

## مطالعه برهمکنش سه ایزوform UDP-گلوکورونوزیل ترانسفراز با مهارکننده‌های تیروزین

## کیناز موثر در مقاومت دارویی

ریحانه چمنی<sup>\*</sup>، مریم محمدی<sup>۱</sup>، سرور رضایی<sup>۱</sup>، الهام میرهاشمی<sup>۱</sup><sup>۱</sup> دانشگاه یزد، گروه زیست‌شناسی، یزد، ایران

مسئول مکاتبات: ریحانه چمنی chamani@yazd.ac.ir

چکیده. غیرفعال شدن داروها توسط آنزیم‌ها به ویژه UDP-گلوکورونوزیل ترانسفرازها (UGT) یکی از دلایل مقاومت دارویی است. هدف از مطالعه حاضر بررسی برهمکنش آنزیم‌های UGT1A3، UGT1A1 و UGT2B7 با مهارکننده‌های تیروزین کیناز بود. ساختار آنزیم‌ها به روش مدل‌سازی همسانی ساخته شد و ساختار ۳۰۰ مهارکننده تیروزین کیناز از پایگاه Pubchem دریافت شد. شبیه‌سازی داکینگ مولکولی به‌وسیله نرم‌افزار PyRx 0.8 انجام شد و کمپلکس‌ها بر اساس منفی‌ترین انرژی اتصال و RMSD صفر مرتب و اسیدآمینه‌های درگیر در اتصال بررسی شدند. در مجموع چهل و پنج دارو به‌عنوان سوبستراهای احتمالی این سه آنزیم معرفی شدند. نتایج نشان دادند که محل اتصال این داروها به اسیدآمینه‌های جایگاه فعال آنزیم‌ها بوده و انرژی اتصال لیگاندها به UGT1A1 منفی‌تر از دو آنزیم دیگر بود. می‌توان پیشنهاد کرد که گلوکورونیداسیون احتمالی این مهارکننده‌ها توسط آنزیم‌های UGT می‌تواند منجر به دو اتفاق مهم شود: اول حذف سریع آنها از گردش خون و ایجاد مقاومت دارویی و دوم جلوگیری از گلوکورونیداسیون بیلی‌روبین و افزایش سطح بیلی‌روبین سرم. بنابراین بررسی آزمایشگاهی ارتباط بین این مهارکننده‌ها و آنزیم‌های UGT می‌تواند ضروری باشد.

واژه‌های کلیدی: شبیه‌سازی داکینگ مولکولی، آنزیم‌های UGT، مقاومت دارویی، *in silico*

## Studying the interaction of three isoforms of UDP-glucuronosyltransferase with tyrosine kinase inhibitors effective in drug resistance

Reyhane Chamani<sup>1</sup>, Maryam Mohammadi<sup>1</sup>, Soroor Rezaei<sup>1</sup>, Elham Mirhashemi<sup>1</sup><sup>1</sup>Department of Biology, Yazd University, Yazd, Iran,

Corresponding author: Reyhane Chamani, chamani@yazd.ac.ir

**Abstract.** Deactivation of drugs by enzymes, especially UDP-glucuronosyltransferases (UGT), is a reasons for resistance. The aim of this study was to investigate the interaction of UGT1A3, UGT1A1 and UGT2B7 enzymes with tyrosine kinase inhibitors. The structure of enzymes was made by homology modeling method and the structure of 300 tyrosine kinase inhibitors was obtained from Pubchem database. Molecular docking simulation was performed by PyRx 0.8 software and the complexes were sorted based on the most negative binding energy and zero RMSD and the amino acids involved in the binding were analyzed. In total, forty-five drugs were introduced as possible substrates of these three enzymes. The results showed that the binding site of these drugs were to the amino acids of the active site of the enzymes and the binding energy of the ligands to UGT1A1 was more negative than the other two enzymes. It can be suggested that the possible glucuronidation of these inhibitors by UGT enzymes can lead to two important events: first, their rapid removal from the blood circulation and creating drug resistance, and second, preventing bilirubin glucuronidation and increasing serum bilirubin level. Therefore, laboratory investigation of the relationship between these inhibitors and UGT enzymes can be necessary.

**Key words.** Molecular docking simulation; UGT enzymes; drug resistance; in silico

Received 10.10.2024/ Revised 24.12.2024/ Accepted 24.12.2024/ Published 15.03.2025

دریافت: ۱۴۰۳/۰۷/۱۹، اصلاح: ۱۴۰۳/۱۰/۰۱، پذیرش: ۱۴۰۳/۱۰/۰۱، انتشار: ۱۴۰۳/۱۲/۲۵

## مقدمه

مقاومت دارویی یکی از چالش‌های مهم در درمان انواع مختلف سرطان است. سلول‌های سرطانی به روش‌های مختلفی از جمله جهش‌های اکتسابی اولیه و ثانویه، تغییرات متابولیکی، آبشارهای پیام‌رسانی کینازها، تغییر در تنظیم چرخه سلولی و نقاط کنترل آن، مهار آپوپتوز، سلول‌های بنیادی، تغییرات اپی‌ژنتیکی مانند متیلاسیون DNA و غیره نسبت به داروها مقاومت کسب می‌کنند. یکی دیگر از مکانیسم‌های مهم اما کمتر مطالعه شده مقاومت دارویی، غیرفعال کردن مولکول‌ها توسط آنزیم‌های متابولیزه کننده داروها است (Vijayakumar, Dhakshanamoorthy, Baskaran, Krishnan, & Maddaly, 2024). تغییر بیان و فعالیت آنزیم‌های متابولیزه کننده دارو نقش قابل توجهی در مقاومت دارویی دارد زیرا مسیرهای متابولیکی و پیام‌رسانی در سلول‌های سرطانی را تغییر می‌دهد. این آنزیم‌های متابولیزه کننده دارو به دو دسته آنزیم‌های متابولیزه کننده فاز I و فاز II تقسیم می‌شوند. از آنزیم‌های فاز II می‌توان به آنزیم‌های UDP-گلوکورونوزیل ترانسفراز (به اختصار UGT) اشاره کرد (Kaur et al., 2020).

