

Utjecaj strukturnih značajki antitumorskih inhibitora histon deacetilaze

Morić, Sandra

Master's thesis / Diplomski rad

2019

Degree Grantor / Ustanova koja je dodijelila akademski / stručni stupanj: **University of Zagreb, Faculty of Pharmacy and Biochemistry / Sveučilište u Zagrebu, Farmaceutsko-biokemijski fakultet**

Permanent link / Trajna poveznica: <https://urn.nsk.hr/urn:nbn:hr:163:834148>

Rights / Prava: [In copyright](#)/[Zaštićeno autorskim pravom.](#)

Download date / Datum preuzimanja: **2024-12-25**



Repository / Repozitorij:

[Repository of Faculty of Pharmacy and Biochemistry University of Zagreb](#)



Sandra Morić

**Utjecaj strukturnih značajki antitumorskih
inhibitora histon deacetilaza (HDACi) na njihovu
toksičnost - QSAR istraživanja**

DIPLOMSKI RAD

Predan Sveučilištu u Zagrebu Farmaceutsko-biokemijskom fakultetu

Zagreb, godina 2019.

Ovaj diplomski rad prijavljen je na kolegiju Biokemija lijekova Sveučilišta u Zagrebu Farmaceutsko-biokemijskog fakulteta i izrađen na Zavodu za farmaceutsku kemiju pod stručnim vodstvom izv. prof. dr. sc. Milene Jadrijević-Mladar Taka .

Ovom prilikom zahvalila bih svojoj mentorici izv. prof.dr.sc. Mileni Jadrijević-Mladar Taka na iznimnom strpljenju, pomoći i usmjeravanju pri pisanju ovog rada.

Čeljala bih također zahvaliti i svojim najbližima kolegama i prijateljima na neizmjernej potpori koju su mi pružili tijekom studija.

SADRŽAJ

1. UVOD.....	1
1.1. Histon-deacetilaze (HDAC).....	3
1.1.1. Acetilacija i deacetilacija histona.....	5
1.1.2. Inhibitori histon-deacetilaza (HDACi).....	7
1.2. Odnos strukture i djelovanja.....	9
1.3. Bioraspoloživost i ADMET.....	11
1.3.1. CYP enzimi i metabolizam lijekova.....	12
1.3.2. Toksičnost.....	16
1.3.2.1. <i>In silico</i> predviđanje toksičnosti.....	18
1.4. Lipinski pravilo 5.....	19
2. OBRAZLOŽENJE TEME.....	21
3. MATERIJALI I METODE.....	23
4. REZULTATI I RASPRAVA.....	32
4.1. QSAR istraživanja odnosa između molekularnih deskriptora i ADMET svojstava ispitivanih molekula.....	48
5. ZAKLJUČAK.....	51
6. LITERATURA.....	53
7. SAŽETAK/SUMMARY.....	60
8. Temeljna dokumentacijska kartica/Basic documentation card.....	61

1. UVOD

Terapija raka danas predstavlja jedan od najvećih izazova suvremene medicine zbog kompleksne etiologije same bolesti. Uzroci raka su nepoznati, zapravo se radi o kombinaciji mnogobrojnih čimbenika kao što su npr. genetska podložnost te čimbenici s kojima se uvijek susrećemo tijekom svakodnevnog života (kancerogeni iz dima, hrane, okoliša,...). Ono što je svim čimbenicima zajedničko jest da induciraju mutacije gena i izazivaju genske defekte u obliku aktivacije onkogenih ili pak inhibicije tumor-supresorskih gena. Kao posljedica genskih defekata mogu nastati abnormalni signalni putevi u stanici - stanica može postati neosjetljiva na signale koji inhibiraju rast. Moguće su također abnormalnosti u regulaciji staničnog ciklusa koje uzrokuju nekontroliranu diobu stanice i stvaranje tumorskog tkiva, pri čemu je poremećen mehanizam programirane stanične smrti (apoptoze) te stoga stanice postaju besmrtno. Stanice tumorskog tkiva sposobne su također stvarati vlastite krvne žile (angiogeneza), što im omogućuje daljnje neometano preživljavanje, te invaziju okolnih tkiva i metastaziranje (Cooper, 2000).

Liječenje raka pristupa se na različite načine, zavisno o vrsti i lokalizaciji. Moguća je uporaba zračenja (radioterapija), antitijela (imunoterapija), genska terapija, primjena hipertermije (zagrijavanje tumora), hormonska terapija, fizičko uklanjanje (kirurgija) i liječenje citostaticima (kemoterapija).

Prema klasičnoj podjeli, citostatici/antitumorski lijekovi dijelili su se na kemoterapijske tvari (alkilirajuće tvari, antimetaboliti, inhibitori topoizomerase itd.), hormonsku terapiju (steroidi, antiestrogeni, antiandrogeni, inhibitori aromataze) i imunoterapiju (interferon, interleukin-2, cjepiva), međutim detaljnijim saznanjima o biologiji tumorske stanice proširene su terapijske mogućnosti stoga je predložena nova podjela antitumorskih lijekova (Espinosa i sur., 2003) temeljem meta koje ovi lijekovi ciljaju u tumorskoj stanici:

1. lijekovi koji izravno interferiraju sa sintezom tumorske DNA, poput derivata dušikovog iperita (ciklofosfamid, ifosfamid, melfalan, klorambucil, bendamustin), derivata nitrozouree (karmustin), triazenskih spojeva (dakarbazin, temozolomid), antibiotika (bleomicin, mitomicin) te spojeva koji sadrže platinu (cisplatin, karboplatin, oksaliplatin);
2. lijekovi koji ciljaju proteine povezane s tumorskom DNA, poput antraciklinskih antibiotika (doksorubicin, epirubicin, idarubicin, mitoksantron), podofilotoksina

(etopozid, tenipozid), inhibitora topoizomeraze I (topotekan, irinotekan, rubitekan), antimetabolita (metotreksat, trimetreksat, 5-fluorouracil, kapecitabin, citarabin, fludarabin, gemcitabin);

3. lijekovi koji utječu na specifične gene te ih modificiraju, kao što su steroidi (prednizolon, deksametazon), antihormoni (tamoksifen, fulvestrant, flutamid, bikalutamid, anastrozol, letrozol, goserelin, buserelin, triptorelin), retinoidi (ATRA, fenretidin, beksaroten), interferon- α i genska terapija;
4. lijekovi koji ciljaju membranske receptore tumorskih stanica, kao što su monoklonska protutijela koja djeluju na ekstracelularnu domenu receptora (rituksimab, ibritumomab, alemtuzumab, trastuzumab, cetuksimab), te tzv. male molekule koje djeluju na intracelularnu domenu receptora (gefitinib, erlotinib);
5. lijekovi koji svoje djelovanje ispoljavaju u citoplazmi tumorskih stanica, kao što su inhibitori signalnih puteva u tumorskoj stanici (imatinib) i inhibitori tubulina (vinkristin, vinblastin, vinorelbin, paklitaksel, docetaksel);
6. lijekovi koji ciljaju endotel i ekstracelularni matriks tumorskih stanica, poput talidomida i karboksiamid-triazola koji inhibiraju endotelne faktore rasta, bevazicumaba i endostatina koji inhibiraju receptore endotelnih stanica, te marimastata i vitaksina koji inhibiraju metaloproteinaze i integrinske receptore u ekstracelularnom matriksu.

Promjene u ekspresiji onkogenih i/ili tumor-supresorskih gena te posljedice nastanka tumora nisu uvijek posljedica mutacija. Transkripcijska regulacija epigenetičkim mehanizmima također može biti uzrok tumorskim promjenama u stanici. Epigenetika se definira kao nasljedne promjene funkcije gena koje nisu posljedica mijenjanja nukleotidnog slijeda u DNA. Metilacija DNA i modifikacija histona identificirane su kao dva glavna procesa odgovorna za epigenetičke promjene funkcije gena (Ediriweera i sur., 2019).

1.1. Histon-deacetilaze (HDAC)

Histoni su alkalni proteini u eukariotskim stanicama koji zajedno s DNA tvore strukturu zvanu kromatin, od koje se sastoje kromosomi. Osnovna građevna jedinica kromatina jest nukleosom kojeg čini 146-147 baznih parova (bp) DNA omotanih oko oktamera kojeg čine po dva od svakog pojedinog histona: H2A, H2B, H3 i H4. Nukleosomi su međusobno povezani veznom DNA različitih duljina združenom s povezujućim (*linker*) histonom H1 (Mariño-Ramírez i sur., 2005).

Acetilacija histona posredovana je histon-acetil-transferazama (HAT), dok je deacetilacija posredovana histon-deacetilazama (HDAC). Obje skupine enzima ciljaju lizinske ostatke u histonskom 'repu'. HAT se dijele na individualne enzime HAT1, TFIIC90¹, TAF1², SRC1³, ACTR⁴, p160⁵ i CLOCK⁶, te na porodice p300/CPB⁷ (u koju spadaju p300 i CPB), GNAT⁸ (u koju spadaju hGNC5⁹, PCAF¹⁰ i ELP3¹¹) i MYST¹² (u koju spadaju TYP60¹³ i MYST1-4). (Schneider i sur., 2013) U skupinu konvencionalnih (klasičnih) histon-deacetilaza nalazi se jedanaest enzima ovisnih o ionu cinka kao kofaktoru i podijeljenih u četiri klase zavisno o njihovoj homologiji, lokalizaciji u stanici i katalitičkoj aktivnosti (Kim i Bae, 2011).

HDAC klase I (HDAC1, 2, 3 i 8) primarno su lokalizirani u jezgri, sadrže ion cinka kao kofaktor u aktivnom mjestu i smatraju se klasičnima, o cinku ovisnima HDAC.

HDAC4, 5, 6, 7, 9 i 10 lokalizirani su u jezgri i citoplazmi i čine klasu II. Klasa II može se podijeliti u dvije podklase, klasu IIa i IIb. Enzimi klase IIa (HDAC4, 5, 7 i 9) prebacuju se između jezgre i citoplazme i lokalizirani su u specifičnim tkivima kao što su mozak, srce i mišići. Enzimi klase IIb (HDAC6 i 10) lokalizirani su većinom u citoplazmi.

HDAC klase III su, za razliku od konvencionalnih HDAC, sirtuini. Kod sisavaca ih je otkriveno sedam (SIRT1-7). To su o nikotinamid-adenin-dinukleotidu (NAD⁺) ovisne protein-

¹ TFIIC90 - podjedinica transkripcijskog faktora IIC od 90 kDa

² TAF1 - transkripcijski inicijacijski faktor, podjedinica 1

³ SRC1 - koaktivator nuklearnih receptora 1 (NCOA1), često zvan koaktivatorom steroidnih receptora

⁴ ACTR - koaktivator nuklearnih receptora 3 (NCOA3), zvan i koaktivatorom steroidnih receptora 3 (SRC-3)

⁵ p160 - porodica koaktivatora nuklearnih/steroidnih receptora (SRC)

⁶ CLOCK - transkripcijski faktor za kojeg se smatra da utječe na cirkadijalni ritam

⁷ P300/CPB - histon acetiltransferaza p300 i CREB-vezujući protein

⁸ GNAT - Gnc5-povezane N-acetiltransferaze

⁹ hGNC5 - Gnc5-povezana N-acetiltransferaza

¹⁰ PCAF - faktor povezan s P300/CPB

¹¹ ELP-3 - katalitička podjedinica elongatorskog kompleksa histon acetiltransferaze

¹² MYST - porodica nazvana po enzimima MOZ, Ybf2, Sas3 i Tip60

¹³ TYP-60 - histon acetiltransferaza KAT5, kodirana genom KAT5

deacetilaze lokalizirane unutar jezgre (SIRT1, SIRT6 i SIRT7), unutar mitohondrija (SIRT3, SIRT4 i SIRT5) te unutar citoplazme (SIRT2).

Klasu IV ini samo HDAC11 koji je lokaliziran u mozgu, srcu, bubrezima, skeletnim mišićima i testisima.

Fiziološka uloga HDAC izoformi određena je studijama *knock-out*¹⁴ i transgeni miševi te RNA interferencijom (RNAi). Enzimi klase I (HDAC1, 2, 3, 8) reguliraju diferencijaciju, inhibiciju rasta i apoptozu kancerogenih stanica. HDAC6 (enzim klase IIb) inducira acetilaciju tubulina¹⁵, mikrotubula i Hsp90¹⁶, što upućuje da bi mogao biti terapijska meta pri liječenju neurodegenerativnih bolesti i karcinoma. Enzimi klase IIa vežu se na jedinstvene proteine koji reguliraju epigenetski proces. HDAC4 je regulator hipertrofije hondrocita¹⁷ i ima ključnu ulogu u regulaciji skeletogeneze i stanične smrti neurona. HDAC5 i 9 reguliraju srčanu funkciju i mogu inducirati srčanu hipertrofiju. Regulacija krvotoknog integriteta i razvitka T-stanica pripisuje se HDAC7.

¹⁴ *Knockout* ili knock-out miš – genetski modificiran miš (*Mus musculus*) kojemu je prilikom istraživanja inaktiviran (knocked out) postojeći gen zamjenom s drugim genom ili umetanjem umjetno sintetizirane DNA.

¹⁵ Tubulin – ili α -tubulin, polimerizira se u mikrotubule, glavne komponente eukariotskog citoskeleta

¹⁶ Hsp90 - protein toplinskog šoka 90

¹⁷ Hondrocit - zrela, diferencirana stanica hrskavičnog tkiva koja sudjeluje u njegovom održavanju

1.1.1. Acetilacija i deacetilacija histona

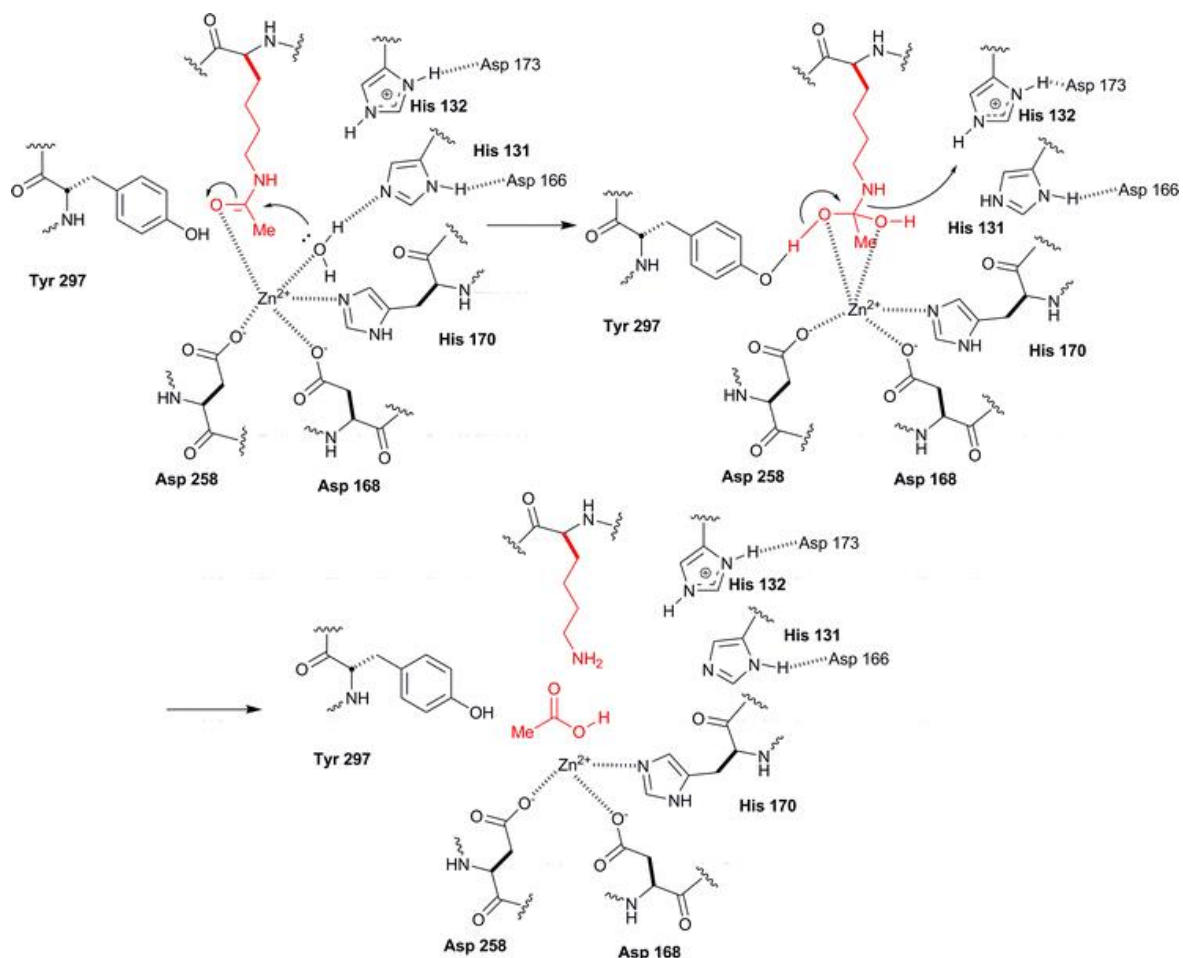
Negativno nabijena DNA vrsto se veće na pozitivno nabijen histon karakteriziran -amino skupinom lizinskog ostatka. Acetilacija histona neutralizira pozitivan naboj -amino skupine lizinskog ostatka i slabi interakciju s negativno nabijenom DNA, pri čemu kondenzirani heterokromatin¹⁸ prelazi u dekonenzirani eukromatin¹⁹. Eukromatin tako postaje podložan vezanju regulatornih proteina i RNA polimeraze²⁰, te posljedično transkripciji gena. Deacetilacija histona pomoću HDAC jača interakciju s DNA, zatvara strukturu kromatina te na taj način transkripcija gena postaje nemoguća (Adcock i sur., 2005).

Pretpostavljeni mehanizam deacetilacije histona polazi od acetiliranog lizinskog ostatka koji koordinira s ionom cinka u aktivnom mjestu histon-deacetilaze. Slijedi nukleofilni napad molekule vode i stvaranje tetrahedralnog intermedijera od kojeg se zatim odvaja molekula octene kiseline te lizinski ostatak postaje slobodan i deacetiliran (Newkirk i sur., 2009). (Slika 1)

¹⁸ Heterokromatin - vrsto pakirana (kondenzirana) DNA kromatina

¹⁹ Eukromatin - relaksirana (dekonenzirana) DNA kromatina

²⁰ RNA polimeraza - enzim koji sintetizira RNA prema DNA kalupu



Slika 1. Pretpostavljeni mehanizam deacetilacije histona (Newkirk i sur., 2009)

Osim histona, HDAC reguliraju acetilaciju nekih ne-histonskih proteina kao što su tubulin, p21²¹ i p53²², što sugerira da su ti enzimi također uključeni u određene stanične događaje (Kim i Bae, 2011). Studije pokazuju prekomjerno eksprimirane HDAC tijekom različitih bolesti kao što su upalne i neurodegenerativne bolesti i različite vrste karcinoma. Prekomjerno eksprimirane HDAC osobito su karakteristične za karcinom dojke (Ediriweera i sur., 2019). Stoga HDAC inhibitori imaju velik potencijal za terapijsku primjenu.

