



پیش بینی سمیت و خواص دارویی ترکیبات شیمیایی از طریق داکینگ مولکولی

نویسندگان:

سیده نگار زمانی،

(کارشناسی ارشد بیوسیستماتیک جانوری،
مرکز تحقیقات علوم سلولی و مولکولی،
دانشگاه علوم پزشکی کردستان)

دکتر بهزاد شاهمرادی،

(عضو هیئت علمی دانشگاه علوم پزشکی
کردستان، استاد گروه بهداشت محیط،
دانشگاه علوم پزشکی کردستان)

سروه فردی

(کارشناسی ارشد مدیریت اطلاعات)

دکتر هادی محمدی،

(عضو هیئت علمی دانشگاه علوم پزشکی
کردستان، مرکز تحقیقات سرطان و
ایمونولوژی، دانشگاه علوم پزشکی کردستان)

دکتر شیرکو ناصری،

(عضو هیئت علمی دانشگاه علوم پزشکی
کردستان، مرکز تحقیقات علوم سلولی و
مولکولی، دانشگاه علوم پزشکی کردستان)

دکتر ابراهیم محمدی،

(عضو هیئت علمی دانشگاه علوم پزشکی
کردستان، استادیار گروه بهداشت حرفه‌ای
دانشگاه علوم پزشکی کردستان)

دکتر حمزه صالح زاده،

(دکترای تخصصی بهداشت محیط، مرکز
تحقیقات بهداشت محیط، دانشگاه علوم
پزشکی کردستان)

دکتر ایمان چراغی،

(دکترای حرفه‌ای پزشکی، مرکز
تحقیقات بالینی بیمارستان کوثر،
دانشگاه علوم پزشکی کردستان)

هیوا عثمانی،

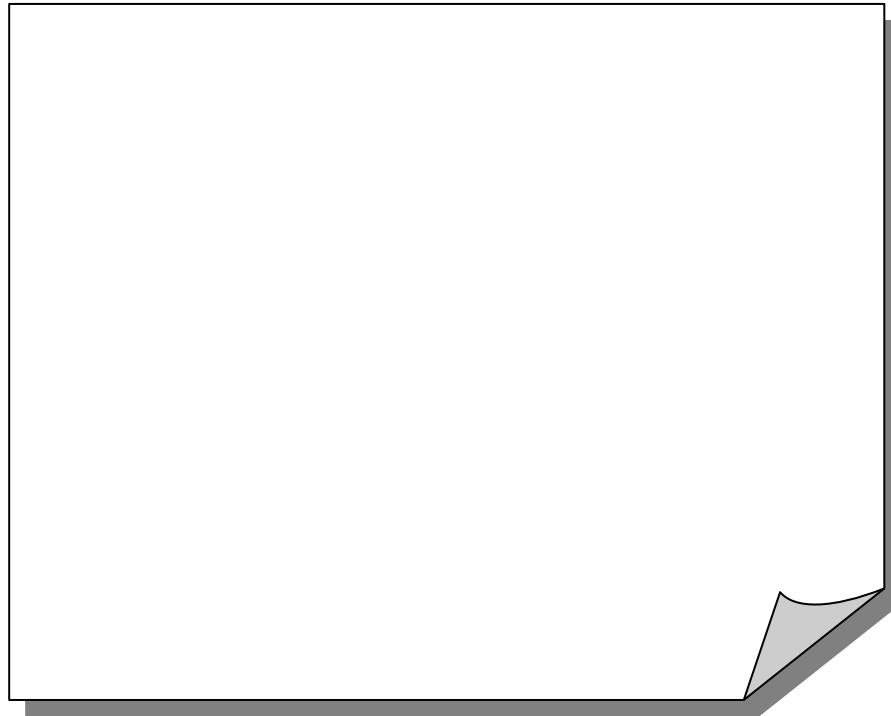
(کارشناسی ارشد مهندسی بهداشت
حرفه‌ای، کمیته تحقیقات دانشجویی،
دانشگاه علوم پزشکی ایران)



