УДК 547.92.057 ©Коллектив авторов

МОЛЕКУЛЯРНОЕ МОДЕЛИРОВАНИЕ ВЗАИМОДЕЙСТВИЯ 17(20)*Z*- И 17(20)Е- ПРЕГНА-5,17(20)-ДИЕН-21-ОИЛАМИДОВ С ЯДЕРНЫМ РЕЦЕПТОРОМ LXRβ

И.В. Федюшкина, С.В. Стулов, Н.О. Дугин, А.Ю. Мишарин, А.Р. Мехтиев, Г.Е. Морозевич, А.В. Веселовский*

Федеральное государственное бюджетное учреждение "Научно-исследовательский институт биомедицинской химии имени В.Н. Ореховича" Российской академии медицинских наук, Москва, Погодинская ул., д. 10; тел.: 499-245-0768; факс: 499-245-0857; эл. почта: veselov@ibmh.msk.su

В работе проведен анализ новых восьми изомерных 17(20)Z- и 17(20)E-прегна-5,17(20)диен-21-оиламидов, различающихся структурой амидного фрагмента, которые являются конформационно жесткими аналогами оксистеринов. Анализ низкоэнергетических конформеров показал, что все 17(20)E-изомеры имеют три основных энергетических минимума (со значениями двугранного угла $\theta_{20,21}$ (C17=C20-C21=O) ~ 0°, ~ 120° и ~ 240°), из которых наиболее заселённым является минимум, соответствующий значению $\theta_{20,21} ~ 0°$; тогда как 17(20)Z-изомеры характеризуются наличием одного или двух пулов устойчивых конформаций. Молекулярный докинг этих соединений в участок связывания лиганда ядерного рецептора LXR β (потенциальной мишени) показал возможность связывания E-изомеров и отсутствие таковой для Z-изомеров. Результаты молекулярного моделирования подтверждены экспериментом, в котором продемонстрирован стимулирующий эффект одного соединения – 17(20)E-3 β -гидроксипрегна-5,17(20)-диен-21-оил-(гидроксиэтил)амида на биосинтез триглицеридов в клетках Нер G2.

Ключевые слова: прегна-5,17(20)-диен-21-оиламиды, докинг, LXR, ядерный рецептор, биосинтез триглицеридов, Нер G2.

ВВЕДЕНИЕ. Продукты окислительного метаболизма холестерина – стерины, гидроксилированные в боковой цепи, включая 24(*S*)-гидроксихолестерин (церебростерол), 25-гидроксихолестерин, 27-гидроксихолестерин, являются важнейшими регуляторными молекулами в организме млекопитающих. Эти оксистерины контролируют гомеостаз липидов, холестерина, глюкозы, клеточную дифференцировку и пролиферацию, а также развитие и функционирование клеток центральной нервной системы [1-8]. Многие синтетические стерины и их производные, содержащие полярные заместители

^{* -} адресат для переписки

ВЗАИМОДЕЙСТВИЕ ПРОИЗВОДНЫХ ПРЕГНА-5,17(20)-ДИЕН-21-ОИЛАМИДОВ С LXR

в боковой цепи, эффективно влияют на транскрипцию генов ключевых ферментов биосинтеза стеринов и триглицеридов в культуре клеток млекопитающих [1-3, 9-15]. Участие оксистеринов и их аналогов в процессах биосинтеза, метаболизма и транспорта липидов в значительной степени обусловлено их взаимодействием с ядерными рецепторами LXRα и LXRβ.

Изучение лиганд-рецепторных комплексов LXRα и LXRβ с оксистеринами и их аналогами [13, 14, 16, 17] показало, что определяющую роль играет наличие в молекуле лиганда 3β-гидроксила и второй полярной группы (гидрокси-, эпокси-, кето-, сложноэфирной, амидной) в боковой цепи, способной к образованию водородной связи и служащей "якорем" для связывания с рецептором. Стереохимическая конфигурация полярной группы и её положение в боковой цепи определяет сродство и специфичность оксистерина или его аналога к рецептору [13, 14].

Разработанный недавно новый синтез прегна-5,17(20)-диен-21-оиламидов [18, 19] позволяет легко получать соединения, структурно близкие к биологически активным оксистеринам. Очевидно, что структурные исследования и прогноз биологической активности для этих синтетических аналогов оксистеринов представляет интерес.

