MOLECULAR BIOPHYSICS

Квантово-механічне дослідження конформаційних можливостей молекули 5'-дезоксигуанілової кислоти

Т. Ю. Ніколаєнко¹, Л. А. Булавін¹, Д. М. Говорун^{1,2}

¹Київський національний університет імені Тараса Шевченка Вул. Володимирська, 64, Київ, Україна, 01601

²Інститут молекулярної біології і генетики НАН України Вул. Академіка Заболотного, 150, Київ, Україна, 03680 tim mail@ukr.net

> Мета. Повний конформаційний аналіз ізольованої молекули 5'-дезоксигуанілової кислоти (дГК). Методи. Конформацію молекули описували за допомогою торсійних кутів $\beta = PO_5.C_5.C_4, \gamma = O_5.C_5.C_4.C_3, \varepsilon =$ $= C_4.C_3.O_3H_{O3}, \chi = O_4.C_1.N_9C_4, \alpha' = C_5.O_5PO_p, \zeta_1 = O_5PO_{p1}H_{p1}, \zeta_2 = O_5PO_{p2}H_{p2}, кута P та амплітуди <math>v_{max}$ псевдообертання фуранозного кільця. Стартові геометрії будували, виходячи з отриманих раніше повних конформаційних сімейств молекул 2'-дезоксигуанозину, метилдигідрофосфату та 1,2-дидезоксирибофуранози-5-фосфату. Оптимізацію геометрії виконували на рівні теорії DFT B3LYP/6-31G(d,p), а розрахунок електронних енергій – MP2/6-311++G(d,p). Результати. Виявлено 745 конформерів ізольованої молекули дГК з відносними енергіями Гіббса за нормальних умов в межах 0÷16,4 ккал/моль. Охарактеризовано конформаційну мінливість довжин хімічних зв'язків, валентних кутів та ендо- і екзоциклічних торсійних кутів нуклеотидної основи. Висновки. Встановлено, що енергетично найвигідніший конформер має syn-орієнтацію основи та C₁ехо-конформацію фуранозного кільця. Серед знайдених конформерів структура 13 подібна до нуклеотидів ДНК у її АІ-, АІІ-, ВІ-, ZІ- чи ZІІ-формах, причому найменицу енергію Гіббса ($\Delta G = 9, 1$ ккал/моль) серед цих конформерів має BI-ДНК-подібний. Продемонстровано роль внутрішньомолекулярних H-зв'язків у підтриманні просторової структури конформерів.

Ключові слова: 5'-дезоксигуанілова кислота, конформаційний аналіз, ДНК, розрахунки ab initio.

Вступ. Молекула 5'-дезоксигуанілової кислоти (дГК, рис. 1) є елементарною структурною ланкою ДНК, зокрема квадруплексних [1], та дезоксигуанозинтрифосфату (dGTP), який використовується ДНК-полімеразою (ЕС 2.7.7.7) при біосинтезі ДНК у процесії реплікації. Біологічна активність дГК проявляється в інгібуванні росту *Lactobacillus bulgaricus* [2] та зв'язуванні дГК з багатофункціональним ферментом нуклеозиддифосфат кіназою (ЕС 2.7.4.6) [3].

У попередніх експериментальних [4–6] і теоретичних [7, 8] роботах досліджено лише поодинокі конформери молекули дГК. Однак відомо [9, 10], що 2'-дезоксирибонуклеотиди характеризуються значною конформаційною ємністю і можуть набувати сотні різних конформацій.

© Institute of Molecular Biology and Genetics, NAS of Ukraine, 2011

Метою цієї роботи є повний конформаційний аналіз ізольованої молекули дГК. Вирішення такої задачі дозволить визначити енергетично найвигіднішу конформацію дГК, надійні дані про структуру якої в літературі відсутні. Дослідження ізольованої молекули дГК необхідне також для вивчення впливу оточення на її структуру (вирішення задач гідратації [11], взаємодії ДНК з білками [12] тощо).