URL: www.khaniran.com



دانشگاه علوم پزشکی
و خدمات بهداشتی درمانی کردستان



نام کتاب: پیش‌بینی سمیت و خواص دارویی ترکیبات شیمیایی از طریق داکینگ مولکولی

نام لاتین کتاب: prediction of toxicity and medicinal properties of chemical compounds by molecular docking

نویسندگان:	تاریخ نشر:
دکتر حمزه صالح زاده، دکتر هادی محمدی، سیده نگار زمانی، دکتر ایمان چراغی، دکتر شیرکو ناصری، دکتر بهزاد شاهمرادی، هیوا عثمانی، دکتر ابراهیم محمدی، سروه فردی	نوبت چاپ: شمارگان: قیمت: شابک:
ناشر:	طراح جلد:
ISBN:	

دفتر تولید و پخش: تهران، میدان انقلاب، خیابان کارگر شمالی، ابتدای خیابان نصرت، کوچه باغ نو،

کوچه داوود آبادی شرقی، پلاک ۴، زنگ اول همراه: ۰۹۱۲۱۹۹۹۱۲۰ (مدیر فروش)

تلفکس: ۶۶۹۵۰۷۷۲ تلفن: ۶۶۹۶۵۳۹۶-۶۶۹۵۰۷۷۲-۶۶۹۵۴۰۵ (کد تهران ۰۲۱)

فروشگاه اینترنتی: www.khaniranshop.com

هرگونه چاپ و تکثیر از محتویات این کتاب بدون اجازه کتبی ناشر ممنوع و شرعاً حرام است.
متخلفان به موجب قانون حمایت حقوق مؤلفان، مصنفان و هنرمندان تحت پیگرد قانونی قرار می‌گیرند.

فهرست مطالب

مقدمه ناشر.....	۷
مقدمه مؤلف.....	۸

فصل اول: تعاریف اولیه و مفاهیم پایه

۱-۱- مولکول‌های جهان هستی.....	۱۰
۲-۱- ماکرو مولکول‌های زیستی.....	۱۰
۳-۱- پروتئین‌ها و اهمیت آن‌ها.....	۱۰
۴-۱- بررسی واکنش‌های بین‌مولکولی.....	۱۱
۵-۱- توکسیکودینامیک-فارمادینامیک.....	۱۳
۶-۱- توکسیکوکینتیک-فارماکوکینتیک.....	۱۴
۷-۱- مدل‌سازی مولکولی.....	۱۴
۸-۱- داکینگ مولکولی.....	۱۴
۹-۱- پیوندهای مورد بررسی در داکینگ مولکولی.....	۱۵
۱۰-۱- مولکول‌های مورد بررسی در داکینگ مولکولی.....	۱۵
۱۱-۱- شناسایی مولکولی.....	۱۵
۱۲-۱- عوامل مؤثر در داکینگ مولکولی.....	۱۶
۱۳-۱- نقش داکینگ مولکولی در علم داروسازی.....	۱۶
۱۴-۱- داکینگ مولکولی و نانو مواد.....	۱۷
۱۵-۱- لیگاند- رسپتور.....	۱۷
۱۶-۱- انواع جایگاه فعال یا جایگاه اتصال.....	۱۸
۱۷-۱- خواص جایگاه فعال.....	۱۹
۱۸-۱- دسته‌بندی داکینگ مولکولی بر اساس نوع مولکول‌ها.....	۱۹
۱۹-۱- دسته‌بندی داکینگ مولکولی بر اساس جایگاه اتصال.....	۱۹
۲۰-۱- اصطلاح POSE.....	۲۰
۲۱-۱- دسته‌بندی داکینگ بر اساس حرکت مولکول‌ها.....	۲۰
۲۲-۱- شرایط لازم برای برهم‌کنش رسپتور-لیگاند در داکینگ.....	۲۰
۲۳-۱- روش‌هایی برای بالابردن دقت داکینگ.....	۲۱
۲۳-۱-۱- اصلی‌ترین دیتابیس‌های مورد استفاده در داکینگ.....	۲۲
۲۳-۱-۲- مهم‌ترین نرم‌افزارهای رایگان داکینگ پروتئین-لیگاند و پروتئین-پپتید.....	۲۲
۲۳-۱-۳- پرکاربردترین نرم‌افزارهای داکینگ پروتئین-پروتئین.....	۲۲