Целью данной работы был расчёт устойчивых конформаций для восьми новых изомерных 17(20)*Z*- и 17(20)*E*-прегна-5,17(20)-диен-21-оиламидов, содержащих одну, две и три гидроксиметильных группы в амидном фрагменте, моделирование взаимодействия этих соединений с их потенциальной биологической мишенью – ядерным рецептором LXRβ, а также проверка результатов моделирования в эксперименте на культуре клеток.

МЕТОДИКА.

Молекулярное моделирование. Синтез и характеристика новых азотсодержащих аналогов оксистеринов описаны в работах [18-20]. Структурные формулы изучаемых в работе соединений приведены на рисунке 1. Расчёт устойчивых конформаций молекул проводили методом стохастического конформационного поиска с использованием программы RandomSearch в составе программы Sybyl8.1 (Tripos Inc., США). Параметры расчёта: максимальное число циклов 5000, "отсечка" по энергии между конформерами – 3,0 ккал/моль, порог RMS – 0,2 ангстрем, максимальное число конформеров – 20.



Рисунок 1. Структурные формулы исследованных соединений.

В работе использовали пространственную структуру лиганд-связывающего домена LXRβ полученную из базы данных пространственных структур макромолекул PDB (код 1P8D). Структуры низкомолекулярных соединений были построены при помощи программы SYBYL 8.1 (Tripos Inc., США). Оптимизацию структур соединений и белка проводили методом минимизации энергии по методу Пауэлла с использованием силового поля Tripos в вакууме. Значения парциальных атомных зарядов рассчитывали методом Gasteiger-Huckel.

соединений Моделирование взаимодействия низкомолекулярных с участком связывания лиганд-связывающего домена LXR_β (код pdb 1P8D) проводили с использованием программы молекулярного докинга DOCK 6.5 (США). Поверхность, доступная для растворителя на мишени для докинга была рассчитана по алгоритму Конолли с пробным радиусом равным 1.4 Å. Поля для электростатического потенциала и потенциала Ван дер Ваальса мишени были генерированы на решетке в шагом 0,3 Å; "отсечка" для нековалентных взаимодействий равнялась 12,0 Å. Отбор комплексов проводили по величинам оценочной функции Dock. За правильное лиганда принимали конформации, расположение для которых среднеквадратичное отклонение (RMSD) не превышало 1,5 Å по сравнению с природным агонистом 24(S)-24,25-эпоксихолестерином в структуре 1P8D.

Клетки Нер G2. Клетки гепатомы человека линии Нер G2 (ЕСАСС) культивировали в среде RPMI 1640, содержащей 10% эмбриональной бычьей сыворотки (HyClon, Великобритания), в атмосфере 5% CO₂ при 37°С. Перед экспериментом клетки выдерживали 24 ч в бессывороточной среде. Исследуемые соединения добавляли к культуральной среде в растворе этанола (содержание этанола во всех опытах, включая соответствующие контроли, составляло 1,0%).

Влияние исследуемых соединений на липогенез [21]. Клетки Нер G2 в шестилуночных планшетах инкубировали 14 ч в присутствии исследуемых соединений в концентрации 5 мкМ, или в присутствии 25-гидроксихолестерина (положительный контроль) в концентрации 2 мкМ, затем в среду добавляли 0,1 мМ [1⁻¹⁴C]AcONa (1 мкКи на 1 мл среды) и продолжали инкубацию ещё 4 ч. Клетки трижды промывали PBS, липиды экстрагировали смесью гексан-iPrOH (3:2) и разделяли TCX в системе гексан-Et₂O-AcOH (85:14:1) в присутствии внутренних стандартов (холестерина, триолеина, олеиновой кислоты); после проявления фракций в парах иода, зоны соскабливали и проводили измерение радиоактивности в толуольном сцинтилляторе на счётчике Tri-Carb 2800 TR (Perkin Elmer, США). Уровень биосинтеза триглицеридов (имп./мин/ 1 мг клеточного белка за 4 ч) рассчитывали по включению радиоактивной метки. Каждое определение проводили в трех повторах в трёх независимых экспериментах.

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ. Изомерные 17(20)Z- и 17(20)E-прегна-5,17(20)-диен-21-оиламиды можно рассматривать как конформационно жесткие аналоги оксистеринов, поскольку наличие 17(20)-двойной связи и её сопряжение с амидной группой должно определять положение амидного фрагмента относительно стероидного цикла. Амидные фрагменты не содержат хиральных атомов, поэтому конфигурация заместителей при 17(20) двойной связи и количество гидроксиметильных групп в амидном фрагменте должны полностью детерминировать набор устойчивых конформаций этих соединений. Рассчитанные энергетически выгодные конформации соединений 1(Z), 1(E), 2(Z), 2(E), 3(Z), 3(E), 4(Z), 4(E), представлены на рисунке 2.