UGT‌ها انتقال بخش گلوکورونیل را از UDP-گلوکورونیل به ترکیبات داخلی مختلف مانند بیلی‌روبین و ترکیبات خارجی مانند داروها کاتالیز می‌کنند. گلوکورونیداسیون به قطبی‌تر شدن، محلول شدن در آب و در نتیجه به دفع آسان آن از بدن کمک می‌کند. بیان طبیعی آنزیم‌های کلاس UGT منجر به سم‌زدایی داروهای شیمی درمانی یا در برخی موارد فعال شدن داروها می‌شود اما مطالعات نشان داده‌اند که افزایش بیان UGT‌ها در تومورها منجر به افزایش گلوکورونیداسیون داروهای ضدسرطان شده که در نهایت موجب حذف سریع آنها و ایجاد مقاومت می‌شود (Meech et al., 2019).

سهم گلوکورونیداسیون در مقاومت نسبت به داروهای ضدسرطان اولین بار تقریباً ۳۰ سال پیش شناسایی شد، زمانی که ارتباط بین مقدار بالای آنتراسایکلین (دانوروبیسین) گلوکورونید شده در یک رده سلولی لوسمیک و مقاومت نسبت به آن نشان داده شد (Gessner, Vaughan, Beehler, Bartels, & Baker, 1990). نتایج حاصل از این مطالعه و دو مطالعه ابتدایی دیگر در مورد متابولیت فعال ایرینوتکان یعنی SN-38 و اسید مایکوفنولیک نشان داد که بیان و فعالیت ذاتی UGT‌ها می‌تواند به طور قابل توجهی بر حساسیت و کارایی دارو اثرگذار باشد (Franklin, Jacobs, Jones, Plé, & Bruneau, 1996; Takahashi et al., 1997). از آن زمان تاکنون، فهرست داروهای ضدسرطانی که تحت گلوکورونیداسیون قرار می‌گیرند به سرعت در حال رشد است. به‌عنوان مثال، مطالعات نشان دادند

که گلوکورونیداسیون ایرینوتکان، سورافنیب، رالوکسیفن و تاموکسیفن توسط UGT‌ها ممکن است به میزان زیادی اثربخشی این داروها را کاهش دهد (Innocenti et al., 2014; Sutiman et al., 2016; Ye et al., 2014). همچنین گانتسپیپ (STA-9090) و لومینسپیپ (AUY922) داروهای ضدسرطان جدیدی هستند که پروتئین شوک حرارتی HSP90 را هدف قرار می‌دهند. سطوح بالای بیان ژن UGT1A و گلوکورونیداسیون این داروها یکی از قابل توجه‌ترین تفاوت‌های مشاهده شده بین رده‌های سلولی سرطانی کولورکتال و مثانه مقاوم و حساس به آنها بود (Acquaviva et al., 2014; Landmann et al., 2014). همچنین بیان زیاد UGT2B7 القاء شده توسط چندین عامل ضدسرطان در رده‌های سلولی کبدی، UGT2B15 القاء شده توسط تاموکسیفن، UGT2B17 ناشی از اگزماستان در رده‌های سلول سرطان پستان و همچنین برای UGT1A4 ناشی از فولوسترانت در رده‌های سلول سرطان پستان و کبد می‌تواند منجر به غیرفعال شدن بیشتر دارو و کاهش حساسیت دارویی شود (Allain, Rouleau, Lévesque, & Guillemette, 2020).

مسیرهای پیام‌رسانی تیروزین کینازها عملکردهای سلولی متنوعی از جمله رگرایی، آپوپتوز، تمایز و تکثیر را تنظیم می‌کنند و اختلال در آنها با طیف وسیعی از بیماری‌ها از جمله بدخیمی‌های متعدد مرتبط است. بنابراین، در سه دهه گذشته علاقه زیادی به کشف و توسعه مهارکننده‌های تیروزین کیناز برای درمان سرطان و سایر بیماری‌ها وجود داشته است (Ebrahimi et al., 2023). از آنجایی که مدت درمان با این مهارکننده‌ها از هفته‌ها تا سال‌ها متفاوت است و دریافت چند داروی مختلف در بیماران سرطانی رایج است (برای درمان سرطان و سایر بیماری‌های همراه)، بیمارانی که مهارکننده‌های تیروزین کیناز را دریافت می‌کنند در معرض خطر بالای تداخلات دارویی و برهم‌کنش دارو-دارو هستند. علاوه بر حذف کبدی مهارکننده‌های تیروزین کیناز با واسطه آنزیم سیتوکروم P450 و انتقال دهنده‌ها، مشاهده شده است که تعدادی از آنها توسط گلوکورونیداسیون متابولیزه می‌شوند. مطالعات نشان داده است که گلوکورونیداسیون رگورافنیب و سورافنیب (داروهای مهارکننده تیروزین کیناز) توسط UGT1A9 به حذف آنها کمک می‌کند و از این رو مهار UGT1A9 و سایر آنزیم‌های UGT توسط این مهارکننده‌ها غیرمنتظره خواهد بود. به‌عنوان مثال، مهار دوگانه UGT1A9 و UGT1A1 توسط سوبستراهی هر دو آنزیم مشاهده شده است. نکته مهم این است که سازمان غذا و داروی آمریکا (FDA) اکنون غربالگری داروهای در دست تولید

را از نظر مهار UGTها توصیه می کند، درحالی که آژانس دارویی اروپا (EMA) حداقل غربالگری برای مهار UGT1A1 و 2B7 را توصیه می نماید (Miners et al., 2017).

اطلاعات محدودی در رابطه با مهار آنزیم های UGT توسط مهارکننده های تیروزین کیناز وجود دارد و نقش گسترده تر این داروها به عنوان عوامل ایجاد تداخلات دارویی ناشی از مختل کردن گلوکوروئیداسیون به خوبی شناخته نشده است. همچنین مهار UGT1A1 ممکن است منجر به کاهش گلوکوروئیداسیون بیلی روبین و در نتیجه افزایش سطح بیلی روبین خون (هایپر بیلی روبینمی) شود (Miners et al., 2017). از طرفی، طراحی دارو مبتنی بر کامپیوتر، غربالگری مجازی، شبیه سازی-های دینامیک و داکینگ مولکولی و در مجموع مطالعات *in silico* به دلیل سریع، آسان و مقرون به صرفه بودن روش های ارزشمند و پرکاربرد هستند که می توانند با مطالعه برهمکنش دارو با اهداف مولکولی مختلف از هزینه های اضافی در مسیر کشف و توسعه داروهای جدید جلوگیری نمایند و امروزه این روش ها به طور وسیعی توسط محققان داروسازی به کار می روند (Shaker, Ahmad, Lee, Jung, & Na, 2021). با توجه به افزایش تعداد داروهای مهارکننده تیروزین کیناز و استفاده گسترده از آنها، هدف از مطالعه حاضر بررسی برهمکنش آنزیم های UGT1A1, UGT1A3, و UGT2B7 با مهارکننده های تیروزین کیناز موجود در پایگاه PubChem به روش شبیه سازی داکینگ مولکولی بود.

