

Белорусский государственный медицинский университет, г. Минск

IN SILICO ПОИСК ПОТЕНЦИАЛЬНЫХ ИНГИБИТОРОВ ГЕПАРАНАЗЫ (Q9Y251)

Кафедра фармакологии

Табакова Д. В., Терлецкая В. А.

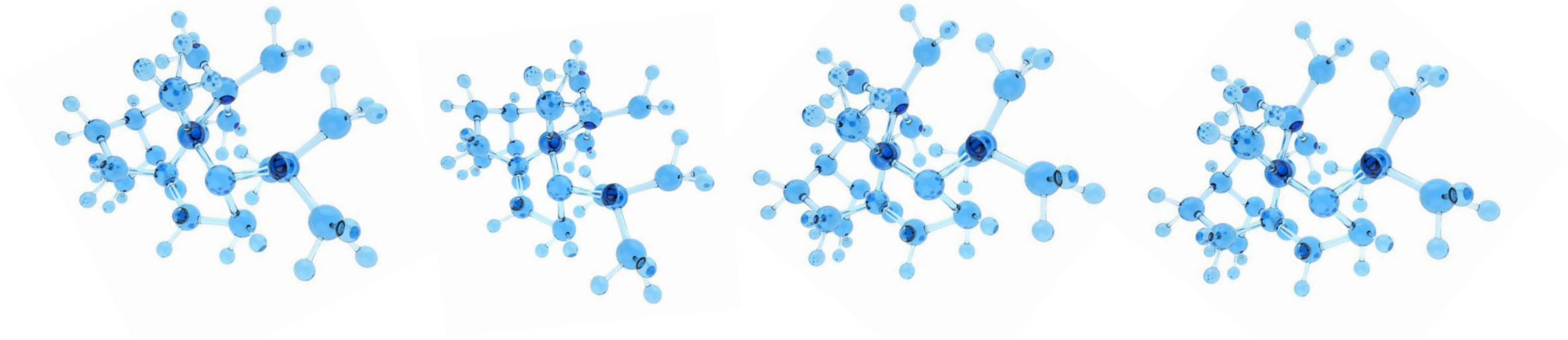
3 курс, фармацевтический факультет

Научный руководитель ассист. Кашкур Ю.В.

Цель: поиск новых ингибиторов гепараназы на основе построенной модели фармакофора

Задачи:

- 1) Провести скрининг соединений, обладающих сродством к гепараназе;
- 2) Базируясь на центроидных молекулах, построить модель фармакофора;
- 3) На основе построенного фармакофора найти потенциальные ингибиторы гепараназы, обладающие удовлетворительными фармакокинетическими параметрами.



Материалы и методы.

✓ Данные для построения модели фармакофора были получены из баз данных Protein Data Bank и ChEMBL DB;

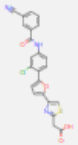
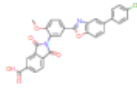
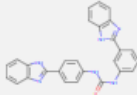
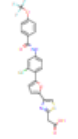
✓ Построение фармакофора осуществлялось с помощью PharmaGist webserver;

✓ Скрипты, для обработки и кластеризации данных были написаны на языке программирования Python;

✓ Поиск новых соединений осуществлялся в базе данных ZINC 12 с помощью веб ресурса ZINCPharmer.

Результаты и их обсуждение.

Для построения модели фармакофора использовалось **504** ингибитора гепараназы, найденные в базе данных ChEMBL

Molecule ChEMBL ID	Compound Key	Standard Type	Standard Relation	Standard Value	Standard Units	pChEMBL Value	Comment	Assay ChEMBL ID	Assay Description
 CHEMBL197295	46	IC50	=	3981.07	nM	5.40	No Data	CHEMBL990587	Inhibition of heparanase
 CHEMBL112739	20	IC50	=	4466.84	nM	5.35	No Data	CHEMBL990587	Inhibition of heparanase
 CHEMBL200554	12	Inhibition	<	10.0	%	No Data	No Data	CHEMBL869913	Inhibitory activity against heparanase from human platelets at 0.83 uM
 CHEMBL192463	44	IC50	=	1513.56	nM	5.82	No Data	CHEMBL990587	Inhibition of heparanase