²¹ p21 - o ciklinu ovisan inhibitor kinaza, jedan od glavnih meta aktivnosti p53

²² p53 - tumorski protein/stanični tumorski antigen 53, u zdravoj stanici služi kao tumorski supresor, međutim u tumorskim stanicama njegova je funkcija poremećena

1.1.2. Inhibitori histon-deacetilaza (HDACi)

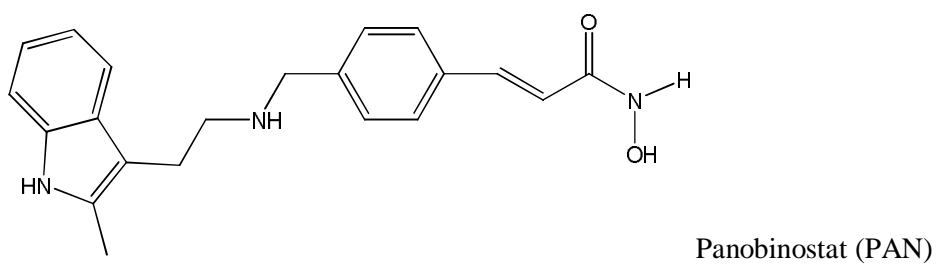
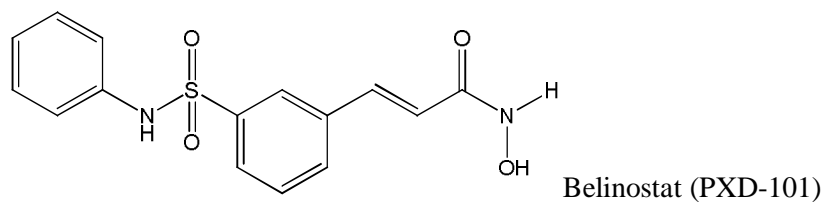
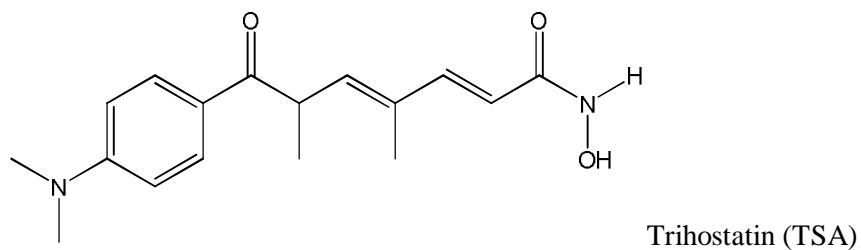
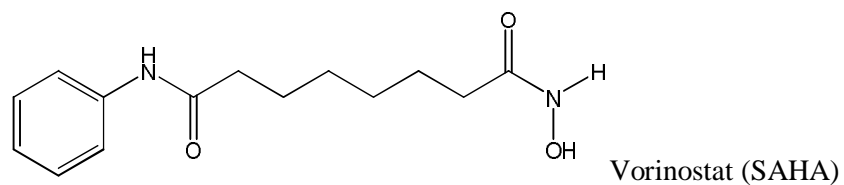
Otkriven je niz u inkovitih, strukturalno raznolikih inhibitora histon-deacetilaza. Radi se o prirodnim produktima i sintetskim spojevima, od kojih neki inhibiraju sve histon-deacetilaze, dok su drugi izoformno selektivni. Iako mehanizam djelovanja inhibitora histon-deacetilaze zasad nije posve razja-njen, klini ki su validirani na onkolo-kim pacijentima s malignim hematolo-kim bolestima (npr. kutani T-stani ni limfom). 2006. i 2009. godine dva su inhibitora histon-deacetilaze, vorinostat i romidepsin, odobreni od strane ameri ke Agencije za hranu i lijekove, za lije enje kutanog T-stani nog limfoma. Inhibitore histon-deacetilaze karakterizira dobra podno-ljivost i klini ka u inkovitost u lije enju hematolo-kih tumora, no slabije su u inkoviti kada se koriste kao monoterapija u lije enju vrstih tumora (Kim i Bae, 2011).

Osim deacetilacije histona, HDAC inhibitorima se pripisuju i drugi mehanizmi citotoksi nosti poput ometanja funkcije -aperonskih proteina²³, stvaranja slobodnih radikala, induciranja o-te enja DNA, pozitivne regulacije inhibitora napredovanja stani nog ciklusa (npr. p21), te promoviranja apoptoze (Bose i sur., 2014).

Prema strukturi i mehanizmu djelovanja HDAC inhibitori se mogu podijeliti u pet skupina (Eckschlager i sur., 2017):

1. hidrosamske kiseline (Slika 3),
2. cikli ki tetrapeptidi,
3. alifatske kiseline,
4. benzamidi i
5. inhibitori sirtuina.

²³ T_Maperonski proteini - porodica proteina koja sudjeluje u stabilizaciji nepravilno smotanih proteina. Takva stabilizacija pomaže pri procesima kao -to su translokacija, razgradnja i smatanje.

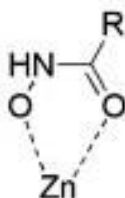


Slika 2. HDAC inhibitori derivati hidroksamske kiseline



Slika 3. Op a struktura HDAC inhibitora derivata hidroksamske kiseline

Svi inhibitori histon-deacetilaze koji sadrže hidroksamsku skupinu posjeduju tri zajedničke strukturne značajke: cink-vezujuću skupinu (slika 4), skupinu odgovornu za prepoznavanje površine aktivnog mjesta enzima, te ravnolanu alkilnu ili arilnu poveznicu koja povezuje prve dvije skupine.



Slika 4. Stvaranje kelata između hidroksamske kiseline i iona cinka (Zn^{2+}). Hidroksamska skupina služi kao bidentatni ligand koji stvara kelat s ionom cinka u aktivnom mjestu histon-deacetilaze za što su potrebna dva atoma kisika: karbonilni i kisik iz hidroksamske skupine (prilagođeno prema Jacobsen i sur., 2010).

1.2. Odnos strukture i djelovanja

Odnos strukture potencijalnog lijeka i njegovog djelovanja (engl. *structure-activity relationship*, SAR) je bitan aspekt otkrića novih lijekova, od primarnog *screeninga* do optimizacije vodećeg spoja (engl. *lead compound*²⁴). Istraživanje odnosa strukture i djelovanja započinje utvrđivanjem postoji li takav odnos uopće u određenoj skupini molekula. Potom se prelazi na razrađivanje detalja jednog ili više SAR metoda te uporaba dobivenih informacija kako bi se ispitivane molekule potencijalno mogle strukturno modificirati na način da se određena svojstva ili djelovanja optimiraju. Ovakva istraživanja uglavnom se primjenjuju u cilju poboljšanja djelovanja molekule, reduciranja njene toksičnosti te osiguravanje optimalne bioraspoloživosti.

Kvantitativan odnos strukture i djelovanja (engl. *quantitative structure-activity relationship*, QSAR) odnosi se na koreliranje strukture potencijalnog lijeka s njegovom biološkom aktivnošću te konstruiranje prediktivnih modela biološke aktivnosti potencijalnog lijeka

²⁴ *Lead compound* - kemijski spoj s biološkom ili farmakološkom aktivnošću u koja sa sobom nosi potencijalnu terapijsku korist, no može biti potrebna modifikacija strukture kako bi se aktivnost pojačala

korištenjem molekulskih deskriptora. Molekulski deskriptori (MD) su parametri elektronskih svojstava, hidrofilnosti/lipofilnosti, steričkih efekata i topologije molekule koji se mogu odrediti eksperimentalno ili teorijski pomoću računalnih programa. Dobiveni podaci se potom podvrgavaju obradi i izradi statističkih QSAR modela (Isarankura-Na-Ayudhya i sur., 2009). QSAR modeli smanjuju potrebu za ispitivanjima potencijalnog lijeka na flivotinjama, daju uvid u svojstva potencijalnog lijeka (uključujući i metabolite i proizvode razgradnje) te na taj način uštede vrijeme i novac potreban za laboratorijska ispitivanja. QSAR mogu biti ili statistički modeli uspostavljeni na temelju već dostupnih podataka eksperimentalnih ispitivanja za određenu skupinu kemijskih tvari, ili metode utemeljene na pravilima (SAR) temeljem literaturnih informacija i dostupnih podataka o ispitivanjima (<http://www.saxocon.eu>). Koncept QSAR-a je koristan pri koreliranju molekulskih informacija ne samo s biološkom aktivnošću već i s drugim fizičko-kemijskim svojstvima pa se u tom slučaju koristi izraz kvantitativni odnos strukture i svojstava (engl. *quantitative structure-property relationship*, QSPR) (Isarankura-Na-Ayudhya i sur., 2009). Isti se principi mogu primijeniti i u toksikološke svrhe. Kvantitativni odnos strukture i toksičnosti (engl. *quantitative structure-toxicity relationship*, QSTR) odnosi se na prediktivne modele koji povezuju varijacije u molekularnim strukturama s toksičnošću. Postoje mnoge primijenjene tehnike modeliranja u QSTR-u, kao što su metoda parcijalnih najmanjih kvadrata, umjetne neuronske mreže i regresija glavnih komponenti (PCR) (Deeb i Goodarzi, 2012).

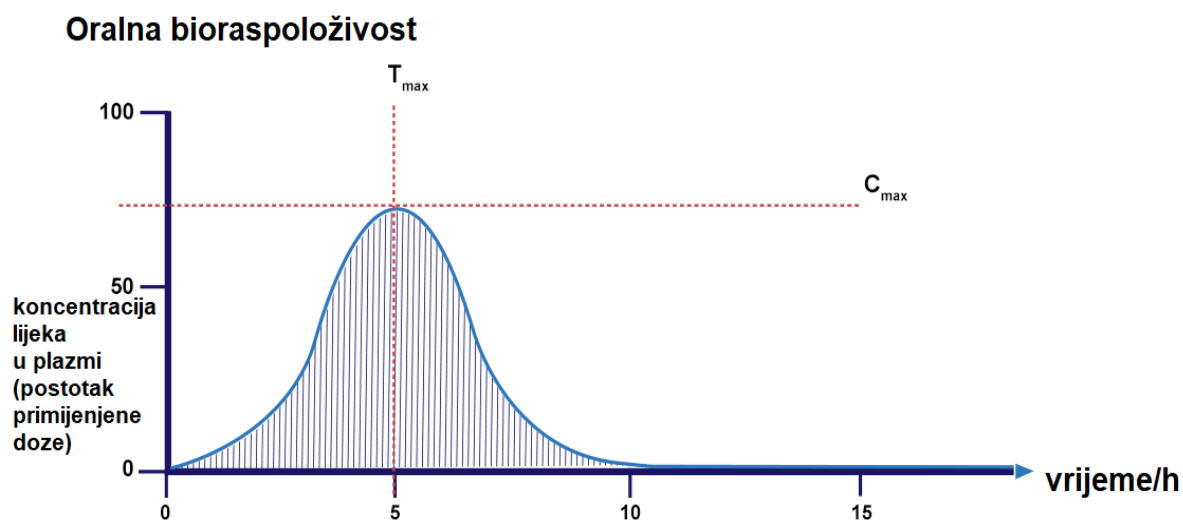
Istraživanjem optimalne duljine alifatskog lanca inhibitora histon deacetilaze otkriveno je da su najučinkovitiji derivati hidroksamske kiseline dugi šest ugljikovih atoma, te da se u učinkovitost smanjuje skraćivanjem duljine lanca: $6 > 7 > 5 > 4$ (Rajak i sur., 2014). Rezultati ispitivanja također su otkrili da su derivati sa zasićenim ugljikovim lancima u učinkovitiji od onih nezasićenih. Dodatkom metilne skupine vezane za hidroksamsku skupinu znatno se smanjuje u učinkovitost, dok demetilacija pojačava selektivnost prema histon-deacetilazama. Zamjena zasićenog ugljikovog lanca izmeću cikličke poveznice i hidroksamske skupine nezasićenim lancem stvara djelotvornije analoge, dok grananje smanjuje u učinkovitost. Supstitucija hidroksamske skupine rigidnom cikličkom skupinom (npr. azolnom ili tiazolnom skupinom) također smanjuje aktivnost. Skupina odgovorna za prepoznavanje površine aktivnog mjesta enzima obično je hidrofobnih svojstava koja stupa u interakciju s rubnim aminokiselinama na enzimu. Aminokiselinski slijed koji okružuje aktivno mjesto kod različitih histon-deacetilaza razlikuje se od ostalih domena i predstavlja veliki potencijal za stvaranje selektivnih inhibitora.

1.3. Bioraspoloživost i ADMET

Prilikom istraživavanja novih lijekova velika se pozornost pridaje istraživavanju njihove bioraspoloživosti. Pojam bioraspoloživosti odnosi se na opseg u kojem aktivni oblik lijeka ili njegov metabolit doseže sistemski krvotok kako bi pristupio mjestu djelovanja. Uz bioraspoloživost usko su vezani pojmovi apsorpcije, distribucije, metabolizma i eliminacije lijeka (ADME). Svaki od tih parametara na svoj način pridonosi konačnoj bioraspoloživosti lijeka (Doogue i Polasek, 2013). Katkad se promatranim parametrima dodaje i potencijalna ili stvarna toksičnost (T) ispitivane tvari, pri čemu se akronim proširuje na ADMET – apsorpcija, distribucija, metabolizam, eliminacija i toksičnost (Kerns i Di, 2016).

Bioraspoloživost se obično procjenjuje određivanjem vršne koncentracije lijeka u krvnoj plazmi, vršnog vremena (vremena u kojem se postigne vršna koncentracija lijeka u plazmi), i površine ispod krivulje odnosa koncentracije lijeka u plazmi i vremena (AUC - engl. *area under curve* = površina ispod krivulje). Koncentracija u plazmi raste proporcionalno s apsorpcijom, a vršna koncentracija u plazmi postiže se kad eliminacija dostigne apsorpciju. Međutim, eliminacija lijeka započinje čim se lijek pojavi u krvotoku, stoga procjenjivanje bioraspoloživosti temeljem određivanja vršne koncentracije može biti neprecizno. Vršno vrijeme se najčešće koristi kao pokazatelj apsorpcije – što je apsorpcija sporija, vršno vrijeme će biti dulje, odnosno biti će potrebno više vremena da se postigne vršna koncentracija lijeka u plazmi.

AUC je najpouzdaniji pokazatelj bioraspoloživosti - proporcionalna je ukupnoj količini lijeka koji nepromijenjen stigne u plazmu.



Slika 5. Odnos koncentracije lijeka u plazmi i vremena nakon jednokratne peroralne primjene lijeka pri emu je površina ispod krivulje osjenana i predstavlja procijenjenu bioraspoloživost, a T_{max} je vrijeme u kojem je postignuta vrhna plazma koncentracija lijeka (C_{max}) (prilagođeno prema <http://www.eupati.eu>, pristupljeno 15.5.2019.).

P-glikoprotein. Humani P-glikoprotein (ABCB1) je primarni transporter za više lijekova (eng. *multi-drug transporter*) lokaliziran u plazmatskim membranama koji hidrolizom ATP-a dobiva energiju za izbacivanje (efluks) ksenobiotika (lijekova i tjelesnih tvari) iz stanice. Prilikom istraživanja novih lijekova važno je ispitati je li potencijalni lijek supstrat P-glikoproteina jer djelovanjem P-glikoproteina na lijek on može biti u kratkom roku izbačen iz stanice i time njegovo uklanjanje bitno onemogućeno, što za posljedicu ima smanjenu bioraspoloživost (Al-Shawi i Omote, 2005).

1.3.1. CYP enzimi i metabolizam lijekova

Glavno mjesto metabolizma lijekova jest u jetri. Biotransformacija je prisutna i u drugim tkivima, no s manjom zastupljenošću. Premda se biotransformacijom lijekovi u pravilu inaktiviraju, metaboliti nekih lijekova su farmakološki aktivni, ponekad i djelotvorniji od ishodne tvari, za razliku od prolijekova koji su neaktivne molekule koje zahtijevaju metaboličku aktivaciju do aktivnih metabolita –to je posebno korisno ako se aktivni oblik na taj način efikasnije isporučuje i na mjesto djelovanja ili smanji toksičnost roditeljskog lijeka (<http://www.medicinenet.com>).

Lijekovi se biotransformiraju oksidacijom, redukcijom, hidrolizom, hidracijom, konjugacijom, kondenzacijom ili izomerizacijom, a cilj svakog od ovih procesa je olakšavanje njihovog izlučivanja. Stupanj biotransformacije pojedinih lijekova se interindividualno razlikuje. Na te individualne osobitosti utječu u genetski imbenici, prateće bolesti (posebice kronične bolesti jetre i zatajenje srca) te interakcije (osobito one koje su posljedica indukcije ili inhibicije metabolizma) (Tracy i sur, 2016).

Biotransformacija se obično odvija u dvije faze. Reakcije faze I su reakcije funkcionalizacije (unos se nova funkcionalna skupina), a odnose se primjerice na oksidaciju, redukciju, hidrolizu molekule, odnosno na stvaranje nove ili modificiranje već postojeće funkcionalne skupine. Reakcijama hidroksilacije ili monooksigenacije nastaju metaboliti većinom u obliku netoksičnih alkohola ili fenola.

Reakcije faze II se odnose na spajanje molekule lijeka s jednom endogenom tvari ili endokonom²⁵ (npr. glukuronska, sulfatna kiselina ili glicin). Metaboliti nastali reakcijama konjugacije su polarniji i brže se izlučuju urinom i fekalno od metabolita I. faze. Neki lijekovi podliježu samo reakcijama I. ili II. faze, a neki objema fazama, i ovi brojevi ne ukazuju na redoslijed, već na prirodu reakcija.

Najvažniji enzimski sustav odgovoran za biotransformacije I. faze je citokrom P450 (CYP450), nazvan tako zbog činjenice da je vezan na membrane u stanicama te sadrži hemski pigment koji apsorbira svjetlost na valnoj duljini 450 nm kada je izložen ugljikovom monoksidu. CYP450 je mikrosomska superporodica izoenzima koji kataliziraju metabolizam velikog broja ksenobiotika²⁶ uključujući i lijekove. Kao izvor elektrona služi NADPH (citokrom P450 reduktaza, flavoprotein koji prenosi elektrone s NADPH, reduciranog oblika nikotinamid adenin dinukleotid fosfata, na citokrom P450). Iako postoji više od pedeset CYP450 enzima, 90% lijekova metabolizira se putem CYP1A2, CYP2C9, CYP2C19, CYP2D6, CYP3A4 i CYP3A5. Ovi enzimi su uglavnom eksprimirani u jetri, no prisutni su i u tankom crijevu, plućima, posteljici i bubrezima.

Lijekovi stupaju u interakcije s CYP sustavom na nekoliko načina. Lijek može biti metaboliziran pomoću jednog CYP enzima (npr. metoprolol pomoću CYP2D6) ili više njih

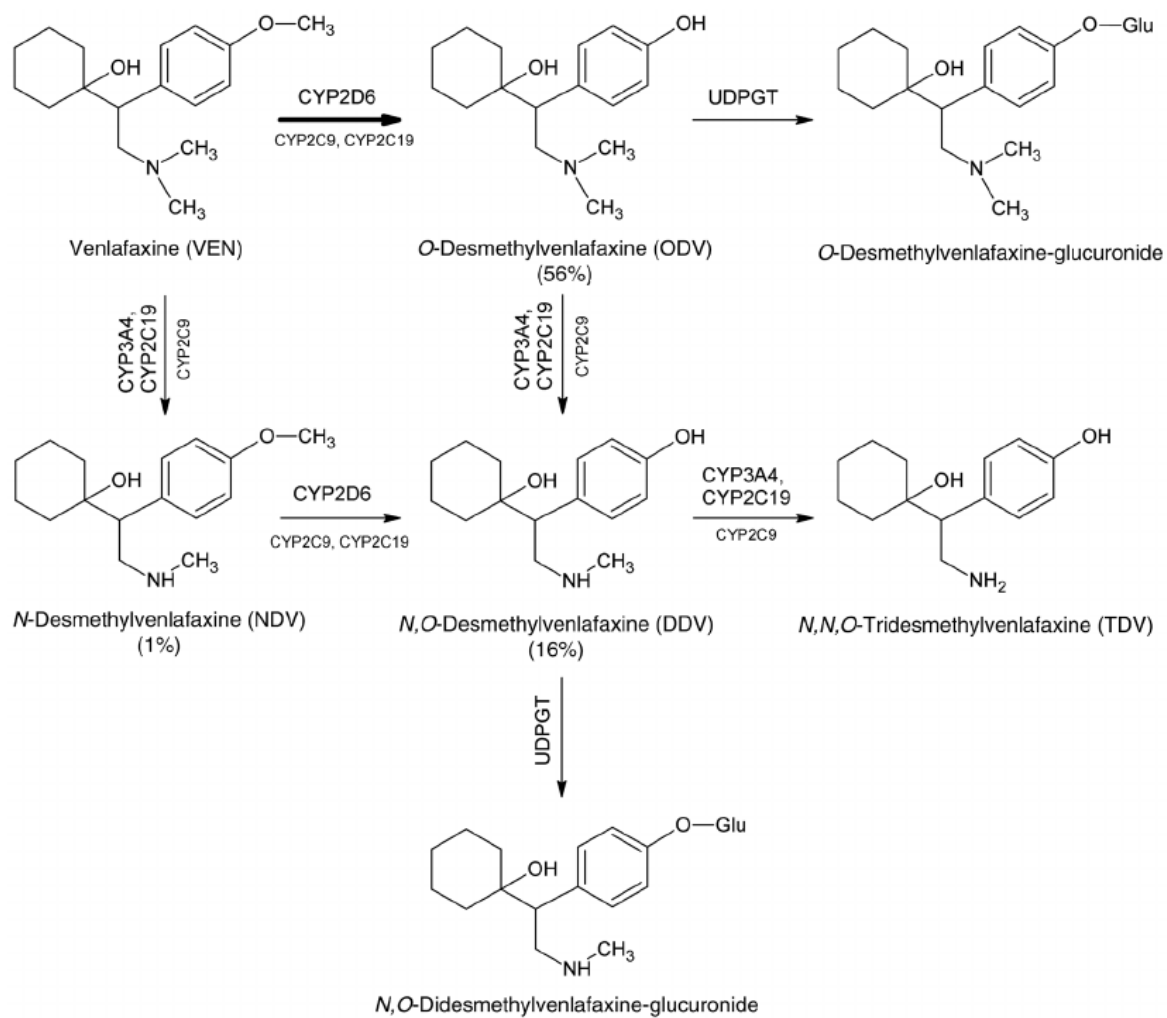
²⁵ endokon (eng. *endocon*) je endogena konjugirajuća tvar, dio konjugiranog metabolita koji je izveden kao prirodni produkt metabolizma