## 0.8 شبیه سازی داکینگ مولکولی با استفاده از PyRx

ابتدا مهارکننده های دانلود شده از پایگاه Pubchem وارد نرم افزار 0.8 PyRx شده و تحت کمینه سازی انرژی قرار گرفتند و به فرمت PDBQT ذخیره شدند. ساختارهای ساخته شده آنزیم ها و ساختارهای آماده شده مهارکننده ها به ترتیب به عنوان گیرنده و لیگاند در نرم افزار استفاده شدند. جعبه گرید برای آنزیم ها حدود ۵۶ در ۴۷ در ۵۰ آنگستریم بود تا جایگاه فعال آنزیم ها را پوشش دهد. سایر ویژگی های استفاده شده بر اساس پیش فرض های نرم افزار بودند. در پایان، کمپلکس های حاصل از داکینگ بر اساس منفی ترین انرژی اتصال مرتب شدند.

## بررسی برهمکنش های بین لیگاندها با آنزیم ها

سه کمپلکس حاصل از داکینگ که منفی ترین انرژی اتصال و از RMSD صفر داشتند در برنامه دیسکوری استودیو باز شدند و از طریق گزینه *receptor-ligand interaction* موجود در برنامه، برهمکنش های غیرکوالان بین اسیدآمینوهای آنزیم و اتم های لیگاندها شامل برهمکنش های وان دروالس، هیدروژنی، الکترواستاتیک (پای-آنیون، پای-کاتیون) و هیدروفوب (پای-پای، پای-الکیل، الکیل-الکیل) بررسی شدند و به صورت شکل-های سه بعدی ذخیره شدند. شایان ذکر است که به دلیل تعداد زیاد لیگاندها تهیه شکل از تمام لیگاندهای موجود در جدول های ۱ تا ۳ و گزارش آنها امکان پذیر نبود به همین دلیل تنها تصاویر سه لیگاند از هر آنزیم گزارش شد.

## نتایج

برهمکنش آنزیم های UGT1A1, UGT1A3, و UGT2B7 با مهارکننده های تیروزین کیناز با استفاده از شبیه سازی داکینگ مولکولی بررسی شد. برای تعیین جایگاه فعال آنزیم UGT1A1 در این شبیه سازی از مطالعات (Dudas, Bagdad, Picard, (2022) و (Perahia, & Miteva, 2022) و (X.-Y. Liu et al., 2019) و (Locuson & Tracy, 2007) استفاده شد. همچنین، برای مشخص کردن جایگاه فعال آنزیم UGT1A3 مطالعات (X. Liu et al., 2016) و (Sun et al., 2017) به کار گرفته شد. جایگاه فعال آنزیم UGT2B7 نیز براساس مطالعه (Zhang et al., 2016) و (Miley et al., 2007) تعیین شد. از بین ۳۰۰ لیگاند، اسامی ۱۵ لیگاند که منفی ترین انرژی اتصال داشتند در جدول-

## مواد و روشها

### آماده سازی آنزیم ها و لیگاندها

از آنجایی که ساختار کریستالی آنزیم های UGT1A3, UGT1A1 و UGT2B7 در پایگاه های داده موجود نبود ساختار آنها با استفاده از پایگاه <https://swissmodel.expasy.org> و روش مدل سازی همسانی ساخته شد. اعتبار مدل های ساخته شده با استفاده از سرورهای *Verify3D* (<https://www.doe-mbi.ucla.edu/verify3d/>) و *ProQ* (<https://proq.bioinfo.se/ProQ/ProQ.html>) و *Procheck* (<https://www.ebi.ac.uk/thornton-saves/srv/software/PROCHECK/>) و *SAVES* (<http://nihserver.mbi.ucla.edu/SAVES/>) تایید شد. سپس ساختارها قبل از انجام داکینگ به وسیله نرم افزار UCSF Chimera تحت کمینه سازی انرژی قرار گرفتند و به فرمت PDBQT ذخیره شدند. در پایگاه PubChem

های ۱ تا ۳ آورده شده است. بیشترین تمایل اتصال آنزیم رادوتینیب و آلورمباتینیب بود (جدول ۱).  
UGT1A1 به ترتیب به مرستینیب، ایتاسیتینیب، لیبراتینیب،

جدول ۱- اسامی مهارکننده‌های تیروزین کینازی که منفی‌ترین انرژی اتصال را در برهمکنش با UGT1A1 داشتند

**Table 1.** Names of tyrosine kinase inhibitors owing the most negative binding energy in the interaction with UGT1A1

Pubchem CID	Name	Binding energy (Kcal/mol)
44603533	Merestinib	-11.7
53380437	Itacitinib	-11.7
89670174	Lifirafenib	-11.7
16063245	Radotinib	-11.6
51038269	Olverembatinib	-11.6
11387605	Bafetinib	-11.6
24956525	TKI	-11.5
156538665	BLU-945	-11.3
46215462	Bemcentinib	-11.1
5291	Imatinib	-11.1
89884852	Vodobatinib	-11.1
118480924	Luxeptinib	-11
51039094	Tucatinib	-11
73388818	Rilzabrutinib	-11
86567195	Fenebrutinib	-11
11167602	Regorafenib	-10.6
216239	Sorafenib	-10.4
208908	Lapatinib	-10.2
10113978	Pazopanib	-10.1
11707110	Trametinib	-10
24821094	Ibrutinib	-9.7
135423438	Nintedanib	-9.4
44462760	Dabrafenib	-9

آنزیم UGT1A3 به پُناتینیب، تیوتینیب، کویزاتینیب، داشت (جدول ۲) و UGT2B7 به ترتیب با پِمستینیب، فَنبریتینیب، CEP-11981، TKI و لوزپتینیب منفی‌ترین ایزوپروپیل تیوکوئینازولین و پِراستینیب بیشترین اتصال را

اتصال آنها با UGT1A3 و UGT2B7 بود و همچنین انرژی  
 اتصال آنها با UGT2B7 از دو آنزیم دیگر کمتر بود.