Матеріали і методи. Конформацію молекули дГК описували за допомогою торсійних кутів β = = PO₅C₅·C₄·, γ = O₅·C₅·C₄·C₃·, ε = C₄·C₃·O₃·H_{O3}·, χ = O₄·C₁·N₉C₄, α' = C₅·O₅·PO_P, ζ_1 = O₅·PO_{P1}H_{P1}, ζ_2 = = O₅·PO_{P2}H_{P2}, кута Р і амплітуди v_{max} псевдообертання фуранозного кільця [13]. Для атомів кисню фосфатної групи використано такі позначення [14]: не з'єднаний з атомом водню – O_P, а два інших – O_{P1} і



Рис. 1. Структура молекули 5'-дезоксигуанілової кислоти, позначення її атомів і конформаційних параметрів

 O_{P2} , якщо дивитися уздовж зв'язку $O_5 P$ і рухатися від O_P за годинниковою стрілкою.

Пошук повного сімейства конформерів молекули дГК проводили аналогічно до [14]: 970 стартових структур створили, поєднавши усі можливі конформації молекул 2'-дезоксигуанозину [15] (97 конформерів) та метилдигідрофосфату [16] (10 конформерів), та ще 944, приєднавши до кожного з 472 конформерів молекули 1,2-дидезоксирибофуранози-5-фосфату [17] нуклеотидну основу (гуанін) у *syn-* ($\chi = 65^{\circ}$) та *anti-* ($\chi = -144^{\circ}$) положеннях. Геометрії цих структур оптимізували на рівні теорії DFT B3LYP/6-31G(d,p) із сіткою інтегрування підвищеної точності (опція *int = ultrafine*) у пакеті Gaussian 03 [18].

На цьому ж рівні теорії у гармонійному наближенні розрахували коливальні спектри оптимізованих структур і вилучили з подальшого розгляду нестійкі конформери (коливальні спектри яких містять уявні частоти). З тих пар конформерів, у яких кути α' , β , γ , ε , χ , ζ_1 , ζ_2 і Р відрізняються не більше, ніж на 5°, а v_{max} – не більше, ніж на 2°, залишили по одному унікальному [14]. У результаті кількість стійких унікальних конформерів молекули дГК склала 772.

Для підвищення точності розрахунку коливальних внесків (див. http://gaussian.com/g_whitepap/vib. htm) до енергії Гіббса конформерів їхні геометрії додатково оптимізували на рівні теорії DFT B3LYP/6-31 G(d,p) з використанням жорстких умов збіжності (опції *int* = *ultrafine* та *opt* = *tight*) [16] і обчислювали коливальні спектри на цьому ж рівні теорії. Таким чином отримано сімейство з 745 унікальних стійких конформерів молекули дГК, яке в рамках даної роботи можна вважати повним. Електронні енергії оптимізованих структур розраховано на рівні теорії MP2/6-311++G(d,p).

Для виявлення в отриманих конформерах внутрішньомолекулярних водневих (H-) зв'язків та інших нековалентних взаємодій застосовано QTAIMаналіз топології просторового розподілу густини електронного заряду [19], імплементований у програмному пакеті AimAll (Version 08.11.29, 2008, аіm.tkgristmill.com). При цьому використано розподіл густини електронного заряду, отриманий на тому ж рівні теорії, на якому оптимізовано геометрію, а наявність лінії зв'язку, що містить критичну точку типу (3,–1) і з'єднує два атоми [19], прийнято як необхідну і достатню умову існування зв'язку між цією парою атомів.

Енергію E^{HB} класичних Н-зв'язків XH···Y (X = = O, N) оцінювали, виходячи із зсуву $\Delta v = v_{free} - v_{bond}$ частоти v валентного коливання групи XH за формулою Йогансена [20]:

$$E^{HB}$$
[ккал / моль] = 0,33 · ($\Delta \nu$ [см⁻¹] – 40)^{1/2}, (1)

використовуючи для частот масштабний множник 0,961.

Для інших нековалентних зв'язків (зокрема, ван-дер-ваальсових контактів та некласичних Нзв'язків) *Е*^{нв} визначали за кореляційною залежністю Еспінози-Молінса-Лекомте (ЕМЛ) [21]:

$$E^{HB} = -\frac{1}{2} \cdot V^{cp}, \qquad (2)$$

де V^{cp} ($V^{cp} < 0$) – об'ємна густина віріалу у критичній точці типу (3,-1) [19] на відповідній лінії зв'язку.