²⁶ ksenobiotik - bilo koja strana tvar ili egzogena kemikalija koje tijelo ne prepoznaje, kao što su lijekovi, zagađivači, kao i neki prehrambeni aditivi i kozmetika

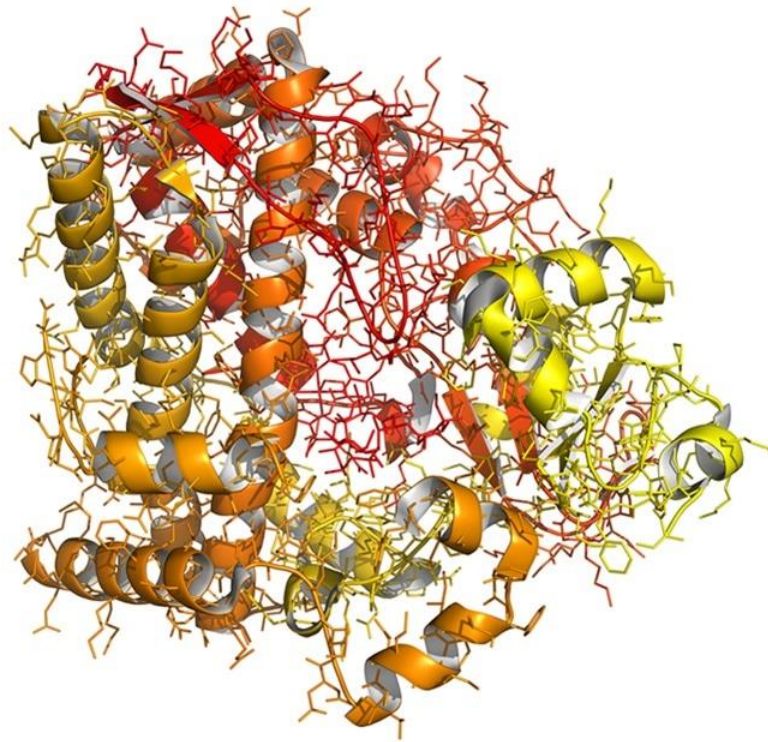
(npr. varfarin pomo u CYP1A2, CYP2D6 i CYP3A4). Lijekovi koji uzrokuju metaboli ke interakcije mogu biti induktori ili inhibitori CYP enzima. Inhibitori blokiraju metaboli ku aktivnost jednog ili vi-e CYP enzima ovisno o primijenjenoj dozi i sposobnosti vezanja samog inhibitora na enzim. Inhibitorni u inak javlja se neposredno nakon primjene lijeka.

Induktori poja avaju aktivnost CYP enzima poti u i njihovu dodatnu sintezu. Za razliku od inhibicije, indukcija se javlja odgo eno obzirom na vrijeme poluffivota lijeka. Smanjenje koncentracije lijeka metaboliziranog pomo u CYP2C9 mođe se javiti unutar 24 sata nakon primjene rifampicina, lijeka s kratkim vremenom poluffivota, no mođe se javiti i do tjedan dana kasnije nakon primjene fenobarbitala, induktora s dugim vremenom poluffivota.

Prilikom primjene CYP450 induktora ili inhibitora potreban je poseban oprez. Ciljani lijek bi trebao biti zamijenjen drugim lijekom ili bi se doza trebala prilagoditi obzirom na promjene metabolizma lijeka. Tako er, standardne terapijske doze lijeka mogu uzrokovati nuspojave vezane uz pove anu koncentraciju lijeka u serumu ukoliko osoba slabo metabolizira lijek ili je CYP450 inhibitor dodan u terapiju (Lynch i Price, 2007). Primjer za takvu interakciju jest istodobna primjena venlafaksina i propafenona. Venlafaksin se primarno metabolizira putem CYP2D6 te je tako er supstrat P-glikoproteina, dok je propafenon supstrat i inhibitor CYP2D6 i P-glikoproteina. Inhibicijom CYP2D6 s propafenonom dolazi do pove ane koncentracije venlafaksina u plazmi –to za posljedicu ima nuspojave u vidu halucinacija i psihomotorne agitacije (Palleria i sur., 2013). Sli ne interakcije primije ene su i pri istodobnoj primjeni tioridazina i propranolola (CYP2D6), omeprazola i diazepama (CYP2C19), tolbutamida i fenitoina (CYP2C9) te diltiazema i ciklosporina (CYP3A).



Shema 1. Pretpostavljene reakcije metabolizma venlafaksina (VEN) u ljudi. Podebljana strelica označava glavni metabolitički put. Glavni enzimi koji kataliziraju pojedini korak metabolizma navedeni su iznad strelica (CYP - citokrom P450; UDPGT - uridin difosfat-glukuronoziltransferaza.)



Slika 6. Kemijska struktura CYP3A4, jednog od enzima citokrom P450 enzimskog sustava (<https://www.news-medical.net/>).

1.3.2. Toksičnost

Većina lijekova postiže svoj terapijski učinak inak modifikacijom homeostaze organizma (izuzetak su antimikrobni lijekovi i antiparazitici koji djeluju izravno na uzročnike bolesti). Neki lijekovi kao npr. atropin, tubokurarin, ergot alkaloidi i dikumarol imaju terapijska svojstva koja su otkrivena slučajno, kao posljedica slučajnih ili namjernih otrovanja. Stoga ne iznenađuje činjenica da su gotovo svi lijekovi sposobni prouzročiti štetne učinke ako se uzmu u dovoljno velikoj dozi (Waller i Sampson, 2018).

Toksičnost lijekova može se pojaviti tijekom primjene uobičajenih terapijskih doza ili kao rezultat akutnog trovanja. U nekim slučajevima toksičnost se javlja u većine pacijenata zbog same prirode lijeka kojeg koriste u terapiji (npr. citotoksični lijekovi korišteni u kemoterapiji), no znatna toksičnost je za većinu lijekova ipak rijetka ukoliko se primjenjuju u preporučenim terapijskim dozama. Postoje značajne interindividualne razlike među ljudima koje utječu na pojavu neekvivalentnih reakcija na lijekove, te se rizik od toksičnosti može smanjiti ukoliko se pri izboru lijeka i njegove doze u obzir uzmu te razlike, kao što su npr. dob, tjelesna težina, tijek same bolesti itd. Genetski faktori bi također trebali biti uzeti u obzir. Smanjenjem doze

ili promjenom lijeka smanjiti se intenzitet neotekivanih reakcija ili se one u potpunosti prestati.

Nefeljene reakcije na lijek (engl. *adverse drug reactions*. ADR) mogu se ugrubo podijeliti na dva glavna tipa:

- tip A (engl. *augmented* - poveane) - te reakcije su obino povezane s primijenjenom dozom lijeka i mogu se predvidjeti obzirom na farmakološke i biokemijske uinke lijeka ili njegovih metabolita.

- tip B (engl. *bizarre* - bizarne, nepredvidive) - ove reakcije nisu povezane s primijenjenom dozom lijeka, idiosinkratske su i nepredvidive. esto su imunološke prirode.

Ovo je poprili no-tura klasifikacija koja u obzir ne uzima prolazak vremena od uzimanja lijeka kao ni individualnu podlofnost osobe da reagira na lijek. Postoje jo-neke klasifikacije reakcija npr. C (engl. *continuing* - kontinuirane), D (engl. *delayed* - odgo ene), E (engl. *end-of-use* - po prestanku kori-tenja lijeka), F (engl. *failure of therapy* - neuspjeh terapije) i G (engl. *genomic/genetic* - genomske/geneti ke).

Biokemijska toksičnost se odnosi na nefeljene reakcije ili o-te enje tkiva uzrokovano interakcijom lijeka ili njegovog aktivnog metabolita sa stani nim strukturama, naj e-e makromolekulama kao -to su strukturni proteini ili enzimi. Za ve inu registriranih lijekova ova vrsta toksi nosti otkrije se tijekom pretklini kih ispitivanja na flivotinjama te se dalje prati tijekom klini kih istraffivanja npr. pra enjem promjena koncentracije jetrenih ili mi-i nih enzima u serumu (Waller i Sampson, 2018).

U nekim slu ajevima, poznavanje mehanizma djelovanja molekule lijeka pomoglo je osmisliti njegov specifi an antidot ili neku drugu vrstu lije enja ovakve vrste toksi nosti. Npr. poznato je da tiolna (-SH) skupina endogenog tripeptida glutationa mofle prevenirati o-te enje tkiva uzrokovano visoko reaktivnim kemijskim vrstama kao -to je npr. toksi ni metabolit paracetamola, *N*-acetil-para-benzokinon-imin (NAPQI). Priroda stani nog o-te enja je u korelaciji sa stabilno-u reaktivne kemijske vrste. Izrazito nestabilni metaboliti mogu se kovalentno vezati na enzime i inaktivirati ih, dok oni stabilniji mogu difundirati do tefle dostupnih mjesta u stanici (npr. DNA) i pokrenuti promjene kao npr. kancerogenezu.

Lijek se mofle eliminirati iz organizma u izvornom obliku ili u obliku inaktivnih metabolita, pri emu nema opasnosti od -tetnih u inaka. Druga opcija jest konverzija u reaktivni metabolit. On se mofle spontanim raspadanjem, deaktivacijom uz pomo enzima ili

citoprotektivnim signalnim putevima pretvoriti u inaktivni produkt. Ukoliko se to ne dogodi, reaktivni metabolit može se kovalentno vezati za DNA i izazvati mutacije i kancerozne promjene, ili se kovalentno vezati na proteine pri čemu dolazi do nekroze stanice, upalnih reakcija i drugih štetnih posljedica (Waller i Sampson, 2018).

Metabolizmom putem CYP-a mogu nastati reaktivni metaboliti ukoliko molekula posjeduje određene funkcionalne skupine koje podliježu konverziji u reaktivne kemijske vrste. Te funkcionalne skupine su npr. tiofeni i drugi heterocikli kao prstenovi koji sadrže sumpor, furani, anilini, nitrobenzeni, hidrazini i neki derivati karboksilnih kiselina. Također, CYP-om proizvedeni elektrofilni kinoidni produkti (kinoni, kinon-imini, kinon-metidi itd.) nekih spojeva poput npr. paracetamola mogu se kovalentno vezati za makromolekule ili uzrokovati oksidativni stres što za posljedicu ima hepatotoksičnost. Neki od tih lijekova su diklofenak, nefazodon, trazodon, takrin, amodiakvin i lapatinib (Baillie i Rettie, 2011).

1.3.2.1. *In silico* predviđanje toksičnosti

In silico toksikološke metode (engl. *in silico toxicology*, IST) su računalne tehnike koje analiziraju, simuliraju, vizualiziraju ili predviđaju toksičnost kemijskih spojeva. IST obuhvaća svu metodologiju za analizu kemijskih i bioloških svojstava baziranu na kemijskoj strukturi koja predstavlja stvaran ili pretpostavljen kemijski spoj. *In silico* pristup se često kombinira s drugim metodama ispitivanja toksičnosti, međutim u posljednje vrijeme *in silico* pristup se sve više počinje koristiti za generiranje informacija o procjenama toksičnosti s manje potrebe za izvornjem ispitivanjem *in vitro* i *in vivo*.

IST koristi modele koji se mogu kodirati unutar softverskih alata za predviđanje potencijalne toksičnosti kemikalije i, u nekim situacijama, za kvantitativno predviđanje toksične doze ili potencije. Ovi modeli temelje se na eksperimentalnim podacima, odnosima strukture i aktivnosti i znanstvenim spoznajama. Postoje brojne različite situacije u kojima *in silico* metode imaju važnu ulogu u procjeni opasnosti postojećih kemikalija ili novih tvari koje se razvijaju i koje bi imale koristi od razvoja toksikoloških protokola *in silico*. To uključuje:

- izvanredne situacije u kojima je potrebno brzo razumijevanje potencijalnih toksikoloških posljedica izloženosti u nedostatku postojećih podataka o toksikološkim ispitivanjima;
- ograničenu dostupnost ispitivane tvari;
- tešku izvedivost laboratorijskih ispitivanja;

- kompleksnost ispitivane tvari i nemogućnost njezine sinteze i
- situacije u kojima je manje zahtjevan i jeftiniji pristup potrebniji od eksperimentalnog rada.

IST metode su jedan pristup za generiranje dodatnih informacija za nadopunjavanje i konačno povećanje pouzdanosti procjene rizika, uključujući i razumijevanje strukturne i/ili mehaničke osnove koja može doprinijeti idejama za racionalno projektiranje novih kemikalija, razvoj testne strategije ili cjelokupnu procjenu točnosti dokaza. IST sama po sebi podržava na 3R (engl. *replacement, refinement, reduction* = zamjena, usavršavanje, smanjivanje) koje se odnosi na upotrebu životinja u istraživanju. Korištenjem IST metoda nastoji se zamijeniti ili barem minimizirati upotrebu životinja u istraživanju.

IST će igrati sve značajniju ulogu u procjeni kemikalija u nizu situacija izloženosti kemikalijama koje imaju potencijal utjecati na javno zdravlje. Kao što je za ekvivalenti, kvaliteta i količina eksperimentalnih podataka će varirati, kao i raspoložive *in silico* metode. Na primjer, eksperimentalni podaci mogu potjecati iz različitih izvora, studija, protokola i laboratorija koji koriste ili ne koriste standarde dobre laboratorijske prakse. Prihvatanje kriteriji odabira moraju se definirati za eksperimentalne podatke i *in silico* metode, za dosljednu i ujednačenu uporabu. Razvoj IST protokola podržat će uporabu i usvajanje *in silico* metoda na isti način na koji *in vitro* i *in vivo* smjernice testiranja podržavaju uporabu i usvajanje tih testova (Myatt i sur., 2018).

1.4. Lipinski pravilo 5

Da bi neka molekula lijeka postigla povoljnu oralnu bioraspoloživost, tj. da se postigne željena brzina i stupanj apsorpcije ljekovite tvari iz farmaceutskog oblika ako je dan *per os*, ona treba imati odgovarajuća svojstva koja su definirana Lipinski pravilom 5. Chris Lipinski i suradnici su 1997. predložili koncept danas poznat kao Lipinski pravilo 5 (Lipinski i sur., 1997), u pokušaju da stvore opće smjernice koje opisuju parametre karakteristične za molekule sa slabom apsorpcijom i permeabilnošću. Prema tom pravilu, slaba apsorpcija i permeabilnost, te posljednja dva svojstva lijeka, vjerojatnija su ukoliko molekula lijeka posjeduje dva ili više od sljedećih kriterija: i) više od pet donora vodikove veze (H-veze); ii) relativnu molekulsku masu, $M_r > 500$; iii) lipofilnost tj. $\log P > 5$; te zbroj donora i akceptora vodikove veze (eng. *hydrogen bond donors and acceptors*), $HBD + HBA > 10$ (Petit i sur., 2012).

Uspostavljena su i druga pravila za predviđanje poželjnih svojstava molekule lijeka, npr. Veberovo pravilo prema kojem molekula mora posjedovati 10 ili manje rotacijskih veza, polarnu površinu manju ili jednaku 140 \AA^2 te zbroj donora i akceptora vodikove veze manji ili jednak 12, Ghoseovo pravilo koje postavlja određene granice za relativnu molekulsku masu i lipofilnost potencijalnog lijeka, Feherovo i Schmidtovo koje uz relativnu molekulsku masu i lipofilnost u obzir uzima i broj kiralnih centara u molekuli potencijalnog lijeka, itd. (Garcia-Sosa i sur., 2012), međutim Lipinski pravilo 5 i dalje nailazi na široku primjenu zbog svoje konceptualne jednostavnosti te jednostavnosti izražavanja promatranih parametara. Također, pokazalo se da molekule koje su u skladu s Lipinski pravilom 5 imaju manji stupanj propadanja tijekom kliničkih ispitivanja te uspješno prolaze stroge toksikološke i kliničke sigurnosne prepreke (Leeson i Springthorpe, 2007).

2. OBRAZLOŽENJE TEME

Terapijske mogućnosti u liječenju raka ubrzano se poboljšavaju zadnjih godina. Broj odobrenih antitumorskih lijekova stalno raste. U zadnjih pet godina odobrena su 63 nova lijeka (<http://www.iqvia.com>). Pogotovo se velika pažnja pridaje imunoonkologiji i lijekovima koji djeluju putem imunosnog sustava. Od 14 novih antitumorskih aktivnih tvari odobrenih samo 2017. godine, sve su bile ciljana terapija, a 11 lijekova je FDA klasificirala u napredne terapije.

U ovom trenutku veliki je broj novih tvari protiv raka u kliničkim ispitivanjima. Neki od njih pripadaju klasičnim skupinama kemoterapije, dok su drugi prvi predstavnici novih skupina antitumorskih lijekova klasificiranih prema biološko-kemijskim meta-ciljevima koje ovi lijekovi ciljaju. Meteci mogu biti u tumorskoj stanici ili u drugim elementima koji su u interakciji s tumorskom stanicom (endotel, ekstracelularni matriks, imunološki sustav, stanice domaćina). Napredak u polju genomike i molekularne biologije omogućio je uspješnu identifikaciju abnormalnih proteina u stanicama raka koji su privlačne mete za antitumorsku terapiju. Budući da su ovi proteini prekomjerno eksprimirani ili disregulirani u stanicama raka u usporedbi s normalnim stanicama, pretpostavlja se da će ciljanje ovih proteina uskoro dovesti do razvoja njihovih inhibitora koji će biti relativno netoksični za normalne stanice. Međutim, pokazalo se da tvari koji ciljaju abnormalne proteine u stanicama raka ispoljavaju jednaku uestalost i ozbiljnost toksičnosti kao i tradicionalne citotoksične tvari, s glavnim razlikom u prirodi toksičnosti u inakama. Prema tome, klasični simptomi kemoterapijske toksičnosti kao što su alopecija, mijelosupresija, mukozitis, mučnina i povraćanje bivaju zamijenjeni vaskularnim, dermatološko-kemijskim, endokrinim, koagulacijskim, imunološko-kemijskim, oštećenjima i plućnim poremećajima. Ove i druge potencijalne toksičnosti u inke treba istrafiti i prepoznati u ranoj fazi razvoja novih lijekova, te u daljnjem razvoju lijeka spriječiti preinakom ispitivane molekule i/ili odabirom nove vodeće molekule, te optimalno upravljati potencijalnim toksičnim profilom (Dy i Adjei, 2013).

U posljednje vrijeme razvijeni su brojni inhibitori enzima kao bioloških meta, npr. HDAC u pogledu njihove kemijske strukture: hidroksamske kiseline, benzamidi, ciklički peptidi i lanci masnih kiselina. Ove molekule su višestruke ili manje specifične za jedan i/ili nekoliko HDAC ili jednu ili različite HDAC klase. Do danas je FDA odobrila samo 4 molekule za terapiju protiv raka: i) vorinostat (SAHA) i ii) romidepsin (FK288) za kofni limfom T-stanica (CTCL) 2006. i 2009., iii) panobinostat (LBH589) za periferni TCL (PTCL) i multipli mijelom u 2014. i

2015. i iv) belinostat za PTCL 2014. godine (Yoon i Eom, 2016). Glavni razlozi za tako mali broj HDAC inhibitora koji se koriste u terapiji protiv raka je njihova visoka toksičnost i niska specifičnost. U tijeku je veliki napor kako bi se identificirali bolji i specifičiji kandidati, a više od 350 kliničkih ispitivanja (zatvorenih ili regrutnih, <https://clinicaltrials.gov/>) trenutno procjenjuju u inke HDACi-a, samostalno ili u kombinaciji s prethodno korištenim lijekovima, u brojnim patologijama, osobito u raku. Glavni ciljevi ovih ispitivanja su: i) testirati nove kombinacije opisanih lijekova protiv raka (antiproliferativne molekule, inhibitori kinaza, DNMTi²⁷, HMTi²⁸, HDMi²⁹) s HDACi i njihov učinak na progresiju raka, i ii) identificirati nove HDACi koji pokazuju manju toksičnost i povećanu specifičnost.

