

Title	High-antiおよびSynコンホメーションをとるヌクレオシド, ヌクレオチドのX線構造解析研究
Author(s)	濱田, 賢作
Citation	
Issue Date	
oaire:version	
URL	https://hdl.handle.net/11094/33364
rights	
Note	著者からインターネット公開の許諾が得られていないため、論文の要旨のみを公開しています。全文のご利用をご希望の場合は、 https://www.library.osaka-u.ac.jp/thesis/#closed 大阪大学の博士論文について https://www.library.osaka-u.ac.jp/thesis/#closed をご参照ください。

Osaka University Knowledge Archive : OUKA

<https://ir.library.osaka-u.ac.jp/>

Osaka University

氏名・(本籍)	はま 濱	だ 田	けん 賢	さく 作
学位の種類	薬	学	博	士
学位記番号	第	5906	号	
学位授与の日付	昭和58年2月21日			
学位授与の要件	薬学研究科 薬品化学専攻 学位規則第5条第1項該当			
学位論文題目	High-anti およびSynコンホメーションをとるヌクレオシド, ヌクレオチドのX線構造解析研究			
論文審査委員	(主査) 教授	富田 研一		
	(副査) 教授	池原 森男	教授 岩田 宙造	教授 北川 勲

論文内容の要旨

緒 論

核酸の分子構造について、物理化学的手法で研究することは、核酸の生物活性との関連性において、きわめて重要なことである。天然に存在する核酸の分子構造研究だけではなく、合成核酸あるいはその構成成分についての詳細な構造研究もまた、核酸の機能を知る上で重要な知見を与えてくれるものと考えられる。

ところで、核酸の分子構造を支配する最も重要な要因の1つにグリコシド結合まわりのコンホメーションがある。

糖のC(2')位と、プリン塩基のC(8)位またはピリミジン塩基のC(6)位をイオウ原子あるいは酸素原子を介して結合し、グリコシド結合まわりのコンホメーションをhigh-anti領域に固定したシクロヌクレオチドからなる合成核酸は左巻きらせん構造をとりうる事が明らかになっている。¹⁻³⁾ また、グリコシド結合まわりのコンホメーションがsyn領域をとるデオキシグアノシンを含むオリゴマーd(CGCGCG)⁴⁾あるいはd(CGCG)^{5,6)}は左巻きらせん構造をとりうる事がX線結晶構造解析により明らかになっており、そのような構造をとる核酸はZ-DNAといわれている。

そこで、筆者はhigh-antiあるいはsynコンホメーションをとるヌクレオシド、ヌクレオチドのX線構造解析を行ない、その分子構造を明らかにするとともに、グリコシド結合まわりのコンホメーションの違いが核酸の分子構造にどのように影響するかについて検討した。

本 論

(I) High-antiコンホメーションをとるS-シクロヌクレオシドおよびS-シクロヌクレオチドのX

線結晶構造解析

(1) X線構造解析法

構造解析を行なった化合物を下に列記する。I^sおよびI^spA^sは池原らの方法⁷⁾により合成した。A^spおよびA^spA^s試料は本学薬学部池原教授より提供された。結晶学データを表1に示す。

- a) 8,2'-S-cycloinosine (I^s)
- b) 8,2'-anhydro-8-mercapto-9-β-D-arabinofuranosyl-hypoxanthyl(3'-5')-8,2'-anhydro-8-mercapto-9-β-D-arabinofuranosyladenine (I^spA^s)
- c) 8,2'-anhydro-8-mercapto-9-β-D-arabinofuranosyl-adenine 3'-monophosphate (A^sp)
- d) 8,2'-S-cyclo-2'-thioadenyl(3'-5')-8,2'-S-cyclo-2'-thioadenosine (A^spA^s)

