

سُبْحَانَ رَبِّ الْعَالَمِينَ



دانشگاه زابل

مدیریت تحصیلات تکمیلی

دانشکده علوم

گروه شیمی

پایان نامه جهت اخذ درجه کارشناسی ارشد در رشته شیمی تجزیه

غربالگری مجازی بر اساس ساختار و لیگاند و مطالعه کیوسار سه بعدی برای شناسایی آگونیست های جدید GPR 119

استاد راهنما :

دکتر فرشته شیری

استاد مشاور :

دکتر محمود سنچولی

تهیه و تدوین :

مریم تیموری

شهریور ۹۴

تقدیم به

پردم غزیرم:

ای پر از تو هرچه می‌گویم باز هم کم می‌آورم، خوشیدی شدی و از روشنایی ات جان

گرفتم و در نامیدی هناظم را کشیدی و لبریزم کردی از شوق، اکنون حاصل دستان خته

ات رمز موافقتم شد، به خودم تبریک می‌گویم که تو را دارم و دنیا با همه بزرگیش مثل تو

را ندارد

و

مادر محربانم:

و تو ای مادر، ای شوق زیبایی نفس کشیدن، ای روح همراهان هستی ام، تو رنگ شادی یهیم

شدی و لحظه هارا با تمام وجود از من دور کردی و عمری هستکی هارا به جان خریدی تا اکنون

توانستی طعم خوش پیروزی را به من پختانی.

و

تقدیم به

همسرم:

به پاس قدر دانی از قلبی آکنده از عشق و معرفت که محیطی سرشار از سلامت و امنیت و آرامش و

آسایش برای من فراهم آورده است.

و

پدر و مادر، همسر مم:

به پاس تعبیر عظیم و انسانی شان از کلمه‌ی ایثار و از خودکندگی، به پاس عاطفه‌ی سرشار و گرامی امید

بنخش وجودشان و قلب‌های بزرگشان که فریاد رس است و به پاس محبت‌های بی‌دینشان که هرگز

فروکش نمی‌کند.

و

تقدیم به

برادران و خواهران عزیزو دوست داشتنی ام

مکشنگر و قدردانی

پاس خدای را که سخنوران، در ستودن او بگانند و شمارندگان، شمردن نعمت‌های او ندانند و

کوشندگان، حق او را گزاردن توانند. و سلام و دورد بر محمد و خاندان پاک او، طاهران

معصوم، هم آنان که وجودمان و امداد وجودشان است؛ و نفرین پیوسته بر دشمنان ایشان تا

روز رستاخیز...

مکشنگر و قدردانی خود را تقدیم می‌دارم به محضر استاد عزیزم سرکار خانم دکتر فرشته شیری که در

کمال سعه صدر با حسن خلق و فروتنی از هیچ‌گلی در این عرصه بر من دینه نمودند و زحمت

راهنمایی این رساله را به عمدۀ گرفتند. از استادگر انقدر م جناب آقا دکتر پویا کریمی که

زحمت داوری این رساله را متقبل شدم قدردانی و مشکر می نمایم و از استاد گر انقدر م

جناب آقای دکتر محمود سچولی که زحمت مشاوره این پایان نامه را بر عهده گرفته، کمال مشکر

را دارم. همچنین از جناب آقای دکتر علیرضا سامزاده کرمانی به عنوان نماینده تحصیلات

تکمیلی که قبول زحمت نمودند، کمال مشکر و قدردانی را دارم.

باشد که این خردترین، بخشی از زحمات آستان را سپاس گوید.

