the Alzheimer's amyloid- $\beta(16-22)$ peptide. *Biophys J.* 2011;101(9):2267-76.
36. Wang J, Gao W. Nano/microscale motors: biomedical opportunities and challenges. *ACS Nano.* 2012; 6(7): 5745-51.
37. Kapral R. Perspective: nanomotors without moving parts that propel themselves in solution. *J Chem Phys.* 2013;138(2):020901

The Study of Interactions between Amyloid-Beta Precursor Protein and Functional Nanomotors as a New anti-Alzheimer's Disease Strategy by Modeling and Computer Simulation

Jafarinezhad Sa'ideh¹, Dehghani Ashkezari Mahmood², Jebali Ali^{*3}

• Received: 6 Jul, 2016

• Accepted: 8 Sep, 2016

Introduction: The aim of this study was to evaluate the performance of three nanomotors on 15 transmembrane amyloid-beta precursor proteins by molecular dynamics simulation.

Method: In this study, 15 transmembrane APP (14 mutant forms and one normal) were obtained from National Center for Biotechnology Information (NCBI) and separately modeled in Designer Ascalaph. The synthesized peptides with three-dimensional stable structures were selected to be simulated and then were placed near synthesized nanomotors, hypericin, and retinol using HyperChem. At end of simulation, different parameters such as free energy, intermolecular energy, potential energy, and root mean square displacement (RMSD) were separately obtained for each APP. Finally, the ratio of changes was calculated for each parameter.

Results: The results showed that each nanomotor had different performance on different peptides. Hypericin on peptide 5, retinol on peptide 10, and nanomotor 20 on partly on peptide 4 had a great performance. But because each nanomotor influences only special mutant peptide and Alzheimer's disease is caused by different mutations, only one type of nanomotors cannot be used to treat Alzheimer's disease.

Conclusion: According to the investigations performed on the treatment of Alzheimer's disease, it can be concluded that retinol with three-dimensional structure and dynamic parameters has great performance on transmembrane mutant peptide; therefore, it can be considered as a useful treatment strategy.

Keywords: Amyloid Precursor Protein, Alzheimer's disease, Simulation, Nanomotor

• **Citation:** Jafarinezhad S, Dehghani Ashkezari M, Jebali A. The Study of Interactions between Amyloid-Beta Precursor Protein and Functional Nanomotors as a New anti-Alzheimer's Disease Strategy by Modeling and Computer Simulation. *Journal of Health and Biomedical Informatics* 2016; 3(2): 100-117.

1. M.S.c Student, Medical Biotechnology Research Center, Islamic Azad University-Ashkezar Branch, Ashkezar, Iran.
2. Assistant Professor of Cellular and Developmental Biology, Medical Biotechnology Research Center, Islamic Azad University-Ashkezar Branch, Ashkezar, Yazd, Iran.
3. Ph.D. in Medical Nanotechnology Assistant Professor, Medical Biotechnology Research Center, Islamic Azad University-Ashkezar Branch, Ashkezar, Yazd, Iran.

***Correspondence:** Medical Biotechnology Research Center, Islamic Azad University-Ashkezar Branch, Ashkezar, Yazd, Iran.

Tel: 09390348478

Email: alijebal2011@gmail.com