表1

	I ^s	I ^s pA ^s	A ^s p
Formula	C ₁₀ H ₁₀ N ₄ O ₄ S·2H ₂ O	C ₂₀ H ₂₀ N ₉ O ₉ PS ₂ ·6H ₂ O	C ₁₀ H ₁₂ N ₅ O ₆ PS·2H ₂ O
F.W.	318.36	607.56	395.29
Crystal system	orthorhombic	triclinic	monoclinic
Space group	P2 ₁ 2 ₁ 2 ₁	P1	P2 ₁
a(Å)	6.831(1)	14.324(5)	11.239(1)
b(Å)	10.030(1)	11.130(3)	11.564(1)
c(Å)	18.811(2)	5.794(1)	13.058(2)
α(°)	90.0	97.40(3)	90.0
β(°)	90.0	87.42(3)	110.25(1)
γ(°)	90.0	120.05(1)	90.0
Z	4	1	4
Dm(Mgm ⁻³)	1.640(3)	1.630(1)	1.581(3)
DX(Mgm ⁻³)	1.641	1.536	1.585
μ(cm ⁻¹)	25.4(Cu-Kα)	32.6(Cu-Kα)	31.2(Cu-Kα)
sinθ/λ(Å ⁻¹)	0.583	0.589	0.599
R-value	0.066	0.066	0.059

	A ^s pA ^s
Formula	2(C ₂₀ H ₂₂ N ₁₀ O ₈ PS ₂ ⁺ ·Cl ⁻)·5H ₂ O
F.W.	1303.85
Crystal system	triclinic
Space group	P1
a(Å)	11.161(4)
b(Å)	11.824(4)
c(Å)	12.136(3)
α(°)	89.20(3)
β(°)	97.92(3)
γ(°)	116.75(2)
Z	1
Dm(Mgm ⁻³)	1.655(4)
DX(Mgm ⁻³)	1.656
μ(cm ⁻¹)	4.4(Mo-Kα)
sinθ/λ(Å ⁻¹)	0.595
R-value	0.078

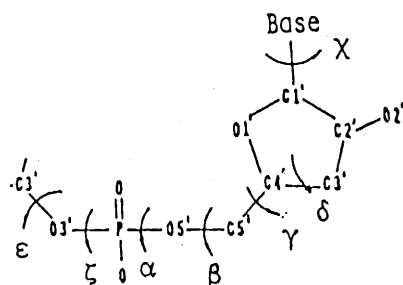


図1

A^spおよびA^spA^sは非対称単位中に独立な2分子が含まれている。反射強度データは理学電機製自動四軸型X線回析計で測定した。構造解析は直接法で行ない、構造の精密化は最小自乗法で行なった。最終の信頼度因子Rは表1に示すようにいずれの化合物についても0.1以下であった。なお、核酸骨格を規定するねじれ角は図1に示す略号で表すことにする。

(2) 分子構造

a) I^s

X線結晶構造解析により得られたI^sの分子構造を図2に示す。グリコシド結合まわりのねじれ角 χ は115.2°である。糖のパッカリングはC(4')-endo, C(4')-C(5')結合まわりのねじれ角(γ)はgauche-trans(g, t)である。

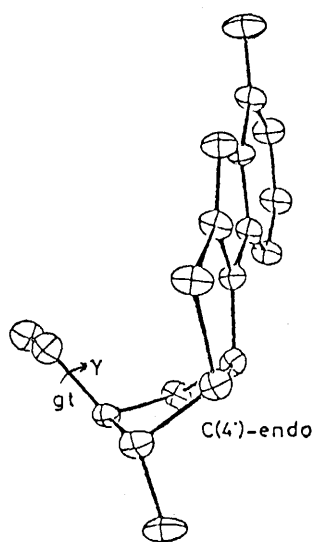


図2.

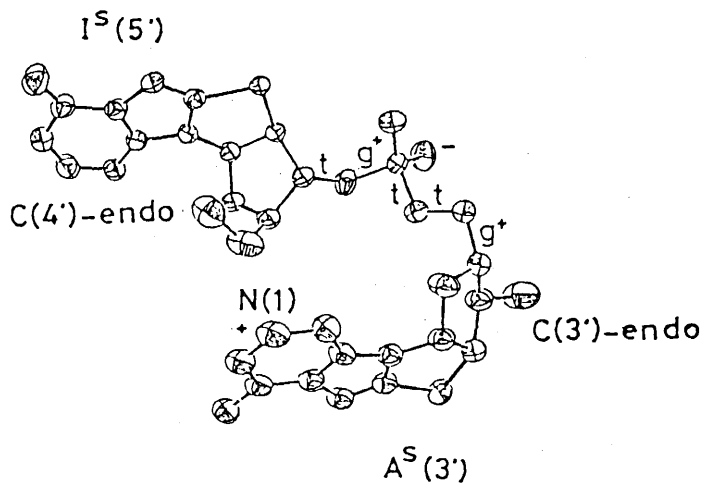


図3.