Активность молекул определялась на основе значений IC50.

```
: data = pd.read_csv('Data.csv')
```

```
: data.pivot_table(index = ['standard_type'], aggfunc='size')
```

```
: standard_type  
IC50    172  
dtype: int64
```

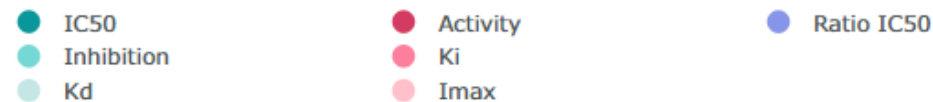
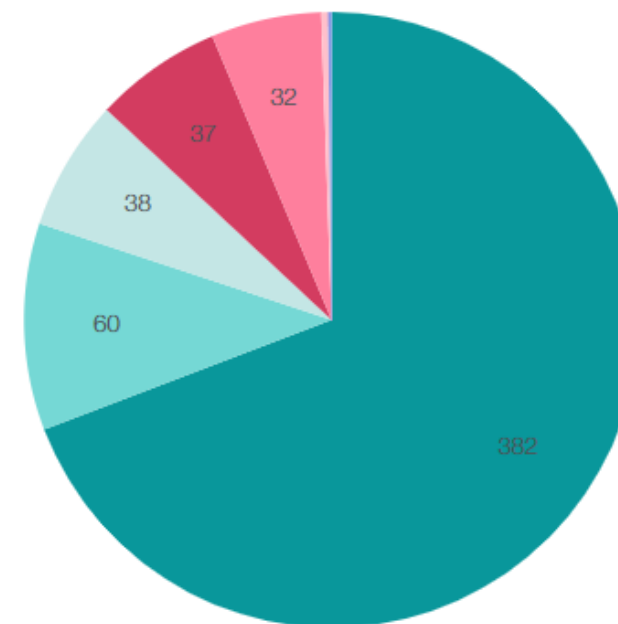
```
: data = data.query("standard_type == 'IC50'")
```

```
: data.head()
```

	molecule_chembl_id	Smiles	standard_type	s
0	CHEMBL200215	<chem>COc1ccc(C(=O)Nc2ccc(CNc3ccc(-c4nc5ccccc5[nH]4)...</chem>	IC50	
1	CHEMBL199576	<chem>CCCOc1ccc(C(=O)Nc2ccc(-c3nc4ccccc4[nH]3)cc2)cc1Br</chem>	IC50	
2	CHEMBL194140	<chem>COc1ccc(NC(=O)/C=C/c2ccc(-c3nc4cc(CC(=O)O)ccc4...</chem>	IC50	
3	CHEMBL194231	<chem>O=C(O)Cc1ccc2oc(-c3ccc(/C=C/C(=O)Nc4ccc(Br)cc4...</chem>	IC50	
4	CHEMBL196338	<chem>COc1ccc(NC(=O)/C=C/c2ccc(-c3nc4cc(CC(=O)O)ccc4...</chem>	IC50	

Associated Bioactivities

Activity Types for Target CHEMBL3921



Для удобства использования значения IC50 были конвертированы в pIC50.

```
def calcPic50(st_values):  
    for i in range(0, len(st_values)):  
        st_values[i] = st_values[i]*10**-9  
        st_values[i] = round(-np.log10(st_values[i]), 3)  
    return st_values
```

```
st_val = list(data['standard_value'])
```

```
pic50_vals = calcPic50(st_val)
```

```
data['pIC50'] = pic50_vals
```

```
data.head()
```

	molecule_chembl_id	Smiles	standard_type	standard_value	standard_units	assay_type	assay_organism	target_organism	pIC50
0	CHEMBL200215	<chem>COc1ccc(C(=O)Nc2ccc(CNc3ccc(-c4nc5ccccc5[nH]4)...</chem>	IC50	230.0	nM	B	Homo sapiens	Homo sapiens	6.638
1	CHEMBL199576	<chem>CCCOc1ccc(C(=O)Nc2ccc(-c3nc4ccccc4[nH]3)cc2)cc1Br</chem>	IC50	2200.0	nM	B	Homo sapiens	Homo sapiens	5.658
2	CHEMBL194140	<chem>COc1ccc(NC(=O)/C=C/c2ccc(-c3nc4cc(CC(=O)O)ccc4...</chem>	IC50	3000.0	nM	B	Homo sapiens	Homo sapiens	5.523
3	CHEMBL194231	<chem>O=C(O)Cc1ccc2oc(-c3ccc(/C=C/C(=O)Nc4ccc(Br)cc4...</chem>	IC50	400.0	nM	B	Homo sapiens	Homo sapiens	6.398
4	CHEMBL196338	<chem>COc1ccc(NC(=O)/C=C/c2ccc(-c3nc4cc(CC(=O)O)ccc4...</chem>	IC50	450.0	nM	B	Homo sapiens	Homo sapiens	6.347

