

Evaluation of Fam83h Interaction with Cytoskeleton Keratin- An In-Silico Study

Sherko Nasser¹, Sako Mirzaie², Zakaria Vahabzadeh³, Mohammad Bagher Khadem-Erfan⁴, Bahram Nikkhoo⁵, Zhila Bahrami Rad⁶, Negar Zamani⁷, Fardin Fathi⁸

1. Assistant Professor, Cellular and Molecular Research Center, Research Institute for Health Development, Medical University of Kurdistan, Sanandaj, Iran, 0000-0003-3113-7694

2. Assistant Professor, Department of Biochemistry, Islamic Azad University, Sanandaj Branch, Sanandaj, Iran, 0000-0003-4080-9210

3. Associate Professor of Clinical Biochemistry, Liver and Digestive Research Center, Research Institute for Health Development, Kurdistan University of Medical Sciences, Sanandaj, Iran, 0000-0002-9854-9653

4. Associate Professor, Cellular and Molecular Research Center, Research Institute for Health Development, Medical University of Kurdistan, Sanandaj, Iran, 0000-0002-3101-2165

5. Associate Professor, Department of Pathology, Faculty of Medicine, Kurdistan University of Medical Sciences, Sanandaj, Iran, 0000-0002-5050-793X

6. Master of Science, Cellular and Molecular Research Center, Research Institute for Health Development, Medical University of Kurdistan, Sanandaj, Iran, 0000-0002-0123-471X

7. Master of Science, Cellular and Molecular Research Center, Research Institute for Health Development, Medical University of Kurdistan, Sanandaj, Iran, 0000-0002-7849-160X

8. Professor, Cellular and Molecular Research Center, Research Institute for Health Development, Medical University of Kurdistan, Sanandaj, Iran, 0000-0002-4648-5598, Email: Farfath@gmail.com

ABSTRACT

Background and Aim: Fam83h Protein is a non-secretory protein that interacts with Casein Kinase1Alpha1(CSNK1A1) through its N-terminal.

Materials and Methods: In this study, the C-terminal domains of Fam83h in human and mouse were modeled using the I-TASER software for prediction of protein structure and function. The molecular dynamics (MD) simulations were performed by GROMACS version 5.0.2 to investigate their temporal behavior. FEL analysis was done for each model after MD. Protein-protein docking was done by PIPER to investigate the interaction of Fam83h C-terminal with cytoskeletal keratins5 as a cellular keratin model.

Results: The results showed that the human protein is more stable and compact than the mouse protein. Assessment of the interaction between the C-terminal of the mouse Fam83h and Keratin-5 proteins showed the residues Arg378, Pro391, Ser663, Glu710, Arg923 in mouse Fam83h protein made hydrogen bonds with Leu474, Arg417, Tyr453, Glu 397, Gln 396 and Glu 390 of the chain A and B of mouse keratin-5, respectively. Human Fam83h and keratin 5 form hydrogen bonds via residues of Thr433, His447 and Arg477 and Leu473, Gly476, Glu420 and Arg407.

Conclusion: According to the previous experimental reports, Fam83h can interact with keratin cytoskeleton and has a role in cancer progression. It can be concluded that Fam83h protein can directly interact with keratin filaments through its C-terminal. Therefore, our hypothesis based on in-silico study is: non-sense mutation in C-terminal of Fam83h protein may lead to truncated protein and subsequently disruption of keratin cytoskeleton bundling which can be regarded as a mechanism involved in cancer progression.

Keywords: Fam83h Protein, Keratin-5, CSNK1A1, Molecular Dynamics Simulation

Received: Feb 23, 2021

Accepted: Dec 21, 2021

How to cite the article: Sherko Nasser, Sako Mirzaie, Zakaria Vahabzadeh, Mohammad Bagher Khadem-Erfan, Bahram Nikkhoo, Zhila Bahrami Rad, Negar Zamani, Fardin Fathi. Evaluation of Fam83h Interaction with Cytoskeleton Keratin- An In-Silico Study. SJKU 2022;27(4):35-45.

Copyright © 2018 the Author (s). Published by Kurdistan University of Medical Sciences. This is an open access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution-Non Commercial License 4.0 (CCBYNC), where it is permissible to download, share, remix, transform, and build up the work provided it is properly cited. The work cannot be used commercially without permission from the journal

مقدمه

پروتئین Fam83h، اولین ژن در ایجاد بیماری آمولوژنریس ایمپرکتا (Amelogenesis imperfecta, AI) یا نقص تشکیل مینای دندان است. این پروتئین در انتهای N-ترمینال خود دارای دومین DUFF1669 است که با کازئین کیناز ۱ آلفا ۱ که یکی از مدياتورهای مسیر سیگنالینگ- β / Wnt catenin است، برهمکنش ایجاد می‌کند (۱-۳). همچنین این پروتئین ممکن است با ایزوفرم های مختلف کازئین کیناز ۱ (CK1) و کراتین ها تعامل داشته باشد و کراتین سازماندهی اسکلت سلولی و دسموزوم را وساطت کند (۴، ۵). جهش در N-ترمینال پروتئین Fam83h، موجب محلی سازی نامناسب آن درون سلول می‌شود و متعاقباً از اتصال آن به دام انداختن کازئین کیناز در دومین N-ترمینال خود و انتقال یک گروه فسفات به رشته های کراتین سلولی، نقش کلیدی در سازماندهی اسکلت سلولی ایفا می‌کند (۱، ۶). جهش در C-ترمینال پروتئین Fam83h با بی‌نظمی رشته کراتین مرتبط است که منجر به اختلال در اتصالات دسموزوم در آملوبلاست ها می‌شود (۲، ۵، ۷، ۸). همچنین این پروتئین در سلول های اپیتلیال به کراتین اسکلت سلولی متصل می‌شود تا فرآیندهای سلولی مانند مهاجرت سلولی و پلازمازیون را انجام دهد (۲، ۷). کوگا و همکاران نشان دادند که پروتئین Fam83h به عنوان پلی بین CK1-a و کراتین اسکلت سلولی عمل می‌کند و حالت رشته‌ای کراتین را تنظیم می‌کند، به این معنی که شکست Fam83h باعث القای بسته‌بندی رشته‌های کراتین می‌شود، در حالی که بیان بیش از حد Fam83h، رشته‌های کراتین را از هم جدا می‌کند (۲، ۷). اخیراً گزارش شده است که بیان بیش از حد ژن Fam83h با سرطان‌های