b) I^spA^s

アデニン塩基のN(1)はリン酸基の水素がプロトネーションし分子全体として双極イオン型になっている。分子構造を図3に示す。糖のパッカリングは5'末端側のI^sではC(4')-endo, 3'末端側のA^sではC(3')-endoとなっている。リン酸結合まわりのねじれ角(ζ, α)は(g', t)である。分子内ではヒポキサンチン塩基とアデニン塩基とのスタッキングは見られなかったが、分子間でイミダゾール環およびS-シクロ環同士の間には強いスタッキングがある。

c) A^sp

アデニン塩基のN(1)はリン酸から解離した水素でプロトネーションしている。分子構造を図4に示す。結晶学的に独立な2つの分子((1)と(2))の構造で大きく異なるのはC(3')-O(3')結合まわりのねじれ角(ϵ)で、分子(1)はtrans(t)であるのに対して分子(2)ではgauche(g)となっている。糖のパッカリングは両分子ともC(4')-endoであり、C(4')-C(5')結合まわりのねじれ角(γ)はいずれも(g, t)である。

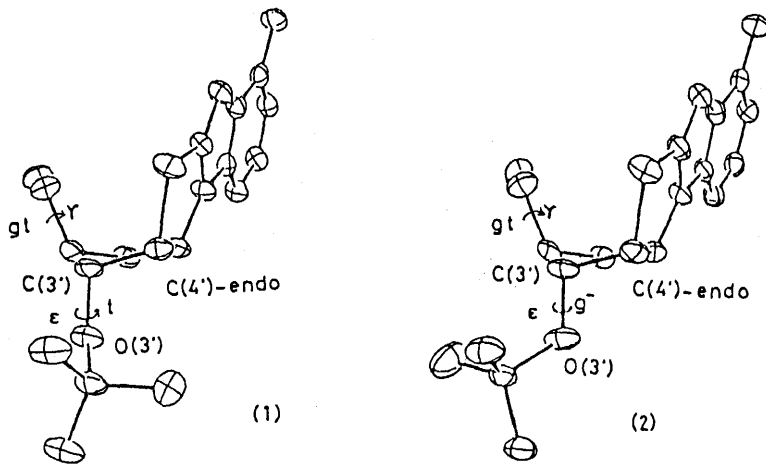


図4.

d) $A^s pA^s$

表1に示すように塩酸塩の形で結晶化しており,そのため $I^s pA^s$ の場合と異なり3'末端,5'末端のいずれのアデニン塩基のN(1)もプロトン化している。分子構造を図5に示す。結晶学的に独立な2つの分子((1)と(2))はほぼ同じコンホメーションをとっている。すなわち,糖のパッカリングは分子(1),分子(2)ともに,5'末端側ではC(4')-endo,3'末端側ではC(3')-exoとなっている。リン酸結合まわりのねじれ角(ζ, α)は(g^-, t)である。分子内でのアデニン環同士のスタッキングは見られない。しかし分子間にはイミダゾール環とS-シクロ環の間に $I^s pA^s$ の場合とよく似ているスタッキングがみられる。

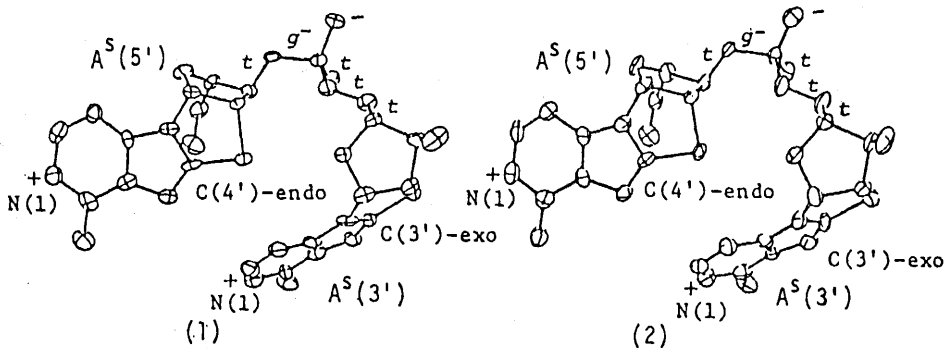


図5.