انرژی اتصال را نشان داد (جدول ۳). به طور کلی انرژی اتصال  
 مهارکننده های تیروزین کیناز با UGT1A1 منفی تر از انرژی

**جدول ۲-** اسامی مهارکننده های تیروزین کینازی که منفی ترین انرژی اتصال را در برهمکنش با UGT1A3 داشتند

**Table2.** Names of tyrosine kinase inhibitors owing the most negative binding energy in the interaction with UGT1A3

Pubchem CID	Name	Binding energy (Kcal/mol)
24826799	Ponatinib	-10.9
25171648	Tepotinib	-10.9
24889392	Quizatinib	-10.8
644241	Isopropylthioquinazoline	-10.8
129073603	Pralsetinib	-10.5
25141092	Entrectinib	-10.4
46216796	Pacritinib	-10.3
59215954	Vorolanib	-10.3
11387605	Befetinib	-10.3
49806720	Alectinib	-10.1
25102847	Cabozantinib	-10.1
46848036	Flumatinib	-10.1
56960363	Ensartinib	-10.1
72734520	Avitinib	-10.1
57335384	Rociletinib	-10.0
208908	Lapatinib	-9.3
24821094	Ibrutinib	-9.1
11167602	Regorafenib	-8.4
11707110	Trametinib	-7.6
216239	Sorafenib	-6.6
10113978	Pazopanib	-5.7
44462760	Dabrafenib	-5.1
135423438	Nintedanib	-5

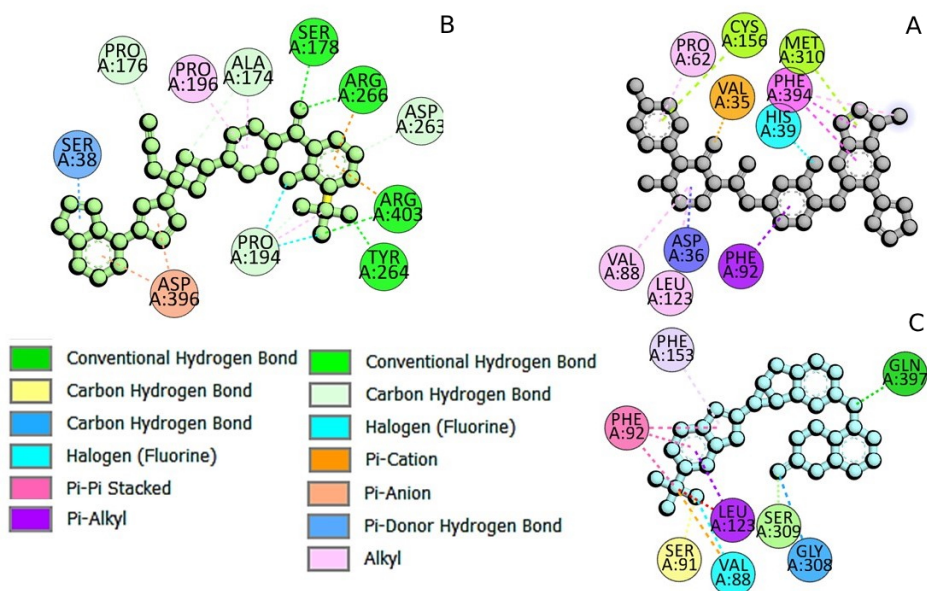
**جدول ۳-** اسامی مهارکننده‌های تیروزین کینازی که منفی‌ترین انرژی اتصال را در برهمکنش با UGT2B7 داشتند

**Table3.** Names of tyrosine kinase inhibitors owing the most negative binding energy in the interaction with UGT2B7

Pubchem CID	Name	Binding energy (Kcal/mol)
46215462	Bemcetinib	-10.5
86567195	Fenebritinib	-9.9
11751922	CEP-11981	-9.9
24956525	TKI	-9.7
118480924	Luxetinib	-9.6
89670174	Lifirafenib	-9.6
137535407	SPH5030	-9.5
49806720	Alectinib	-9.4
11485656	Linifanib	-9.4
54760385	Ruserontinib	-9.4
16063245	Radotonob	-9.4
44467821	4SC-203	-9.3
11387605	Bafetinib	-9.3
56947515	Panulisib	-9.3
91663352	Seralutinib	-9.2
135423438	Nintedanib	-8.5
24821094	Ibrutinib	-8.2
11707110	Trametinib	-7.8
10113978	Pazopanib	-7.2
216239	Sorafenib	-5.8
11167602	Regorafenib	-5.5
44462760	Dabrafenib	-5.3
208908	Lapatinib	-5

برهمکنش‌های F153, L123, H39, S38, D36 با برهمکنش‌های هیدروژنی، هیدروفوب و یا الکترواستاتیک متصل می‌شوند (شکل ۱ A تا C).

برهمکنش سه مهارکننده اول (از نظر انرژی) با این سه آنزیم در شکل‌های ۱ تا ۳ نمایش داده شده است. بررسی اسیدآمین‌های درگیر در اتصال در UGT1A1 با این مهارکننده‌ها نشان داد که به اسیدآمین‌هایی مانند Q397, D396, H376, S375, H372, M310, S309, V226,