مریم تیموری

شهریور ۱۳۹۳

چکیده

گیرنده جفت شده پروتئین 119 G (GPR 119) یک هدف جالب و امیدوارکننده برای درمان بیماری دیابت نوع ۲ (T2DM) است. در این تحقیق، روابط کمی ساختار-فعالیت سه بعدی، الحاق کردن مولکولی و غربالگری مجازی بر روی یک سری از آگونیست‌های جدید 119 GPR انجام شد. نتایج، توانایی پیش‌بینی و قابلیت اطمینان بالای از مدل‌ها را نشان داد. یک مدل فارماکوفوری کیفی با استفاده از الگوریتم Hip-Hop ساخته شد. این مدل رضایت‌بخش بوده و از آن برای جستجو در پایگاه داده ZINC در غربالگری مجازی استفاده شد. غربالگری مجازی براساس مدل فارماکوفوری و الحاق کردن مولکولی انجام شد. به علاوه، تحلیل *in silico* ADME و ارزیابی خطرسمیت بر روی ۷ ترکیب پیشنهاد شده با بالاترین تابع نمره‌دهی الگوریتم GOLD انجام شد و با محدوده‌های استاندارد مقایسه شد. ۶ ترکیب برنده جدید دارای چهارچوب‌های جدید بوده و به عنوان کاندیداهای دارویی جدیدی برای مهار کردن پروتئین 119 GPR پیشنهاد شدند.

کلمات کلیدی: 119 GPR، فارماکوفور، الحاق کردن مولکولی، غربالگری مجازی، ADME، ارزیابی خطرسمیت،

الگوریتم GOLD

فهرست مطالب

صفحه

عنوان

فصل اول: مقدمه و کلیات

۲	۱-۱- مقدمه
۲	۱-۲- تعریف کمومتریکس
۴	۱-۳- ارتباط کمی ساختار فعالیت (کیوسار)
۶	۱-۳-۱- اهداف مطالعه کیوسار
۶	۱-۳-۲- انواع روش‌های کیوسار
۶	الف: بر مبنای بعد
۷	ب: بر اساس نوع روش کمومتری استفاده شده
۷	۱-۳-۳- کاربردهای کیوسار
۸	۱-۴- روش کیوسار کلاسیک
۹	۱-۵- روش کیوسار سه بعدی
۹	۱-۵-۱- آنالیز صورت بندی فعال زیستی
۱۰	۱-۵-۲- برخط کردن مولکول‌ها
۱۰	۱-۵-۳- برخط کردن اتم به اتم
۱۰	۱-۵-۴- برخط کردن بر اساس فارماکوفور
۱۱	۱-۵-۵- برخط کردن بر اساس سایت‌های اتصال
۱۱	۱-۵-۶- برخط کردن بر اساس صورت بندی‌های چندگانه
۱۱	۱-۵-۷- یافتن بهترین جهت‌گیری در فضا
۱۲	۱-۵-۸- آنالیز میدان مولکولی مقایسه‌ای (کومفا)
۱۲	الف: تاریخچه کومفا
۱۲	ب: مراحل انجام کومفا
۱۴	ج: مزایای روش کومفا
۱۵	۱-۵-۹- انتخاب مجموعه آموزش و آزمون
۱۶	۱-۶- فرضیات در روش کیوسار سه بعدی
۱۷	۱-۷-۱- مراحل مدل‌سازی در کیوسار
۱۷	۱-۷-۲- انتخاب سری مولکولی
۱۸	۱-۷-۳- ترسیم مولکولها
۱۹	۱-۷-۴- بهینه کردن ساختار مولکول‌ها
۱۹	۱-۷-۵- روش مکانیک مولکولی
۱۹	۱-۷-۶- روش‌های نیمه تجربی
۱۹	۱-۷-۷- محاسبه توصیف کننده‌های مولکولی
۲۱	۱-۷-۸- توصیف کننده‌های ساختاری