(3) 分子構造上の特徴

X線結晶構造解析を行なった4つの化合物のねじれ角と疑回転位相角 P^{θ} の値を表2に示す。グリコシド結合まわりのコンホメーションはhigh-anti領域($90^\circ \sim 130^\circ$)に固定されているが,8,2'-S-cyclo-5'-AMP⁹も含めてそれぞれの χ には最大約 31° の差がある。一方,糖のパッカリングは,

表 2.

	I^S	$I^S p A^S$		$A^S p$		$A^S p A^S$			
		$I^S p$	$p A^S$	$A^S p(1)$	$A^S p(2)$	$A^S p(1)$	$p A^S(1)$	$A^S p(2)$	$p A^S(2)$
χ	115.2	126.1	127.1	110.9	109.7	117.2	96.3	117.0	101.1
α	-	-	181.1	-	-	-	171.9	-	173.8
β	-	-	185.7	-	-	-	165.6	-	163.4
γ	177.3	69.2	61.3	175.6	172.3	57.1	177.4	57.1	180.7
δ	155.5	133.0	80.6	155.5	156.9	139.6	150.3	141.0	147.0
ϵ	-	211.9	-	191.9	255.4	209.0	-	209.8	-
ζ	-	90.7	-	-	-	301.1	-	303.9	-
ρ	227.8	248.2	32.7	220.6	218.8	247.7	202.6	249.2	187.6

E.S.D. (I^S :0.4-0.5, $I^S p A^S$:0.7-1.1, $A^S p$:0.7-0.9, $A^S p A^S$:1.4-1.9)

$\rho^{\alpha} O_5', \beta C_5', \gamma C_4', \delta C_3', \epsilon O_2', \zeta p$

C(2')-endo型に近いC(4')-endo型をとるものがほとんどである。このC(4')-endo型は糖の2'位とピリミジン塩基の2位あるいは6位を酸素原子またはイオウ原子で結合した2'-シクロピリミジンヌクレオシドでも最もよくみられることが明らかになっている¹⁰⁾。このことは、糖の2'位と塩基との間に、イオウ原子あるいは酸素原子を介して5員環が形成された2'-シクロヌクレオシドでは、糖のパッカリングがC(4')-endoをとることが一般的であることをしめしている。しかし、 $I^S p A^S$ の5'末端側の A^S ではC(3')-endo型となっている。なおこのC(3')-endo型のコンホメーションは、8, 2'-S-シクロアデノシン関連物質のNMR研究で溶液中ではかなり存在していることが推察されている³⁾。結晶においてもC(3')-endoが見出されたことは興味深い。 χ がhigh-anti領域にあるシクロヌクレオシドでの χ 値と糖のパッカリングとを比較検討した結果、図6に示すように χ と糖のC(1')-C(2')結合まわりのねじれ角に相関があることが明らかになった。

糖リン酸骨格の特徴としてねじれ角 α , β はいずれもtransであり、ねじれ角 ϵ もtrans($\epsilon=210^\circ$)に近い値をとることが明らかになった。

$I^S p A^S$ あるいは $A^S p A^S$ の得られた分子構造は溶液中での研究およびエネルギー計算で推察されている左巻らせん構造をとっていなかった。しかし、 $I^S p A^S$ の分子構造はエネルギー計算でみられた安定な構造の1つに近い。本研究において、左巻らせん構造が得られなかった理由として、 $I^S p A^S$, $A^S p A^S$ のいずれも、得られた結晶はリン酸部分がfree acidの状態で見出されたものであること、およびリン酸基から解離した水素がアデニン塩基のN(1)にプロトネーションしていることが考えられる。そのため、結晶化において、pH, 塩の種類を変えることにより、リン酸基が解離していない結晶を得ることに努めているがいまのところX線結晶解析ができる結晶は得られていない。

(II) Synコンホメーションをとる8-メチルグアノシンおよびその誘導体のX線結晶解析

(1) X線構造解析法

X線結晶構造解析に用いた化合物は次の通りである。

- 8-methylguanosine (m^8G)
- 8-methylguanylyl-(2'-5')-cytidine ($m^8G2'p5'C$)