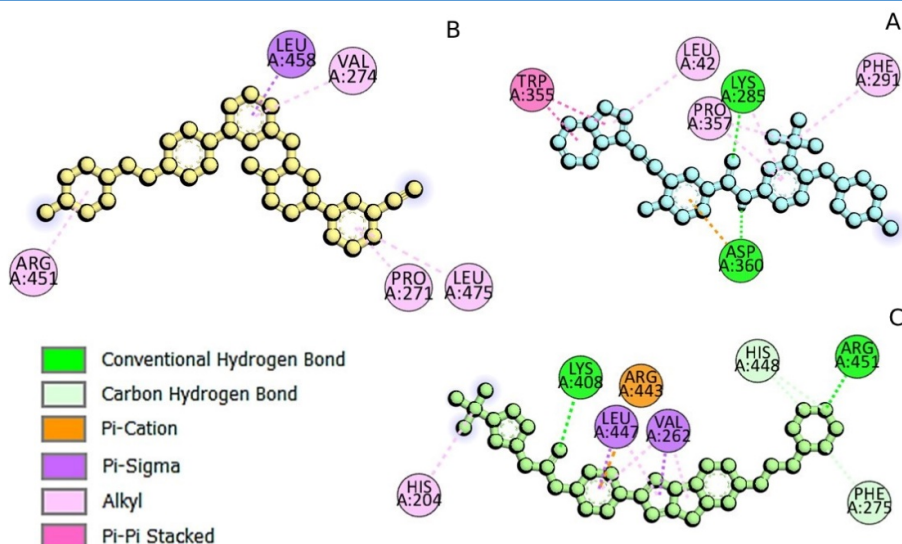


شکل ۱- برهمکنش آنزیم UGT1A1 با A) مرستینیب B) ایتاسیتینیب C) لیفرافنیب. ساختار لیگاندها در وسط هر تصویر و اسیدآمینوهای آنزیم در اطراف آن نشان داده شده است. برهمکنش ها با نرم افزار دیسکاواری استودیو بررسی و تصویر آن ذخیره شد.

**Figure 1.** UGT1A1 enzyme interaction with A) Merestinib B) Itacitinib C) Lifirafenib. The structure of the ligands is shown in the middle of each image and the amino acids of the enzyme are shown around it. Interactions were checked with Discovery Studio software and its image was saved.

یا V154, H40 برهمکنش های هیدروژنی، هیدروفوب و یا الکترواستاتیک برقرار می کنند (شکل ۲ A تا C).

مهارکننده های تیروزین کیناز اشاره شده در جدول ۲ نیز به حفره کاتالیتیک آنزیم UGT1A3 متصل شده و با برخی از اسیدآمینوهای جایگاه فعال مانند D397, L383, Y380, V379, H377, S376, M263, R258, L173, D152, V,

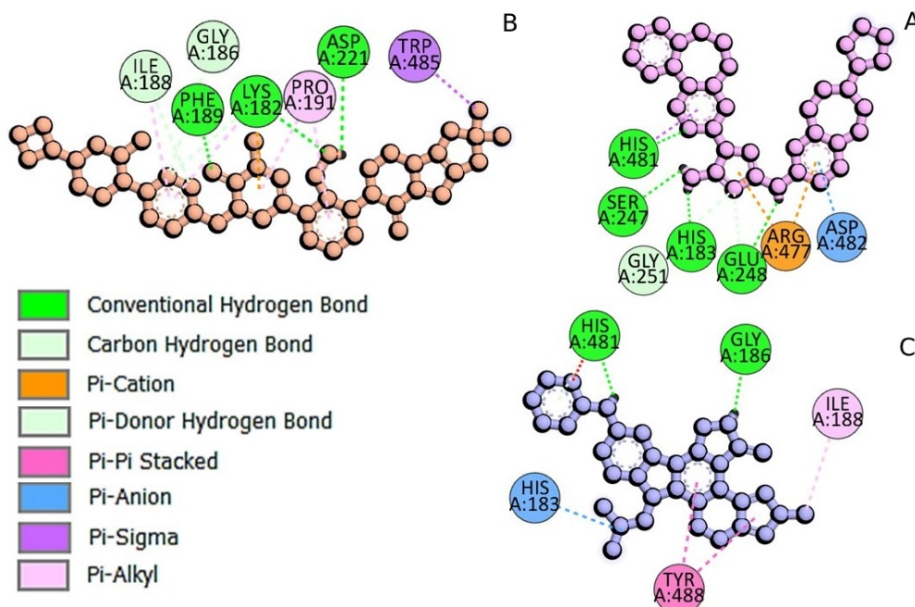


**شکل ۲-** برهمکنش آنزیم UGT1A3 با A) پناتینیب B) تپوتینیب C) کوئیزاتینیب. ساختار لیگاندها در وسط هر تصویر و اسید آمینه‌های آنزیم در اطراف آن نشان داده شده است. برهمکنش‌ها با نرم افزار دیسکاواری استودیو بررسی و تصویر آن ذخیره شد.

**Figure 2.** Interaction of UGT1A3 enzyme with A) Penatinib B) Tepotinib C) Quizatinib. The structure of the ligands is shown in the middle of each image and the amino acids of the enzyme are shown around it. Interactions were checked with Discovery Studio software and its image was saved.

با F174, S173, L172, A150, D151, I153, I39, H35  
مهارکننده‌ها برهمکنش می‌دهد (شکل ۳ A تا C).

UGT2B7 نیز از طریق اسید آمینه‌هایی مانند D398, A397, F396, G375, H374, A377, N260, R259,



**شکل ۳-** برهمکنش آنزیم UGT2B7 با A) بمستینیب B) فنبریتینیب C) سِپ-۱۱۹۸۱. ساختار لیگاندها در وسط هر تصویر و اسید آمینه‌های آنزیم در اطراف آن نشان داده شده است. تصاویر به وسیله نرم افزار دیسکاواری استودیو تهیه شدند.

**Figure 3.** Interaction of UGT2B7 enzyme with A) Bemcetinib B) Fenbritinib C) CEP-11981. The structure of the ligands is shown in the middle of each image and the amino acids of the enzyme are shown around it. The images were prepared by Discovery Studio software.