روده، ریه، سینه، کبد، تخمدان، پانکراس و معده مرتبط است (۶). همچنین گزارش شده است که Fam83h در پیشرفت، تکثیر و تهاجم سلول‌های سرطانی مانند سلول‌های سرطان پروستات (۹)، سرطان کبد (۱۰)، کارسینومای کلیه (۱۱) و سرطانی روده بزرگ نقش دارد (۲، ۱۲). پیشنهاد شده است که Fam83h با ایجاد بی‌نظمی در کراتین اسکلت سلولی به واسطه مسیر سیگنالینگ β -catenin / Wnt در پیشرفت سلول‌های سرطانی نقش داشته باشد. همچنین پیشنهاد شده است که Fam83h به پروتئین های اسکلت سلولی مانند کراتین ۵، ۸، ۱۴، ۱۸ از طریق انتهای C خود متصل می‌شود؛ اما هنوز دومین اتصالی خاصی برای کراتین ها شناسایی نشده است (۲، ۷)؛ بنابراین، مطالعه دقیق رفتار ساختاری پروتئین Fam83h، به ویژه برهمکنش C-ترمینال آن با کراتین های اسکلت سلولی، حائز اهمیت است. پس، ویژگی‌های دینامیک مولکولی پروتئین Fam83h در هر دو مدل موش و انسان مورد آنالیز قرار گرفت. همچنین برهمکنش آن‌ها با رشته های کراتین ۵- به عنوان مدلی برای مقایسه و آنالیز بیوانفورماتیکی استفاده شد.

مواد و روش ها

پیش‌بینی ساختار سه بعدی Fam83h برای یافتن شباهت جایگاه توالی اسید آمینه در پروتئین Fam83h بین موش و انسان، از مجموعه blastp از کتابخانه ملی پزشکی ایالات متحده (National Library of Medicine, USA) استفاده شد. توالی‌های Fam83h انسان و موش هم ردیف شدند که ۹۶ درصد شباهت را از اسید آمینه ۱ تا پرولین ۳۷۵ را نشان داد، بقیه توالی پروتئین حاوی ناحیه C-ترمینال شباهت توالی ۸۰٪ داشتند؛ بنابراین، دو پروتئین

Fam83h انسانی و موشی از پرولین ۳۷۵ تا آخرین اسید آمینه، برای ارزیابی ساختار پروتئین مدل شدند. همچنین، برهمکنش آن‌ها با کراتین-۵ اسکلت سلولی انسانی و موشی، مورد آنالیز قرار گرفتند. دومین C-ترمینال Fam83h در انسان و موش با استفاده از پایگاه داده (I-TASSER (Iterative Threading ASSEmbly Refinement مدل‌سازی شد (۱۳). از آنجایی که شباهت توالی کمی بین سؤال ما و ساختار سه بعدی پروتئین‌ها که به صورت تجربی حل شده بود، وجود داشت، استراتژی بند کشی (threading) برای مدل‌سازی Fam83h از ساختار اولیه آن، اعمال شد. برای انسان و موش به ترتیب پروتئین‌های با شناسه‌های 3GAW (فاکتور H انسانی) و 3HMJ (ساکارو مایسس سرویزه FAS نوع I) به عنوان الگوهای Fam83h استفاده شدند. سپس، هر کدام از ساختارهای استخراج شده برای مطالعه دینامیک مولکولی (MD) استفاده شدند.

شبیه‌سازی دینامیک مولکولی (Molecular Dynamic Simulation):

پس از پیش‌بینی مدل‌ها، برای هر کدام به صورت مستقل شبیه‌سازی دینامیک مولکولی، برای بررسی رفتارهای زمانی آن‌ها انجام شد. از نسخه 5.0.2 نرم افزار GROMACS برای اجرای شبیه‌سازی دینامیک مولکولی به مدت ۲۰ نانو ثانیه (ns) استفاده شد (۱۴). برای هر دو اجرای شبیه‌سازی دینامیک مولکولی، AMBER 99SB و Tip3p به ترتیب به عنوان میدان نیرو و مدل آب اختصاص داده شدند (۱۴). از سرور PROPKa 2.0 برای محاسبه وضعیت یونیزاسیون مناسب گروه‌های قابل یونیزاسیون استفاده شد (۱۵). برای خنثی کردن مدل شبیه‌سازی شده به ترتیب از جایگزینی ۱۲ و ۱۵ یون سدیم به جای مولکول‌های حلال برای هردو نوع پروتئین طبیعی و نوع جهش یافته پروتئین استفاده شد. الگوریتم