Активными считались соединения со значением $pIC50 \geq 6.0$.
Их количество составило **65**.

```
data = data.query("pIC50 >= 6.0")
```

```
data.head()
```

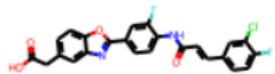
	molecule_chembl_id	Smiles	standard_type	standard_value	standard_units	assay_type	assay_organism	target_organism	pIC50
0	CHEMBL200215	<chem>COc1ccc(C(=O)Nc2ccc(CNc3ccc(-c4nc5ccccc5[nH]4)...</chem>	IC50	230.0	nM	B	Homo sapiens	Homo sapiens	6.638
1	CHEMBL194231	<chem>O=C(O)Cc1ccc2oc(-c3ccc(/C=C/C(=O)Nc4ccc(Br)cc4...</chem>	IC50	400.0	nM	B	Homo sapiens	Homo sapiens	6.398
2	CHEMBL196338	<chem>COc1ccc(NC(=O)/C=C/c2ccc(-c3nc4cc(CC(=O)O)ccc4...</chem>	IC50	450.0	nM	B	Homo sapiens	Homo sapiens	6.347
3	CHEMBL196336	<chem>O=C(O)Cc1nc(-c2ccc(-c3ccc(NC(=O)/C=C/c4ccc(OC(...</chem>	IC50	600.0	nM	B	Homo sapiens	Homo sapiens	6.222
4	CHEMBL196826	<chem>O=C(O)Cc1ccc2oc(-c3ccc(NC(=O)/C=C/c4cccc(Br)c4...</chem>	IC50	750.0	nM	B	Homo sapiens	Homo sapiens	6.125
...
60	CHEMBL200597	<chem>Cc1cc2nc(-c3ccc(NC(=O)Nc4ccc(-c5nc6cc(C)c(C)cc...</chem>	IC50	560.0	nM	B	Homo sapiens	Homo sapiens	6.252
61	CHEMBL4291586	<chem>O=C(O)Cc1ccc2[nH]c(-c3ccc(NC(=O)Nc4ccc(-c5nc6c...</chem>	IC50	980.0	nM	B	Homo sapiens	Homo sapiens	6.009
62	CHEMBL4290499	<chem>CC(NC(=O)Cc1ccc2oc(-c3ccc(NC(=O)Nc4ccc(-c5nc6c...</chem>	IC50	370.0	nM	B	Homo sapiens	Homo sapiens	6.432
63	CHEMBL4283311	<chem>O=C(O)CNC(=O)Cc1ccc2oc(-c3ccc(NC(=O)Nc4ccc(-c5...</chem>	IC50	450.0	nM	B	Homo sapiens	Homo sapiens	6.347
64	CHEMBL4280766	<chem>CC(=O)N[C@@H]1[C@@@H](O[C@@H]2C(C(=O)O)[C@@H](O...</chem>	IC50	5.0	nM	B	Homo sapiens	Homo sapiens	8.301

65 rows × 9 columns

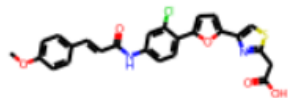
Далее с помощью алгоритма кластеризации **Butina** наиболее структурно схожие соединения были объединены в **6** кластеров, из которых были отобраны **6** центроидных молекул.

```
print("Centroid molecules from first 6 clusters:")  
# Draw molecules  
Draw.MolsToGridImage(  
    [compounds[clusters[i][0]][0] for i in range(6)],  
    legends=[compounds[clusters[i][0]][1] for i in range(6)],  
    molsPerRow=5,  
)
```