۲۱.	- توصیف کننده‌های توپولوژیکی	-۴-۷-۱
۲۲.	- توصیف کننده‌های الکترونی	-۳-۴-۷-۱
۲۲.	- توصیف کننده‌های هندسی	-۴-۴-۷-۱
۲۳.	- توصیف کننده‌های کوانتم شیمیایی	-۵-۴-۷-۱
۲۳.	- مدل‌سازی و انتخاب بهترین مدل	-۵-۷-۱
۲۴.	- ارزیابی اعتبار مدل	-۶-۷-۱
۲۴.	- روش‌های اعتبارسنجی در مدل‌های کیوسار سه بعدی	-۱-۶-۷-۱
۲۵.	- ضریب همبستگی (r)	-۱-۱-۶-۷-۱
۲۵.	- ضریب تعیین چندگانه یا ضریب همبستگی پیرسون (r^2)	-۲-۱-۶-۷-۱
۲۶.	- اعتبارسنجی متقاطع (CV)	-۱-۶-۷-۱
۲۶.	- ضریب همبستگی پیش‌بینی شده (r_{pred}^2)	-۴-۱-۶-۷-۱
۲۷.	- آنالیز Bootstrapping	-۵-۱-۶-۷-۱
۲۷.	- پارامترهای Tropsha	-۶-۱-۶-۷-۱
۲۸.	- تفسیر مدل	-۷-۷-۱
۲۸.	- مقیاس‌گذاری	-۸-۱
۲۹.	- روش‌های آماری مورد استفاده برای ساخت مدل‌های کیوسار	-۱-۹
۲۹.	- رگرسیون خطی ساده	-۱-۹-۱
۲۹.	- رگرسیون خطی چندگانه	-۲-۹-۱
۳۱.	- حداقل مربعات جزئی	-۳-۹-۱
۳۱.	- آنالیز مؤلفه‌های اصلی (PCA) و رگرسیون اجزای اصلی (PCR)	-۴-۹-۱
۳۲.	- فارماکوفور	-۱-۰-۱
۳۳.	- ویژگی‌های فارماکوفور	-۱-۱-۰-۱
۳۴.	- پذیرنده پیوند هیدروژنی	-۱-۱-۱-۰-۱
۳۴.	- پذیرنده پیوند هیدروژنی (چربی)	-۲-۱-۱-۰-۱
۳۴.	- دهنده پیوند هیدروژنی	-۳-۱-۱-۰-۱
۳۵.	- آبگریزی	-۴-۱-۱-۰-۱
۳۵.	- آبگریزی آلیفاتیک	-۵-۱-۱-۰-۱
۳۵.	- آبگریزی آروماتیک	-۶-۱-۱-۰-۱
۳۶.	- بار منفی	-۷-۱-۱-۰-۱
۳۶.	- قابل یونیزه شدن منفی	-۸-۱-۱-۰-۱
۳۶.	- بار مثبت	-۹-۱-۱-۰-۱
۳۶.	- قابل یونیزه شدن مثبت	-۱۰-۱-۱-۰-۱
۳۷.	- حلقه آروماتیک	-۱۱-۱-۱-۰-۱
۳۷.	- مدل‌سازی فارماکوفوری	-۲-۱-۰-۱
۳۷.	- مدل‌سازی فارماکوفوری بر اساس لیگاند	-۱-۲-۱-۰-۱
۳۹.	- مدل‌سازی فارماکوفوری بر اساس ساختار ترکیب هدف	-۲-۲-۱-۰-۱
۴۰.	- کاربردهای روش‌های فارماکوفور	-۳-۲-۱-۰-۱

۴۰.....	- غربالگری مجازی
۴۱.....	- غربالگری مجازی بر اساس ساختار ترکیب هدف
۴۲.....	- غربالگری مجازی بر اساس لیگاند
۴۲.....	- طراحی دی نوو
۴۳.....	- روش‌های تعیین ساختار
۴۳.....	- کریستالوگرافی اشعه ایکس
۴۴.....	- طیفسنجی NMR
۴۵.....	- مدل‌سازی همسانی
۴۵.....	- الحاق کردن مولکولی
۴۶.....	- شناخت سایت اتصال
۴۷.....	- اجزای اصلی برنامه الحاق کردن مولکولی
۴۸.....	- انواع الگوریتم‌های جستجو
۴۸.....	- الگوریتم موت کارلو
۴۸.....	- الگوریتم تابو و شبیه‌سازی پخت
۴۹.....	- الگوریتم ژنتیک
۴۹.....	- محاسبه نمره‌دهی
۴۹.....	- فرآیند الحاق کردن مولکولی
۵۰.....	- آماده‌سازی پروتئین
۵۱.....	- ساختن لیگاند
۵۲.....	- تنظیم نمودن شبکه اتصال
۵۲.....	- آنالیز و تحلیل نتایج
۵۲.....	- ارزیابی نتایج

فصل دوم: مروری بر مطالعات انجام شده

۵۵.....	- مقدمه
۵۶.....	- مروری بر مطالعات انجام شده کیوسار
۵۸.....	- مروری بر مطالعات انجام شده بر روی بیماری دیابت توسط روش‌های کیوسار