تندترین شیب (steepest descent integrator) و همچنین الگوریتم گرادین کانژوگه (conjugate gradient algorithm)، برای رسیدن نیرو به حداکثر مقدار (کمتر از ۱۰۰۰ کیلوژول بر مول بر نانومتر) و حداقل مقدار انرژی بر روی هر اتم، به دست آمد. یک طرح منقطع دو بُرد برای تخمین برهمکنش‌های کوتاه بُرد و غیر پیوندی، با برهمکنش‌های واندروالس (کوتاه شده در 1.4 نانومتر) و برهمکنش‌های الکترواستاتیکی (کوتاه شده در 0.9 نانومتر) طراحی شد. از روش ذرات مش اوالد (PME)، برای محاسبه برهمکنش‌های دور برد الکترواستاتیک استفاده شد (۱۶). برای رساندن سیستم به 300K از V-rescale (ترموستات برندنسن اصلاح شده) (۱۶) و برای تنظیم فشار به ۱ بار از Parrinello-Rahman ensemble استفاده شد (۱۷). یک دوره زمانی ۲ فمتوثانیه برای حل معادلات حرکت نیوتن اختصاص داده شد. علاوه بر این، از الگوریتم حل محدودیت خطی برای درمان تمام پیوندهای شامل پیوندهای هیدروژنی استفاده شد (۱۶، ۱۸، ۱۹). VMD (۲۰)، PyMOL (۲۱) و همچنین ماژول‌های اجرا شده در GROMACS برای تجزیه و تحلیل خروجی‌های شبیه‌سازی دینامیک استفاده شد.

آنالیز انرژی آزاد (Free-Energy Landscape):

از آنجایی که شبیه‌سازی MD ساختارهای متعددی را که در طول زمان از پیش تعریف شده تولید می‌کند، آنالیز Free-Energy Landscape (FEL) برای هر مدل پس از اتمام اجرای MD انجام شد. برای استخراج پایدارترین ساختار با کمترین انرژی آزاد گیبس، آنالیز FEL برای هر اجرا شبیه‌سازی دینامیک اعمال شد. در این مطالعه از ماژول g_sham بسته GROMACS برای محاسبه انرژی آزاد (Free-Energy Landscape) استفاده شد.

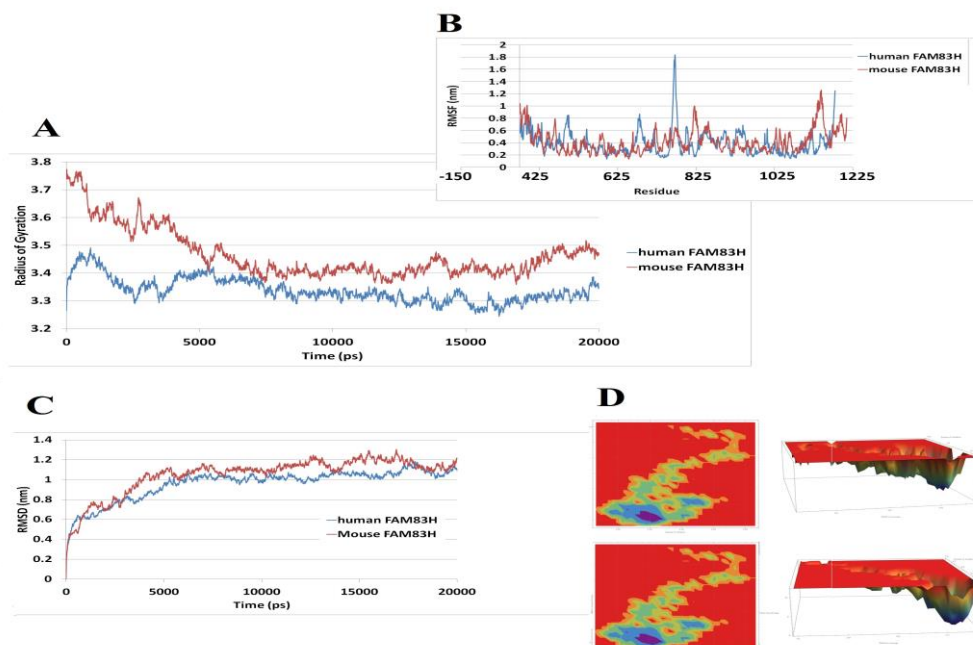
FEL با استفاده از Wolfram Mathematica تولید شد. (شکل ۱) (۲۲).

آنالیز برهمکنش پروتئین-پروتئین:

پس از استخراج مختصات، اتصال هر دو مدل Fam83h انسان و موش به کل ساختار کراتین-۵ مورد بررسی قرار گرفتند. داکینگ پروتئین-پروتئین مبتنی بر FFT با پتانسیل های زوجی، توسط PIPER انجام گرفت.