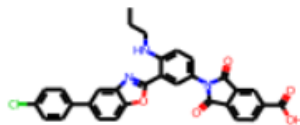
Centroid molecules from first 6 clusters:



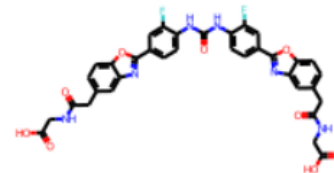
CHEMBL195907



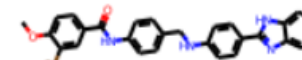
CHEMBL371702



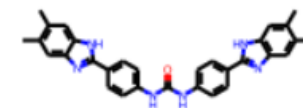
CHEMBL193906



CHEMBL4283311



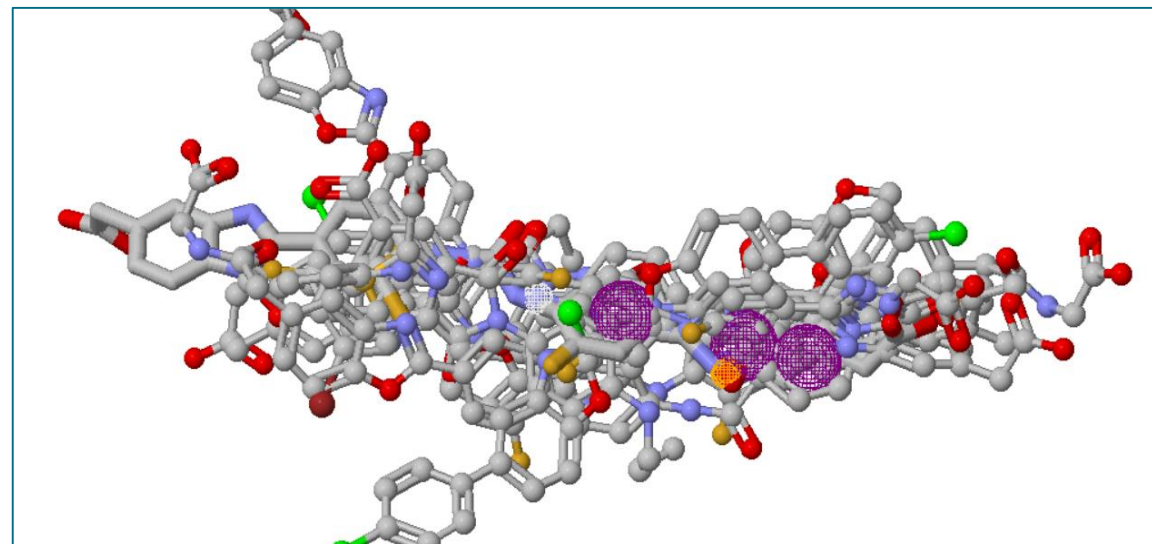
CHEMBL200215



CHEMBL200597

С помощью **PharmaGist** webserver на основе 4-х молекул была построена модель фармакофора. Фармакофор представляет собой **6** фармакофорных центров:

- 1 донор водорода,
- 2 акцептора водорода,
- 3 ароматических цикла.



Pharmacophore		Filters	Viewer					Submit Query
	Pharmacophore Class	x	y	z	Radius	Enabled		
>	HydrogenDonor	-2.76	0.38	0.00	0.50	<input checked="" type="checkbox"/>	▼	
>	HydrogenAcceptor	10.51	0.44	0.65	0.50	<input checked="" type="checkbox"/>	▼	
>	HydrogenAcceptor	3.32	-1.92	0.60	0.50	<input checked="" type="checkbox"/>	▼	
>	Aromatic	5.96	-1.53	0.17	1.10	<input checked="" type="checkbox"/>	▼	
>	Aromatic	3.90	-1.07	0.13	1.10	<input checked="" type="checkbox"/>	▼	
>	Aromatic	0.01	-0.18	0.03	1.10	<input checked="" type="checkbox"/>	▼	