فصل سوم: مواد و روش‌ها

۶۴.....	- مقدمه
۶۴.....	- نرم‌افزارها
۶۵.....	- مواد و روش‌ها
۶۵.....	- مجموعه داده تحت بررسی
۷۱.....	- مدل‌سازی مولکولی و برخط کردن
۷۳.....	- مطالعه کومفا
۷۳.....	- اعتبارسنجی مدل
۷۵.....	- الحاق کردن مولکولی

۷۶.....	۶-۳-۳-۶- تولید فارماکوفور سه بعدی.....
۷۶.....	۳-۳-۷- غربالگری مجازی.....
۷۷.....	۳-۳-۸- مطالعات ADME و ارزیابی خطر سمیت.....

فصل چهارم: نتایج و بحث

۸۰.....	۴-۱: مقدمه.....
۸۰.....	۴-۲- نتایج.....
۸۰.....	۴-۲-۱- آنالیز کومفا.....
۸۵.....	۴-۲-۲- آنالیز مدل سازی فارماکوفوری.....
۹۸.....	۴-۲-۳- نتایج الحق کردن مولکولی.....
۹۹.....	۴-۲-۴- نتایج غربالگری مجازی.....
۱۰۲.....	۴-۲-۵- آنالیز ADME توسط کامپیوتر و ارزیابی خطر سمیت.....
۱۰۴.....	۴-۳- نتیجه گیری کلی.....
۱۰۵.....	۴-۵- پیشنهادات.....
۱۰۶.....	منابع.....

فهرست جداول

عنوان	صفحه
جدول 1A: ساختار شیمیایی و مقادیر EC ₅₀ تجربی برای ترکیبات با ساختار کلی I	۶۶
جدول 1B: ساختار شیمیایی و مقادیر EC ₅₀ تجربی برای ترکیبات با ساختار کلی II	۶۶
جدول 1C: ساختار شیمیایی و مقادیر EC ₅₀ تجربی برای ترکیبات با ساختار کلی III	۶۸
جدول 1D: ساختار شیمیایی و مقادیر EC ₅₀ تجربی برای ترکیبات با ساختار کلی IV	۶۹
جدول 1E: ساختار شیمیایی و مقادیر EC ₅₀ تجربی برای ترکیبات با ساختار کلی V	۷۰
جدول ۱-۴: پارامترهای آماری مدل‌های کومفا و کومفای تمرکز میدانی	۸۲
جدول ۲-۴: مقادیر pEC ₅₀ مشاهده شده، پیشگویی شده، و باقی مانده ترکیبات مجموعه آموزش و آزمون مدل کومفای تمرکز میدانی	۸۴
جدول ۳-۴: نتایج اعتبارسنجی مدل فارماکوفوری HYP1	۸۶
جدول ۴-۴: ساختارها و مقادیر Gold fitness ترکیبات برنده	۱۰۰
جدول ۴-۵: پارامترهای فارماکوکنٹیک ترکیبات برنده بازیابی شده با استفاده از Qikprop	۱۰۳
جدول ۴-۶: پذیرش ترکیبات برنده در محدوده استاندارد برای پارامترهای محاسباتی خطر سمیّت	۱۰۴

فهرست شکل‌ها

صفحه

عنوان

شکل ۱-۱: تغییرات میدان‌های فضائی و الکترواستاتیک در مطالعات کومفا.....	۱۴
شکل ۱-۲: نمایی از روش PCA.....	۳۲
شکل ۱-۳: فرآیند الحق کردن مولکولی.....	۵۰
شکل ۱-۳: ساختار ترکیب ۴۰، زیرساختار مشترک به صورت پر رنگ نشان داده شده است.....	۷۲
شکل ۲-۳: مولکول‌های تراز شده به روش Distill.....	۷۲
شکل ۳-۳: فلوچارت مراحل غربالگری مجازی.....	۷۷
شکل ۱-۴: مقدار EC ₅₀ پیشگویی شده بر حسب مقدار واقعی برای مدل کومفا تمرکز میدانی.....	۸۳
شکل ۲-۴: Contour map های میدان‌های فضائی مدل کومفا تمرکز میدانی.....	۸۳
شکل ۳-۴: Contour map های میدان‌های الکترواستاتیک مدل کومفا تمرکز میدانی.....	۸۳
شکل ۴-۴: مدل فارماکوفوری بر اساس فعال‌ترین ترکیب.....	۸۶
شکل ۴-۵: بهترین صورت بندی الحق شده فعال‌ترین ترکیب (ترکیب ۴۰) در سایت اتصال GPR 119	۹۹