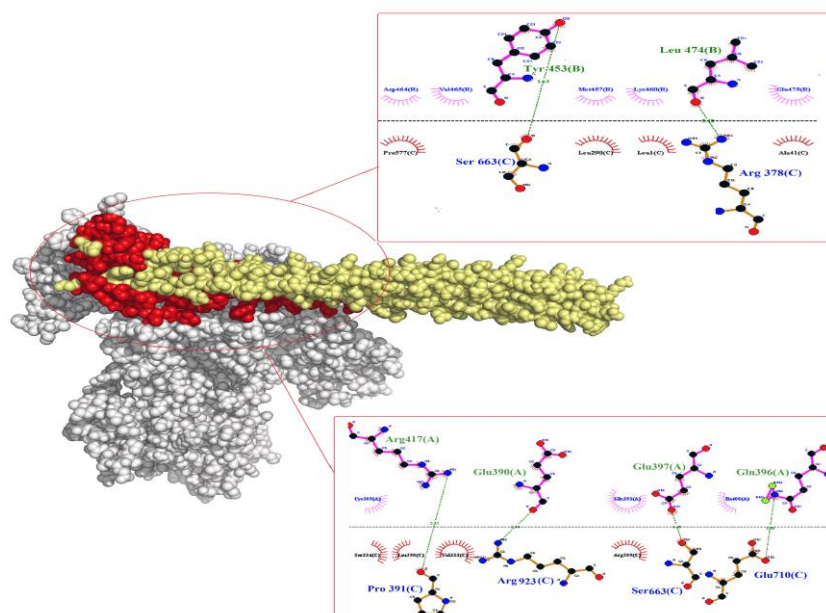
$$G\alpha = -K_B T \ln \left[\frac{P(qx)}{P_{\max}(q)} \right]$$

که در آن K_B ثابت بولتزمن است، T دمای شبیه سازی، $P(q\alpha)$ تخمینی از تابع چگالی احتمال به دست آمده از هیستوگرام داده های MD و $P_{\max}(q)$ احتمال محتمل ترین حالت است. با در نظر گرفتن دو مختصات واکنش مختلف q_i و q_j ، مناظر انرژی آزاد دو بعدی از توزیع احتمال مشترک $P(q_i, q_j)$ سیستم به دست آمد. نمایش دو بعدی و سه بعدی



شکل ۱. آنالیز MD در پروتئین Fam83h انسان و موش. A شعاع چرخش را در طول ۲۰ نانوثانیه شبیه سازی MD نشان می دهد که به رنگ آبی (انسان) و قرمز (موش) نشان داده شده است. در مقایسه با موش، پروتئین Fam83h انسانی شعاع ژیراسیون (RG) کمتری دارد. این پارامتر به عنوان شاخص فشردگی ساختار پروتئین استفاده می شود؛ بنابراین پروتئین انسانی فشرده تر از Fam83h موش است. B. مقادیر انحراف جذر میانگین مربعات (FAM83H) انسان و موش در طول ۲۰ ثانیه شبیه سازی MD. C. مشخصات زمانی انحراف جذر میانگین مربعات (RMSD) هر دو پروتئین نشان داده شده است، همان طور که مشاهده می شود در مقایسه با موش، پروتئین Fam83h انسانی دارای مقادیر RMSD کمتری است؛ بنابراین پایداری Fam83h در انسان بالاتر از موش است. هر دو پروتئین پس از ۶۰۰۰ پیکوثانیه به تعادل رسیدند. D. آنالیز FEL انسان (بالا) و موش (پایین) Fam83h پس از ۲۰ نانوثانیه شبیه سازی MD به عنوان نمایش

۲ بعدی (چپ) و ۳ بعدی (راست) نشان داده شده است. ناحیه بنفش و قرمز به ترتیب با مختصات با انرژی آزاد گیبس کم و زیاد مطابقت دارد.



شکل ۲. حالت برهمکنش FAM83H (کره های سفید) و کراتین-۵ موش (کره های طلایی). برهمکنش به رنگ قرمز نشان داده شده است. پیوندهای هیدروژنی با جزئیات در جعبه ها نشان داده شده و با حروف A، B و C مشخص شده است که به زنجیره های آلفا و بتا کراتین و C-ترمینال Fam83h اشاره دارد. برهمکنش بین FAM83H موش و کراتین-۵ شامل آرژنین ۳۷۸، سرین ۶۶۳ از پروتئین Fam83h موش به لوسین ۴۷۴ و تیروزین ۴۵۳ در زنجیره B از کراتین-۵ موش است. همچنین پرولین ۳۹۱، آرژنین ۹۲۳، سرین ۶۶۳ و گلوتامات ۷۱۰ در FAM83H موش به ترتیب با آرژنین ۴۱۷، گلوتامات ۳۹۰، گلوتامین ۳۹۷ و گلوتامات ۳۹۶ در زنجیره A از کراتین-۵ موش، پیوندهای هیدروژنی ایجاد می کنند.