Результати і обговорення. У табл. 1 наведено значення конформаційних параметрів, відносні електронні енергії (ΔE) та енергії Гіббса (ΔG) вибраних конформерів (структурні та енергетичні параметри усіх 745 отриманих конформерів представлено у таблиці S1 додаткового матеріалу до статті, який доступний в електронному вигляді на сайті журналу) молекули дГК, зокрема, з мінімальною (1) і максимальною (745, $\Delta G = 16,4$ ккал/моль) ΔG за нормальних умов (T = 298,15 К, p = 1 атм). Близькою до мінімальної є енергія Гіббса конформера 2 ($G_2 - G_1 \sim k_B T$, де $k_B -$ стала Больцмана), причому геометрії конформерів 1 і 2 відрізняються лише значеннями кута є, у чому властивості дГК подібні до 2'-дезоксигуанозину [15] і відмінні від інших 2'-дезоксирибонуклеотидів [9, 10, 14]. Структури конформерів 1 і 2 (рис. 2) стабілізовані Н-зв'язками $O_{P1}H \cdot N_3$, $N_2H_{22} \cdot O_P$, $C_2H_{22} \cdot N_3$ та містять вандер-ваальсовий контакт $O_{P1} \cdot O_{4}$. Перші два з цих Н-зв'язків є особливо сильними: їхні енергії, визначені за (1), дорівнюють 8,6÷8,8 і 6,4 ккал/моль відповідно. Зв'язки $C_2H_{22} \cdot H_3$ та $O_{P1} \cdot O_4$ помітно слабщі: їхні енергії, за (2), становлять у конформерів 1 і 2 1,6÷1,7 ккал/моль.

Наступний конформер **3** відокремлений від конформерів **1** і **2** енергетичною «щілиною» у 1,7 ккал/ моль. Завдяки цьому сумарна ймовірність виявлення у газовій фазі (так звана заселеність) конформерів **1** і **2** за нормальних умов дорівнює 93 %, а конформерів **1–20** – понад 99 %.

Розподіл значень конформаційних параметрів усіх 745 отриманих конформерів молекули дГК представлено на рис. 3, *a*, за допомогою так званих конформаційних кілець, кожна радіальна лінія на яких відповідає значенню того чи іншого конформаційного параметра в одному конформері.

У розподілі значень кута χ можна виділити три області: 65° ± 20° (*syn*), -120° ± 30° (*anti*) та 180° ± 10° (*trans*), до яких потрапляють 331, 255 і 65 конформерів відповідно (загалом 87 % від чисельності сімейства); 5 конформерів мають «нетипові» значення χ : **43** (-2,7°), **62** (116,5°), **98** (136,7°), **181** (1,7°) і **351** (90,1°).

S-конформацію фуранозного кільця (P ∈ {180° ± ±45°}) мають 319 конформерів, з яких класичну $C_{2^{\circ}}$ endo (P ∈ {162° ±18°}) – 184, а *N*-конформацію – (P ∈ ∈ {0° ±45°}) – 337, з яких класичну C_3 endo (P ∈ {18° ± ±18°}) – 188. У 11 конформерів кут псевдообертання Р лежить у *W*-області (P ∈ {270° ± 45°}), причому у її піддіапазон 270° ± 35° він не потрапляє у жодного конформера. На відміну від молекули 2'-дезоксигуанозину, у якій кут Р знаходиться в *E*-області (*P* ∈ {90° ± 45°}) у єдиного конформера (**95** [15]), у молекулі дГК до цієї області належать 78 конформерів.

Амплітуда v_{max} псевдообертання фуранозного кільця молекули дГК у 730 конформерів лежить у досить вузьких межах $36^\circ \pm 10^\circ$, тоді як у трьох конформерів (192 — див. рис. 2, 214 та 311) вона не перевищує 17° і супроводжується *syn*-орієнтацією нуклеотидної основи ($\chi \approx 70^{\circ}$). Геометрії цих трьох конформерів відрізняються лише кутами ζ_1 і ζ_2 , а їхні структури стабілізовані Н-зв'язками О₃H···O_p, C₅·H···N₃ і C₃·H···N₃ з енергіями відповідно 6,6; 1,8÷2,0 і 1,3÷ ÷ 1,4 ккал/моль, визначеними за (2).

Відзначимо, що пласкі конформації фуранозного кільця відсутні як у 2'-дезоксигуанозині [15], так і в модельному цукрово-фосфатному залишку – 1, 2-дидезоксирибофуранози-5-фосфаті [17].

Свого найбільшого значення (45,5°) v_{max} досягає у конформері **356** (табл. 1).