Cilj ovog rada je *in silico* istražiti farmakokinetička (ADMET) svojstva odabranih inhibitora histon deacetilaza (n = 31) koji sadrže hidroksamsku skupinu, a koji se nalaze u različitim prekliničkim i kliničkim fazama istraživanja, kako bi se dobio uvid u njihov sigurnosni profil te istražila potencijalna toksičnost.

²⁷ DNMTi - inhibitori DNA metiltransferaze

²⁸ HMTi - inhibitori histon metiltransferaze

²⁹ HDMi - inhibitori histon demetilaze

3. MATERIJALI I METODE

HDAC inhibitori istrafleni u ovom radu su odabrani iz komercijalno dostupne baze podataka www.selleckchem.com (<http://www.selleckchem.com/HDAC.html>). Razli ita fizi ko-kemijska i toksikolo-ka svojstva predvi ena su i analizirana korelacijskim studijama kori-tenjem molekulskih deskriptora i ADMET svojstava. Svi parametri su izra unati i QSAR analiza je provedena kori-tenjem ra unalnog programa ADMET PredictorTM 8.5 Inc. (Simulations Plus, SAD) (<http://www.simulations-plus.com>).

U ovom radu su predviđena ADMET svojstva izabranih HDAC inhibitora (Tablica 1-3) te su predviđeni i analizirani njihovi parametri kao što su:

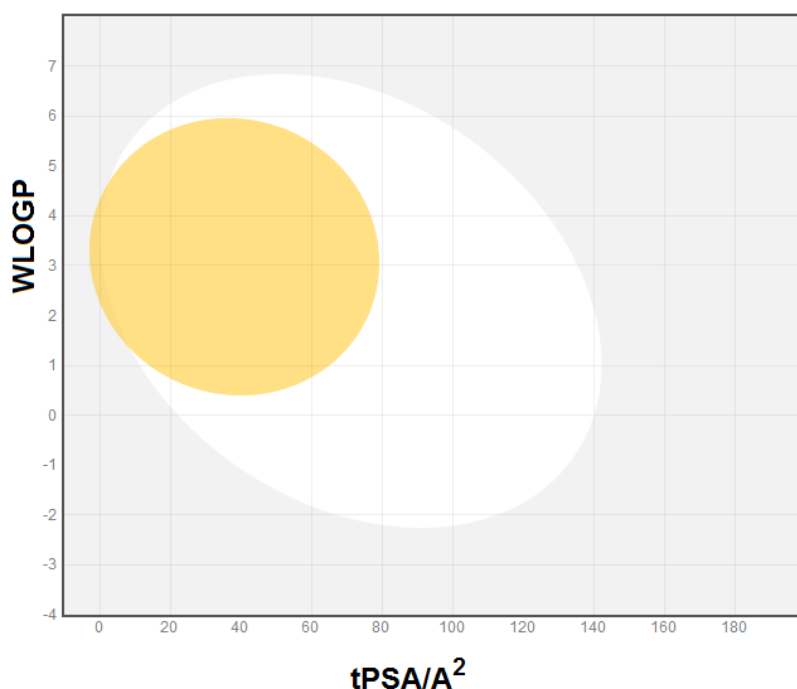
- ADMET_Risk - sveukupni ADMET rizik,
- S+Absn_Risk - rizik slabe apsorpcije ili apsolutni rizik,
- CYP_Risk - rizik od metabolizma ili CYP rizik i
- TOX rizik - rizik od sveukupne toksi nosti.

ADMET rizik podrazumijeva svojstva koja bi mogla predstavljati prepreku dobroj oralnoj bioraspoloffivosti lijeka, a nastaje kao posljedica procesa koji se odnose na apsorpciju, distribuciju (raspodjelu), metabolizam, eliminaciju i toksi nost. On predstavlja zbroj svih navedenih rizika, tj. apsolutnog rizika, CYP rizika, i TOX rizika. Apsolutni rizik predstavlja rizik od apsorpcije male frakcije primijenjene doze, CYP rizik predstavlja rizik od ekstenzivnog metabolizma putem CYP450 enzima, dok TOX rizik predstavlja mogu e mehanizme toksi nosti lijeka uklju uju i mutagenost i kardiotoksi nost (TOX_hERG). Tako er je za svaku molekulu uz pomo istog ra unalnog programa istrafleno odstupanje od Lipinski pravila 5.

Rezultati istraffivanja dobiveni uz pomo softvera ADMET PredictorTM 8.5 Inc. (Simulations Plus, SAD) uspore eni su s rezultatima dobivenima pomo u komercijalno dostupnog web alata SwissADME (<http://www.swissadme.ch>) koji tako er omogu uje predvi anje ADMET svojstava malih molekula te njihovu sli nost s lijekom (eng. *drug-likeness*). Alatom SwissADME HDAC inhibitorima ispitana je lipofilnost u obliku konsenzusnog logP (Daina i sur., 2017), broj donora i akceptora vodikovih veza, inhibicija za metabolizam lijekova vaflnih CYP enzima te odstupanje od Lipinski pravila 5.

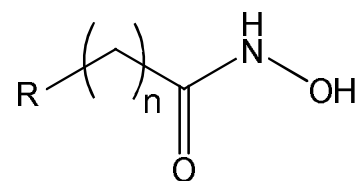
Za svaku od tri skupine HDAC inhibitora također je izrađeno i prikazan njihov BOILED-Egg model (od eng. *Brain Or Intestinal Estimated permeation method*) koji s obzirom na lipofilnost/hidrofilnost molekula predviđa mogućnost njihove gastrointestinalne apsorpcije kao i prelazak krvno-moždane barijere. BOILED-Egg prikazan (Slika 7) je kao dijagram ovisnosti WLOGP (logP po Wildmanu i Crippenu) (Wildman i Crippen, 1999) i tPSA (topological polar surface area) (Prasanna i Doerksen, 2009), dva molekulska deskriptora koji ovise o lipofilnosti/hidrofilnosti molekule.

BOILED-Egg model dobiven putem web alata SwissADME predviđa odnos između molekule i P-glikoproteina. Molekule koje nisu supstrat P-glikoproteina na dijagramu označene su crveno, a koje jesu označene plavo. Plava regija predstavlja fizikalno-kemijski prostor za molekule koje imaju najveću vjerojatnost dobre gastrointestinalne apsorpcije, dok bijela regija predstavlja molekule koje imaju najveću vjerojatnost prelaska krvno-moždane barijere. Plava i bijela regija nisu međusobno isključive, odnosno spojevi koji pripadaju plavoj regiji pripadaju također i bijeloj.



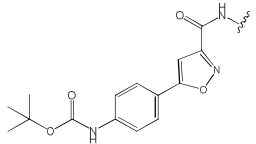
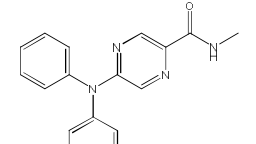
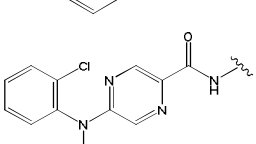
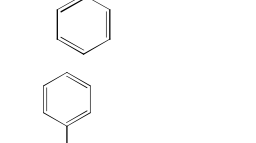
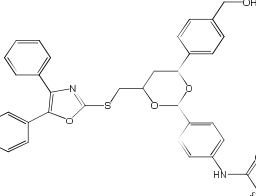
Slika 7. Prikaz BOILED-Egg modelnog dijagrama.

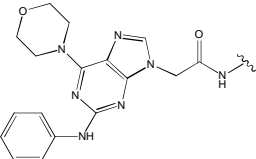
Tablica 1. HDAC inhibitori s hidroksamskom skupinom na kraju alifatskog lanca



Opća formula

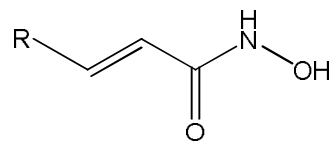
Br.	Naziv inhibitora	Kemijska struktura	Broj CH ₂ skupina	SMILES*	IUPAC naziv	Ref.
1	Vorinostat		6	<chem>C1=CC=C(C=C1)NC(=O)CCCCCCC(=O)NO</chem>	<i>N</i> -hidroksi- <i>N</i> -feniloktandiamid	Schölz i sur., 2015
2	Droksinostat		3	<chem>C1=C(C=C(C=C1)OCCCC(NO)=O)C(Cl)OC</chem>	4-(4-kloro-2-metilfenoksi)- <i>N</i> -hidroksibutanamid	Tang i sur, 2013
3	M344		6	<chem>ONC(=O)CCCCCNC(=O)c(cc1)ccc1N(C)C</chem>	4-(dimetilamino)- <i>N</i> -[7-(hidroksiamino)-7-oksoheptil]benzamid	Liu i sur., 2014
4	LMK-235		6	<chem>CC1=CC(C)=CC(C(NOCCCCC(=O)NO)=O)=C1</chem>	<i>N</i> -[[6-hidroksiamino)-6-oksoheksil]oksi]-3,5-dimetilbenzamid	Yun i sur, 2016
5	CUDC-101		6	<chem>COC1=C(C=C2C(=C1)N=CN=C2NC3=CC=CC(=C3)C#C)OCCCCCCC(=O)NO</chem>	7-((4-((3-etinilfenil)amino)-7-metoksi-6-kinazolinil)oksi)- <i>N</i> -hidroksiheptanamid	Wichapong i sur., 2014
6	CAY10603		6	<chem>ONC(=O)CCCCCNC(=O)c1noc(c1)c1ccc(cc1)NC(=O)OC(C)(C)C</chem>	2-metil-2-propanil[4-(3-[[7-(hidroksiamino)-7-oksoheptil]karbamoil]-1,2-oksazol-5-il)fenil]	Wang i sur., 2016

7	Rikolinostat		6	<chem>C1=CC=C(C=C1)N(C2=CC=CC=C2)C3=NC=C(C=N3)C(=O)NCCCCCCC(=O)NO</chem>	2-difenilamino-N-[7-(hidroksiamino)-7-oksoheptil]-5-pirimidinkarboksamid	Dhanyamraju i sur., 2015
8	Citarinostat		6	<chem>C1=CC=C(C=C1)N(C2=CC=CC=C2Cl)C3=NC=C(C=N3)C(=O)NCCCCCCC(=O)NO</chem>	2-((2-klorofenil)(fenil)amino)-N-(7-(hidroksiamino)-7-oksoheptil)pirimidin-5-karboksamid	Huang i sur., 2017
9	WT161		6	<chem>ONC(CCCCCC(N/N=C/C(C=C1)=CC=C1)N(C2=CC=CC=C2)C3=CC=CC=C3)=O</chem>	8-((2E)-2-[4-(difenilamino)benziliden]hidrazino)-N-hidroksi-8-oksooktanamid	Hideshima i sur., 2016
10	Skriptaid		5	<chem>C1=CC2=C3C(=C1)C(=O)N(C(=O)C3=CC=C2)CCCCC(=O)NO</chem>	1,3-dioksobenzo[de]jizokinolin-2-il)-N-hidroksiheksanamid	Shan i sur, 2014
11	Tubacin		6	<chem>C1C(OC(OC1C2=CC=C(C=C2)CO)C3=C=C(C=C3)NC(=O)CCCCCCC(=O)NO)C(S4=NC(=C(O4)C5=CC=CC=C5)C6=CC=CC=C6</chem>	N-[4-(4-((4,5-difenil-1,3-oksazol-2-il)sulfanil)metil)-6-[4-(hidroksimetil)fenil]-1,3-dioksan-2-il)fenil]-N'-hidroksioktandiamid	Schölz i sur., 2015

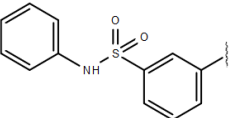
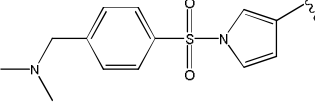
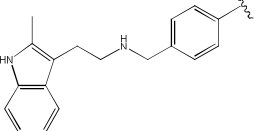
12	PURINE HA		5	<chem>O=C(CCCCCNC(=O)Cn4nc3c(Nc1cccc1)nc(N2CCOCC2)nc34)NO</chem>	<i>N</i> -hidroksi-6-(2-(2-morfolino-6-(fenilamino)-9H-purin-9-il)acetamido)heksanamid	Wang i sur., 2014
----	--------------	---	---	--	--	-------------------

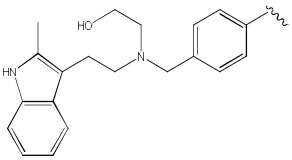
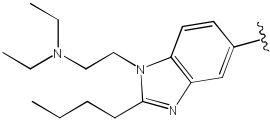
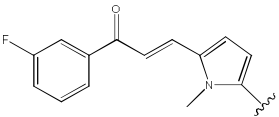
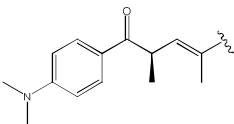
*SMILES - od eng. *simplified molecular-input line-entry system* (https://en.wikipedia.org/wiki/Simplified_molecular-input_line-entry_system, pristupljeno 7. prosinca 2018.)

Tablica 2. HDAC inhibitori s hidroksamskom skupinom na kraju nezasićenog alifatskog lanca



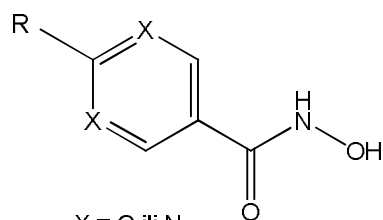
Opća formula

Br.	Naziv inhibitora	Kemijska struktura	SMILES	IUPAC naziv	Ref.
13	Belinostat		<chem>C1=CC=C(C=C1)NS(=O)(=O)C2=CC=CC(=C2)C=CC(=O)NO</chem>	<i>N</i> -hidroksi-3-[3-(fenilsulfamoil)fenil]akrilamid	Bantscheff i sur., 2011
14	Resminostat		<chem>CN(C)CC1=CC=C(C=C1)S(=O)(=O)N2C=CC(=C2)C=CC(=O)NO</chem>	3-[1-({4-((dimetilamino)metil)fenil}sulfonyl)-1H-pirol-3-il]- <i>N</i> -hidroksiakrilamid	Lucas i sur., 2018
15	Panobinostat		<chem>CC1=C(C2=CC=CC=C2N1)CCNCC3=CC=C(C=C3)C=CC(=O)NO</chem>	<i>N</i> -hidroksi-3-[4-({[2-(2-metil-1H-indol-3-il)etil]amino}metil)fenil]akrilamid	Bantscheff i sur., 2011

16	Dacinostat		<chem>C1=CC=C2C(=C1)C(=CN2)CCN(CCO)CC3=CC=C(C=C3)C=CC(=O)NO</chem>	<i>N</i> -hidroksi-3-[4-((2-hidroksietil)[2-(1H-indol-3-il)etil]amino)metil]fenil]akrilamid	Bantscheff i sur., 2011
17	Pracinostat		<chem>CCCCC1=NC2=C(N1CCN(CC)CC)C=CC(=C2)/C=C/C(=O)NO</chem>	(2 <i>E</i>)-3-{2-butil-1-[2-(dietilamino)etil]-1H-benzimidazol-5-il}- <i>N</i> -hidroksiakrilamid	Wei i sur., 2014
18	MC1568		<chem>CN1C=C(/C=C/C(C2=CC(F)=CC=C2)=O)C=C1/C=C/C(NO)=O</chem>	(2 <i>E</i>)-3-{4-[(1 <i>E</i>)-3-(3-fluorofenil)-3-okso-1-propen-1-il]-1-metil-1H-pirol-2-il}- <i>N</i> -hidroksiakrilamid	Ueki i sur., 2013
19	Trihostatin A		<chem>O=C([C@H](C)/C=C(C)/C=C/C(NO)=O)C1=CC=C(N(C)C)C=C1</chem>	(2 <i>E</i> ,4 <i>E</i> ,6 <i>R</i>)-7-(4-(dimetilamino)fenil)- <i>N</i> -hidroksi-4,6-dimetil-7-okso-2,4-heptadienamid	Schölz i sur., 2015

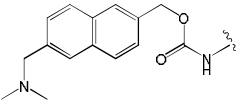
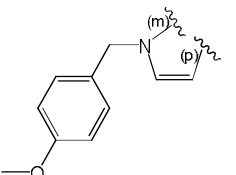
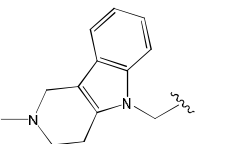
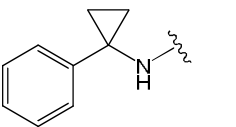
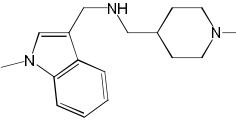
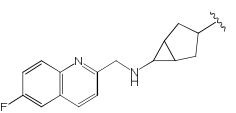
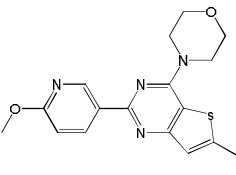
*SMILES ó od eng. *Simplified Molecular-Input Line-Entry System* (https://en.wikipedia.org/wiki/Simplified_molecular-input_line-entry_system, pristupljeno 7. prosinca 2018.)

Tablica 3. HDAC inhibitori s hidroksamskom skupinom na aromatskoj jezgri



Opća formula

Br	Naziv	Kemijska struktura	SMILES	IUPAC naziv	Ref.
20	BRD73954 inhibitora		<chem>ONC(C1=CC=CC(C(NCCC2=CC=CC=C2)=O)=C1)=O</chem>	<i>N</i> -hidroksi- <i>N'</i> -(2-feniletil)izoftalamid	Olson i sur., 2013
21	AR42		<chem>CC(C)C(C1=CC=CC=C1)C(=O)NC2=CC=C(C=C2)C(=O)NO</chem>	<i>N</i> -hidroksi-4-[(3-metil-2-fenilbutanoil)amino]benzamid	Bjornsson i sur., 2014
22	Neksturastat A		<chem>CCCCN(CC1=CC=C(C=C1)C(=O)NO)C(=O)NC2=CC=CC=C2</chem>	4-[[butil(fenilkarbamoil)amino]metil]- <i>N</i> -hidroksibenzamid	Valdezi sur., 2016
23	HPOB		<chem>OCCN(C(CC1=CC=C(C(NO)=O)C=C1)=O)C2=CC=CC=C2</chem>	<i>N</i> -hidroksi-4-{2-[(2-hidroksietil)(fenil)amino]-2-oksoetil}benzamid	Li i sur., 2016
24	Abeksinostat		<chem>O=C(NO)c3ccc(OCCNC(=O)c2oc1cccc1c2CN(C)C)cc3</chem>	3-[(dimetilamino)metil]- <i>N</i> -{2-[4-(hidroksikarbamoil)fenoksi]etil}-1-benzofuran-2-karboxamid	Schölz i sur., 2015

25	Givinostat		<chem>CCN(CC)CC1=CC2=C(C=C1)C=C(C=C2)COC(=O)NC3=CC=C(C=C3)C(=O)NO</chem>	{6-[(diethylamino)metil]-2-naftil}metil[4-(hidroksikarbamoil)fenil]karbam at	Wei i sur., 2014
26	PCI34051		<chem>O=C(NO)C1=CC=C2C(N(CC3=CC=C(OC)C=C3)C=C2)=C1</chem>	<i>N</i> -hidroksi-1-(4-metoksibenzil)-1H-indol-6-karboksamid	Schölz i sur., 2015
27	Tubastatin A		<chem>CN1CCC2=C(C1)C3=CC=CC=C3N2CC4=CC=C(C=C4)C(=O)NO</chem>	<i>N</i> -hidroksi-4-[(2-metil-1,2,3,4-tetrahidro-5H-pirido[4,3-b]indol-5-il)metil]benzamid	Wang i sur., 2014
28	ACY-738		<chem>O=C(NO)C(C=N1)=CN=C1NC2(CC2)C3=CC=CC=C3</chem>	<i>N</i> -hidroksi-2-[(1-fenilciklopropil)amino]-5-pirimidinkarboksamid	Regna i sur., 2016
29	Kvizinostat		<chem>CN1C=C(C2=CC=CC=C2)CNCC3CCN(CC3)C4=NC=C(C=N4)C(=O)NO</chem>	<i>N</i> -hidroksi-2-[4-[(1-metilindol-3-il)metilamino]metil]-1-piperidinil]-5-pirimidinkarboksamid	Ueki i sur., 2013
30	CHR3996		<chem>C1C2C(C2NCC3=NC4=C(C=C3)C=C(C=C4)F)CN1C5=NC=C(C=N5)C(=O)NO</chem>	2-(6-[[6-fluoro-2-kinolinil]metil]amino)-3-azabicyklo[3.1.0]heks-3-il)- <i>N</i> -hidroksi-5-pirimidinkarboksamid	Smith i sur., 2015
31	CUDC907		<chem>CN(CC1=CC2=C(S1)C(=NC(=N2)C3=CN=C(C=C3)OC)N4CCOCC4)C5=NC=C(C=N5)C(=O)NO</chem>	<i>N</i> -hidroksi-2-[[2-(6-metoksi-3-piridinil)-4-(4-morfolinil)tieno[3,2-d]pirimidin-6-il]metil](metil)amino]-5-pirimidinkarboksamid	Petrilli i sur., 2014

Tablica 4. Inhibitori histon deacetilaza (HDACi) i njihove specifi ne minimalne inhibitorne koncentracije preuzete sa stranice www.selleckchem.com (pristupljeno 7. prosinca 2018.)