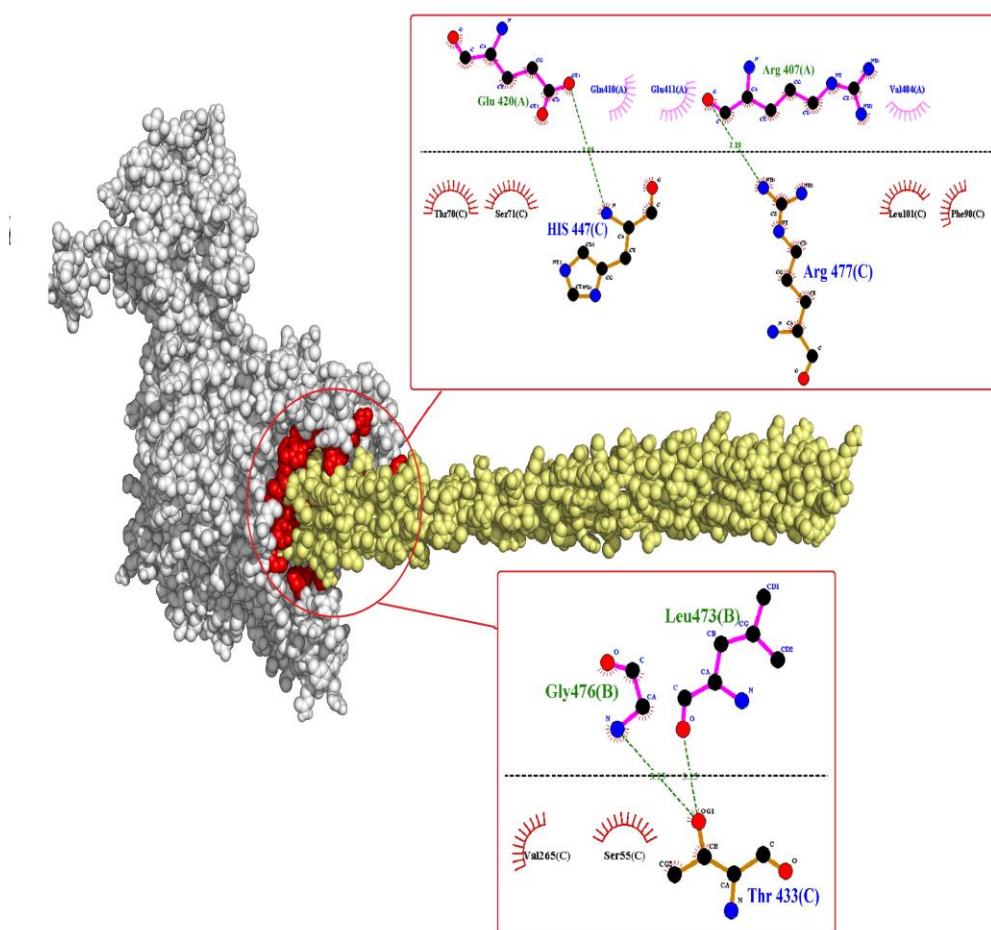
یافته ها

پروتئین Fam83h انسان و موش در طول ۲۰ نانوثانیه در شکل ۱ (شکل B۱) نشان داده شده است. مشخصات زمانی انحراف جذر میانگین مربعات (RMSD) Root-Mean-Square Deviation) هر دو پروتئین در شکل ۱ نشان داده شده است (شکل C۱) که نشان دهنده پایداری بالاتر Fam83h انسانی نسبت به موش است. شعاع چرخش مدل شبیه سازی شده در مدت زمان ۲۰ نانوثانیه در شکل ۱ نشان داده شده است (شکل A۱)؛ که نشان می دهد پروتئین Fam83h انسانی فشرده تر از

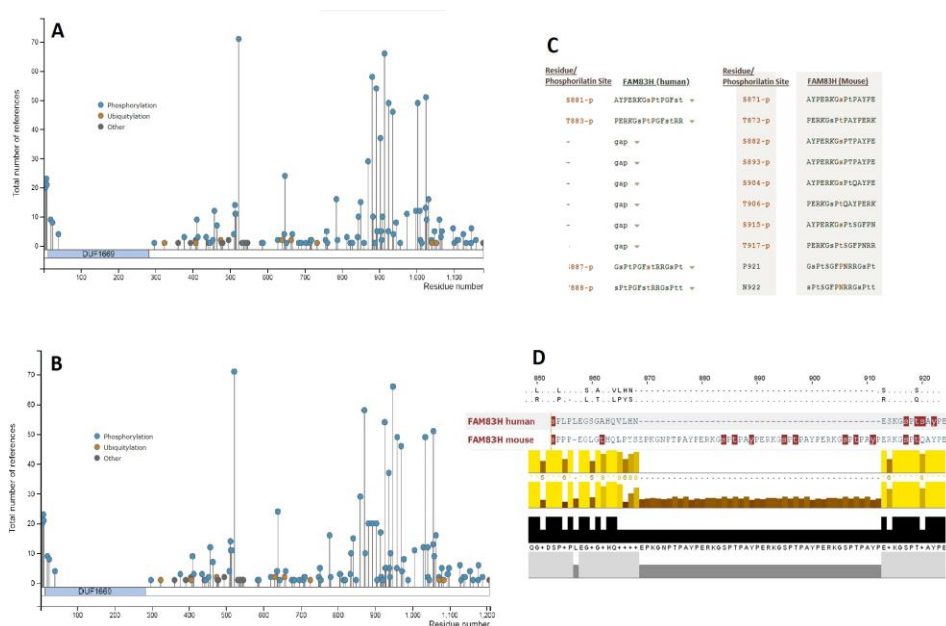
آنالیز تلفیق و برهمکنش پروتئین Fam83h انسان و موش خواص فیزیکی شیمیایی پروتئین ها Fam83h در انسان و موش با جزئیات کامل ارزیابی شد. برای هر مدل شبیه سازی شده آنالیز FEL جهت استخراج ترکیب پروتئین با کمترین انرژی آزاد گیبس در میان قالب های دینامیک مولکولی انجام شد (شکل D۱). مقادیر انحراف جذر میانگین مربعات RMSF (Root Mean Square Fluctuation) محاسبه شده برای

به ترتیب با آرژنین ۴۱۷، گلوتامات ۳۹۰، گلوتامین ۳۹۷ و گلوتامات ۳۹۶ در زنجیره A از کراتین-۵ موش، پیوندهای هیدروژنی ایجاد می‌کنند، درحالی‌که برهمکنش بین کراتین-۵ انسان توسط پیوندهای هیدروژنی میان اسیدهای آمینه تره اوین ۴۳۳، هیستیدین ۴۴۷ و آرژنین ۴۷۷ از Fam83h با گلايسين ۴۷۶، لوسین ۴۷۳، گلوتامات ۴۲۰، و آرژنین ۴۰۷ در زنجیره B و A از کراتین-۵ ایجاد می‌شود (شکل ۳).