## بحث

در مطالعه حاضر برهمکنش سه آنزیم UGT1A3, UGT1A1 و UGT2B7 با ۳۰۰ مهارکننده تیروزین کیناز با روش شبیه سازی داکینگ مولکولی بررسی شد و از آن بین در مجموع چهل و پنج دارو به عنوان سوبستراهای احتمالی این آنزیم ها معرفی شدند. برهمکنش این داروها با این آنزیم ها می تواند از نظر احتمال ایجاد مقاومت دارویی و یا هایپر بیلی-روبینمی در بیماران حائز اهمیت باشد. آنزیم های UGT بر اساس شباهت در توالی اسید آمینه ای به دو زیر گروه UGT1 و UGT2 طبقه بندی می شوند. UGT1A شامل ده عضو UGT1A1 تا UGT1A10 بوده و خانواده UGT2 متشکل از نه عضو شامل 2A1, 2A2, 2B4, 2B7, 2B10, 2B11, 2B15, 2B17 و 2B28 است. این آنزیم ها تا ۳۵ درصد از تمام واکنش های فاز II متابولیسم داروها را انجام می دهند و با گلوکورونیداسیون ترکیبات مختلف به محافظت در برابر سموم و پاکسازی بخش زیادی از داروها کمک می کنند. مطابق با این عملکردها، آنزیم های UGT1 و UGT2 در طیف وسیعی از تداخلات مهم دارو-دارو و دارو-زنبیوتیک نقش دارند. اینزوانزیم UGT1A1 از اهمیت ویژه ای برخوردار است و ۱۵ درصد متابولیسم داروها توسط UGT ها را به عهده دارد. همچنین نقش انحصاری در گلوکورونیداسیون و در نتیجه سم زدایی محصول جانبی تجزیه هم یعنی بیلی روبین ایفا می کند (Meech et al., 2019). مهار شدید UGT1A1 ممکن است باعث ایجاد تداخلات نامطلوب دارویی و یا اختلالات متابولیکی شود. گزارش شده است داروهای متعددی از جمله مهارکننده های پروتئاز و ویروس، مهارکننده های تیروزین کیناز و عوامل ضدقارچ باعث هایپر بیلی روبینمی غیر کوئزوگه یا افزایش غلظت عوامل سمی از طریق مهار UGT1A1 در بیماران می شوند (Miners et al., 2017). سوبستراهای طبیعی UGT1A3 ترکیباتی مانند اسیدهای صفراوی، استروژن ها و متابولیت های ویتامین D است. این UGT به شدت در کبد بیان می شود و طیف وسیعی از ترکیبات خارجی از جمله مواد غذایی و داروها را گلوکورونیده می کند. سوبستراهای داخلی مهم UGT2B7 نیز اسیدهای صفراوی (به عنوان مثال، اسید دئوکسی کولیک، اسید لیتوکولیک و هیودوکسی کولیک اسید)، استروژن ها (به عنوان مثال، استرادیول و استریول) و کاتکول استروژن ها هستند (Meech et al., 2019).

شواهدی وجود دارند که ارتباط بین گلوکورونیداسیون برخی از داروها توسط UGT ها و مقاومت دارویی نسبت به

آنها را نشان داده اند. به عنوان مثال، سلول های سرطانی روده بزرگ، ریه و پستان که نسبت به SN-38 مقاومت نشان می دهند دارای بیان بالایی از UGT1A و سطوح بالای SN-38-گلوکورونیده هستند که در نتیجه، قرار گرفتن در معرض داروی فعال را کاهش می دهد. SN-38 توسط چندین عضو از خانواده UGT1A گلوکورونیده می شود (Raynal et al., 2010). این تصور که القای بیان UGT ممکن است به مقاومت دارویی اکتسابی منجر شود توسط مطالعات زیر تایید شده است. سلول های سرطان پستان که با قرار گرفتن طولانی مدت در معرض متوترکسات نسبت به این دارو مقاوم شدند، بیان بیش از حد چندین ایزوفرم UGT1A به ویژه UGT1A6 و همچنین افزایش فعالیت گلوکورونیداسیون را نشان دادند. این اثر در مدل های کولورکتال، لوزالمعده، لوسمی و اُستئوسارکوما که به روشی مشابه به متوترکسات مقاوم شده اند مشاهده نشد که نشان می دهد مکانیسم های مقاومت وابسته به UGT ممکن است مختص برخی از سرطان ها باشد (De Almagro et al., 2011). در مطالعه دیگری، مقاومت بیماران لوسمی میلوئید حاد به درمان با ریبویرین به افزایش آنزیم های UGT1A و گلوکورونیداسیون ریبویرین نسبت داده شد. برای مقاومت نسبت به داروی مشابه دیگر، سیتارابین، نیز نتیجه گیری مشابهی انجام شد که مقاومت به این درمان نیز ممکن است در نتیجه تجمع UGT ایجاد شود (Zahreddine et al., 2014).

بیان UGT1A با پاسخ به مهارکننده گیرنده فاکتور رشد اپیدرمی (EGFR)، اِرلوتینیب، در بیماران مبتلا به سرطان ریه سلولی غیرکوچک (NSCLC) یا سرطان سر و گردن مرتبط است. سطح mRNA ژن UGT1A در تومور در بیماران مبتلا به سرطان سر و گردن بدون پاسخ به درمان سه برابر بیشتر بود. مطابق با این داده ها، گلوکورونیداسیون اِرلوتینیب یک مسیر تایید شده برای غیرفعال سازی و حذف آن است که نشان می دهد سطوح بالای UGT حساسیت به اِرلوتینیب را کاهش می دهد. همچنین مقاومت ممکن است با اثر مهار اِرلوتینیب بر گلوکورونیداسیون با واسطه UGT1A1 در سلول های تومور ایجاد شود (Y. Liu, Ramírez, House, & Ratain, 2010; López-Ayllón et al., 2015).

Korprasertthaworn و همکاران و Miners و همکاران در دو مطالعه اثر هشت مهارکننده تیروزین کیناز شامل لاپاتینیب، پازوپانیب، رگورافنیب، سورافنیب، دابرافنیب، ایبروتینیب، نینتدینیب و ترامتینیب را بر روی چندین عضو از خانواده UGT بررسی کردند و مقدار IC<sub>50</sub> مهار (غلظتی از

VvGT1 به دست آمده است. همچنین محل گلوکورونیداسیون رالوکسیفن با اسیدآمینه کاتالیتیک S38 و همچنین برهمکنش آبریز آن با F153 بود و F181 و F217 می‌توانند برای شناسایی و اتصال سوبسترا مهم باشند (Dudas, Bagdad, Picard, Perahia, & Miteva, 2022). مطالعات شبیه‌سازی‌های داکینگ مولکولی توسط Xin-Yu Liu و همکاران نشان داد که کامفرول می‌تواند پیوندهای هیدروژنی قوی با S375 و H376 ایجاد کند، در حالی که آکاستین می‌تواند برهمکنش‌های قوی با S375 و E289 (به جای H376) از طریق پیوند هیدروژنی ایجاد کند (Qi Wang, X.-Y. Liu et al., 2019). اثر مهای عصاره *multiflorum* و ۱۰ ترکیب آنتراکینون و دیانترون را بر روی UGT1A1 بررسی کردند. نتایج آنها نشان داد که برهمکنش‌های آبریز محکم برای اتصال لیگاندها و UGT1A1 بسیار مهم هستند و تشکیل پیوندهای هیدروژنی از طریق گروه‌های هیدروکسیل، میل اتصال UGT1A1 به ترکیبات آزمایش شده را افزایش داد (Wang et al., 2017). Locuson و همکاران نیز نشان دادند که UDPGA به اسیدآمینه‌های G377, H376, S375, F153, H173, S38, L355 در UGT1A1 متصل می‌شود (Locuson & Tracy, 2007). در مطالعه حاضر نیز مرستینیب به رزیدوهایی از جمله Q397, H372, F153, S38 در UGT1A1 متصل شد (شکل ۱ A). سایر مهارکننده‌ها نیز به اسیدآمینه‌های یکسان یا کاملاً نزدیک در جایگاه فعال متصل شدند (شکل ۱ B و A).