فصل اول:

مقدمہ و کلیات

۱-۱- مقدمہ

همراه با توسعه و پیشرفت تکنولوژی، شیمی دانان با حجم گستردہ ای از داده ها روبرو ہستند. بنابراین استخراج الگوهای مهم از میان این داده ها یک مسئلہ مهم در شیمی نوین است. امروزه روش های آماری به طور موفقیت آمیزی به حل مسائل شیمی کمک می کند که به این روش ها اصطلاحاً کمومتریکس^۱ گفته می شود. کمومتریکس شاخه علمی مهمی است که دارای کاربردهای فراوانی در بیشتر شاخه های علوم مانند آمار چند متغیره، مدل سازی ریاضی، علوم کامپیوٹر و شیمی تجزیه است. این موضوع باعث شده تا در بسیاری از منابع از کمومتریکس به عنوان فرزند ریاضیات، کامپیوٹر و شیمی نام برده شود. بنابراین گسترش سریع فناوری به خصوص در قسمت های مربوط به کاربرد کامپیوٹر در شیمی تجزیه موجب پیشرفتهای سریعی در زمینه کمومتریکس در چند سال اخیر شده است. امروزه پیشرفت در علوم کامپیوٹر و روش های محاسباتی منجر به جایگزینی روش های منطقی و محاسباتی به جای روش های سنتی و تصادفی در طراحی دارو شده است، این موضوع باعث صرفه جویی در زمان و هزینه های آزمایشگاهی و پژوهشی می شود. هدف از این فصل بیان تعاریف و مفاهیم مقدماتی در فرآیند طراحی محاسباتی دارو است.

۲-۱- تعریف کمومتریکس

تاکنون تعاریف مختلفی برای کمومتریکس ارائه شده که تقریباً همه معانی مشابهی دارند. اولین بار، عبارت کمومتریکس در آغاز دهه ۱۹۷۰ توسط شیمی دان آلی سوئدی به نام استوانت ولد^۲ معرفی گردید. طبق تعریف ولد، "کمومتریکس نباید از شیمی جدا شود و یا حتی به عنوان شاخه ای جداگانه در شیمی در نظر گرفته

¹ Chemometrics

² Svante wold

شود، بلکه باید در تمام زمینه‌های شیمی قابل کاربرد باشد."

پس از مدت زمان کوتاهی در سال ۱۹۷۴، ولد با همکاری شیمی‌دان آمریکایی به نام برج. آر. کوالسکی^۱، انجمن بین‌المللی کمومتریکس (ICS) را بنیان نهاد (Zwanziger and Geiß, 1997) با تأسیس انجمن بین‌المللی کمومتریکس، این شاخه از علم به سرعت رشد کرد و گسترش یافت، به گونه‌ای که امروزه در زمینه‌های مختلف شیمی، به خصوص شیمی تجزیه کاربردهای فراوانی دارد. تعریف ارائه شده توسط انجمن بین‌المللی کمومتریکس به طور خلاصه بدین صورت است: کمومتریکس در موقعیت کنونی یک مجموعه‌ای از قواعد شیمی است که امکان به کارگیری علوم ریاضی و آمار را در موارد زیر مهیا می‌کند:

- ارزیابی و تفسیر داده‌های شیمیایی
- بهینه‌سازی و شبیه‌سازی فرآیندها و آزمایش‌های شیمی تجزیه‌ای
- استنتاج اطلاعات شیمیایی و تجزیه‌ای از داده‌های تجربی.

کوالسکی و فرانک کمومتریکس را به عنوان شاخه‌ای از علم شیمی که از ریاضی و آمار و کامپیوتر جهت طراحی آزمایش‌های بهینه‌سازی، برقراری ارتباط بین نتایج آزمایش با متغیرهای آزمایشی و همچنین استخراج اطلاعات از سیستم‌های شیمیایی، استفاده می‌کند، تعریف کرده‌اند (Frank and Kowalski, 1982).