پروتئین Fam83h موش است. پس از شبیه‌سازی MD، تعامل بین Fam83h و کراتین-۵ در انسان و موش بررسی شد. همان‌طور که در شکل ۲ نشان داده شده است، برهمکنش بین Fam83h موش و کراتین-۵ شامل آرژنین ۳۷۸، سرین ۶۶۳ از پروتئین Fam83h موش به لوسین ۴۷۴ و تیروزین ۴۵۳ در زنجیره B از کراتین-۵ موش است. همچنین پرولین ۳۹۱، آرژنین ۹۲۳، سرین ۶۶۳ و گلوتامات ۷۱۰ در Fam83h موش



شکل ۳. حالت برهمکنش FAM83H (کره‌های سفید) و کراتین-۵ (کره‌های طلایی). برهمکنش به رنگ قرمز نشان داده شده است. پیوندهای هیدروژنی با جزئیات در جعبه‌ها نشان داده شده و با حروف A, B و C مشخص شده است که به زنجیره‌های آلفا و بتا کراتین و C-ترمینال Fam83h اشاره دارد. برهمکنش بین کراتین-۵ انسان توسط پیوندهای هیدروژنی میان اسیدهای آمینه تره اونین ۴۳۳، هیستیدین ۴۴۷ و آرژنین ۴۷۷ از Fam83h با گلايسين ۴۷۶، لوسين ۴۷۳، گلوتامات ۴۲۰ و آرژنین ۴۰۷ در زنجیره B و A از کراتین-۵ ایجاد می‌شود.



شکل ۴. محل‌های فسفوریلاسیون روی سرین و ترئونین در طول پروتئین FAM83H در موش و انسان. A. تعداد محل‌های فسفوریلاسیون در پروتئین FAM83H انسانی ۱۱۲ جایگاه است و بیشتر در ترمینال C قرار دارند. B. تعداد محل‌های فسفوریلاسیون روی پروتئین FAM83H موش ۱۱۶ است و بیشتر در پروتئین C ترمینال قرار دارند. C. مقایسه بین اسیدآمینه‌های FAM83H انسان و FAM83H موش (سرین (s)، ترئونین (t) و تیروزین (y)) از که دارای نواحی پذیرنده فسفر هستند. D. مقایسه نواحی بین FAM83H انسان و FAM83H موش و محل‌های فسفوریلاسیون که در آن منطقه قرار دارند

بحث

Wnt در نظر گرفته می‌شود. علاوه بر این، تصور می‌شود که FAM83H نقش مهمی در بازآرایی اسکلت سلولی کراتین ایفا می‌کند؛ بنابراین برهمکنش FAM83H-کراتین در موش و انسان مورد تجزیه و تحلیل و مقایسه قرار گرفت. شباهت ۴۰ درصدی FAM83H بین ارتولوگ‌ها باعث شده است که این پروتئین در تمام ارتولوگ‌ها به شدت حفظ شود؛ بنابراین

FAM83H از طریق برهمکنش با CK1- α نقش مهمی در تنظیم سازماندهی رشته‌های کراتین و مهاجرت سلول‌های اپیتلیال را ایفا می‌کند (۲). CSNK1A1 می‌تواند تعداد زیادی از پروتئین‌ها را فسفریله کند و با مشارکت در کمپلکس تخریب β -کاتنین، به عنوان یک واسطه در مسیر سیگنالینگ

سلولی کراتین و اختلالات اپیتلیال (۲، ۷، ۱۲، ۲۶)، پیشنهاد می‌شود که Fam83h می‌تواند در تمایز و عملکرد سلول‌های اپیتلیال نقش داشته باشد. نقطه عطف در مورد عملکرد Fam83h، نقش در سازماندهی و/یا به هم ریختن ساختارهای اسکلت سلولی کراتین و برهمکنش با CK1a از یک طرف و برهمکنش با کراتین اسکلت سلولی از طرف دیگر است؛ بنابراین بر اساس مطالعات قبلی نشان داده شده است که Fam83h با رشته‌های کراتین و همچنین به کارگیری CSNK1A1 (۲، ۷، ۱۲) کولوکالایز (Co-localize) می‌شود و همچنین نشان می‌دهد که Fam83h نقش مهمی در تنظیم اسکلت سلولی کراتین در مطالعات سرطان به ویژه تأثیر این ژن بر تکثیر، پیشرفت و مهاجرت سلول‌های سرطانی ایفا کرد. نالا و همکاران ۱۱ ژن مختلف را در سرطان پروستات مستقل از آندروژن مورد بررسی قرار دادند. Fam83h یکی از آن‌ها بود و در بین ژن‌های کاندید، نشان داد که ژن Fam83h بالاترین بیان را دارد و منجر به سرطان پروستات مستقل از آندروژن، از طریق سازماندهی اسکلت سلولی می‌شود (۲۷). MYC در تنظیم رونویسی بیان Fam83h نقش دارد، بیان بیش از حد MYC یا ناک اوت کردن MYC بیان mRNA MYC و پروتئین Fam83h را تحت تأثیر قرار می‌دهد. بیان Fam83h با القای بیان MYC القا شد. کیم و همکاران نقش انکوژنیک Fam83h را که توسط انکوژن MYC در سرطان کبد القا می‌شود نشان دادند. همچنین نشان داده شد که Fam83h یک شاخص پیش‌آگهی ضعیف برای بیماران کارسینومای هپاتوسلولار است (۲۸).