Xin Liu و همکاران شبیه‌سازی داکینگ مولکولی دیان اورتوفتالات را روی UGT1A3 انجام و نشان دادند که اسیدآمینه‌های درگیر در اتصال عبارتند از S39, H40, L117, M120, R174, N175, G309, S310, V312, Q358, H373, G375, S376, H377, G378, E381, F395, G396, D397, Q398 (X. Liu et al., 2016).

Dan Sun و همکاران نیز با داکینگ آگلیکون نوراتریول روی UGT1A3 متوجه شدند که H12 و S348 با لیگاند پیوند هیدروژنی برقرار کردند (Sun et al., 2017). در مطالعه حاضر نیز مشخص شد که پنتانینیب به D397, L383, V379, H377, M263, R258, D152, V, V154, H40 متصل می‌شود (شکل ۲ A). تپوتینیب نیز به Y380, S376, N401, V379, L173, D152, N154 متصل می‌گردد (شکل ۲ B). اسیدآمینه‌های درگیر در اتصال کوئیزاتینیب نیز در شکل ۲ C نشان داده شده است. می‌توان مشاهده کرد که نتایج مطالعه حاضر با مطالعات قبلی همخوانی دارند و لیگاندها به حفره کاتالیتیک این آنزیم متصل می‌شوند.

دارو که باعث مهار پنجاه درصد از فعالیت آنزیم می‌شود) را به دست آوردند. برای UGT1A1 رگورافنیب و سورافنیب کمترین مقدار  $IC_{50}$  را داشتند (زیر ۱ میکرومولار) و برای هر هشت مهارکننده مقدار  $IC_{50}$  زیر ۱۰ میکرومولار بود اما برای UGT1A3 فقط لاپاتینیب و ایبروتینیب مقدار  $IC_{50}$  زیر ۱۰ میکرومولار را نشان دادند و برای UGT2B7 نیز تنها نیندتینیب  $IC_{50}$  زیر ۱۰ میکرومولار داشت و بقیه مهارکننده‌ها مقادیر بالایی را نشان دادند. (Korprasertthaworn, Chau, Nair, Rowland, & Miners, 2019; Miners et al., 2017) و همکاران نتیجه گرفتند که مهار UGT1A1 به طور قابل توجهی به هایپرپیلی‌روبینمی مشاهده شده در بیماران تحت درمان با رگورافنیب و سورافنیب کمک می‌کند (Miners et al., 2017). نتایج مطالعه حاضر نیز به نوعی در راستای مطالعات اشاره شده بود به طوری که بررسی برهمکنش این هشت مهارکننده تیروزین کیناز با سه آنزیم UGT نشان داد که منفی‌ترین انرژی اتصال را با UGT1A1 در مقایسه با دو آنزیم دیگر داشتند و انرژی اتصال رگورافنیب و سورافنیب با UGT1A1 از بقیه مهارکننده‌ها منفی‌تر بود. برای UGT1A3 و UGT2B7 نیز به ترتیب لاپاتینیب و نیندتینیب محکم‌تر از سایرین به این آنزیم‌ها متصل شدند. انرژی اتصالی این هشت مهارکننده در انتهای جدول‌های ۱ تا ۳ آورده شده است. با نگاهی به این جدول‌ها مشخص است که سایر داروهای مهارکننده تیروزین کیناز انرژی اتصالی بسیار منفی‌تری به این آنزیم‌ها در مقایسه با این هشت مهارکننده داشتند که این امر می‌تواند نشان دهنده ضرورت انجام بررسی آزمایشگاهی اتصال این داروها با UGTها باشد. همچنین، به‌طور کلی انرژی اتصالی مهارکننده‌های تیروزین کیناز با UGT1A1 منفی‌تر از انرژی اتصالی آنها با UGT1A3 و UGT2B7 بود که این مورد نیز می‌تواند اهمیت این ایزوفرم را در اتصال و متابولیسم این داروها نشان دهد.

ساختار کریستالی این آنزیم‌ها و جایگاه فعال دقیق آنها تاکنون مشخص نشده است اما به کمک مطالعات شبیه‌سازی داکینگ و دینامیک مولکولی حفره کاتالیتیک در آنها تا حدی مشخص شده است که محل اتصال لیگاندها در مطالعه حاضر تا حد زیادی با مطالعات قبلی همخوانی دارد که در ادامه به چند مطالعه اشاره می‌شود. Balint Dudas و همکاران با استفاده از شبیه‌سازی دینامیک مولکولی، یادگیری مبتنی بر ماشین و داکینگ مولکولی، اثر مهارکننده‌های مختلف و سوبستراهای UGT1A1 را روی ساختار آن پیش‌بینی کردند و نشان دادند که نحوه اتصال کوئرتستین به پاکت اتصالی آنزیم مشابه حالتی است که به طور تجربی برای فلاونوئید گیاهی