Значення кутів ү та є у понад 96 % конформерів лежать у класичних секторах $g^+ = (\{+60^\circ \pm 30^\circ\})$ (ү: у 211 конформерів, є: у 256), $g^- = \{-60^\circ \pm 30^\circ\}$ (ү: у 234, є: у 235) і $t = \{180^\circ \pm 30^\circ\}$ (ү: у 286, є: у 225).

У розподілах кутів ζ_1 та ζ_2 можна виділити по одному сектору ($60^\circ \pm 30^\circ$ і $-60^\circ \pm 30^\circ$ відповідно) та одній майже неперервній області ($-90^\circ \pm 90^\circ$ і $90^\circ \pm 90^\circ$ відповідно), в межах яких значення цих кутів лежать у 94 % конформерів. Відзначимо конформер **614**, у якому кут ζ_2 набуває «нетипового» значення (-131°) внаслідок того, що група $O_{p_2}H_{p_2}$ виступає акцептором протона у H-зв'язку $N_2H_{22}\cdots O_{p_2}$.

На відміну від решти кутів, у розподілах кутів α' та β чітка секторна структура відсутня, за винятком «згущення» поблизу 180° у розподілі кута α' та «прогалини» [–35°...39°] у розподілі кута β.

Доповнити уявлення про розподіл значень конформаційних параметрів в усіх отриманих конформерах молекули дГК дозволяють діаграми, наведені на рис. 3, δ . Кожна така діаграма – це зображений у полярних координатах графік функції $r = n_x(\varphi)$, значення якої дорівнює кількості конформерів n_x , у яких величина конформаційної змінної $x (x = \alpha', \beta, \gamma, \varepsilon, \chi, \zeta_1, \zeta_2$ чи Р) лежить у межах $|x - \varphi| \le 2^\circ$.

Так, незважаючи на відсутність вираженої секторної структури у розподілі кута α' (рис. 3, *a*), густина $n_{\alpha'}(\phi)$ (див. рис. 3, δ) має три максимуми, які відповідають серединам класичних секторів g^+ , g^- та *t*. Такі ж три максимуми характерні і для густин розподілів кутів γ та ε . На діаграмі густини розподілу значень кута χ (рис. 3, δ) можна виділити два максимуми (68° і –125°), які відповідають серединам *syn*- і *anti*-областей.

НІКОЛАЄНКО Т. Ю., БУЛАВІН Л. А., ГОВОРУН Д. М.

Таблиця 1

Структурні та енергетичні параметри вибраних конформерів молекули 5'-дезоксигуанілової кислоти (розрахунок на рівні теорії MP2/6-311++G(d,p)//DFT B3LYP/6-31G(d,p))

Nº	Конформаційні параметри, град									Енергія, ккал/моль	
конформера	α'	β	γ	з	ζ_1	ζ2	χ	Р	ν_{max}	ΔE	ΔG
1	-174,9	116,5	46,6	-176,2	-67,1	108,6	64,0	136,5	40,8	0,00	0,00
2	-175,4	117,7	45,7	-70,7	-67,2	110,1	65,2	139,1	40,6	0,82	0,65
3	-174,5	115,6	46,5	61,2	-67,3	107,4	63,2	131,1	38,6	2,63	2,31
14	62,2	127,8	46,5	-69,4	-103,2	-45,8	66,1	140,0	41,1	3,59	3,37
62	76,7	-115,6	66,0	62,4	-102,3	153,8	<u>116,5</u>	332,1	36,6	5,88	6,47
185	43,4	158,3	45,8	176,8	-105,1	166,0	-132,9	157,8	36,1	12,83	9,14
189	62,8	-166,6	53,8	177,4	-117,7	158,2	-121,2	162,7	34,4	13,41	9,22
192	73,9	-60,2	-52,3	-56,1	-123,2	152,2	71,1	343,1	<u>15,2</u>	11,55	9,27
214	70,6	-57,2	-53,5	-58,0	43,8	150,0	74,4	334,1	<u>15,4</u>	11,45	9,57
279	-179,7	162,0	51,6	-162,8	-96,9	171,5	-135,2	20,1	32,9	14,67	10,45
284	166,8	157,9	44,5	176,3	-164,7	108,5	-134,5	160,8	35,4	13,96	10,50
311	70,4	-60,1	-52,2	-54,5	-138,7	-61,1	71,7	340,8	<u>15,2</u>	12,92	10,79
327	15,4	-153,4	154,6	43,4	-86,6	-179,2	-83,0	211,0	38,7	11,49	10,96
356	-139,3	-78,2	-174,9	-165,0	63,7	-86,0	-50,2	99,7	<u>45,5</u>	11,19	11,27
363	176,6	-179,9	52,1	-167,4	-160,7	105,2	-144,8	18,9	34,4	15,66	11,32
413	-56,4	-179,5	-171,4	-166,5	-152,7	-41,4	65,0	26,5	29,7	16,32	11,74
432	-45,5	177,9	-169,4	-166,4	-160,9	96,3	64,0	26,3	29,9	16,58	11,94
444	-53,8	173,8	-171,2	-79,5	-153,6	-42,7	66,6	28,1	29,5	16,76	12,05
453	-58,1	-150,4	-176,2	-169,5	-153,6	108,5	174,7	347,4	34,2	15,32	12,11
456	-62,1	-149,5	-176,8	-169,1	-149,0	-42,3	176,5	349,8	34,3	15,11	12,14
462	-45,4	168,3	-169,9	-80,0	-162,3	95,9	66,9	30,7	30,6	17,18	12,22
523	-178,2	177,9	-169,7	-168,3	-102,1	158,3	65,9	31,5	31,6	17,60	12,67
597	-179,1	178,2	-170,4	-83,1	-105,0	156,2	68,6	34,4	32,3	18,36	13,25
614	-40,3	168,6	40,7	61,0	-125,5	<u>-131,2</u>	66,7	150,0	37,3	16,37	13,35
745	71,2	-54,0	-156,6	61,5	-131,3	-66,8	-121,6	45,9	39,3	21,22	16,42