- ۲۳-۱- تعدادی از وب سرورهای با دقت برای انجام داکینگ مولکولی..... ۲۲
- ۲۴-۱- مراحل انجام داکینگ مولکولی به طور خلاصه ۲۲
- ۲۵-۱- الگوریتم‌های مختلف امتیازدهی ۲۳
- ۲۶-۱- الگوریتم‌های امتیازدهی ۲۳
- ۲۷-۱- جمع‌بندی کاربرد داکینگ ۲۳

فصل دوم : نصب و راه‌اندازی نرم‌افزارهای لازم

- ۲-۱- Notepad++ (نسخه ۷,۵,۶) ۲۶
- ۲-۲- Discovery Studio Visualization ۲۷
- ۳-۲- Open Babel ۲۸
- ۴-۲- Auto Dock ۳۰
- ۵-۲- Ligplot+ ۳۵
- ۶-۲- Gaussian ۳۷
- ۷-۲- Chem BIO Office ۳۷

فصل سوم: نصب نرم‌افزارها به صورت گام به گام

- ۳-۱- Notepad++ ۴۰
- ۳-۲- Discovery studio (NVIDIA) ۴۱
- ۳-۳- OPEN BABEL ۴۲
- ۴-۳- نصب مجموعه MGL Tools یا Dock Tools ۴۳
- ۵-۳- Auto Dock ۴۵
- ۶-۳- AUTODOCK VINA ۴۷
- ۷-۳- ViewerLite ۴۸
- ۸-۳- LigPlus ۵۰
- ۶-۳- Gaussview و Gaussian ۵۱
- ۱۰-۳- Hyperchem ۵۲

فصل چهارم : استخراج و آماده‌سازی ساختار لیگاند

- ۴-۱- معرفی پایگاه Pubchem ۵۴
- ۴-۲- دریافت لیگاند ۵۵
- ۴-۳- نصب مجموعه ChemBio Office ۶۱
- ۴-۴- رسم لیگاند ۶۳
- ۴-۵- ایجاد ساختار سه‌بعدی لیگاند ۷۷
- ۴-۶- کاهش سطح انرژی لیگاند ۸۰

۸۱	۷-۴-ایتمایزیشن لیگاند
۸۶	۸-۴-ویرایش و آماده‌سازی لیگاند جهت استفاده در داکینگ
۹۰	۹-۴-غربال‌گری لیگاندها
۱۱۲	۱۰-۴-مشابهت‌یابی ساختارها (CADD)
۱۱۳	۱۱-۴-سرورهای پرکاربرد برای CADD
۱۱۳	۱۲-۴-دیتابیس Way2drug
۱۱۴	۱۳-۴-نرم‌افزار آنلاین Pass online
۱۱۸	۱۴-۴-دیتابیس Reactome
۱۲۱	۱۵-۴-دیتابیس SwissTargetPrediction
۱۲۷	۱۶-۴-دیتابیس SwissADME
۱۲۸	۱۷-۴-دیتابیس KEGG
۱۲۹	۱۸-۴-دیتابیس TargetNet
۱۳۰	۱۹-۴-دیتابیس DrugBank