Рисунок 2. Наборы энергетически выгодных конформеров для соединений 1(Z), 1(E), 2(Z), 2(E), 3(Z), 3(E), 4(Z), 4(E).

Федюшкина и др.

Для соединения **1**(**Z**) был получен только один кластер устойчивых конформеров, соответствующий значению двугранного угла C17=C20-C21=O ($\theta_{20,21}$) ~ 90°. Для соединений **2**(**Z**), **3**(**Z**) и **4**(**Z**) было показано наличие двух основных энергетических минимумов, соответствующих значениям $\theta_{20,21} \sim 90^{\circ}$ и ~ 270°. В наиболее заселённом пуле заместители в амидном фрагменте были развёрнуты в β-область ($\theta_{20,21} \sim 270^{\circ}$). Для всех 17(20)*E*-изомеров рассчитано три основных энергетических минимума ($\theta_{20,21} \sim 0^{\circ}$, ~ 120° и ~ 240°), из которых наиболее заселенным является минимум, соответствующий значению $\theta_{20,21} \sim 0^{\circ}$. Сопоставление наборов энергетически выгодных конформеров для каждой из пар 17(20)*Z*- и 17(20)*E*-изомеров позволяет заключить, что для всех пар отсутствуют конформеры, в которых дистальная гидроксильная группа занимала бы одинаковое положение относительно стероидного цикла.

Чтобы оценить возможность активации LXR синтезированными соединениями был проведен молекулярный докинг в место связывания лиганд-связывающего домена ядерного рецептора LXR β (pdb 1P8D) [16, 17] (рис. 3). Результаты докинга исследуемых соединений мы сравнивали со структурой комплекса природного агониста LXR 24(S)-24,25-эпоксихолестерина (код pdb 1P8D). За правильное расположение лиганда принимали конформации, для которых среднеквадратичное отклонение (RMSD) не превышало 1,5 Å по сравнению с 24(S)-24,25-эпоксихолестерином в структуре 1P8D.



Рисунок 3.

Докинг 24(*S*)-24,25-эпоксихолестерина (а) и соединения **4**(*E*) (б) в место связывания лиганда LXRβ. Водородная связь между остатком His-435 и полярной группой лиганда показана пунктирной линией.

Анализ результатов докинга 17(20)Z- и 17(20)E- изомерных амидов 1(Z), 1(E), 2(Z), 2(E), 3(Z), 3(E), 4(Z), 4(E) показал, что ни один из 17(20)Z-изомеров не вписывается в место связывания лиганда LXR β . Все 17(20)E-изомеры были способны связываться с рецептором, при этом их стероидный фрагмент располагался аналогично стероидному фрагменту 24(S)-24,25-эпоксихолестерина и находился в том же гидрофобном окружении. Метильные и гидроксиметильные заместители в амидном фрагменте соединений 2(E), 3(E) и 4(E) по результатам докинга не препятствовали связыванию с рецептором.

ВЗАИМОДЕЙСТВИЕ ПРОИЗВОДНЫХ ПРЕГНА-5,17(20)-ДИЕН-21-ОИЛАМИДОВ С LXR

По оценочной функции докинга (оценка свзывания белок-лиганд), лучшим лигандом был [17(20)*E*]-3β-гидрокси-21-{[2-(бис-2,2-дигидроксиметил)-2-пропил]-1-амино}-21-оксопрегна-5,17(20)-диен **3**(*E*) (-53,5 ккал/моль). Однако существование данного комплекса представляется маловероятным из-за высокой внутренней энергии данного конформера. По-видимому, соединение **3**(*E*) может связываться **с** LXR в конформации с углом $\theta_{20,21}$ близким к 0°, поскольку эта конформация соответствует минимуму внутренней энергии, и оценка энергии межмолекулярного взаимодействия для него ненамного выше, чем для конформера с углом $\theta_{20,21} \sim 0^\circ$ имели величины оценочной функции близкие к таковой для соединения **3**(*E*).