نتیجه گیری

بر اساس نتایج این مطالعه، ارزیابی مدل‌سازی محاسباتی و تجزیه و تحلیل MD از C-ترمینال پروتئین Fam83h،

Fam83h به آرامی و به طور یکنواخت در طول زمان تکامل یافته است (۲۳). خانواده این پروتئین‌ها (خانواده پروتئین‌های FAM83) فقط در مهره‌داران وجود دارند مشخصه ضعیفی برای شناسایی داشتند. هوانگ و همکاران گزارش کردند که مکان‌های مثبت انتخابی در C-ترمینال وجود دارند و این نشان دهنده نقش‌های تطبیقی خاصی است که C-ترمینال Fam83h در طول تکامل ایفا کرده است (۲۳). جهش در C-ترمینال باعث به هم ریختگی رشته کراتین و اختلال در دسموزوم‌ها می‌شود. قبلاً پیشنهاد شده بود که پروتئین Fam83h، CK1 را توسط N-Terminal به خدمت گرفته است. همچنین، paramio گزارش داد که خواص بسیار پویا پلی پپتیدهای کراتین را می‌توان با فسفوریلاسیون تعدیل کرد (۲۴). آگرون ۵ Fam83h در انسان اسیدآمینه ۲۴۷ تا اسیدآمینه ۱۱۷۹ را کد می‌کند که مکان‌های فسفوریلاسیون زایدی روی آن قرار دارند. بر اساس PhosphoSitePlus® v6.5.9.3، تعداد کل محل فسفوریلاسیون با توان بالا (بر اساس طیف سنجی جرمی کشف پروتئومی) در انسان ۱۱۲ و در موش‌ها ۱۱۶ بود که ممکن است مربوط به کمبود ۴۴ اسیدآمینه در انسان باشد. بر اساس PhosphoSitePlus® v6.5.9.3، تعداد کل محل فسفوریلاسیون با توان بالا (بر اساس طیف سنجی جرمی کشف پروتئومی) در انسان ۱۱۲ و در موش‌ها ۱۱۶ بود که ممکن است مربوط به کمبود ۴۴ اسید آمینه در انسان باشد که از اسید آمینه ۸۵۸ تا ۹۰۲ امتداد دارد (شکل ۴)؛ بنابراین نشان می‌دهد که پروتئین Fam83h انسانی دارای تعداد مکان‌های فسفوریلاسیون کمتری نسبت به موش است و احتمالاً پروتئین Fam83h انسانی پتانسیل انتقال فسفات کمتری دارد. با توجه به ارتباط بین CSNK1A1 به عنوان واسطه مسیر سیگنالینگ Wnt با Fam83h (۲۵) و وجود چندین گزارش مبتنی بر اینکه جهش در C-ترمینال Fam83h با به هم ریختگی اسکلت

سرطانی به ویژه در تکثیر، پیشرفت و حرکات سلول‌های سرطانی مرتبط است.

تشکر و قدردانی

این مقاله حاصل بخشی از داده‌های طرح تحقیقاتی «بررسی اثرات حذف ژن Fam83h به روش CRISPR/CAS9 در موش» که در مرکز تحقیقات سلولی و مولکولی دانشگاه علوم پزشکی کردستان انجام گرفت و با کد اخلاق IR.MUK.REC.1396/181 توسط کمیته اخلاق دانشگاه علوم پزشکی کردستان به تصویب رسید.

پروتئین Fam83h انسانی پایدارتر و فشرده‌تر از یک موش است. آنالیز برهمکنش پروتئین-پروتئین نشان داد که Fam83h دارای پتانسیل تعامل مستقیم با کراتین-۵ هم در انسان و هم در موش است؛ اما تعداد پیوندهای هیدروژنی در موش‌ها بیشتر از انسان بود؛ بنابراین، می‌توان نتیجه گرفت که Fam83h می‌تواند مستقیماً با کراتین اسکلت سلولی برهمکنش داشته باشد و به عنوان واسطه‌ای بین فسفوریلاسیون CSNK1A1 و سازمان‌دهی رشته‌های کراتین عمل کند که به طور بالقوه با تنظیم کراتین اسکلت سلولی در سلول‌های