Приміт ка. ΔE (електронні енергії) та ΔG (енергії Гіббса) відраховано від відповідних енергій конформера **1**: $\Delta E_i = E_i^{MP2} - E_1^{MP2}$, $\Delta G_i = G_i - G_1$ (*i* – номер конформера). E_i^{MP2} обчислено методом MP2/6-311++G(d,p) за геометріями, зоптимізованими на рівні теорії DFT B3LYP/6-31G(d,p), а $G_i - \mathfrak{sk} \ G_i = G_i^{DFT} - E_i^{DFT} + E_i^{MP2}$, де внесок $G_i^{DFT} - E_i^{DFT}$ трансляційних, обертальних і коливальних ступенів вільності молекули розраховано на тому ж рівні теорії, що й оптимізували геометрію; підкреслено «нетипові» та/або екстремальні значення кутів.

більшими за 0,2 лише для пар кутів $r(\zeta_1, \zeta_2) = 0,36$, $r(P, v_{max}) = 0,33$, $r(\alpha', \zeta_2) = 0,26$ та $r(\chi, v_{max}) = 0,21$.

Характеристикою структурної мінливості молекули дГК є відхилення від середніх значень її «тонких» структурних параметрів у різних конфор-

Статистичні властивості і конформаційна мінливість. Проведений за методикою [22] аналіз виявив незначні кореляції між значеннями торсійних кутів у множині одержаних конформерів дГК. А саме – коефіцієнти лінійної кореляції *г* виявилися



Рис. 2. Структура вибраних конформерів молекули 5'-дезоксигуанілової кислоти: енергетично найвигідніших (1, 2), А- (279) В- (185) і Z- (444) ДНК-подібних та конформера із плаксим фуранозним кільцем (192). Внутрішньомолекулярні нековалентні зв'язки позначено пунктиром

мерах. До цих змінних належать ендо- та екзоциклічні торсійні кути нуклеотидної основи, величини валентних кутів та довжин хімічних зв'язків.

У табл. 2 наведено середньоквадратичні $\sigma_l = \sqrt{\langle (l_k - \langle l \rangle)^2 \rangle_k} (k$ – номер конформера) та найбільші $\Delta_{\max} = \max_k |l_k - \langle l \rangle|$ відхилення від середніх значень $\langle l \rangle$ для тих хімічних зв'язків, у яких $\sigma_l \langle l \rangle > 0,005$. Із восьми таких зв'язків шість належать до цукрово-фосфатного остова молекули (переважно до фосфатної групи). Помітна мінливість зв'язку N_2C_2 гуаніну обумовлена участю аміногрупи $N_2H_{21}H_{22}$ у H-зв'язках із фосфатною групою. Всього

виявлено 223 таких зв'язки в 205 конформерах: 44 – типу ОН···N і 179 – типу NH···O. Для порівняння зазначимо, що в 745 конформерах дГК знайдено 1810 Н-зв'язків різних типів, причому в 11 конформерах зафіксовано по шість нековалентних зв'язків.