Name	RMSD ▲	Mass	RBnds
ZINC02384699	0.729	489	6
ZINC09274463	0.721	488	8
ZINC08592990	0.721	461	5
ZINC40399157	0.713	392	5
ZINC40267303	0.713	378	4
ZINC40398886	0.713	410	5
ZINC32093915	0.713	364	3
ZINC40399061	0.713	363	3
ZINC40399020	0.702	420	6
ZINC40398982	0.702	382	8
ZINC40399054	0.702	337	5
ZINC40285420	0.702	352	6
ZINC32105588	0.702	338	5
ZINC40399148	0.702	366	7
ZINC40398871	0.702	384	7
ZINC40399032	0.685	453	4
ZINC40398929	0.685	431	6
ZINC40398882	0.685	417	5
ZINC40399009	0.685	415	6
ZINC40399059	0.683	392	4
ZINC36359488	0.683	393	4
ZINC40399024	0.683	476	5

<< < 1 2 3 4 5 6 7 8 > >>

377 hits
9.918s

Для поиска новых соединений в базе данных ZINC 12 использовался веб-сервер ZINCPharmer.



В результате было найдено **377** потенциальных ингибиторов гепараназы в диапазоне значений RMSD *0,729 – 0,135*.

Name	RMSD ▲	Mass	RBnds
ZINC00826908	0.135	533	9
ZINC00826908	0.135	533	9
ZINC00826908	0.135	533	9

<< ≤ 11 12 13 14 15 16 17 18 > >

377 hits
9.918s

RMSD – root-mean-square deviation
(среднеквадратичное отклонение)

Соединения были отобраны в соответствии с правилом Липинского.

Lipinski Filter

```
smiles = list(data['smiles'])  
a = LipinskiCalc(smiles_2)
```

```
data = a.lipinski_table  
data
```

	Smile	Molecular_weight	Acceptors	Donors	LogP	Fulfill
0	<chem>Oc1ccc(-c2cn3nc(N4CCOCC4)sc3n2)cc1</chem>	302.083747	7	1	2.0000	True
1	<chem>NNC(=O)c1ccc(-c2nc3ccc(C(=O)NN)cc3[nH]2)cc1</chem>	310.117824	5	5	0.4369	True
2	<chem>Nc1ccc(-c2cn3c(C(=O)N4CCOCC4)csc3n2)cc1</chem>	328.099397	6	1	2.1174	True
3	<chem>COCCn1ccc2nc3ccn(-c4cc[nH]4)c(=O)c3cc2c1=O</chem>	337.117489	7	1	1.0701	True
4	<chem>CC(=O)Nc1ccc(-c2nc3ccc(OC(C)=O)cc3c(=O)o2)cc1</chem>	338.090272	6	1	2.7387	True
...
108	<chem>O=C(Nc1ccc(-c2nc(-c3ccccc3)c3cc(NC(=O)C4CCCC4...</chem>	532.283826	4	2	8.0014	False
109	<chem>O=C(Cc1ccccc1)Nc1ccc(-c2nc(-c3ccccc3)c3cc(NC(=...</chem>	548.221226	4	2	7.3262	False
110	<chem>CC(C)(C)c1cc(NC(=O)Nc2ccc(-c3cn4c(n3)sc3cc(OCC...</chem>	560.220575	9	2	5.8565	False
111	<chem>COc1c(OC2OC(COC3OCC(O)(CO)C3O)C(O)C(O)C2O)cc2o...</chem>	594.158470	15	8	-1.4766	False
112	<chem>COC(=O)C1OC(Oc2cc(OC(C)=O)c3c(=O)c(-c4ccc(O)cc...</chem>	628.142820	15	1	2.1627	False