Ранее было показано [16, 17], что связывание молекулы стерина или его аналога, содержащего полярную группу в боковой цепи, с LXR β сопровождается образованием водородной связи между этой полярной группой и остатком His-435. Модели комплексов LXR β с соединениями 1(E), 2(E), 3(E) и 4(E) (рис. 3) свидетельствуют о возможности образования водородной связи между гидроксильной группой амидного фрагмента лиганда с остатком His-435. Таким образом, результаты молекулярного докинга предсказывают возможность активации LXR β соединениями 1(E), 2(E), 3(E) и 4(E), но не для соответствующих 17(20)Z-изомеров. Однако близость величин оценочных функций, полученных для E-изомеров, не позволило выбрать соединение, которое с наибольшей вероятностью должно было эффективно связываться с LXR β .

Активация LXR α и LXR β в клетках, как известно, стимулирует липогенез, поскольку транскрипция гена синтазы жирных кислот (FAS, одного из ферментов, лимитирующего скорость биосинтеза триглицеридов) регулируется LXR [22]. Чтобы экспериментально проверить результаты молекулярного моделирования мы оценили влияние соединений 1(Z), 1(E), 2(Z), 2(E), 3(Z), 3(E), 4(Z), 4(E) на скорость биосинтеза триглицеридов в клетках гепатомы Нер G2 (стандартной клеточной модели для изучения регуляции биосинтеза липидов в печени [23]). В качестве положительного контроля был использован 25-гидроксихолестерин (25-HC), активирующий липогенез и стимулирующий биосинтез триглицеридов в клетках Нер G2.

Результаты представлены на рисунке 4. В условиях нашего эксперимента только соединение 1(E) достоверно стимулировало биосинтез триглицеридов (p<0,05), его эффект был сравним с таковым для 25-НС (p<0,05). Уровень биосинтеза триглицеридов в присутствии соединений 2(E), 3(E) и 4(E), был выше, чем в контроле, хотя стимулирующий эффект не был достоверным. Сравнение эффектов соединений 1(E), 2(E), 3(E) и 4(E) свидетельствует, что наличие дополнительных метильных или гидроксиметильных групп в амидном фрагменте снижает регуляторный эффект. Ни один из 17(20)Z-изомеров не влиял на уровень биосинтеза триглицеридов. Таким образом, результаты эксперимента согласуются с данными молекулярного моделирования.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ. Результаты данной работы позволяют предположить, что ядерный рецептор LXR является одной из мишеней для 17(20)*E*-прегна-5,17(20)-диен-21-оиламидов. 17(20)*E*-Прегна-5,17(20)-диен-21-оиламиды (но не 17(20)*Z*-изомеры) могут в определенной конформации связаться в полости лиганд-связывающего домена LXR^β и активировать липогенез в клетках Hep G2.

Федюшкина и др.



Рисунок 4.

Влияние соединений 1(*Z*), 1(*E*), 2(*Z*), 2(*E*), 3(*Z*), 3(*E*), 4(*Z*), 4(*E*) и 25-HC на уровень биосинтеза триглицеридов в клетках Нер G2. За 100% принят уровень биосинтеза триглицеридов в контроле, составляющий 85200 имп./мин/1 мг клеточного белка за 4 ч. * – статистически значимые отличия средних значений от контроля (p<0,05).

Работа выполнялась в рамках НИР по направлению Программы фундаментальных исследований РАМН "Поиск молекулярных мишеней, компьютерное конструирование и получение биологически активных веществ, исследование их фармакологического действия и безопасности. Создание систем транспорта лекарств" и проекта РФФИ № 12-04-31075-мол_а.

ЛИТЕРАТУРА

- 1. Schroepfer G. (2000). J. Physiol. Rev., 80, 361–554.
- 2. Björkhem I. (2007) Lipids, 42, 5–15.
- 3. *Björkhem I.* (2009) J. Lipid Res., **50**, (Suppl), S213-S218.
- 4. *Olkkonen V.M.* (2009) in: Cellular Lipid Metabolism (C. Ehnholm, ed.), Springer-Verlag, Berlin-Heidelberg, pp. 27-71.
- 5. *Javitt N.B.* (2008) Steroids, **73**, 149–157.
- 6. Gill S., Chow R., Brown A.J. (2008) Prog. Lipid Res., 47, 391-404.
- 7. Vaya J., Schipper H.M. (2007) J. Neurochem., 102, 1727-1737.
- 8. *Smith L.L.* (1981) Cholesterol autoxidation. Plenum Press, N.Y.
- 9. Smith L.L., Johnson B. (1989) Free Rad. Biol. Med., 7, 285-331.