فصل پنجم: استخراج و آماده‌سازی رسپتور

۱۳۴	۱-۵-دستیابی به ساختار رسپتور با استفاده از پایگاه‌های داده
۱۳۴	۲-۵-پایگاه داده RCSB-PDB
۱۳۵	۳-۵-پایگاه NCBI
۱۳۹	۴-۵-مشخص کردن تارگت‌های لیگاند موردنظر
۱۴۱	۵-۵-آماده‌سازی ساختار لیگاند
۱۴۱	۶-۵-آماده‌سازی ساختار رسپتور
۱۴۲	۷-۵-استفاده از نرم‌افزار پایمول برای آماده‌سازی لیگاند و رسپتور
۱۴۶	۸-۵-مشاهده پیوند لیگاند با مولکول‌های اطراف
۱۴۶	۹-۵-مشخص کردن فاصله بین لیگاند و باقیمانده‌ها
۱۴۷	۱۰-۵-حذف لیگاندها، مولکول‌های آب و قسمت‌های غیرضروری مولکول
۱۴۷	۱۱-۵-بهینه‌سازی سطح انرژی پروتئین
۱۴۷	۱-۱۱-۵-بهینه‌سازی سطح انرژی پروتئین با نرم‌افزار Chimera
۱۴۹	۲-۱۱-۵-بهینه‌سازی سطح انرژی با سرور آنلاین yasara
۱۵۱	۱۲-۵-مشخص کردن جایگاه فعال و اسیدهای آمینه درگیر در برهمکنش با لیگاند

فصل ششم: انجام داکینگ مولکولی با استفاده از نرم‌افزارهای مختلف و تحلیل نتایج داکینگ

۱۵۴	۱-۶-داکینگ مولکولی با اتوداک
۱۶۲	۲-۶-شروع فرایند داکینگ
۱۶۲	۱-۲-۶-داکینگ مولکولی با استفاده از نرم‌افزار اتوداک وینا

۱۶۸	۳-۶- داکینگ مولکولی با استفاده از نرم افزار Chimera
۱۷۴	۴-۶- بررسی نتایج داکینگ
۱۸۱	۵-۶- تحلیل فایل خروجی داکینگ
۱۸۱	۶-۶- تحلیل فایل خروجی نرم افزار Auto Dock Vina با استفاده از نرم افزار Discovery Studio
۱۸۵	۷-۶- تحلیل فایل خروجی نرم افزار Auto Dock Vina با استفاده از نرم افزار Lig Plus
۱۸۸	۸-۶- تحلیل فایل خروجی نرم افزار Auto Dock Vina با استفاده از Protein-Ligand interaction server
۱۹۱	۹-۶- تحلیل فایل خروجی نرم افزار Auto Dock Vina با استفاده از سرور آنلاین PDB-SUM
۱۹۲	۱۰-۶- انجام داکینگ مولکولی با استفاده از نرم افزار Molegro Virtual docker
۱۹۲	۱۱-۶- مراحل نصب Molegro Virtual docker
۱۹۳	۱۲-۶- مراحل استفاده از نرم افزار Molegro Virtual docker
۱۹۴	۱۳-۶- آماده سازی فایل ساختاری لیگاند و پروتئین گیرنده در نرم افزار
۲۰۱	۱۴-۶- شروع داکینگ با Molegro Virtual docker
۲۱۴	۱۵-۶- داکینگ مولکولی با استفاده از سرور اختصاصی داکینگ برای کووید ۱۹
۲۲۱	واژه نامه
۲۲۴	نمایه نامه
۲۲۸	فهرست منابع

تقدیم به

انسان‌هایی که

به فردایی

بهتر می‌اندیشند.