113 rows x 6 columns

Не более 5
донорных водородных
связей

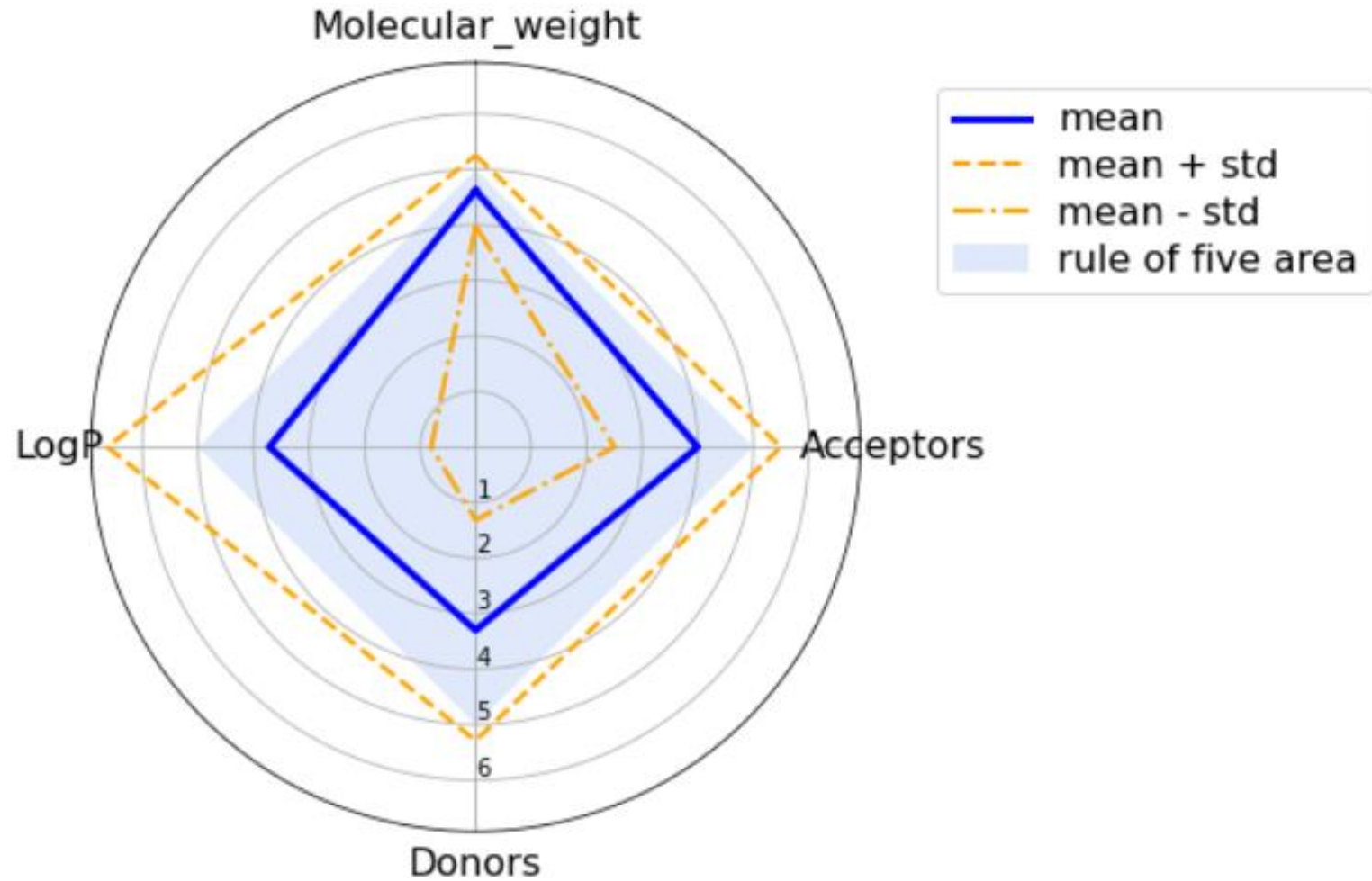
Не более 10
акцепторных водородных
связей

Молекулярная
масса соединения менее
500 а.е.м.

Коэффициент
распределения октанол-
вода ($\log P$), не должен
превышать 5

Draw Lipinski radar plot

```
a.visualize(data_fulfilled)
```



Из оставшихся **113** молекул были исключены молекулы из списка **PAINS**.
В результате осталось **28** молекул.