بر اساس تعریف رایجی که توسط ماسارت ارائه شده است، کمومتریکس یک نظام شیمیایی است که از ریاضیات، آمار و منطق برای طراحی یا انتخاب روش‌های تجربی بهینه، ارائه حداکثر اطلاعات شیمیایی توسط تجزیه و تحلیل داده‌های شیمیایی، و بدست آوردن دانش درباره سیستم‌های شیمیایی، استفاده می‌کند (Massart *et al.*, 1988).

به طور کلی کمومتریکس شاخه‌ای بین رشته‌ای^۳ شامل کاربرد آمار چند متغیره، مدل‌سازی ریاضی، علوم

¹ Brach R. kowalski

² International Chemometrics Society (ICS)

³ Interdisciplinary

کامپیوتر و شیمی تجزیه است. دو مجله مهم «مجله کمومتریکس^۱» (انتشارات جان وایلی^۲) و «کمومتریکس و سیستم‌های آزمایشگاهی هوشمند^۳» (انتشارات الزویر^۴، مقالاتی را راجع به تکنیک‌های کمومتریکس به چاپ می‌رسانند. همچنین در مجله‌های مربوط به شیمی و روش‌های تجزیه‌ای نظیر Analytical Chemistry و Analyst^۵، Analytical Chimica Acta و Talanta کمومتریکس کاربردهای فراوانی دارد، از جمله آن‌ها می‌توان به طراحی دارو^۶، آنالیز داده‌ها، بهینه‌سازی سنتز، تشخیص بیماری‌ها در علوم پزشکی، تعیین خواص مواد و غیره اشاره کرد. در میان کاربردهای مختلف کمومتریکس یکی از مهم‌ترین و شاخص‌ترین این کاربردها، بررسی ارتباط کمی ساختار – فعالیت (QSAR) یا کیوسار است، که خواص مولکول‌ها را به ویژگی‌های ساختاری آن‌ها نسبت می‌دهد.

۱-۳- ارتباط کمی ساختار فعالیت (کیوسار)

ارتباط کمی ساختار – فعالیت در ساده‌ترین تعریف یک روش برای ساخت مدل‌های محاسباتی و ریاضی است، که تلاش می‌کند ارتباط آماری معناداری را بین ساختار و عملکرد برقرار کند (Brereton, 2003). هدف از مطالعات کمی ساختار – فعالیت پیدا کردن رابطه‌ای است که بین رفتار فیزیکوشیمیایی یک مولکول با پارامترهای ساختاری آن وجود دارد. این شاخص‌های فیزیکوشیمیایی که شامل پارامترهای مشخص‌کننده آبگریزی، توبولوزی، ویژگی‌های الکترونیکی و اثرات فضائی هستند، با روش‌های آزمایشگاهی یا توسط روش‌های محاسباتی تعیین می‌شوند. چگونگی برقراری ارتباط بین ویژگی‌های ساختاری و خواص مولکول‌ها در ارزیابی فعالیت ترکیبات جدید مؤثر است. اگر بدایم که چگونه ساختار مولکولی منجر به اثر خاصی بر روی یک سیستم

^۱ J. Chemometrics

^۲ John Wiley

^۳ Chemometrics and Intelligent Laboratory Systems

^۴ Elsevier

^۵ Drug design

^۶ Quantitative Structure Activity Relationship (QSAR)