منابع

1. Fulcher LJ, Bozatz P, Tachie-Menson T, Wu KZ, Cummins TD, Bufton JC, et al. The DUF1669 domain of FAM83 family proteins anchor casein kinase 1 isoforms. *Science signaling*. 2018;11(531).
2. Kuga T, Kume H, Kawasaki N, Sato M, Adachi J, Shiromizu T, et al. A novel mechanism of keratin cytoskeleton organization through casein kinase I α and FAM83H in colorectal cancer. *Journal of cell science*. 2013;126(20):4721-31.
3. Bozatz P, Sapkota GP. The FAM83 family of proteins: from pseudo-PLDs to anchors for CK1 isoforms. *Biochemical Society Transactions*. 2018;46(3):761-71.
4. Zhou J, Shen B, Zhang W, Wang J, Yang J, Chen L, et al. One-step generation of different immunodeficient mice with multiple gene modifications by CRISPR/Cas9 mediated genome engineering. *The international journal of biochemistry & cell biology*. 2014;46:49-55.
5. Kim J-W, Lee S-K, Lee ZH, Park J-C, Lee K-E, Lee M-H, et al. FAM83H mutations in families with autosomal-dominant hypocalcified amelogenesis imperfecta. *The American Journal of Human Genetics*. 2008;82(2):489-94.
6. Tachie-Menson T, Gázquez-Gutiérrez A, Fulcher LJ, Macartney TJ, Wood NT, Varghese J, et al. Characterisation of the biochemical and cellular roles of native and pathogenic amelogenesis imperfecta mutants of FAM83H. *Cellular signalling*. 2020;72:109632.
7. Kuga T, Sasaki M, Mikami T, Miake Y, Adachi J, Shimizu M, et al. FAM83H and casein kinase I regulate the organization of the keratin cytoskeleton and formation of desmosomes. *Scientific reports*. 2016;6(1):1-15.
8. Ding Y, Estrella M, Hu Y, Chan H, Zhang H, Kim J-W, et al. Fam83h is associated with intracellular vesicles and ADHCAI. *Journal of dental research*. 2009;88(11):991-6.
9. Nalla AK, Williams TF, Collins CP, Rae DT, Trobridge GD. Lentiviral vector-mediated insertional mutagenesis screen identifies genes that influence androgen independent prostate cancer progression and predict clinical outcome. *Molecular carcinogenesis*. 2016;55(11):1761-71.
10. Kim KM, Park S-H, Bae JS, Noh SJ, Tao G-Z, Kim JR, et al. FAM83H is involved in the progression of hepatocellular carcinoma and is regulated by MYC. *Scientific reports*. 2017;7(1):1-13.

11. Kim KM, Hussein UK, Bae JS, Park S-H, Kwon KS, Ha SH, et al. The expression patterns of FAM83H and PANX2 are associated with shorter survival of clear cell renal cell carcinoma patients. *Frontiers in oncology*. 2019;9:14.
12. Kuga T, Kume H, Adachi J, Kawasaki N, Shimizu M, Hoshino I, et al. Casein kinase 1 is recruited to nuclear speckles by FAM83H and SON. *Scientific reports*. 2016;6(1):1-12.
13. Yang J, Yan R, Roy A, Xu D, Poisson J, Zhang Y. The I-TASSER Suite: protein structure and function prediction. *Nature methods*. 2015;12(1):7-8.
14. Van Der Spoel D, Lindahl E, Hess B, Groenhof G, Mark AE, Berendsen HJ. GROMACS: fast, flexible, and free. *Journal of computational chemistry*. 2005;26(16):1701-18.
15. Bas DC, Rogers DM, Jensen JH. Very fast prediction and rationalization of pKa values for protein–ligand complexes. *Proteins: Structure, Function, and Bioinformatics*. 2008;73(3):765-83.
16. Mohseni SS, Nasri F, Davari K, Mirzaie S, Moradzadegan A, Abdi F, et al. Identification of novel inhibitor against endonuclease subunit of Influenza pH1N1 polymerase: A combined molecular docking, molecular dynamics, MMPBSA, QMMM and ADME studies to combat influenza A viruses. *Computational Biology and Chemistry*. 2018;77:279-90.
17. Parrinello M, Rahman A. Polymorphic transitions in single crystals: A new molecular dynamics method. *Journal of Applied physics*. 1981;52(12):7182-90.
18. Hosseini Y, Mollica A, Mirzaie S. Structure-based virtual screening efforts against HIV-1 reverse transcriptase to introduce the new potent non-nucleoside reverse transcriptase inhibitor. *Journal of Molecular Structure*. 2016;1125:592-600.
19. Karami M, Jalali C, Mirzaie S. Combined virtual screening, MMPBSA, molecular docking and dynamics studies against deadly anthrax: an in silico effort to inhibit *Bacillus anthracis* nucleoside hydrolase. *Journal of theoretical biology*. 2017;420:180-9.
20. Humphrey W, Dalke A, Schulten K. VMD: visual molecular dynamics. *Journal of molecular graphics*. 1996;14(1):33-8.
21. Seeliger D, de Groot BL. Ligand docking and binding site analysis with PyMOL and Autodock/Vina. *Journal of computer-aided molecular design*. 2010;24(5):417-22.
22. Kozakov D, Brenke R, Comeau SR, Vajda S. PIPER: an FFT-based protein docking program with pairwise potentials. *Proteins: Structure, Function, and Bioinformatics*. 2006;65(2):392-406.
23. Huang W, Yang M, Wang C, Song Y. Evolutionary analysis of FAM83H in vertebrates. *PloS one*. 2017;12(7):e0180360-e.
24. Paramio JM. A role for phosphorylation in the dynamics of keratin intermediate filaments. *European journal of cell biology*. 1999;78(1):33-43.
25. Willert K, Nusse R. β -catenin: a key mediator of Wnt signaling. *Current opinion in genetics & development*. 1998;8(1):95-102.
26. Lee S-K, Lee K-E, Jeong T-S, Hwang Y-H, Kim S, Hu J-C, et al. FAM83H mutations cause ADHCAI and alter intracellular protein localization. *Journal of dental research*. 2011;90(3):377-81.
27. Nalla AK, Williams TF, Collins CP, Rae DT, Trobridge GD. Lentiviral vector-mediated insertional mutagenesis screen identifies genes that influence androgen independent prostate cancer progression and predict clinical outcome. *Molecular carcinogenesis*. 2016;5(1):1-11.
28. Kim KM, Park S-H, Bae JS, Noh SJ, Tao G-Z, Kim JR, et al. FAM83H is involved in the progression of hepatocellular carcinoma and is regulated by MYC. *Scientific reports*. 2017;7(1):3274.