Filter PAINS

```
p = PAINS(list(data_fulfilled['Smile']))
```

```
p.get_pains()
```

```
[{'smiles': 'C/C(=N/NC(=O)c1cc(-c2ccc(O)cc2)nc2cccc12)c1cc(Cl)ccc1O',  
  'pains': 'hzone_phenol_A(479)'},  
 {'smiles': 'Cc1ccc(/N=N/c2c(S(=O)(=O)[O-])cc3c(ccc4nc(-c5ccc(N)cc5)sc43)c2O)c(C)c1',  
  'pains': 'azo_A(324)'}]
```

```
no_pains = p.exclude()  
len(no_pains)
```

После удаления соединений, содержащих нежелательные подструктуры, отобрали **22** молекулы, обладающие удовлетворительными фармакокинетическими параметрами.

```
u = UnwantedSubs(no_pains)
```

```
unwanted, clean = u.get_unwanted()
```

```
unwanted
```

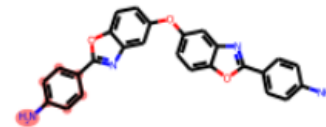
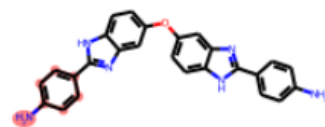
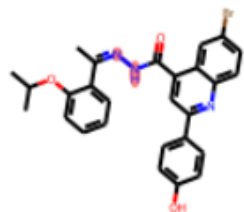
```
[{'smiles': 'COc1ccc2c(c1)sc1nc(-c3ccc(O)cc3)c(NCCCO(C)C)n12',  
  'name': 'Aliphatic-long-chain',  
  'smarts': '[R0D2][R0D2][R0D2][R0D2]'},  
{ 'smiles': 'Nc1ccc(-c2nc3cc(Oc4ccc5[nH]c(-c6ccc(N)cc6)nc5c4)ccc3[nH]2)cc1',  
  'name': 'aniline',  
  'smarts': 'c1cc([NH2])ccc1'},  
{ 'smiles': 'Nc1ccc(-c2nc3cc(Oc4ccc5oc(-c6ccc(N)cc6)nc5c4)ccc3o2)cc1',  
  'name': 'aniline',  
  'smarts': 'c1cc([NH2])ccc1'},  
{ 'smiles': 'O=C(CCl)Nc1ccc(-c2nc(-c3ccccc3)c3cc(NC(=O)CC1)ccc3n2)cc1',  
  'name': 'alkyl-halide',  
  'smarts': '[CX4][Cl,Br,I]'},  
{ 'smiles': 'C/C(=N/NC(=O)c1cc(-c2ccc(O)cc2)nc2ccc(Br)cc12)c1ccccc1OC(C)C',  
  'name': 'Oxygen-nitrogen-single-bond',  
  'smarts': '[OR0,NR0][OR0,NR0]'},  
{ 'smiles': 'COC(=O)C1OC(Oc2cc(OC(C)=O)c3c(=O)c(-c4ccc(O)cc4)coc3c2)C(OC(C)=O)C(OC(C)=O)C1OC(C)=O',  
  'name': '>2EsterGroups',  
  'smarts': 'C(=O)O[C,H1].C(=O)O[C,H1].C(=O)O[C,H1]'},  
{ 'smiles': 'COC(=O)C1OC(Oc2cc(OC(C)=O)c3c(=O)c(-c4ccc(O)cc4)coc3c2)C(OC(C)=O)C(OC(C)=O)C1OC(C)=O',  
  'name': 'phenol-ester',  
  'smarts': 'c1ccccc1OC(=O)[#6]'}]
```

```
print(f'Unwanted found: {len(unwanted)} \nclean: {len(clean)}')
```

```
Unwanted found: 7
```

```
clean: 22
```