Br.	IC	HDAC	HDAC1	HDAC2	HDAC3	HDAC4	HDAC5	HDAC6	HDAC7	HDAC8	HDAC9	HDAC10	HDAC11	HD1	HD2
1	10 nM	+++													
2	2.47 nM; 1.46 nM				+			+		+					
3	100 nM	++													
4	11.9 nM; 4.2 nM	+++				+++	+++								
5	4.4 nM; 2.4 nM; 15.7 nM	++++	++++	+++	++++	+++	+++	+++	+	++	++	+++			
6	2 pM			++++										++	
7	5 nM		++	++	++			++++		++					
8	2.6 nM; 46 nM		+++	+++	+++			++++		++				++++	+++
9	0.4 nM; 8.35 nM; 15.4 nM		++++	+++				++++							
10	-	ç													
11	4 nM							++++							
12	-														
13	27 nM				+			+		+					
14	42.5 nM; 50.1 nM; 71.8 nM; 877 nM		+++		++			++							
15	5 nM	++++													
16	32 nM	+++													
17	40-140 nM (osim za HDAC6)		++	++	+++	++	+++	+	++	++	++	+++	++		
18	100 nM														
19	1.8 nM	++++													
20	36 nM; 120 nM							+++		++					
21	30 nM	+++													
22	5 nM							++++							
23	56 nM		+	+	+			++		+		+++			
24	7 nM		++++	+++	++++			+++		+		+++			
25	10 nM; 7.5 nM; 16 nM		+											++++	+++
26	10 nM									+++					
27	15 nM							+++							
28	1.7 nM							++++							
29	0.11 nM (HDAC1)		++++	++++	++++	++++	++++			++++		++++	++++		
30	-														
31	1.7 nM; 5 nM; 1.8 nM; 2.8 nM; 19 nM		++++	++++	++++			+++				++++	++++		

4. REZULTATI I RASPRAVA

Rezultati istraffivanja ovog rada prikazani su u 5 dijelova.

U tablicama 5-7 nalaze se ADMET parametri ispitivanih spojeva predvi eni softverom ADMET PredictorTM. Shemama 2-7 prikazane su odabrane metaboli ke reakcije HDACi katalizirane CYP enzimima. Slijedi interpretacija BOILED-Egg dijagrama za pojedine podskupine HDACi te usporedba rezultata dobivenih softverom ADMET PredictorTM s onima dobivenima web alatom SwissADME, te naposljetku QSAR istraffivanja odnosa izme u molekulskih deskriptora i ADMET svojstava ispitivanih molekula.

Tablica 5 prikazuje predvi ene ADMET parametre za inhibitore histon-deacetilaze koji sadrfe hidroksamsku skupinu na kraju alifatskog lanca, tipa vorinostata. Prema dobivenim podacima, gotovo svima od tih dvanaest spojeva broj rotacijskih veza stvara prepreku dobroj bioraspolofivosti. Iznimka su LMK-235 i droksinostat. Za vorinostat i M344 predvi en je jedino broj rotacijskih veza kao prepreka dobroj bioraspolofivosti.

CUDC-101, rikolinostat, citarinosat i WT161 pokazuju rizik od ekstenzivnog klirensa, ekstenzivnog metabolizma putem CYP3A4, te inhibicije metabolizma testosterona i midazolama putem CYP3A4. Kod rikolinostata, citarinosata, WT161 i skriptaida predvi ena je karcinogenost u –takora te hepatotoksi nost. Mutagenost je predvi ena kod CUDC-101, WT161 te skriptaida. Veli ina molekule kao prepreka dobroj bioraspolofivosti predvi ena je kod CAY10603, citarinosata, WT161, tubacina i purinske hidroksamske kiseline. Najlo–iji profil imaju WT161 (predvi eni parametri koji stvaraju prepreku dobroj bioraspolofivosti i dobroj sli nosti s lijekom jesu: veli ina molekule, broj veza koje slobodno rotiraju, prevelika lipofilnost, niska topljivost u vodi, kardiotoksi nost, kancerogenost u –takora, hepatotoksi nost, mutagenost, ekstenzivan metabolizam putem CYP3A4, ekstenzivan klirens te inhibicija metabolizma testosterona putem CYP3A4) i tubacin (predvi eni parametri koji stvaraju prepreku dobroj oralnoj bioraspolofivosti i dobroj sli nosti s lijekom su: veli ina molekule, broj veza koje slobodno rotiraju, previ–e akceptora vodikovih veza, prevelik naboj, prevelika lipofilnost, niska permeabilnost, niska topljivost u vodi, niska koncentracija nevezanog lijeka u plazmi, kardiotoksi nost, kancerogenost u –takora, ekstenzivan metabolizam putem CYP3A4, ekstenzivan klirens te inhibicija metabolizma testosterona i midazolama putem CYP3A4).

Svi spojevi osim WT161 i tubacina zadovoljavaju Lipinski pravilo 5, WT161 odstupa prevelikom lipofilno- u ($\log P > 5$, tj. $\log P = 5.45$), dok tubacin ne zadovoljava molekulskom masom ($M_r > 500$, tj. $M_r = 721.9$).

Za spoj LMK-235 predviđeni su niži rizici ADMET, TOX i apsolutni rizik jednaki su nuli, što znači da je spoj prema predviđanjima najbolji izbor kao potencijalni lijek iz skupine inhibitora histon deacetilaze s hidroksamskom skupinom na kraju alifatskog lanca.

Prema tablici 6, većina HDAC inhibitora s hidroksamskom skupinom na kraju nezasićenog alifatskog lanca tipa belinostat pokazuje nisku permeabilnost. Iznimka su MC1568 i trihostatin A. Za panobinostat i dacinostat predviđeni su ekstenzivni metabolizam putem CYP2D6, dok se belinostat predviđeno ekstenzivno metabolizira putem CYP2C9. Inhibiciju metabolizma testosterona putem CYP3A4 pokazuju belinostat, dacinostat, MC1568 i trihostatin A.

Belinostat i MC1568 pokazuju moguću hepatotoksičnost, dok mogući mutagenost pokazuju panobinostat, dacinostat, MC1568 i trihostatin A. Najbolji profil iz ove skupine HDAC inhibitora ima dacinostat, za kojeg je uz već navedenu nisku permeabilnost, mutagenost, ekstenzivni metabolizam putem CYP2D6 i inhibiciju metabolizma testosterona putem CYP3A4 predviđena i kardiotoksičnost te kancerogenost u životinjama. Kancerogenost u životinjama je predviđena također i za panobinostat.

Najpovoljnije parametre pokazuju resminostat i pracinostat za koje nisu predviđene druge prepreke dobroj bioraspoloživosti osim niske permeabilnosti. Također, niti jedan spoj iz ove skupine ne odstupa od Lipinskih pravila 5.

Tablica 7 prikazuje ADMET parametre predviđene za HDAC inhibitore s hidroksamskom skupinom izravno vezanoj na aromatskoj jezgri. Od jedanaest spojeva, za četiri je predviđeni sveukupni ADMET rizik jednak nuli što znači da ne postoje rizici smanjene bioraspoloživosti, kao ni toksičnosti ni ekstenzivnog metabolizma. To su BRD7394, AR42, HPOB i PCI34051. Za neksturastat A predviđeni su ekstenzivni metabolizam putem CYP2C19 i CYP3A4. Za abeksinostat predviđena je inhibicija metabolizma testosterona putem CYP3A4 i ekstenzivni metabolizam putem CYP2D6. Kvizinostat se prema predviđanjima također ekstenzivno metabolizira putem CYP2D6. Kancerogenost u životinjama je za givinostat, ACY-738, kvizinostat, CHR3996 i CUDC907. Za CHR3996 predviđena je također i mutagenost i inhibicija metabolizma testosterona putem CYP3A4. Najbolji profil ima CUDC907 za kojeg prepreku dobroj bioraspoloživosti i dobroj topljivosti s lijekom prema predviđanjima predstavljaju velika molekule, prevelik broj akceptora vodikove veze,

preveliki naboj, kancerogenost u mi-eva i inhibicija metabolizma testosterona putem CYP3A4. Slijedi ga givinostat za kojeg prepreku dobroj bioraspoloživosti i dobrom *drug-likeness* prema predviđanjima predstavljaju broj veza koje slobodno rotiraju, lo-a permeabilnost, kardiotoxnost i inhibicija metabolizma testosterona putem CYP3A4. Za kvizinostat, osim ve spomenutog ekstenzivnog metabolizma putem CYP2D6, predviđena je i lo-a permeabilnost, prevelik volumen distribucije, kancerogenost u -takora, te inhibicija metabolizma testosterona putem CYP3A4. Tubastatin A pokazuje moguću kardiotoxnost, dok je za ACY-738 predviđena moguća kancerogenost u -takora.

CUDC907 odstupa od Lipinskih pravila 5 prevelikom molekulskom masom ($M_r > 500$, tj. $M_r = 508.56$), te zbrojem donora i akceptora vodikove veze veći od 10 (HBA+HBD=11).

Tablica 5. Odabrani parametri za HDAC inhibitore s hidroksamskom skupinom na kraju alifatskog lanca (1 ó 12)

Br. spoja	ADMET rizik	ADMET kod	Apsolutni rizik	Kod apsolutnog rizika	TOX rizik	TOX kod	CYP rizik	CYP kod	Odstupanja od LP5	LP5 kod
1	0,5	RotB	0,5	RotB	0	-	0	-	0	-
2	0,399	2C19	0	-	0	-	0,399	2C19	0	-
3	0,5	RotB	0,5	RotB	0	-	0	-	0	-
4	0	-	0	-	0	-	0	-	0	-
5	3,332	RotB, MUT, 3A4, CL, ti	1	RotB	1	MUT	1,332	3A4, CL, ti	0	-
6	3,664	Size, RotB, ch, Peff, ti	2,664	Size, RotB, ch, Peff	0	-	1	ti	0	-
7	4,554	RotB, Xr, HEPX, 3A4, CL, ti	1	RotB	1,298	Xr, HEPX	2,256	3A4, CL, ti	0	-
8	5,367	Size, RotB, K _{ow} , hERG, Xr, HEPX, 3A4, CL, ti	1,595	Size, RotB, K _{ow}	1,406	hERG, Xr, HEPX	2,366	3A4, CL, ti	0	-
9	9,533	Size, RotB, K _{ow} , S _w , hERG, Xr, HEPX, MUT, 3A4, CL, ti	3,48	Size, RotB, K _{ow} , S _w	3,61	hERG, Xr, HEPX, MUT	2,443	3A4, CL, ti	1	LP
10	2,697	Xr, HEPX, MUT	0	-	2,697	Xr, HEPX, MUT	0	-	0	-
11	13,639	Size, RotB, HBA, ch, K _{ow} , Peff, S _w , fu, hERG, rat, Xr, 3A4, CL, mi, ti	6,742	Size, RotB, HBA, ch, K _{ow} , Peff, S _w	1,899	hERG, rat, Xr	4	3A4, CL, mi, ti	2	Mw, LP
12	4,405	Size, RotB, HBA, ch, 3A4, ti	3,258	Size, RotB, HBA, ch	0	-	1,147	3A4, ti	1	NO

Tablica 6. Odabrani parametri za HDAC inhibitore s hidroksamskom skupinom na kraju nezasi enog alkilnog lanca (13 ó 19)

Br. spoja	ADMET rizik	ADMET kod	Apsolutni rizik	Apsolutni kod	TOX rizik	TOX kod	CYP rizik	CYP kod	Odstupanja od LP5	LP5 kod
13	3,181	Peff, HEPX, 2C9, ti	0,521	Peff	1	HEPX	1,661	2C9, ti	0	-
14	0,67	Peff	0,67	Peff	0	-	0	-	0	-
15	3,721	Peff, Xr, MUT, 2D6	0,721	Peff	2	Xr, MUT	1	2D6	0	-
16	4,169	Peff, hERG, Xr, MUT, 2D6, ti	0,866	Peff	2,318	hERG, Xr, MUT	0,985	2D6, ti	0	-
17	0,331	Peff	0,331	Peff	0	-	0	-	0	-
18	3	HEPX, MUT, ti	0	-	2	HEPX, MUT	1	ti	0	-
19	1,493	MUT, ti	0	-	1	MUT	0,493	ti	0	-

Tablica 7. Odabrani parametri za HDAC inhibitore s hidroksamskom skupinom na aromatskoj jezgri (20 ó 31)

Br. spoja	ADMET rizik	ADMET kod	Apsolutni rizik	Apsolutni kod	TOX rizik	TOX kod	CYP rizik	CYP kod	Odstupanja od LP5	LP5 kod
20	0	-	0	-	0	-	0	-	0	-
21	0	-	0	-	0	-	0	-	0	-
22	0,622	2C19, 3A4	0	-	0	-	0,622	2C19, 3A4	0	-
23	0	-	0	-	0	-	0	-	0	-
24	1,33	2D6, ti	0	-	0	-	1,33	2D6, ti	0	-
25	4,151	RotB, Peff, hERG, Xr, ti	1,151	RotB, Peff	2	hERG, Xr	1	ti	0	-
26	0	-	0	-	0	-	0	-	0	-
27	1	hERG	0	-	1	hERG	0	-	0	-
28	0,575	Xr	0	-	0,575	Xr	0	-	0	-
29	2,199	Peff, V _d , Xr, 2D6, ti	0,72	Peff	0,757	Xr	0,634	2D6, ti	0	-
30	2,552	Xr, MUT, ti	0	-	1,672	Xr, MUT	0,88	ti	0	-
31	4,886	Size, HBA, ch, Xr, Xm, ti	2,368	Size, HBA, ch	1,518	Xr, Xm	1	ti	2	Mw, NO

Legenda:

CL - ekstenzivni klirens

1A2 - ekstenzivan metabolizam putem CYP1A2

3A4 - ekstenzivan metabolizam putem CYP3A4

2C9 - ekstenzivan metabolizam putem CYP2C9

2D6 - ekstenzivan metabolizam putem CYP2D6

hERG - kardiotoksi nost (inhibicija hERG kalcijских kanala)

HEPX - hepatotoksi nost

K_{ow} - lipofilnost (koeficijent razdjeljenja oktanol/voda)

mi - inhibicija metabolizma midazolama putem CYP3A4

MUT - mutagenost

P_{eff} - niska permeabilnost ; f_u - nizak udio nevezanog lijeka u plazmi

rat - akutna toksi nost u -takora ; X_r - karcinogenost u -takora ; X_m - karcinogenost u mi-eva

Size - veli ina molekule

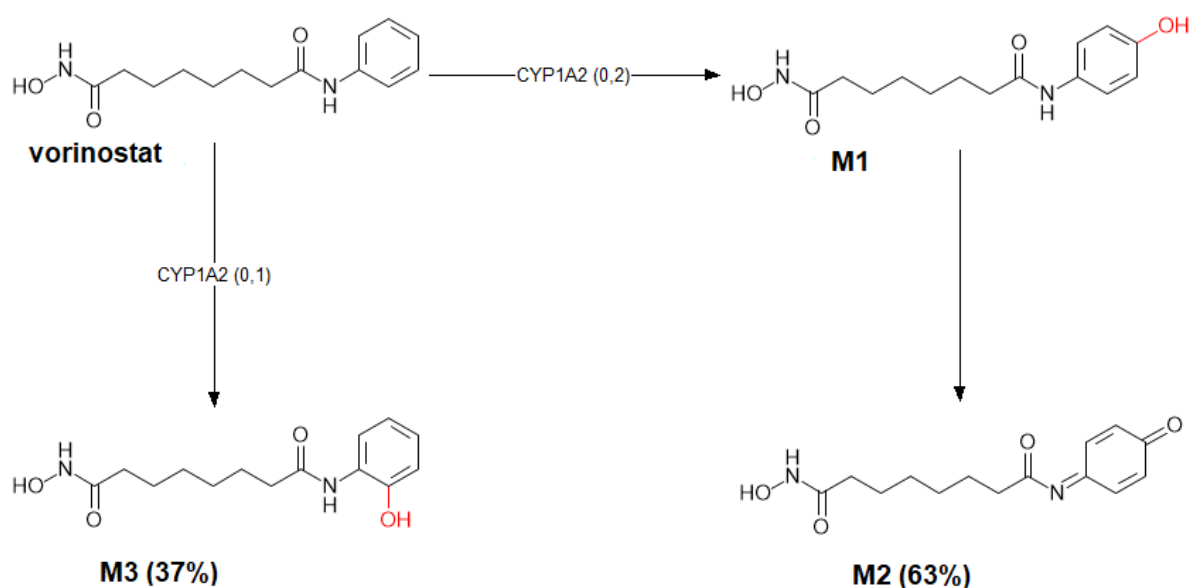
S_w - topljivost u vodi

ti - inhibicija metabolizma testosterona putem CYP3A4

V_d - volumen distribucije

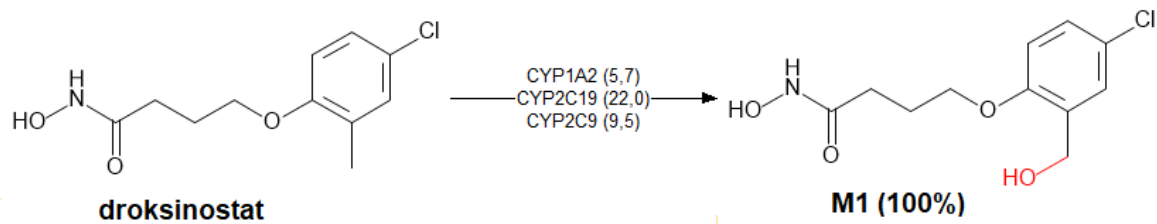
ch - prevelik parcijalni naboj ; HBA - akceptori vodikove veze ; HBD - donori vodikove veze

CYP metabolizam odabranih HDACi s hidroksamskom skupinom na zasićenom alifatskom lancu



Shema 2. Predviđene reakcije biotransformacije vorinostata i njegovi metaboliti (M1 ó M3)

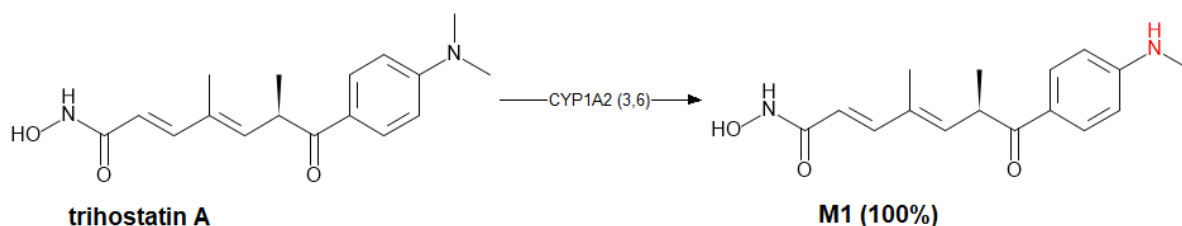
Vorinostat je supstrat CYP1A2 i podliježe hidroksilaciji aromatske jezgre u *para*-položaju (63%) (M1 metabolit) ili *orto*-položaju (37%) (M3-metabolit). Iz produkta hidroksiliranog u *para* položaju može nastati toksični kinonimin (M2 metabolit). Također može nastati i od *orto* hidroksiliranog M3, no nije naveden u ovom prikazu. Toksično djelovanje kinona ispoljava se u vidu alkiliranja makromolekula s dostupnim nukleofilnim skupinama (npr. sulfhidrili). (Monks i Jones, 2002.)