Середні за всіма конформерами значення θ та найбільші Δ_{max} і середньоквадратичні δ_{θ} відхилення від них для циклічних змінних (валентних і торсійних кутів) розраховано за методикою, описаною в [10].

Одержані значення δ_{θ} для всіх валентних кутів виявилися меншими за 3° (найбільшим $\delta_{\theta} \in y$ кута $C_2C_3O_3$: $\delta_{\theta} = 2,9^\circ$). Максимальне ж відхилення ($\Delta_{max} =$



Рис. 3. Розподіл (*a*) та густина розподілу (б) значень конформаційних параметрів в усіх можливих конформерах молекули 5'-дезоксигуанілової кислоти (максимальні значення: n_x (ϕ): 44 (α '), 48 (β), 98 (γ), 78 (ϵ), 70 (ζ_1), 51 (ζ_2), 132 (χ), 54 (P))

= 9,8°) від середнього значення зареєстровано для кута $PO_{P1}H_{P1}$.

Середні за усіма конформерами значення ендоциклічних торсійних кутів гуаніну (табл. 3) близькі до 0° (нуклеотидна основа є пласкою «в середньому»), але в окремих конформерах їхні значення перевищують 15°. Прикладом є конформер **62** (табл. 1), у якому $C_4C_5C_6N_1 = 17^\circ$ через деформацію нуклеотидної основи, обумовлену Н-зв'язком $O_{P1}H_{P1}\cdots O_6$ з енергією 6,4 ккал/моль, визначеною за (1). Кути $C_6N_1C_2N_3$ і $C_4C_5N_7C_8$ шести- і п'ятичленного кілець гуаніну характеризуються найменшими відхиленнями від своїх середніх значень і є найжорсткішими. Від атомів, що утворюють ці кути, відраховували екзоциклічні торсійні кути, які описують відхилення бічних атомних груп гуаніну від його площини (табл. 3).

Не спостерігається істотного виходу з площини основи атомів H_8 і N_2 ($\Delta_{max} < 6^\circ$). За винятком окремих конформерів (наприклад, **62**) атом O_6 також

Таблиця 2

Характеристики структурної мінливості довжин хімічних зв'язків: середні значення ({ħ), найбільші (Δ_{тах}) та середньоквадратичні (δ_l) відхилення від них

Показник, Å	Зв'язок									
	PO _{5'}	$C_{1'}N_9$	PO_{P1}	$O_{P1}H_{P1}$	PO _{P2}	$O_{P2}H_{P2}$	N_2C_2	$C_{5'}O_{5'}$		
$\langle l \rangle$	1,612	1,455	1,611	0,973	1,611	0,973	1,374	1,443		
δ_l	0,013	0,012	0,012	0,011	0,011	0,010	0,008	0,008		
Δ_{\max}	0,037	0,041	0,041	0,058	0,039	0,067	0,029	0,021		

Таблиця 3

Характеристики структурної мінливості ендо- та екзоциклічних торсійних кутів гуаніну: середні значення (θ), найбільші (Δ_{max}) та середньоквадратичні (δ_θ) відхилення від них

П	Ендоциклічний кут									
Показник, град	$N_{1}C_{2}N_{3}C_{4}$	$C_2N_3C_4C_5$	$N_3C_4C_5C_6$	$C_4C_5C_6N_1$	$C_5 C_6 N_1 C_2$	C ₆ N ₁ C ₂ N ₃				
$\bar{\Theta}$	-0,8	1,1	-0,9	0,3	0,0	0,3				
$\delta_{_{\Theta}}$	1,0	1,4	1,2	0,8	0,8	0,8				
Δ_{\max}	5,4	8,6	15,0	16,6	12,4	3,9				
П	Ендоциклічний кут									
показник, град	$N_9C_4C_5N_7$	$C_4 C_5 N_7 C_8$	$C_5N_7C_8N_9$	$N_7C_8N_9C_4$	$C_8N_9C_4C_5$	$N_7C_5C_4N_3$				
$\bar{\theta}$	-0,1	0,1	-0,1	0,1	0,0	179,6				
$\delta_{_{\theta}}$	0,5	0,3	0,7	0,9	0,8	0,9				
$\Delta_{ m max}$	1,2	1,2	2,2	2,7	1,9	3,5				