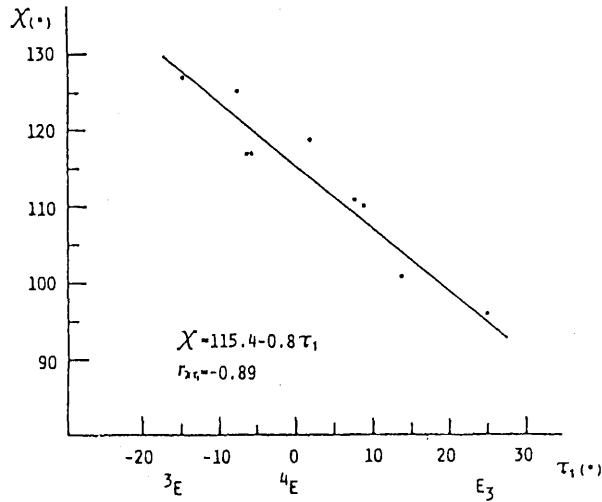


図6.

m^8G は川添¹¹⁾らの方法で合成し、 $m^8G2'p5'C$ はホスホジエステル法¹²⁾で合成した。結晶学的データを表3に示す。反射強度データは理学電機製自動四軸型X線回折計で測定し、構造解析は直接法で行ない、得られた構造は最小自乗法で精密化した。

表3.

	m^8G	$m^8G2'p5'C$
Formula	$C_{11}H_{15}N_5O_5 \cdot 3H_2O$	$C_{20}H_{27}N_8O_{12} \cdot 2H_2O$
F.W.	351.32	638.48
Crystal system	orthorhombic	orthorhombic
Space group	$C222_1$	$P2_12_12_1$
a (Å)	8.464 (1)	8.702 (1)
b (Å)	30.848 (4)	16.240 (2)
c (Å)	12.233 (1)	18.873 (3)
Z	8	4
Dm (Mgm ⁻³)	1.459 (3)	1.588 (5)
Dm (Mgm ⁻³)	1.462	1.591
μ (cm ⁻¹)	10.3 (Cu-K α)	16.7 (Cu-K α)
$\sin\theta/\lambda$ (Å ⁻¹)	0.583	0.583
R-value	0.053	0.049

(2) 分子構造

a) m^8G

X線結晶構造解析により得られた分子構造を図7に示す。グリコシド結合まわりのねじれ角 χ は233.2°であり、synコンホメーションをとっている。糖のパッカリングはC(2')-endoである。C(4')-C(5')結合まわりのコンホメーションは(g,g)であり、O(5')はグアニン塩基のN(3)と分子内水素結合をしている。

b) $m^8G2'p5'C$

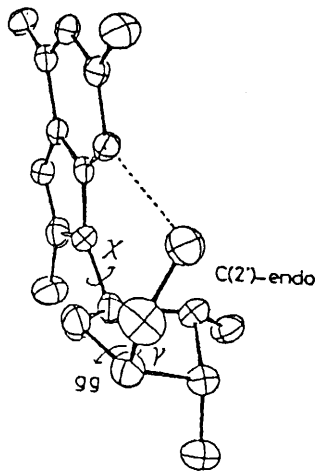


図7.

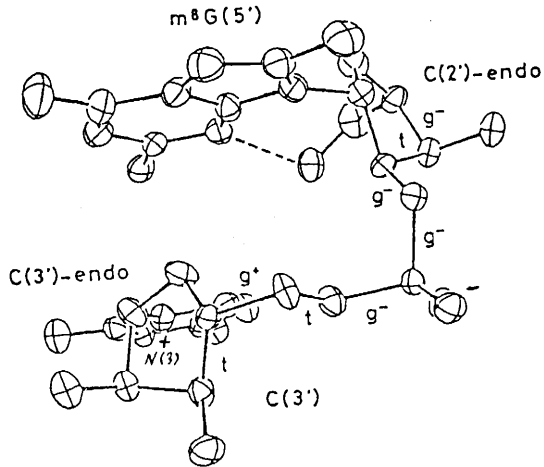


図8.