Shema 3. Predviđene reakcije biotransformacije droksinostata i njegov metabolit (M1)

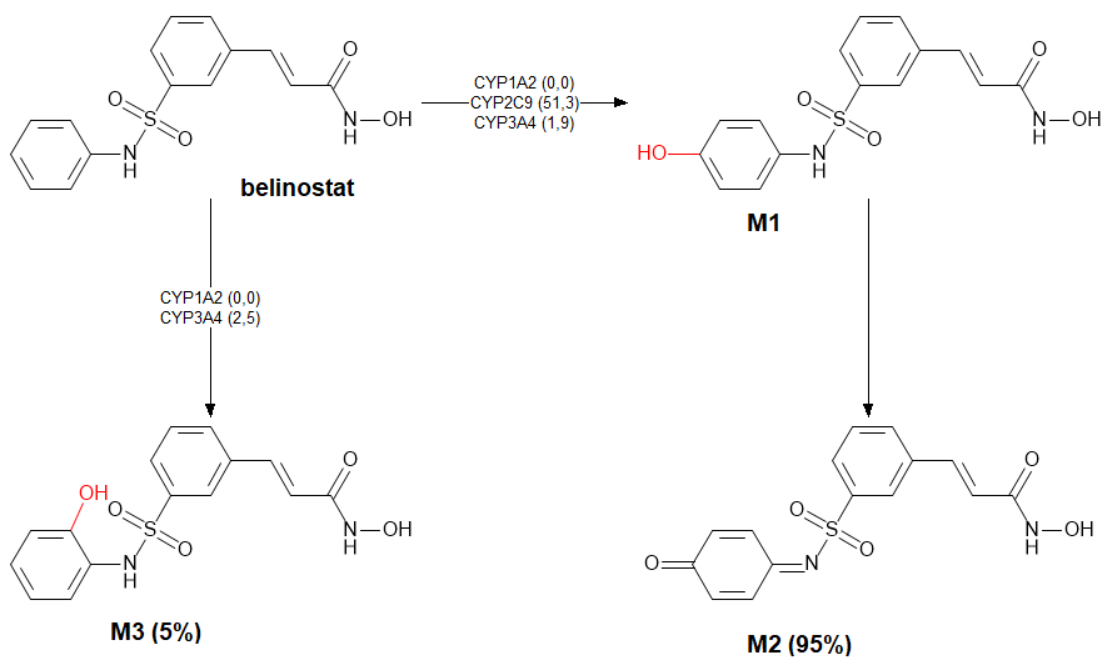
Droksinostat podliježe hidroksilaciji metilne skupine na benzenskom prstenu pomoću CYP1A2, CYP2C19 i CYP2C9.

CYP metabolizam odabranih HDACi s hidroksamskom skupinom na nezasićenom alifatskom lancu



Shema 4. Predviđene reakcije biotransformacije trihostatina A i njegov metabolit (M1)

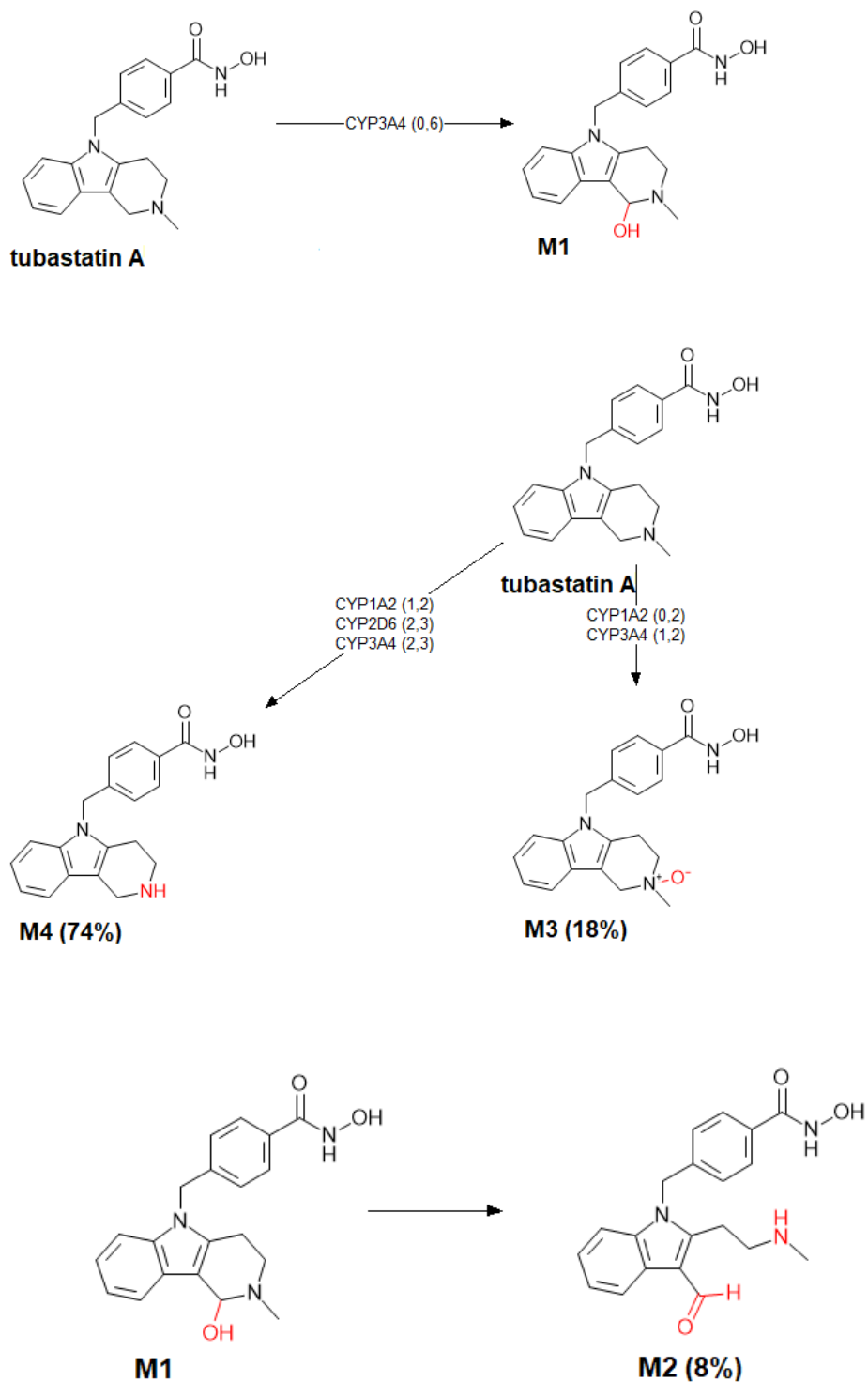
Trihostatin A podliježe *N*-demetilaciji pomoću CYP1A2, čime nastaje metabolit u obliku sekundarnog amina.



Shema 5. Predviđene reakcije biotransformacije belinostata i njegovi metaboliti (M1-M3)

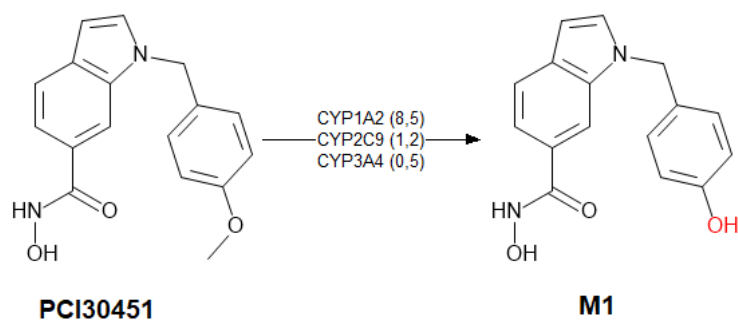
Belinostat (komentar kao kod vorinostata i panobinostata, ref. eksperimentalnih ispitivanja metabolizma) podliježe hidroksilaciji u *orto*-poloflaju (pomoću CYP1A2 i CYP3A4) i *para*-poloflaju (pomoću CYP1A2, CYP2C9 i CYP3A4). Vjerojatnost nastanka toksičnog kinonskog metabolita iz hidroksiliranog produkta jest 95%.

CYP metabolizam odabranih HDACi s hidroksamskom skupinom na aromatskoj jezgri



Shema 6. Predviđene reakcije biotransformacije tubastatina A i njegovi metaboliti (M1-M4)

Tubastatin A uglavnom podliježe oksidativnoj *N*-demetilaciji na piperazinskom prstenu pomoću CYP1A2, CYP2D6 i CYP3A4 (M4). U manjoj mjeri (18%) moguće je i *N*-oksidacija pomoću CYP1A2 i CYP3A4 (M3), hidroksilacija piperazinskog prstena pomoću CYP3A4 (M1) te daljnje otvaranje prstena i nastajanje aldehida i sekundarnog amina (M2). Vjerojatnost nastanka ovakvog minornog metabolita jest 8%.



Shema 7. Predviđene reakcije biotransformacije PCI30451 i njegov metabolit (M1)

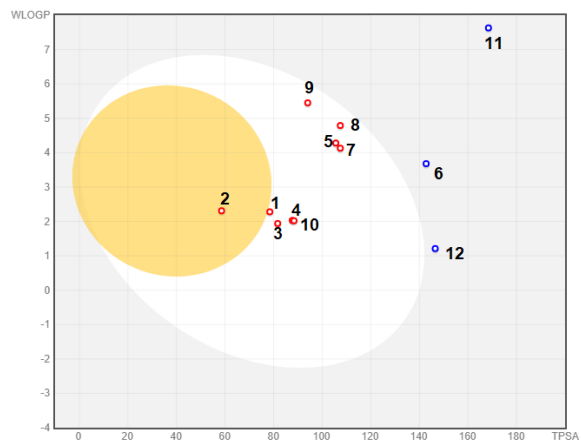
PCI30451 podliježe isključivo oksidativnoj *O*-demetilaciji pomoću CYP1A2, CYP2C9 i CYP3A4 pri čemu nastaje metabolit sa slobodnom OH-skupinom.

Interpretacija BOILED-Egg dijagrama dobivenih web alatom SwissADME

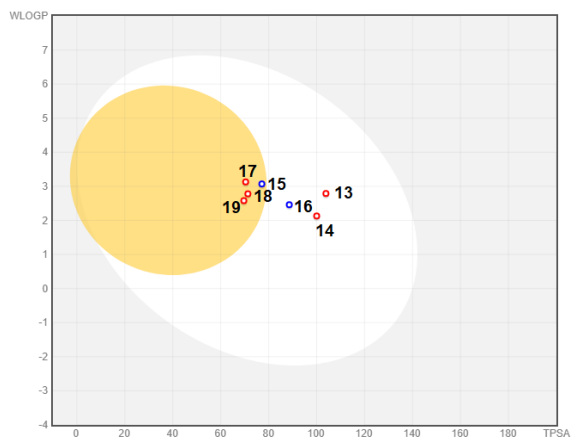
Prema BOILED-Egg dijagramu za HDAC inhibitore koji sadrže hidroksamsku skupinu na zasićenom alifatskom lancu, devet molekula (vorinostat, droksinostat, M344, LMK-235, skriptaid, rikolinostat, CUDC101, citarinostat, WT161) nisu supstrati P-glikoproteina dok tri (CAY10603, tubacin i purinska hidroksamska kiselina) jesu (Slika 24a), što za posljedicu ima moguće smanjenu bioraspoloživost. Droksinostat pokazuje veliku vjerojatnost prelaska krvno-moždane barijere (crna regija), što implicira moguću korist u liječenju tumora središnjeg živčanog sustava, dok citarinostat, WT161, CUDC-101, rikolinostat, LMK-235, skriptaid i M344 pokazuju veliku vjerojatnost dobre gastrointestinalne apsorpcije (bijela regija). Vorinostat se nalazi na granici bijele i crne regije što označava veliku vjerojatnost za dobru gastrointestinalnu apsorpciju i prijelaz krvno-moždane barijere. CAY10603, tubacin i purinska hidroksamska kiselina ne nalaze se ni u jednoj od ove dvije regije te su tako i supstrati P-glikoproteina što ih ne čini dobrim izborom za moguću terapijsku tvar.

Prema BOILED-Egg modelu za HDAC inhibitore koji sadrže hidroksamsku skupinu na nezasićenom alifatskom lancu, pracinostat, MC1568, panobinostat i trihostatin A pokazuju veliku vjerojatnost za prelazak krvno-moždane barijere (Slika 24b), što implicira moguću korist u liječenju tumora središnjeg živčanog sustava. Belinostat, resminostat i dacinostat pokazuju veliku vjerojatnost za dobru gastrointestinalnu apsorpciju. Panobinostat i dacinostat su supstrati P-glikoproteina te je posljedica njihova smanjena bioraspoloživost. Belinostat, resminostat, pracinostat, MC1568 i trihostatin A nisu supstrati P-glikoproteina.

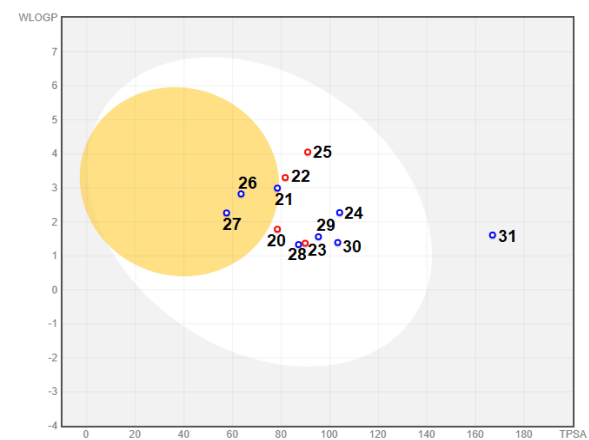
Prema BOILED-Egg modelu za HDAC inhibitore s hidroksamskom skupinom na aromatskoj jezgri, AR42, PCI34051 i tubastatin A pokazuju veliku vjerojatnost za prelazak krvno-moždane barijere (Slika 24c). Givinostat, neksturastat A, BRD7394, ACY-738, HPOB, kvizinostat, CHR3996 i abeksinostat pokazuju veliku vjerojatnost dobre gastrointestinalne apsorpcije. Za CUDC907 nije predviđena dobra gastrointestinalna apsorpcija kao ni prelazak krvno-moždane barijere. Uz to, ovaj spoj je i supstrat P-glikoproteina što ga ne čini dobrim izborom za moguću terapijsku tvar. Supstrati P-glikoproteina također su i AR42, PCI34051, tubastatin A, ACY-738, kvizinostat, CHR3996 i abeksinostat, što za posljedicu ima moguću smanjenu bioraspoloživost. Givinostat, neksturastat A, BRD7394 i HPOB ne podliježu djelovanju P-glikoproteina.



a)



b)



c)

Slika 7. BOILED-Egg dijagram za HDAC inhibitore: a) koji sadrže hidroksamsku skupinu na zasićenom alifatskom lancu, b) koji sadrže hidroksamsku skupinu na nezasićenom alifatskom lancu i c) s hidroksamskom skupinom na aromatskoj jezgri.

Usporedba rezultata dobivenih komercijalnim softverom ADMET PredictorTM i slobodno dostupnim web alatom SwissADME

ADMET Predictor predvi a odstupanje od Lipinski pravila 5 za WT161, purinsku hidroksamsku kiselinu i tubacin A iz prve skupine HDACi, dok SwissADME isto predvi a samo za potonja dva.

SwissADME za HDAC inhibitore s hidroksamskom skupinom na nezasi enom lancu predvi a nisku permeabilnost (nizak logP) te nisu zabiljeffena odstupanja od Lipinski pravila 5. ADMET Predictor predvi a inhibiciju metabolizma testosterona putem CYP3A4 za belinostat i dacinostat, me utim SwissADME ne predvi a inhibiciju CYP3A4 ni za jedan spoj iz ove skupine.

Rezultati dobiveni softverom ADMET Predictor i SwissADME za HDAC inhibitore s hidroksamskom skupinom na aromatskoj jezgri slafu se u pogledu zadovoljavanja Lipinski pravila 5. Me utim, SwissADME predvi a poprili no nisku permeabilnost za spojeve iz ove skupine dok ADMET Predictor predvi a nisku permeabilnost samo za givinostat i kvizinostat.

Tablica 8. SwissADME parametri za inhibitore histon deacetilaze koji sadrže hidroksamsku skupinu na zasi enom alifatskom lancu

Br. spoja	HBD	HBA	log P	CYP1A2 inh	CYP2C19 inh	CYP2C9 inh	CYP2D6 inh	CYP3A4 inh	Lipinski odst.
1	3	3	1.92	ne	ne	ne	ne	ne	nema
2	2	3	2.36	da	ne	ne	ne	ne	nema
3	3	3	1.81	ne	ne	ne	ne	ne	nema
4	3	4	2.09	ne	ne	ne	ne	ne	nema
5	3	6	3.74	ne	da	da	da	da	nema
6	4	7	2.83	ne	ne	ne	ne	da	nema
7	3	5	3.16	ne	da	da	da	da	nema
8	3	5	3.71	ne	da	da	da	da	nema
9	3	4	4.45	ne	da	da	da	ne	nema
10	2	4	2.29	ne	ne	ne	ne	ne	nema
11	4	8	6.05	da	da	ne	ne	da	Mw>500
12	4	7	1.17	ne	ne	ne	ne	da	N/O>10

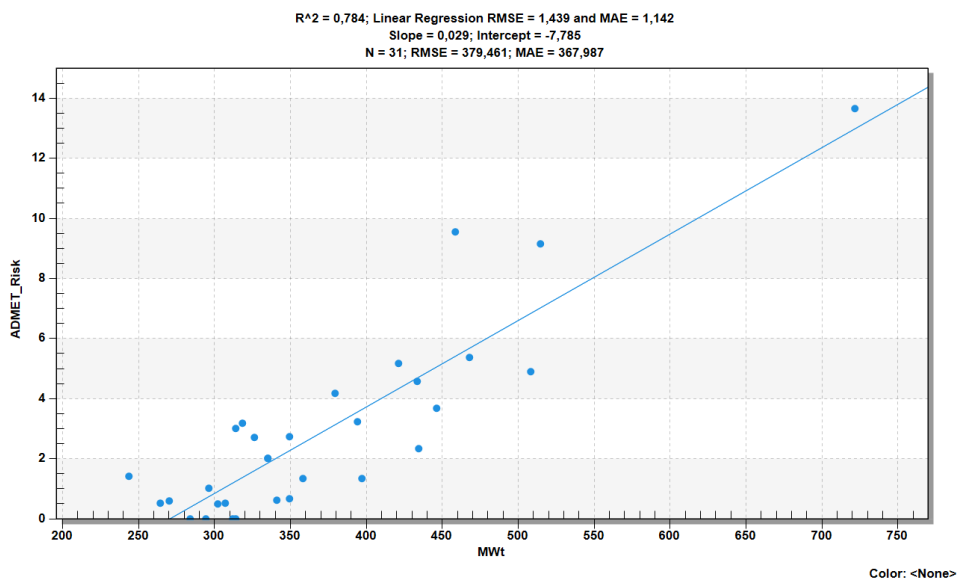
Tablica 9. SwissADME parametri za inhibitore histon deacetilaze koji sadrže hidroksamsku skupinu na nezasi enom alifatskom lancu

Br. spoja	HBD	HBA	log P	CYP1A2 inh	CYP2C19 inh	CYP2C9 inh	CYP2D6 inh	CYP3A4 inh	Lipinski odst.
13	3	4	1.47	ne	ne	ne	ne	ne	nema
14	2	5	1.28	ne	ne	ne	ne	ne	nema
15	4	3	2.98	da	ne	ne	da	ne	nema
16	4	4	2.52	ne	ne	ne	da	ne	nema
17	2	4	2.94	ne	ne	ne	ne	ne	nema
18	2	4	2.16	ne	ne	ne	ne	ne	nema
19	2	3	2.25	ne	ne	ne	ne	ne	nema

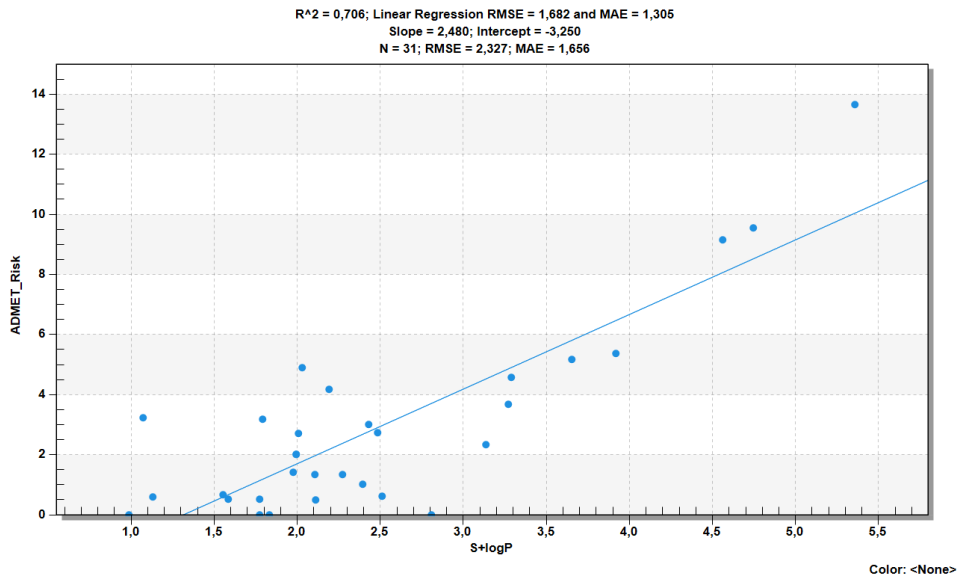
Tablica 10. Odabrani SwissADME parametri za inhibitore histon deacetilaze s hidroksamskom skupinom na aromatskoj jezgri

Br. spoja	HBD	HBA	log P	CYP1A2 inh	CYP2C19 inh	CYP2C9 inh	CYP2D6 inh	CYP3A4 inh	Lipinski odst.
20	3	3	1.98	ne	ne	ne	ne	ne	nema
21	3	3	2.68	ne	ne	ne	ne	ne	nema
22	3	3	2.61	ne	ne	da	ne	ne	nema
23	3	4	1.41	ne	ne	ne	ne	ne	nema
24	3	6	2.18	ne	ne	da	da	da	nema
25	3	5	3.46	ne	da	da	da	ne	nema
26	2	3	2.25	da	ne	ne	da	ne	nema
27	2	3	2.25	da	ne	ne	da	ne	nema
28	3	4	1.37	da	ne	ne	ne	ne	nema
29	3	5	1.64	ne	ne	ne	da	ne	nema
30	3	7	1.51	ne	ne	ne	da	da	nema
31	2	9	1.60	ne	ne	da	ne	da	Mw>500, N/O>10

4.1. QSAR istraživanja odnosa između molekulskih deskriptora i ADMET svojstava ispitivanih molekula



Slika 8. Korelacija ADMET rizika i molekulskih masa ispitivanih HDACi. Koeficijent determinacije³⁰ (R^2) iznosi 0,784. Srednja apsolutna pogreška³¹ iznosi 1,142 dok srednja kvadratna pogreška³² iznosi 1,439. Jednadžba pravca glasi $y=0,029x-7,785$.