بیولوژیکی می‌شود، کلیدی برای دستیابی به ارتباط داریم و استفاده از آن اطلاعات برای ما سودمند است. توسعه این روابط منجر به ایجاد یک مدل پیشگویی‌کننده^۱ می‌شود. اگر ما یک سری مواد شیمیایی داشته باشیم و تلاش کنیم رابطه‌ای بین اثرات زیستی (به عنوان مثال فعالیت) و ویژگی‌های شیمیایی (به عنوان مثال ساختار) ایجاد کنیم، در این صورت قادر به تشکیل یک ارتباط کمی ساختار–فعالیت یا کیوسار هستیم (Selassie and Verma, 2003). قدمت کیوسار به سال ۱۸۶۵ میلادی برمی‌گردد، هنگامی‌که کرام براون^۲ و فریزر^۳ ادعا کردند که عملکرد فیزیولوژیک ماده تابعی از ساختار شیمیایی آن است. چند سال بعد در سال ۱۸۹۳، چارلز ریچت^۴ نشان داد که سمیت مجموعه‌ای از ترکیبات آلی به طور معکوس به حلالیت آن‌ها در آب بستگی دارد. حدود سال ۱۸۹۷، میر^۵ و اورتون^۶ دریافتند که سمیت ترکیبات آلی به چربی دوستی^۷ آن‌ها وابسته است. این کشف را عموماً به عنوان نقطه شروع روش‌های کیوسار در نظر می‌گیرند. به علاوه مطالعات هامت^۸ تأثیر چشمگیری در توسعه روش‌های کیوسار به دنبال داشت. او نشان داد که بین خواص الکترونیکی اسیدها و بازهای آلی با ثابت تعادل و واکنش‌پذیری آن‌ها ارتباط مستقیمی وجود دارد. روش کیوسار مدرن در سال ۱۹۶۴ آغاز شد، هنگامی که هانش^۹ و فوجیتا^{۱۰} یک مدل بر مبنای ارتباط انرژی آزاد خطی منتشر کردند، (یک مدل فوق ترمودینامیکی^{۱۱} که اغلب آنالیز هانش نامیده می‌شود) که فعالیت‌های زیستی را به خواص فیزیکوشیمیایی^{۱۲} ارتباط می‌دهد. این روش در سال ۱۹۷۰ به عنوان روشی برای طراحی دارو مورد استفاده قرار گرفت (Kubinyi, 2003). طراحی دارو یکی از کاربردهای بسیار مهم کمومتریکس است که امروزه در زیست‌شناسی و بیوشیمی پیشرفت زیادی داشته

^۱ Predicting model^۲ Crum Brown^۳ Frazer^۴ Richet Charles^۵ Meyer^۶ Overton^۷ Lipophilosity^۸ Hammett^۹ Hansch^{۱۰} Fujita^{۱۱} Extrathermodynamic^{۱۲} Physicochemical property

است. در طراحی دارو با استفاده از شبیه‌سازی ساختار هدف داروها در بدن (مثل آنژیم‌ها، گیرنده‌ها^۱ و ...) و شبیه‌سازی کامپیوتری لیگاندهای مولکولی، می‌توان برهمکنش‌های بین لیگاند- آنژیم و لیگاند- گیرنده را به منظور بدست آوردن میزان کارایی لیگاند مورد نظر و همچنین پیش‌بینی فعالیت‌های زیستی ترکیب دارویی بررسی نمود. به دلیل اینکه محاسبات طراحی دارو توسط کامپیوتر انجام می‌گیرد، می‌توان حجم زیادی از مولکول‌های متفاوت را در مدت زمان کوتاهی، از نظر میزان فعالیت دارویی بررسی کرد، در نتیجه زمان و هزینه‌های آزمایشگاهی در مراحل کشف دارو به میزان زیادی کاهش می‌یابد.

۱-۳-۱- اهداف مطالعه کیوسار

غالباً تمام روش‌های کیوسار روی اهداف زیر تمرکز دارد:

- ارتباط کمی و بازگوکردن نکات مهم روابط
- پیش‌بینی کردن فعالیت زیستی و خواص فیزیکوشیمیایی توسط معانی عقلانی و منطقی
- برای بهینه‌سازی تا به بهبود فعالیت‌های زیستی منجر شود.
- برای پیش‌بینی فعالیت‌های زیستی ترکیبات آزمایش نشده و گاهی ترکیباتی که هنوز در دسترس نیستند.

۱-۳-۲- انواع روش‌های کیوسار

الف: بر مبنای بعد: اغلب، روش‌های کیوسار را بر اساس نمایش ساختاری یا روشی که توسط آن توصیف‌کننده بدست آمده است، به موارد زیر دسته بندی می‌کنند:

- کیوسار یک بعدی: فعالیت را به خواص کلی مولکول مانند P_{K_a} و $\log P_{K_a}$ و غیره ارتباط می‌دهد. کیوسار یک بعدی شکل کلاسیک کیوسار است.

¹ Receptors