シトシン塩基のN(3)はリン酸基から解離した水素でプロトン化している。分子構造を図8に示す。糖のパッキングは5'末端側の m^8G ではC(2')-endoであり、3'末端側のC(シチジン)ではC(3')-endoである。C(4')-C(5')結合まわりのコンホメーションはグアノシン、シトシンいずれも(g, g)である。リン酸結合まわりのコンホメーションは(ζ, α)=(g^-, g^-)となっている。分子内では塩基間のスタッキングはみられなかったが、分子間では、グアノシン塩基とシトシン塩基の間にスタッキングがある。

(3) 分子構造上の特徴

X線結晶構造解析した2つの化合物のねじれ角と疑回転位相角Pを表4に示す。グリコシド結合まわりのコンホメーションは m^8G および $m^8G2'p5'C$ の8-メチルグアノシン部位ではいずれも予想通りsyn($\chi=233.2^\circ$ および 227.1°)であるが、シチジン部位ではanti($\chi=18.2^\circ$)となっている。糖のパ

表4

	$m^8G2'p5'C$		
	m^8G	m^8Gp	pC
χ	233.2	227.1	18.2
α			288.7
β			183.6
γ	49.4	52.0	54.8
δ	263.9	265.0	196.1
δ'		203.6	284.8
ϵ		269.2	
ζ		299.4	
P	159.5	161.4	17.6

ッキングは8-メチルグアノシン部位ではいずれも糖のパッキングはC(2')-endoとなっている。C(4')-C(5')まわりのコンホメーションはいずれも(g, g)であり、O(5')がグアニン塩基のN(3)と分子内水素結合している。このような構造は8-Br-アデノシン¹³⁾のようにプリン塩基の8位へbulkyな置換基を導入したヌクレオシドによくみられる。しかしプリン塩基の8位へbulkyな置換基を導入して、グリコシド結合回りのねじれ角 χ が 280° 近くをとると糖はC(3')-endoになることが明らかになった。

(III) ねじれ角 χ がhigh-antiあるいはsynコンホメーション

をとるときのポリヌクレオチドの分子構造

E.S.D. ($m^8G:0.4-0.5$, $m^8G2'p5'C:$
 $0.4-0.9$), $p^{\alpha}O5'$, $\beta C5'$, $\gamma C4'$,
 $\delta C3'$, $\delta' C2'$, $\epsilon O2'$, ζp

ポリヌクレオチドの分子構造を規定する上で、リン酸結合まわりのコンホメーションすなわち(ζ, α)が重要であると

いわれている¹⁴⁾ $I^s pA^s$ のリン酸結合まわりのねじれ角 (ζ, α) は (g^+, t) であるが, $A^s pA^s$ では (g^-, t) である。そのため, $I^s pA^s$ は図3のように folded型構造をとり, $A^s pA^s$ の構造は図5のように bend構造となり通常の $(\zeta, \alpha) = (g^-, g^-)$ はとり得ない。このように通常のらせん構造をとり得ない (ζ, α) の値をもつコンホメーションが核酸の高次構造を保持するには重要になってくる。すなわち $A^s pA^s$ でみられた $(\zeta, \alpha) = (g^-, t)$ のコンホメーションは事実 $tRNA^{Phe151}$ の D-Loop 部分にある $m^2 G10$ と $G18$, anti codon Loop の $Gm34$ および T Ψ C Loop の $C56$ にみられる。さらに特殊な左巻きらせん構造をとる Z_{II} -DNA は CpG では $(\zeta, \alpha) = (g^+, g^+)$, GpC では $(\zeta, \alpha) = (g^+, t)$ の組合せからできており¹⁶⁾ GpC フラグメントのリン酸結合回りのねじれ角 (ζ, α) は $I^s pA^s$ の (g^+, t) と同じである。

$I^s pA^s$, $A^s pA^s$ のいずれも得られた分子構造はらせん構造をとっていなかったが, それらの得られた糖リン酸骨格のねじれ角を少し変える ($\alpha = 260^\circ$, $\beta = 142^\circ$, $\gamma = 79^\circ$, $\delta = 81^\circ$, $\epsilon = 211^\circ$, $\zeta = 268^\circ$) ことにより, らせん1回転当り10残基, らせん半径 8.1 \AA , らせん1残基当りのピッチ角 -36.1° の左巻らせん構造をとることが明らかとなった。

$m^8 G2' p5' C$ の分子構造はすでに X線解析がなされた $A2' p5' U^{17}$ と同様に塩基面はほぼ平行であり O(2')-P結合方向は塩基面にほぼ垂直になっている。このようなコンホメーションは 2',5'リン酸結合した核酸の特徴と考えられるが, 果して, このコンホメーションでらせん構造がとれるかどうか検討した結果, 通常のらせん構造はとれないことが明らかとなった。