مقدمه ناشر

سپاس بیکران پروردگار را که به انسان قدرت اندیشیدن بخشید، قدرتی که در مقایسه با سایر موجودات باعث شده است که انسان هرگز به امکانات محدود خود اکتفا نکند. مکاتب الهی، انسان را موجودی کمال‌طلب و پویا می‌دانند که جهت‌گیری او به سوی خالقش می‌باشد. از جمله راه‌های تقرب به خداوند، علم است. علمی که زیبایی عقل است. علمی که در دریای بیکران آن هر ذره نشانی از آفریدگار است و هر چه علم انسان افزون گردد، تقریبش بیشتر می‌شود. از این‌رو است که به علم‌اندوزی و دانش‌آموزی توجهی بی‌نظیر مبذول گردیده است. اما علم‌آموزی به ابزاری نیاز دارد که مهمترین آن کتاب است و انتشار نتیجه مطالعات پژوهشگران و اندیشمندان، پاسخگوی این نیاز خواهد بود. جهت تحقق این امر و گام برداشتن در جهت ارتقای پایه‌های علم و دانش و رشد و شکوفایی استعدادها، انتشار کتاب را یکی از اهداف خود قرار داده و انتظار داریم با حمایت‌های معنوی هموطنان گرامی بتوانیم گام‌های مؤثر و ارزشمندی را برداریم. گرچه تلاش خواهد شد در حد دانش و تجربه اندکمان کارهایی بدون اشکال تقدیم حضورتان گردد، ولی اذعان داریم که راهنمایی‌های شما عزیزان می‌تواند ما را در ارتقای کیفی کتاب راهگشا باشد، لذا همیشه منتظر پیشنهادات و راهنمایی‌های شما خواهیم بود. در پایان از همه عزیزانی که در مراحل مختلف تهیه، تدوین و چاپ کتاب از همفکری و همکاری آن‌ها برخوردار بوده‌ام به خصوص دکتر حمزه صالح زاده، دکتر هادی محمدی، سیده نگار زمانی، دکتر ایمان چراغی، دکتر شیرکو ناصری، دکتر بهزاد شاهمرادی، هیوا عثمانی، دکتر ابراهیم محمدی، سروه فردی (نویسندگان)، مهندس علی‌محمد خانی (مدیر تولید و فروش)، مهندس مهدی خانی و مهندس محمدحسین نوروزی، سپاسگزاری نموده و موفقیت روزافزونشان را آرزومندم.

محمد رضا خانی

مدیر مسئول انتشارات خانیران

مقدمه مؤلف:

این کتاب حاصل چند تلاش چند ساله جهت یادگیری روش‌های پیش‌بینی سمیت و خواص دارویی مواد و ترکیبات بوده که مولفان از طریق شرکت در دوره‌های آموزشی مختلف به صورت حضوری و غیر حضوری کسب کرده‌اند. سپس با کسب توانایی در آموزش این مطالب دوره‌هایی در مراکز مختلف آموزشی نظیر ستاد آموزش فناوری نانو، دانشکده مجازی بیوانفورماتیک دانشگاه شهید بهشتی، انجمن علمی کشوری نانوفناوری پزشکی ایران و انجمن علمی کشوری شیمی و زیست‌شناسی وزارت علوم برگزار کرده‌اند و کتاب حاصل را براساس دانش کسب شده از طریق شرکت و برگزاری دوره‌ها تألیف نموده‌اند.

کتاب حاضر یکی از جامع‌ترین کتاب‌های داکینگ مولکولی به زبان فارسی است. یکی از روش‌های افزایش دقت فرآیند داکینگ استفاده از چند نرم‌افزار مختلف و مقایسه نتایج و سطح انرژی‌های آن‌ها با هم است که در این کتاب، از چندین نرم‌افزار اصلی فقط برای انجام فرآیند داکینگ استفاده شده که امکان مقایسه نتایج آن‌ها با هم وجود دارد. حتی مراحل دانلود و نصب نرم افزارها و استفاده از سرور آنلاین داکینگ ترکیبات مختلف با ویروس کرونا در این کتاب گنجانده شده است.

کتاب حاضر می‌تواند به عنوان یک راهنمای پژوهشی برای تعداد زیادی از رشته‌های تحصیلی نظیر: سم‌شناسی، گرایش‌های مختلف شیمی و زیست‌شناسی، رشته‌های بهداشتی، داروسازی، پزشکی، پزشکی مولکولی، بیوانفورماتیک پزشکی، گرایش‌های مختلف نانو و دیگر رشته‌ها به کار گرفته شود.

در کتاب حاضر تلاش شده است که کلیه مفاهیم نظری و عملی مورد نیاز برای اجرای یک پروژه‌ی داکینگ مولکولی به زبانی ساده و به صورت گام به گام آموزش داده شود. مطالب ارائه‌شده در این کتاب در دو بخش اصلی نظری و عملی ارائه شده‌است. در بخش مطالب نظری، تعاریف پایه و مفاهیم مقدماتی داکینگ که پیش‌نیاز درک صحیح این تکنیک است به طور مختصر توضیح داده شده است. همچنین در این بخش از کتاب اشاره‌ای به کاربردهای مختلف تکنیک داکینگ در علوم زیست‌پزشکی، داروسازی، نانوفناوری و صنعت شده است.