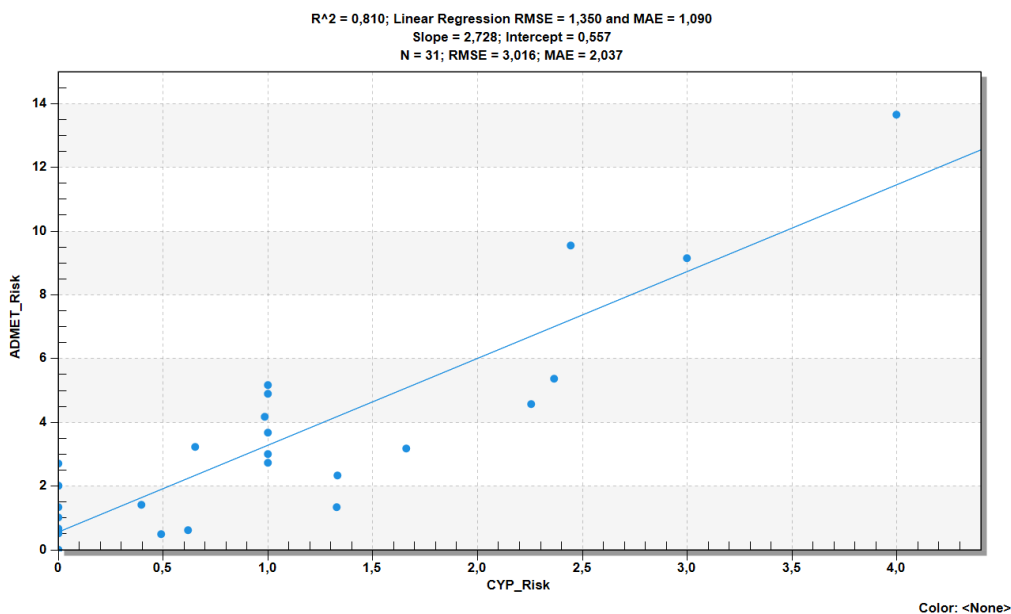


Slika 9. Korelacija ADMET rizika i lipofilnosti ispitivanih HDACi. Koeficijent determinacije (R^2) iznosi 0,706. Srednja apsolutna pogreška iznosi 1,305 dok srednja kvadratna pogreška iznosi 1,682. Jednadžba pravca glasi $y=2,480x-3,250$.

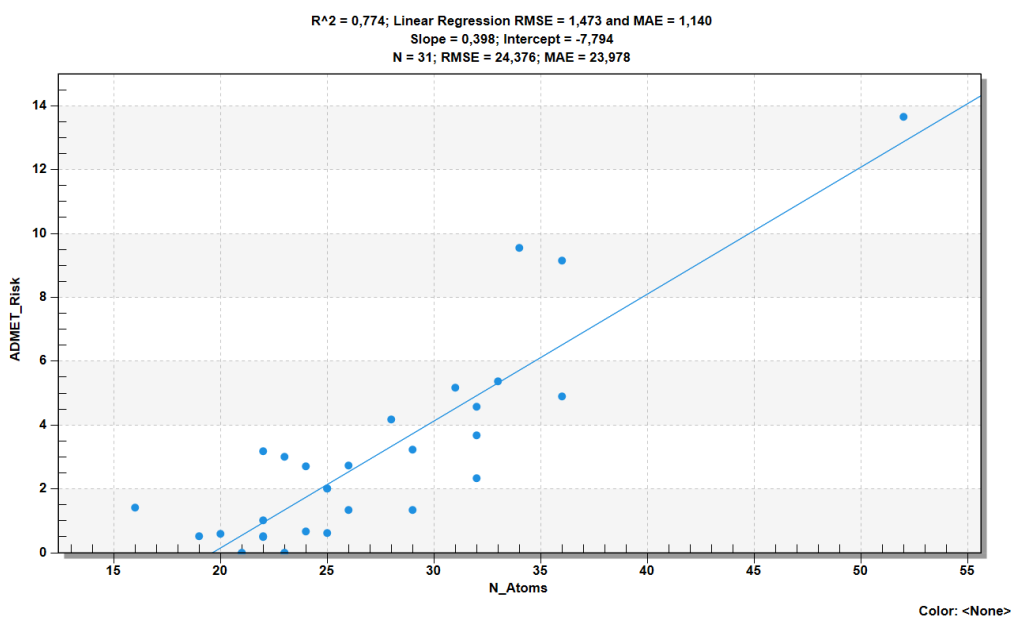
³⁰ Statistička mjera koja predstavlja udio varijance za zavisnu varijablu koja se objašnjava nezavisnom varijablom ili varijablama u regresijskom modelu.

³¹ Mjera razlike između dvije kontinuirane varijable.

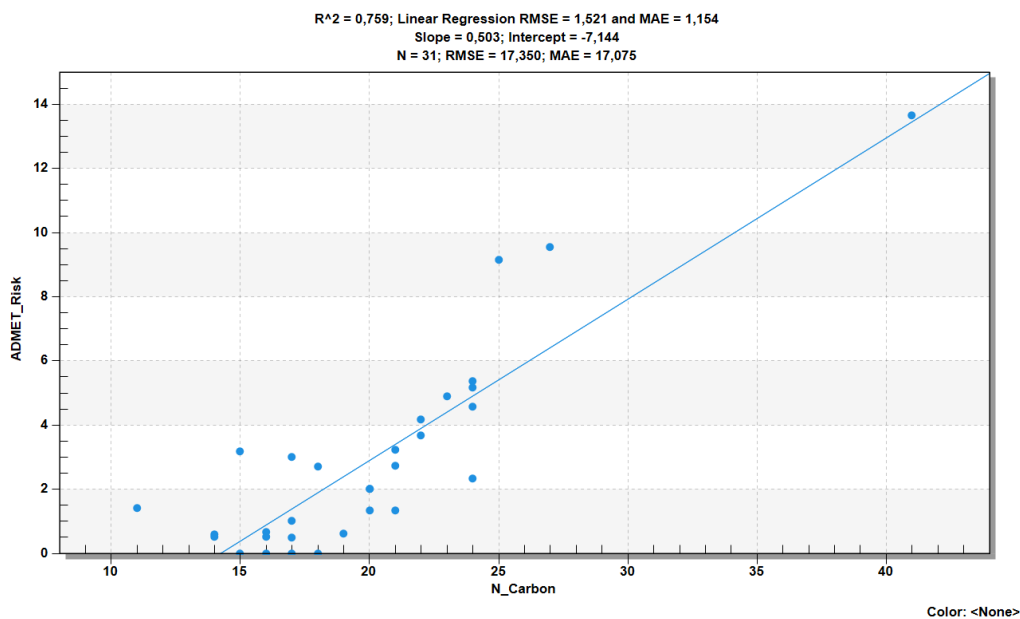
³² Mjera razlike između predviđenih vrijednosti i promatranih vrijednosti.



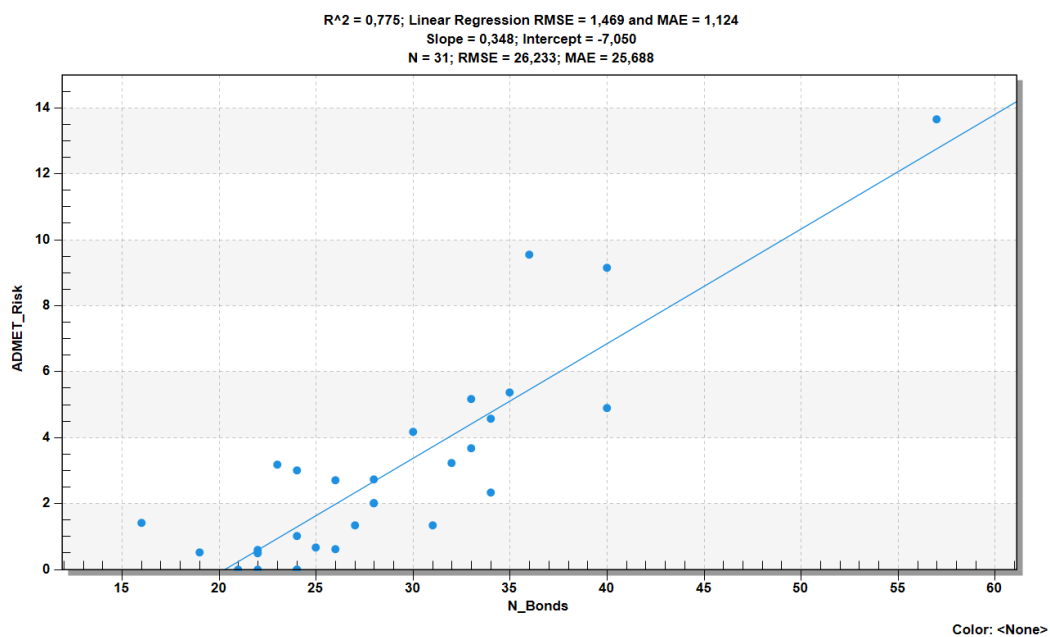
Slika 10. Korelacija ADMET rizika i CYP rizika za ispitivane HDACi. Koeficijent determinacije (R^2) iznosi 0,810. Srednja apsolutna pogreška iznosi 1,090 dok srednja kvadratna pogreška iznosi 1,350. Jednadžba pravca glasi $y=2,728x+0,557$.



Slika 11. Korelacija ADMET rizika i broja atoma u molekulama ispitivanih HDACi. Koeficijent determinacije (R^2) iznosi 0,774. Srednja apsolutna pogreška iznosi 1,140 dok srednja kvadratna pogreška iznosi 1,473. Jednadžba pravca glasi $y=0,398x-7,794$.



Slika 12. Korelacija ADMET rizika i broja atoma ugljika u molekulama ispitivanih HDACi. Koeficijent determinacije (R^2) iznosi 0,759. Srednja apsolutna pogreška iznosi 1,154 dok srednja kvadratna pogreška iznosi 1,521. Jednadžba pravca glasi $y=0,503x-7,144$.



Slika 13. Korelacija ADMET rizika i broja veza u molekulama ispitivanih HDACi. Koeficijent determinacije (R^2) iznosi 0,775. Srednja apsolutna pogreška iznosi 1,124 dok srednja kvadratna pogreška iznosi 1,469. Jednadžba pravca glasi $y=0,348x-7,050$.

5. ZAKLJUČAK

Zbog svoje niske specifičnosti HDAC inhibitori se naveliko istrafluju u svrhu otkrivanja specifičnih molekula, koje bi s obzirom na pojedine mete koje ciljaju mogle na i primjenu u terapiji niza bolesti kao što su parazitske, upalne i neurodegenerativne bolesti, a što nadilazi okvir ovog rada.

U okviru ovog diplomskog rada ispitana su farmakokinetička svojstva odabranih inhibitora histon deacetilaze (n = 31) s hidroksamskom skupinom i koji se nalaze u različitim predkliničkim i kliničkim ispitivanjima u cilju njihove primjene u antitumorskoj terapiji.

Pomoću u računalnog programa ADMET Predictor™ predviđeni su različiti molekularni deskriptori i ADMET parametri koji su korišćeni u QSAR analizama s ciljem evaluacije povezanosti strukturnih značajki s potencijalnim toksičnostima i sigurnosnim profilom ispitivanih HDAC inhibitora.

Istraživane molekule mogu se svrstati u tri podskupine strukturnih analoga s hidroksamskom skupinom: a) na kraju zasićenog alifatskog lanca (**1 - 12**), b) na kraju nezasićenog lanca (**12 - 19**) i c) na aromatskoj jezgri (**20 - 21**).

Interpretacijom BOILED-Egg dijagrama za sve tri podskupine HDAC inhibitora utvrđeno je da većina spojeva pokazuje veliku vjerojatnost dobre gastrointestinalne apsorpcije, što ukazuje na mogućnost primjene *per os*. Pojedini spojevi također pokazuju vjerojatnost prelaska krvno-moždane barijere što implicira potencijalnu korist u terapiji tumora središnjeg živčanog sustava.

Početnim HDAC inhibitorima s hidroksamskom skupinom na kraju zasićenog alifatskog lanca predviđena je hepatotoksičnost (spojevi 7, 8, 9 i 10), kardiotoksičnost (spojevi 8, 9 i 11) i mutagenost (spojevi 5, 9 i 10), kao i inhibicija za metabolizam lijekova viafnog CYP3A4 (spojevi 5, 7, 8, 9, 11 i 12). Isto se odnosi na LMK-235 (spoj 4) s ADMET rizikom i apsolutnim rizikom jednakim nuli.

HDAC inhibitorima s hidroksamskom skupinom na nezasićenom alifatskom lancu predviđena je slaba permeabilnost (spojevi 13, 14, 15, 16 i 17) što ima posljedice na oteflavu apsorpciju te je za pojedine spojeve predviđena hepatotoksičnost (spojevi 13 i 18), kardiotoksičnost (spoj 16) i mutagenost (spojevi 15, 16, 17 i 19).

U skupini HDAC inhibitora s hidroksamskom skupinom na aromatskoj jezgri isti u se spojevi 20, 21, 23 i 26 kao spojevi s ADMET rizikom i apsolutnim rizikom jednakim nuli –to ukazuje na njihov terapijski potencijal. Dvama spojevima iz ove skupine (spojevi 25 i 27) predviđena je kardiotoxicnost. CHR3996 (spoj 30) je potencijalno mutagen.

Mnogi od ispitanih HDAC inhibitora inhibiraju CYP enzime važne za metabolizam lijekova –to sugerira potreban povećani oprez prilikom istovremenog liječenja s drugim lijekovima koji se metaboliziraju pomoću istih enzima.

Promatranjem CYP metaboličkih reakcija utvrđeno je da neki HDAC inhibitori metabolizmom putem CYP enzima mogu stvarati toksične kinonske metabolite. To vrijedi za vorinostat iz podskupine HDAC inhibitora s hidroksamskom skupinom na zasićenom alifatskom lancu, te za belinostat iz podskupine HDAC inhibitora s hidroksamskom skupinom na nezasićenom alifatskom lancu.

QSAR istraffivanjima ispitivanih molekula HDACi pronađena je linearna korelacija ADMET rizika s molekulskim masama ispitivanih HDACi, –to znači da s povećanjem molekulske mase HDACi postoji povećan rizik od apsorpcije, distribucije, metabolizma i eliminacije. Linearna korelacija također postoji između ADMET rizika i lipofilnosti ispitivanih molekula HDACi. S povećanjem lipofilnosti otkriva se bolja apsorpcija.

Rezultate vezane uz CYP metabolizam HDACi dobivene putem softvera ADMET PredictorTM i web alata SwissADME potvrđuje QSAR korelacija ADMET rizika s CYP rizikom. Korelacijom ADMET rizika s CYP rizikom dobiven je linearan odnos, –to znači da postoji pozitivna korelacija između sveukupnog ADMET rizika i podlijeganja HDAC inhibitora CYP metabolizmu.

Korelacija je pronađena i između ADMET rizika i broja atoma u molekulama ispitivanih HDACi, te između ADMET rizika i broja veza u molekulama ispitivanih HDACi.

Linearna korelacija također postoji između ADMET rizika i broja ugljikovih atoma u molekulama ispitivanih HDACi, –to se slaže s dosad objavljenim istraffivanjima prema kojima se u inkovitost HDACi smanjuje sa skraćivanjem duljine alifatskog lanca.

6. LITERATURA

Adcock IM, Barnes PJ, Ito K. Histone acetylation and deacetylation: importance in inflammatory lung diseases. *European Respiratory Journal*, 2005, 25:552-563. doi: 10.1183/09031936.05.00117504

ADMET Property Prediction | QSPR | Physicochemical | ADME, 2019, <http://www.simulations-plus.com/software/admetpredictor/>, pristupljeno 15.5.2019.

Al-Shawi MK, Omote H. The Remarkable Transport Mechanism of P-glycoprotein: A Multi-drug Transporter. *J Bioenerg Biomembr*, 2005, 489-496. doi: 10.1007/s10863-005-9497-5

Baillie TA, Rettie AE. Role of Biotransformation in Drug-Induced Toxicity: Influence of Intra and Inter-Species Differences in Drug Metabolism. *Drug Metab Pharmacokinet*, 2011, 26(1)15-29.

Bantscheff M, Hopf C, Savitski MM, Dittmann A, Grandi P, Michon AM, Schlegl J, Abraham Y, Becher I, Bergamini G, Boesche M, Delling M, Dümpelfeld B, Eberhard D, Huthmacher C, Mathieson T, Poeckel D, Reader V, Strunk K, Sweetman G, Kruse U, Neubauer G, Ramsden NG, Drewes G. Chemoproteomics profiling of HDAC inhibitors reveals selective targeting of HDAC complexes. *Nat Biotechnol*, 2011, 29(3):255-65. doi: 10.1038/nbt.1759

Bioavailability and bioequivalence, 2015., <https://www.eupati.eu/pharmaceutical-development/bioavailability-and-bioequivalence/>, pristupljeno 15.5.2019.

Bjornsson HT, Benjamin JS, Zhang L, Weissman J, Gerber EE, Chen YC, Vaurio RG, Potter MC, Hansen KD, Dietz HC. Histone deacetylase inhibition rescues structural and functional brain deficits in a mouse model of Kabuki syndrome. *Sci Transl Med*, 2014, 6(256):256ra135. doi: 10.1126/scitranslmed.3009278

Cooper GM. The Development and Causes of Cancer. U: The Cell: A Molecular Approach. Sinauer Associates, 2000.

Daina A, Michielin O, Zoete V. SwissADME: a free web tool to evaluate pharmacokinetics, drug-likeness and medicinal chemistry friendliness of small molecules. *Sci Rep*, 2017, 7:42717. doi: 10.1038/srep42717

Deeb O, Goodarzi M. In silico quantitative structure toxicity relationship of chemical compounds: some case studies. *Curr Drug Saf*, 2012, 7(4):289-97.

Definition of Prodrug, 2017.,

<https://www.medicinenet.com/script/main/art.asp?articlekey=23992> , pristupljeno 15.5.2019.