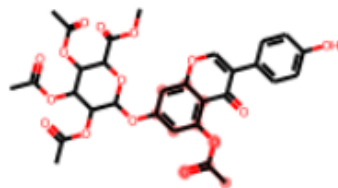
```
u.visualize(unwanted[:7])
```



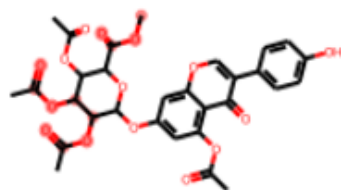
Oxygen-nitrogen-single-bond

aniline

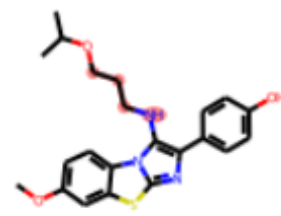
aniline



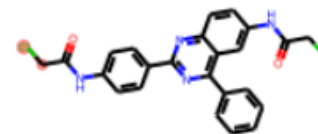
phenol-ester



>2EsterGroups

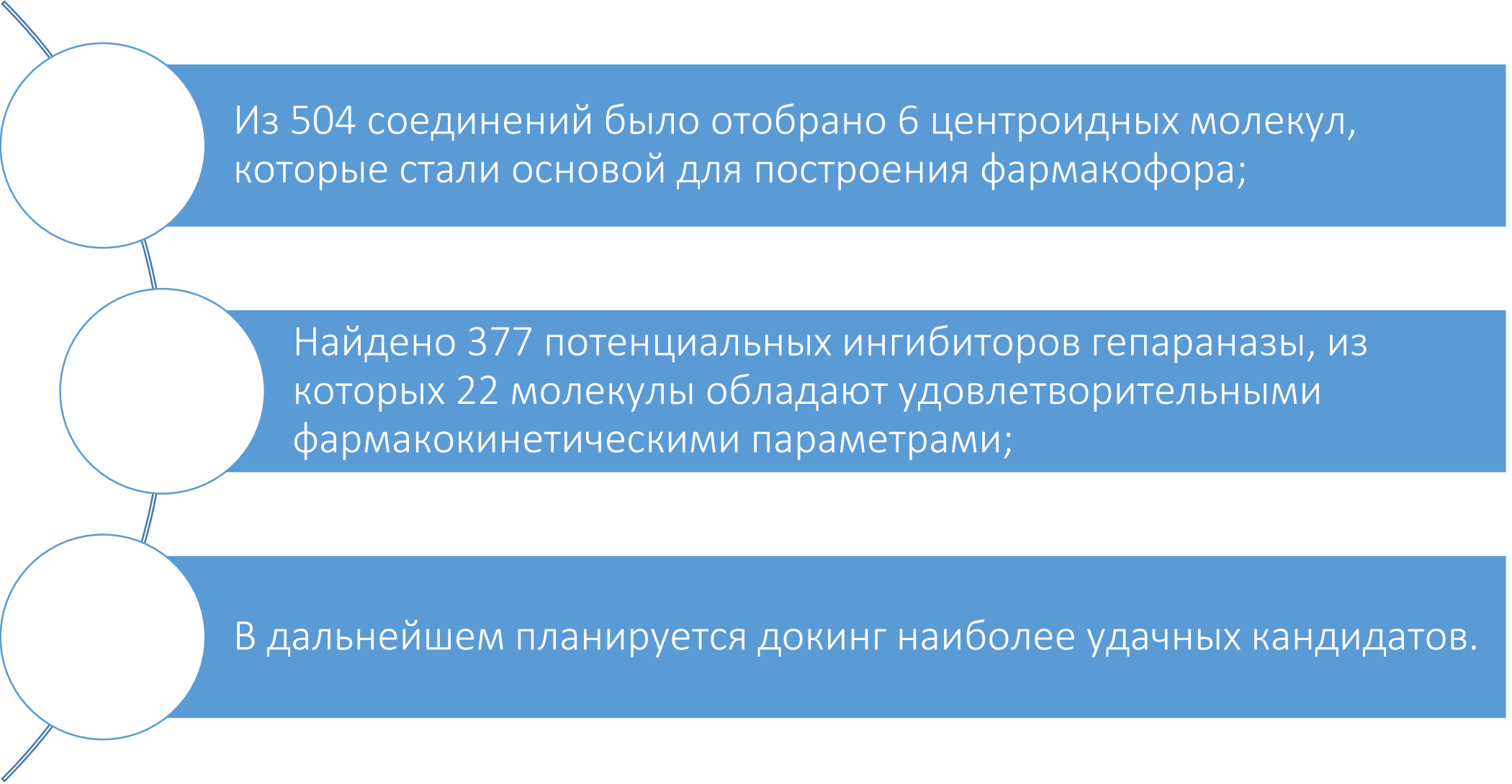


Aliphatic-long-chain



alkyl-halide

Выводы.



Из 504 соединений было отобрано 6 центроидных молекул, которые стали основой для построения фармакофора;

Найдено 377 потенциальных ингибиторов гепараназы, из которых 22 молекулы обладают удовлетворительными фармакокинетическими параметрами;

В дальнейшем планируется докинг наиболее удачных кандидатов.



*Благодарим за
внимание!!!*