- Translational Oncology, 22, 1667–1680.
- Korprasertthaworn, P., Chau, N., Nair, P. C., Rowland, A., & Miners, J. O.** 2019. Inhibition of human UDP-glucuronosyltransferase (UGT) enzymes by kinase inhibitors: effects of dabrafenib, ibrutinib, nintedanib, trametinib and BIBF 1202. *Biochemical Pharmacology*, 169, 113616.
- Landmann, H., Proia, D. A., He, S., Ogawa, L. S., Kramer, F., Beißbarth, T., & Moll, U.** 2014. UDP glucuronosyltransferase 1A expression levels determine the response of colorectal cancer cells to the heat shock protein 90 inhibitor ganetespib. *Cell Death & Disease*, 5(9), e1411–e1411.
- Liu, X.-Y., Lv, X., Wang, P., Ai, C.-Z., Zhou, Q.-H., Finel, M., & Ge, G.-B.** 2019. Inhibition of UGT1A1 by natural and synthetic flavonoids. *International Journal of Biological Macromolecules*, 126, 653–661.
- Liu, X., Cao, Y.-F., Ran, R.-X., Dong, P.-P., Gonzalez, F. J., Wu, X., & Li, R.-S.** 2016. New insights into the risk of phthalates: inhibition of UDP-glucuronosyltransferases. *Chemosphere*, 144, 1966–1972.
- Liu, Y., Ramírez, J., House, L., & Ratain, M. J.** 2010. Comparison of the drug-drug interactions potential of erlotinib and gefitinib via inhibition of UDP-glucuronosyltransferases. *Drug Metabolism and Disposition*, 38(1), 32–39.
- Locuson, C. W., & Tracy, T. S.** 2007. Comparative modelling of the human UDP-glucuronosyltransferases: insights into structure and mechanism. *Xenobiotica*, 37(2), 155–168.
- López-Ayllón, B. D., de Castro-Carpeño, J., Rodríguez, C., Pernía, O., de Cáceres, I. I., Belda-Iniesta, C., & Sastre, L.** 2015. Biomarkers of erlotinib response in non-small cell lung cancer tumors that do not harbor the more common epidermal growth factor receptor mutations. *International Journal of Clinical and Experimental Pathology*, 8(3), 2888.
- Meech, R., Hu, D. G., McKinnon, R. A., Mubarak, S. N., Haines, A. Z., Nair, P. C., & Mackenzie, P. I.** 2019. The UDP-glycosyltransferase (UGT) superfamily: new members, new functions, and novel paradigms. *Physiological Reviews*, 99(2), 1153–1222.
- Miley, M. J., Zielinska, A. K., Keenan, J. E., Bratton, S. M., Radomska-Pandya, A., & Redinbo, M. R.** 2007. Crystal structure of the cofactor-binding domain of the human phase II drug-metabolism enzyme UDP-glucuronosyltransferase 2B7. *Journal of Molecular Biology*, 369(2), 498–511.
- Miners, J. O., Chau, N., Rowland, A., Burns, K., McKinnon, R. A., Mackenzie, P. I., ... Kichenadasse, G.** 2017. Inhibition of human UDP-glucuronosyltransferase enzymes by lapatinib, pazopanib, regorafenib and sorafenib: implications for hyperbilirubinemia. *Biochemical Pharmacology*, 129, 85–95.
- Raynal, C., Pascussi, J.-M., Leguelinel, G., Breuker, C., Kantar, J., Lallemand, B., & Hollande, F.** 2010. Pregnane $\times$  Receptor (PXR) expression in colorectal cancer cells restricts irinotecan chemosensitivity through enhanced SN-38 glucuronidation. *Molecular Cancer*, 9, 1–13.
- Shaker, B., Ahmad, S., Lee, J., Jung, C., & Na, D.** 2021. In silico methods and tools for drug discovery. *Computers in Biology and Medicine*, 137, 104851.
- Sun, D., Zhang, C.-Z., Ran, R.-X., Cao, Y.-F., Du, Z., Fu, Z.-W., & Fang, Z.-Z.** 2017. In vitro comparative study of the inhibitory effects of mangiferin and its aglycone norathyriol towards UDP-glucuronosyl transferase (UGT) isoforms. *Molecules*, 22(6), 1008.
- Sutiman, N., Lim, J. S. L., Muerdter, T. E., Singh, O., Cheung, Y. B., Ng, R. C. H., & Dent, R.** 2016. Pharmacogenetics of UGT1A4, UGT2B7 and UGT2B15 and their influence on tamoxifen disposition in Asian breast cancer patients. *Clinical Pharmacokinetics*, 55(10), 1239–1250.
- Takahashi, T., Fujiwara, Y., Yamakido, M., Katoh, O., Watanabe, H., & Mackenzie, P. I.** 1997. The role of glucuronidation in 7-ethyl-10-hydroxycamptothecin resistance in vitro. *Japanese Journal of Cancer Research*, 88(12), 1211–1217.
- Vijayakumar, S., Dhakshanamoorthy, R., Baskaran, A., Krishnan, B. S., & Maddaly, R.** 2024. Drug resistance in human cancers—Mechanisms and implications. *Life Sciences*, 122907.
- Wang, Q., Wang, Y., Li, Y., Wen, B., Dai, Z., Ma, S., & Zhang, Y.** 2017. Identification and characterization of the structure–activity relationships involved in UGT1A1 inhibition by anthraquinone and dianthrone constituents of *Polygonum multiflorum*. *Scientific Reports*, 7(1), 17952.
- Ye, L., Yang, X., Guo, E., Chen, W., Lu, L., Wang, Y., & Liu, Z.** 2014. Sorafenib metabolism is significantly altered in the

liver tumor tissue of hepatocellular carcinoma patient. PloS One, 9(5), e96664.

**Zahreddine, H. A., Culjkovic-Kraljacic, B., Assouline, S., Gendron, P., Romeo, A. A., Morris, S. J., & Cocolakis, E.** 2014. The sonic hedgehog factor GLI1 imparts drug resistance through inducible

glucuronidation. Nature, 511(7507), 90–93.

**Zhang, Q., Cao, Y., Ran, R., Li, R., Wu, X., Dong, P., & Wang, W.** 2016. Strong Specific Inhibition of UDP-glucuronosyltransferase 2B7 by Atractylenolide I and III. *Phytotherapy Research*, 30(1), 25–30.

\*\*\*\*\*

**How to cite this article:**

**Chamani, R., Mohammadi, M., Rezaei, S. & Mihashemi, E.** 2025. Studying the interaction of three isoforms of UDP-glucuronosyltransferase with tyrosine kinase inhibitors effective in drug resistance. *Nova Biologica Reperta* 11(4): 54-66. (In Persian).

چمنی، ر.، محمدی، م. رضایی، س. و میرهاشمی، ا. ۱۴۰۳. مطالعه برهمکنش سه ایزوفرم UDP-گلوکورونوزیل ترانسفراز با مهارکننده های تیروزین کیناز موثر در مقاومت دارویی. یافته‌های نوین در علوم زیستی ۱۱(۴): ۵۴-۶۶.