Dhanyamraju PK, Holz PS, Finkernagel F, Fendrich V, Lauth M. Histone deacetylase 6 represents a novel drug target in the oncogenic Hedgehog signaling pathway. *Mol Cancer Ther*, 2015, 4(3):727-39. doi: 10.1158/1535-7163.MCT-14-0481

Dogue MP, Polasek TM. The ABCD of clinical pharmacokinetics. *Ther Adv Drug Saf*, 2013, 4(1), 5-7. DOI: 10.1177/2042098612469335

Dy GK, Adjei AA. Understanding, Recognizing, and Managing Toxicities of Targeted Anticancer Therapies. *CA Cancer J Clin*, 2013, 63:249-279.

Eckschlager T, Plch J, Stiborova M, Hrabeta J. Histone Deacetylase Inhibitors as Anticancer Drugs. *International Journal of Molecular Sciences*, 2017, 18(7), 1414. DOI: 10.3390/ijms18071414

Ediriweera MK, Tennekoon KH, Samarakoon SR. Emerging role of histone deacetylase inhibitors as anti-breast-cancer agents. *Drug Discov Today*, 2019, 24(3):685-702. doi:10.1016/j.drudis.2019.02.003

Espinosa E, Zamora P, Feliu J, Gonzalez Baron M. Classification of anticancer drugs - a new system based on therapeutic targets. *Cancer Treat Rev*, 2003, 29:515-523. doi:10.1016/S0305-7372(03)00116-6

Garcia-Sosa AT, Maran U, Hetenyi C. Molecular Property Filters Describing Pharmacokinetics and Drug Binding. *Curr Med Chem*, 2012, 19:1646-1662.

Global Oncology Trends 2018 - IQVIA, 2018,

<https://www.iqvia.com/en/institute/reports/global-oncology-trends-2018>, pristupljeno 15.5.2019.

Glossary of Common Site Terms - ClinicalTrials.gov, 2019,

<https://clinicaltrials.gov/ct2/about-studies/glossary> , pristupljeno 15.5.2019.

Hideshima T, Qi J, Paranal RM, Tang W, Greenberg E, West N, Colling ME, Estiu G, Mazitschek R, Perry JA, Ohguchi H, Cottini F, Mimura N, Görgün G, Tai YT, Richardson PG, Carrasco RD, Wiest O, Schreiber SL, Anderson KC, Bradner JE. Discovery of selective small-molecule HDAC6 inhibitor for overcoming proteasome inhibitor resistance in multiple myeloma. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2016, 113(46):13162-13167. doi: 10.1073/pnas.1608067113

Huang P, Almeciga-Pinto I, Jarpe M, Van Duzer JH, Mazitschek R, Yang M, Jones SS, Quayle SN. Selective HDAC inhibition by ACY-241 enhances the activity of paclitaxel in solid tumor models. *Oncotarget*, 2017, 8(2):2694-2707. doi: 10.18632/oncotarget.13738

Isarankura-Na-Ayudhya C, Naenna T, Nantasenamat C, Prachayasittikul V. A practical overview of structure-activity relationship. *EXCLI Journal*, 2009, 8:74-88.

Jacobsen JA, Major Jourden JL, Miller MT, Cohen SM. To bind zinc or not to bind zinc: An examination of innovative approaches to improved metalloproteinase inhibition. *Biochim Biophys Acta Mol Cell Res*, 2010, 1803(1), 72-94. doi: 10.1016/j.bbamcr.2009.08.006

Kerns EH, Di L. Toxicity Methods. U: Drug-Like Properties: Concept, Structure Design and Methods from ADME to Toxicity Optimization. 2016, str. 433-445.

Kim HJ, Bae SC. Histone deacetylase inhibitors: molecular mechanisms of action and clinical trials as anti-cancer drugs. *Am J Transl Res.*, 2011, 3(2):166-179.

Leeson PD, Springthorpe B. The influence of drug-like concepts on decision-making in medicinal chemistry. *Nat Rev Drug Disc*, 2007, 6(11):881-890. doi: 10.1038/nrd2445

Li ZY, Li QZ, Chen L, Chen BD, Zhang C, Wang X, Li WP. HPOB, an HDAC6 inhibitor, attenuates corticosterone-induced injury in rat adrenal pheochromocytoma PC12 cells by inhibiting mitochondrial GR translocation and the intrinsic apoptosis pathway. *Neurochem Int*, 2016, 99:239-251. doi: 10.1016/j.neuint.2016.08.004

Lipinski CA, Lombardo F, Dominy BW, Feeney PJ. Experimental and Computational Approaches to Estimate Solubility and Permeability in Drug Discovery and Development Settings. *Adv Drug Delivery Rev.* 1997, 23:3-25

Liu J, Edagawa M, Goshima H, Inoue M, Yagita H, Liu Z, Kitajima S. Role of ATF3 in synergistic cancer cell killing by a combination of HDAC inhibitors and agonistic anti-DR5

antibody through ER stress in human colon cancer cells. *Biochem Biophys Res Commun*, 2014, 445(2):320-6. doi: 10.1016/j.bbrc.2014.01.184

Lucas J, Hsieh TC, Halicka HD, Darzynkiewicz Z, Wu JM. Upregulation of PD-L1 expression by resveratrol and piceatannol in breast and colorectal cancer cells occurs via HDAC3/p300-mediated NF- κ B signaling. *Int J Oncol*, 2018, 53(4):1469-1480. doi: 10.3892/ijco.2018.4512

Lynch T, Price A. The Effect of Cytochrome P450 Metabolism on Drug Response, Interaction, and Adverse Effects. *Am Fam Physician*. 2007, 1;76(3):391-396.

Mariño-Ramírez L, Kann MG, Shoemaker BA, Landsman D. Histone structure and nucleosome stability. *Expert Rev Proteomics*, 2005, 2(5):719-29. doi:10.1586/14789450.2.5.719

Monks TJ, Jones DC. The metabolism and toxicity of quinones, quinonimines, quinone methides, and quinone-thioethers. *Curr Drug Metab*, 2002, 3(4):425-38.

Moriguchi I, Hirono S, Liu Q, Nakagome I, Matsushita Y. Simple method of calculating octanol/water partition coefficient. *Chem Pharm Bull*, 1992, 40(1):127-130. doi: doi/10.1021/ci700257y

Myatt GJ, Ahlberg E, Akahori Y, Allen D, Amberg A, Anger LT, Aptula A, Auerbach S, Beilke L, Bellion P, Benigni R, Bercu J, Booth ED, Bower D, Brigo A, Burden N, Cammerer Z, Cronin MTD, Cross KP, Custer L, Dettwiler M, Dobo K, Ford KA, Fortin MC, Gad-McDonald SE, Gellatly N, Gervais V, Glover KP, Glowienke S, Van Gompel J, Gutsell S, Hardy B, Harvey JS, Hillegass J, Honma M, Hsieh JH, Hsu CW, Hughes K, Johnson C, Jolly R, Jones D, Kemper R, Kenyon MO, Kim MT, Kruhlak NL, Kulkarni SA, Kümmerer K, Leavitt P, Majer B, Masten S, Miller S, Moser J, Mumtaz M, Muster W, Neilson L, Oprea TI, Patlewicz G, Paulino A, Lo Piparo E, Powley M, Quigley DP, Reddy MV, Richarz AN, Ruiz P, Schilter B, Serafimova R, Simpson W, Stavitskaya L, Stidl R, Suarez-Rodriguez D, Szabo DT, Teasdale A, Trejo-Martin A, Valentin JP, Vuorinen A, Wall BA, Watts P, White AT, Wichard J, Witt KL, Woolley A, Woolley D, Zwickl C, Hasselgren, C. In Silico toxicology protocols. *Regul Toxicol Pharmacol*, 2016, 96:1-17. doi: 10.1016/j.yrtph.2018.04.014.

Newkirk TL, Bowers AA, Williams RM. Discovery, biological activity, synthesis and potential therapeutic utility of naturally occurring histone deacetylase inhibitors. *Nat Prod Rep*, 2009, 26(10), 1293. doi: 10.1039/b817886k

Olson DE, Wagner FF, Kaya T, Gale JP, Aidoud N, Davoine EL, Lazzaro F, Weiwler M, Zhang YL, Holson EB. Discovery of the first histone deacetylase 6/8 dual inhibitors. *J Med Chem*, 2013, 56(11):4816-20. doi: 10.1021/jm400390r

Palleria C, Di Paolo A, Giofrè C, Caglioti C, Leuzzi G, Siniscalchi A, De Sarro G, Gallelli L. Pharmacokinetic drug-drug interaction and their implication in clinical management. *J Res Med Sci*, 2013, 18(7): 6016610.

Petit J, Meurice N, Kaiser C, Maggiora G. Softening the Rule of Five - where to draw the line? *Bioorg Med Chem*, 2012, 20(18):5343-51. doi: 10.1016/j.bmc.2011.11.064

Petrilli AM, Fuse MA, Donnan MS, Bott M, Sparrow NA, Tondera D, Huffziger J, Frenzel C, Malany CS, Echeverri CJ, Smith L, Fernández-Valle C. A chemical biology approach identified PI3K as a potential therapeutic target for neurofibromatosis type 2. *Am J Transl Res*, 2014, 6(5): 4716493.

Prasanna S, Doerksen RJ. Topological polar surface area: a useful descriptor in 2D-QSAR. *Curr Med Chem*, 2009, 16(1), 21-41.

Rajak H, Singh A, Raghuwanshi K, Kumar R, Dewangan PK, Veerasamy R, Sharma PC, Dixit A, Mishra P. A structural insight into hydroxamic acid based histone deacetylase inhibitors for the presence of anticancer activity. *Curr Med Chem*, 2014, 21(23), 2642-64.

Regna NL, Vieson MD, Luo XM, Chafin CB, Puthiyaveetil AG, Hammond SE, Caudell DL, Jarpe MB, Reilly CM. Specific HDAC6 inhibition by ACY-738 reduces SLE pathogenesis in NZB/W mice. *Clin Immunol*, 2016, 162:58-73. doi: 10.1016/j.clim.2015.11.007

Shan L, Xing S, Yang HC, Zhang H, Margolick JB, Siliciano RF. Unique characteristics of histone deacetylase inhibitors in reactivation of latent HIV-1 in Bcl-2-transduced primary resting CD4+ T cells. *J Antimicrob Chemother*, 2014, 69(1):28-33. doi: 10.1093/jac/dkt338

Schneider A, Chatterjee S, Bousiges O, Selvi BR, Swaminathan A, Cassel R, Blanc F, Kundu TK, Boutillier AL. Acetyltransferases (HATs) as Targets for Neurological Therapeutics. *Neurotherapeutics*, 2013, 10(4), 5686588. doi:10.1007/s13311-013-0204-7

Schölz C, Weinert BT, Wagner SA, Beli P, Miyake Y, Qi J, Jensen LJ, Streicher W, McCarthy AR, Westwood NJ, Lain S, Cox J, Matthias P, Mann M, Bradner JE, Choudhary C. Acetylation site specificities of lysine deacetylase inhibitors in human cells. *Nat Biotechnol*, 2015, 33(4):415-423.

Smith EM, Zhang L, Walker BA, Davenport EL, Aronson LI, Krige D, Hooftman L, Drummond AH, Morgan GJ, Davies FE. The combination of HDAC and aminopeptidase inhibitors is highly synergistic in myeloma and leads to disruption of the NF B signalling pathway. *Oncotarget*, 2015, 6(19):17314-27

Tang J, Cho NW, Cui G, Manion EM, Shanbhag NM, Botuyan MV, Mer G, Greenberg RA. *Nat Struct Mol Biol*, 2013, 20(3):317-25. doi:10.1038/nsmb.2499

Tracy TS, Chaudhry AS, Prasad B, Thummel KE, Schuetz EG, Zhong XB, Tien YC, Jeong H, Pan X, Shireman LM, Tay-Sontheimer J, Lin YS. Interindividual Variability in Cytochrome P450-Mediated Drug Metabolism. *Drug Metab Dispos*, 2016, 44(3):343-51. doi: 10.1124/dmd.115.067900

Ueki N, Lee S, Sampson NS, Hayman MJ. Selective cancer targeting with prodrugs activated by histone deacetylases and a tumour-associated protease. *Nat Commun*, 2013, 4:2735. doi: 10.1038/ncomms3735

Valdez BC, Li Y, Murray D, Brammer JE, Liu Y, Hosing C, Nieto Y, Champlin RE, Andersson BS. Differential effects of histone deacetylase inhibitors on cellular drug transporters and their implications for using epigenetic modifiers in combination chemotherapy. *Oncotarget*, 2016, 7(39): 63829663838. doi: 10.18632/oncotarget.11561

Waller DG, Sampson AP. Drug Toxicity and Overdose. U: Medical Pharmacology and Therapeutics, 2018., 659-673. doi: 10.1016/b978-0-7020-7167-6.00053-1

Wang B, Rao YH, Inoue M, Hao R, Lai CH, Chen D, McDonald SL, Choi MC, Wang Q, Shinohara ML, Yao TP. Microtubule acetylation amplifies p38 kinase signalling and anti-inflammatory IL-10 production. *Nat Commun*, 2014, 5:3479. doi: 10.1038/ncomms4479

Wang J, Sun F, Han L, Hou X, Pan X, Liu R, Tang W, Fang H. Design, synthesis, and preliminary bioactivity studies of substituted purine hydroxamic acid derivatives as novel

histone deacetylase (HDAC) inhibitors. *Med Chem Commun*, 2014, 5(12):1887-1891. DOI: 10.1039/c4md00203b

Wang Z, Hu P, Tang F, Xie C. HDAC6-mediated EGFR stabilization and activation restrict cell response to sorafenib in non-small cell lung cancer cells. *Med Oncol*, 2016, 33(5):50. doi: 10.1007/s12032-016-0765-5

Wei DG, Chiang V, Fyne E, Balakrishnan M, Barnes T, Graupe M, Hesselgesser J, Irrinki A, Murry JP, Stepan G, Stray KM, Tsai A, Yu H, Spindler J, Kearney M, Spina CA, McMahon D, Lalezari J, Sloan D, Mellors J, Geleziunas R, Cihlar T. Histone deacetylase inhibitor romidepsin induces HIV expression in CD4 T cells from patients on suppressive antiretroviral therapy at concentrations achieved by clinical dosing. *PLoS Pathog*, 2014, 10(4):e1004071. doi: 10.1371/journal.ppat.1004071

What are Cytochrome P450 Enzymes?, 2019., <https://www.news-medical.net/life-sciences/What-are-Cytochrome-P450-Enzymes.aspx>, pristupljeno 20.6.2019.

What is QSAR?, 2019., <http://www.saxocon.eu/medico/what-is-qsar/>, pristupljeno 20.5.2019.

Wichapong K, Rohe A, Platzer C, Slynko I, Erdmann F, Schmidt M, Sippl W. Application of docking and QM/MM-GBSA rescoring to screen for novel Myt1 kinase inhibitors. *J Chem Inf Model*, 2014, 54(3):881-93. doi: 10.1021/ci4007326

Wildman SA, Crippen GM. Prediction of Physicochemical Parameters by Atomic Contributions. *J Chem Inf Comput Sci*, 1999, 868-873.

Yoon S, Eom GH. HDAC and HDAC Inhibitor: From Cancer to Cardiovascular Disease. *Chonnam Med J*, 2016, 52(1):1-11. doi: 10.4068/cmj.2016.52.1.1

Yun T, Yu K, Yang S, Cui Y, Wang Z, Ren H, Chen S, Li L, Liu X, Fang M, Jiang X. Acetylation of p53 Protein at Lysine 120 Up-regulates Apaf-1 Protein and Sensitizes the Mitochondrial Apoptotic Pathway. *J Biol Chem*, 2016, 291(14):7386-95.

7. SAŽETAK/SUMMARY

U okviru ovog diplomskog rada istraflena su fizi ko-kemijska i toksikolo-ka svojstva odabranih antitumorskih HDAC inhibitora (n = 31) koji sadrfe hidroksamsku skupinu, te su provedene QSAR korelacijske studije kori-tenjem molekulskih deskriptora i ADMET svojstava u svrhu procjene potencijalne toksi nosti i sigurnosti terapijske primjene ovih molekula. Rezultati istraflivanja pokazuju da se molekulski deskriptori i ADMET svojstva mogu uspje-no primijeniti u predvi anju potencijalnih toksi nih u inaka ispitivanih HDAC inhibitora.

Within this diploma thesis, the physico-chemical and toxicological properties of selected anti-tumor HDAC inhibitors (n = 31) that contain a hydroxamic moiety were investigated and QSAR correlation studies were performed using molecular descriptors and ADMET properties to evaluate the potential toxicity and safety of the therapeutic application of these molecules. The results of these studies revealed that the use of molecular descriptors and ADMET parameters can be successfully applied in predicting the potential toxic effect of investigated HDACIs.

8. Temeljna dokumentacijska kartica

Sveučilište u Zagrebu
Farmaceutsko-biokemijski fakultet
Studij: Farmacija
Zavod za farmaceutsku kemiju
A. Kovčićeva 1, 10000 Zagreb, Hrvatska

Diplomski rad

UTJECAJ STRUKTURNIH ZNAČAJKI ANTITUMORSKIH INHIBITORA HISTON DEACETILAZA (HDACI) NA NJIHOVU TOKSIČNOST - QSAR ISTRAŽIVANJA

Sandra Morić

SAŽETAK

U okviru ovog diplomskog rada istražen je odnos fizičko-kemijskih svojstva i parametara toksičnosti odabranih antitumorskih inhibitora (n=31) histon deacetilaza (HDACi) koji sadrže hidroksamsku skupinu, te su provedene QSAR korelacijske studije korištenjem molekulskih deskriptora i ADMET svojstava u svrhu procjene potencijalne toksičnosti i sigurne terapijske primjene ovih inhibitora. Rezultati istraživanja su pokazali da se molekularni deskriptori i ADMET svojstva mogu uspješno primijeniti u predviđanju potencijalnih toksičnosti u in vivo ispitivanih HDAC inhibitora.

Rad je pohranjen u Središnjoj knjižnici Sveučilišta u Zagrebu Farmaceutsko-biokemijskog fakulteta.

Rad sadrži: 62 stranica, 21 grafički prikaz, 10 tablica i 58 literaturnih navoda. Izvornik je na hrvatskom jeziku.

Ključne riječi: HDAC, HDACi, ADMET, sigurnosni profil, toksičnost, QSAR

Mentor: **Dr. sc. Milena Jadrijević-Mladar Takač**, *izvanredna profesorica Sveučilišta u Zagrebu Farmaceutsko-biokemijskog fakulteta.*

Ocjenjivači: **Dr. sc. Milena Jadrijević-Mladar Takač**, *izvanredna profesorica Sveučilišta u Zagrebu Farmaceutsko-biokemijskog fakulteta.*
Dr. sc. Irena Žuntar, *redovita profesorica Sveučilišta u Zagrebu Farmaceutsko-biokemijskog fakulteta.*
Dr. sc. Monika Barbarić, *izvanredna profesorica Sveučilišta u Zagrebu Farmaceutsko-biokemijskog fakulteta.*

Rad prihvaćen: srpanj 2019.

8. Basic documentation card

University of Zagreb
Faculty of Pharmacy and Biochemistry
Study: Pharmacy
Department of Pharmaceutical Chemistry
A. Kovačića 1, 10000 Zagreb, Croatia

Diploma thesis

EFFECT OF STRUCTURAL FEATURES OF ANTITUMOR HISTONE DEACETYLASE INHIBITORS (HDACI) ON THEIR TOXICITY - QSAR STUDIES

Sandra Morić

SUMMARY

In the frame of this diploma work, the relationship between physico-chemical properties and toxicity parameters of selected anti-tumor HDAC inhibitors ($n = 31$) that contain a hydroxamic acid moiety were investigated and the QSAR correlation studies were performed using molecular descriptors and ADMET properties to evaluate the potential toxicity and safety profile of the therapeutic application of these inhibitors. The results of these studies revealed that the use of molecular descriptors and ADMET parameters can be successfully applied in prediction of the potential toxic effects of investigated HDACIs.

The thesis is deposited in the Central Library of the University of Zagreb Faculty of Pharmacy and Biochemistry.

Thesis includes: 62 pages, 21 figures, 10 tables and 58 references. Original is in Croatian language.

Keywords: HDAC, HDACi, ADMET PredictorTM, safety profile, toxicity, QSAR

Mentor: **Milena Jadrijević-Mladar Takač, Ph.D.** Associate Professor, University of Zagreb Faculty of Pharmacy and Biochemistry

Reviewers: **Milena Jadrijević-Mladar Takač, Ph.D.** Associate Professor, University of Zagreb Faculty of Pharmacy and Biochemistry
Irena Žuntar, Ph.D. Full Professor, University of Zagreb Faculty of Pharmacy and Biochemistry
Monika Barbarić, Ph.D. Associate Professor, University of Zagreb Faculty of Pharmacy and Biochemistry

The thesis was accepted: July 2019.