結 論

- 1) high-antiコンホメーションをとる4種類のS-シクロヌクレオシドおよびS-シクロヌクレオチドのX線結晶構造解析を行ない分子構造を明らかにした。
- 2) high-antiコンホメーションをとるS-シクロヌクレオシドおよびS-シクロヌクレオチドの構造の特徴を明らかにし, ことに, グリコシド結合回りのねじれ角と糖のパッカリングには相関があることを明らかにした。
- 3) synコンホメーションをとる2種類のヌクレオシドおよびヌクレオチドを合成し, X線結晶構造解析を行ない分子構造を明らかにした。
- 4) synコンホメーションをとるヌクレオシドおよびヌクレオチドの構造の特徴を明らかにした。
- 5) high-antiあるいはsynコンホメーションをもつ場合の可能なポリヌクレオチドの分子構造について考察を加えた。

References

- 1) S. Uesugi, M. Yasumoto, M. Ikehara, K. N. Fang and P. O. P. T'so, J. Am. Chem. Soc., **94**, 5480 (1972)
- 2) S. Fujii and K. Tomita, Nucleic Acids Res., **3**, 1973 (1976)
- 3) M. M. Dhingra, R. H. Sarma, S. Uesugi and M. Ikehara, J. Am. Chem. Soc., **100**, 4669 (1978)

- 4) A. H.-J. Wang, G. T. Quigley, F. J. Kolpak, J. L. Crawford, J. H. van Boom, G. van der Marel and A. Rich, *Nature*, **282**, 680 (1979)
- 5) H. R. Drew, T. Takano, S. Tanaka, K. Itakura and R. E. Dickerson, *Nature*, **286**, 567 (1980)
- 6) J. L. Crawford, F. J. Kolpak, A. H. -J. Wang, G. T. Quigley, J. H. van Boom, G. van der Marel and A. Rich, *Proc. Natl. Acad. Sci., U. S. A.*, **77**, 4106 (1980)
- 7) M. Ikehara, S. Uesugi and T. Shida, *Chem. Pharm. Bull.*, **28**, 189 (1980)
- 8) C. Altona and M. Sundaralingam, *J. Am. Chem. Soc.*, **94**, 8205 (1972)
- 9) K. Tanaka, S. Fujii, T. Fujiwara and K. Tomita; *Acta Cryst.*, **B35**, 929 (1979)
- 10) 山県ゆり子：博士論文 (1980)
- 11) M. Maeda, K. Nushand and Y. Kawazoe, *Tetrahedron*, **30**, 2677 (1974)
- 12) 池原森男：核酸，朝倉書店 (1979)
- 13) S. S. Tavele, H. M. Sobell, *J. Mol. Biol.*, **48**, 109 (1970)
- 14) N. Yathindra, M. Sundaralingam, *Nucleic Acids Res.*, **3**, 729 (1976)
- 15) A. Jack, L. Ladner and A. Klug, *J. Mol. Biol.*, **108**, 619 (1976)
- 16) A. H. -J. Wang, G. J. Quigley, F. J. Kolpak, G. van der Marel, J. H. van Boom and A. Rich, *Science*, **211**, 171 (1981)
- 17) E. Shefter, M. Barlow, R. A. Sparks and K. W. Trueblood, *Acta Cryst.*, **B25**, 895 (1969)

論文の審査結果の要旨

核酸の立体構造を規定する要因の1つには、塩基部と糖部とを結びつけているグリコシド結合まわりのねじれ角があり、このねじれ角はanti, high-antiおよびsyn領域に分類され、このねじれ角の変化が核酸の生物活性発現にも大きな影響をもつと考えられる。

浜田君は化学的にプリン塩基の8位と糖部の2'位とをイオウ原子を介して結合した数種のヌクレオチドおよびジヌクレオチドを合成し、そのX線結晶構造解析を行い、グリコシド結合まわりのねじれ角がhigh-anti領域に固定されたヌクレオチドの分子構造について多くの新しい知見を得た。また同君はグリコシド結合まわりのねじれ角がsyn領域にある数種のヌクレオチド、ヌクレオチドのX線結晶構造解析を行い分子構造上の多くの特徴を明らかにした。これらの業績は核酸の構造化学や分子生物学に寄与するところ大で、薬学博士の学位論文として十分価値あるものと認める。