ВЗАИМОДЕЙСТВИЕ ПРОИЗВОДНЫХ ПРЕГНА-5,17(20)-ДИЕН-21-ОИЛАМИДОВ С LXR

- 10. Smith L.L. (1996) Lipids, **31**, 453-487.
- 11. *Taylor F.R., Saucier S.E., Shown E.P., Parish E.J., Kandutsch A.A.* (1984) J. Biol. Chem., **259**, 12382-12387.
- 12. Janowski B., Grogan M.J., Jones S.A., Wisely G.B., Kliewer S.A., Corey E.J., Mangelsdorf D.J. (1999) Proc. Natl. Acad. Sci. USA, **96**, 266–271.
- 13. Spencer T.A., Li D., Russel J.S., Collins J.L., Bledsoe R.K., Consler T.G., Moore L.B., Galardi C.M., McKee D.D., Moore J.T., Watson M.A., Parks D.J., Lambert M.H., Willson T.M. (2001) J. Med. Chem., 44, 886-897.
- 14. Makishima M.J. (2005) Pharmacol. Sci., 97, 177-183.
- 15. *Quinet E.M., Savio D.A., Halpern A.R., Chen L., Miller C.P., Nambi P.* (2004) J. Lipid Res., **45**, 1929-1942.
- 16. Williams S., Bledsoe R.K., Collins J.L, Boggs S., Lambert M.H., Miller A.B., Moore J., McKee D.D., Moore L., Nichols J., Parks D., Watson M., Wisely B., Willson T.M. (2003) J. Biol. Chem., **278**, 27138-27143.
- Svensson S., Östberg T., Jacobsson M., Norstrom C., Stefansson K., Hallen D., Johansson I.C., Zachrisson K., Ogg D., Jendeberg L. (2003) EMBO J., 22, 4625-4633.
- 18. Stulov S.V., Zavialova M.G., Mehtiev A.R., Novikov R.A., Tkachev Y.V., Timofeev V.P., Misharin A.Y. (2010) Bioorg. Med. Chem. Lett., **20**, 5495-5498.
- 19. Stulov S.V., Tkachev Y.V., Novikov R.A., Zavialova M.G., Timofeev V.P., Misharin A.Y. (2012) Steroids, 77, 77-84.
- 20. Stulov S.V., Mankevich O.V., Dugin N.O., Novikov R.A., Timofeev V.P., Misharin A.Y. (2013) Bioorg. Med. Chem. Lett., 23, 2014-2018.
- 21. Goldstein J.L., Basu S.K., Brown M.S. (1983) Methods Enzymol., 98, 241-260.
- 22. Javitt N.B. (1990) FASEB J., 4, 161-167.
- 23. Ducheix S., Lobaccaro J.M.A., Martin P.G., Guillou H. (2011) Chem. Phys. Lipids, 164, 500-514.

Поступила: 10. 12. 2012.

MOLECULAR MODELING OF INTERACTION OF 17(20)Z- AND 17(20)E-PREGNA-5,17(20)-DIEN-21-OYL AMIDES WITH THE NUCLEAR RECEPTOR LXRβ

I.V. Fedyushkina, S.V. Stulov, N.O. Dugin, A.Yu. Misharin, A.R. Mehtiev, G.E. Morozevich, A.V. Veselovsky

Orekhovich Institute of Biomedical Chemistry of the Russian Academy of Medical Sciences, ul. Pogodinskaya, 10, Moscow, 119121 Russia; tel.: 499-245-0768; fax: 499-245-0857; e-mail: veselov@ibmh.msk.su

Aiming the search of novel regulators of lipid metabolism and their potential targets, in this study we performed molecular modeling of eight isomeric 17(20)Z- and 17(20)E-pregna-5,17(20)-dien-21-oyl amides differing in structure of the amide moiety. Analysis of the low energy conformers revealed that all 17(20)E-isomers had three main energy minima (corresponding to values of the dihedral angle $\theta_{20,21}$ (C17=C20-C21=O) ~ 0°, ~ 120° and ~ 240°), the most occupied minimum was found to correspond to $\theta_{20,21} \sim 0°$; while 17(20)Z-isomers had either one or two pools of low energy conformations. Molecular docking of these compounds to the ligand-binding site of the nuclear receptor LXR β (a potential target) indicates high probability of binding for *E*-isomers and the absence of that for *Z*-isomers. Results of the molecular modeling were confirmed by an experiment in which stimulation of triglyceride biosynthesis in Hep G2 cells in the presence of 17(20)E-3 β -hydroxypregna-5,17(20)-dien-21-oyl (hydroxyethyl)amide was demonstrated.

Key words: pregna-5,17(20)-dien-21-oyl amides, docking, LXR, nuclear receptor, triglyceride biosynthesis, Hep G2.