	Атомна група/Екзоциклічний кут									
Показник, град		$N_2H_{21}H_{22}$		O ₆	H_1	H_8	C _{1'}			
	$N_2C_2N_1C_6$	$H_{21}N_2C_2N_3$	$H_{22}N_2C_2N_1$	$O_6C_6N_1C_2$	$H_1N_1C_6C_5$	$H_8C_8N_7C_5$	$C_{1'}N_9C_4C_5$			
$ar{m{ heta}}$	-177,6	155,5	-172,1	179,7	-176,6	-179,5	-179,7			
δ_{θ}	1,4	16,1	8,8	0,8	2,1	1,2	5,8			
$\Delta_{\rm max}$	5,2	53,8	45,1	17,2	8,5	3,5	23,2			

лишається у площині основи. Атом H_1 зазнає найбільшого відхилення від площини основи ($\Delta_{max} = 8,5^{\circ}$) у конформері **14** ($H_1N_1C_6C_5 = 174,9^{\circ}$).

Окремо відмітимо конформер **327** з найбільшим відхилення від площини основи ($\Delta_{max} = 23, 2^{\circ}$) атома $C_{1^{\circ}}$ цукрового залишку ($C_1 \cdot N_9 C_4 C_5 = 157, 1^{\circ}$), спричиненим H-зв'язками $O_{P1}H_{P1} \cdots N_7$, $C_8 H_8 \cdots O_P$ і диводневим зв'язком $C_5 \cdot H_{5'1} \cdots H_8 C_8$ з енергіями, визначеними за (2), 5,4; 2,1 і 0,9 ккал/моль відповідно.

Співмірність середньоквадратичних відхилень кутів $H_{21}N_2C_2N_3$ та $H_{22}N_2C_2N_1$ з відхиленнями їхніх

середніх значень від 180° засвідчує, що залежно від конформації непланарна аміногрупа гуаніну зазнає інверсії.

ДНК-подібні конформації. Повне сімейство конформерів молекули дГК містить 13 структур, близьких до структури нуклеотидів ДНК в одній із її форм: AI, BI, AII [12, 23, 24], ZI або ZII [24]. Так, структури конформерів **279** і **363** подібні до AI-ДНК, **453** і **456** – до AII-ДНК, **185**, **189** і **284** – до BI-ДНК, **444**, **462** і **597** – до структури пуринових нуклеотидів ZI-, а **413**, **432** і **523** – ZII-форм ДНК. Енергетично найвигіднішим з ДНК-подібних є ВІ-ДНКподібний конформер **185** ($\Delta G = 9,1$ ккал/моль, що значно вище, ніж у молекул 5'-дезоксицитидилової (5,5 ккал/моль [9]), 5'-тимідилової (2,7 ккал/моль [10]) та 5'-дезоксиаденілової (4,7 ккал/моль [14]) кислот.

Висновки. На рівні теорії MP2/6-311++G(d,p) // DFT B3LYP/6-31G(d,p) вперше проведено повний конформаційний аналіз ізольованої молекули 5'-дезоксигуанілової кислоти. Виявлено 745 її конформерів з відносними енергіями Гіббса за нормальних умов в межах 0÷16,4 ккал/моль. Встановлено, що енергетично найвигідніший конформер має syn-opiєнтацію нуклеотидної основи та С_гехо-конформацію фуранозного кільця, а його структура стабілізована H-зв'язками $O_{p_1}H_{p_1}\cdots N_3$, $N_2H_{22}\cdots O_p$, $C_2H_{22}\cdots$ N₃ і містить ван-дер-ваальсів контакт О_{р1}… О₄. Серед знайдених конформерів 13 є ДНК-подібними (зокрема, структури двох подібні до АІ- і трьох – до ВІ-форм ДНК), із яких найменшу енергію Гіббса $(\Delta G = 9,1 \$ ккал/моль) має ВІ-ДНК-подібний. Показано, що у 87 % конформерів значення глікозидного кута у лежать в одній із трьох областей: $65^{\circ} \pm 20^{\circ}$, $-120^{\circ} \pm 30^{\circ}$ та $180^{\circ} \pm 10^{\circ}$. Продемонстровано роль внутрішньомолекулярних Н-зв'язків (зокрема, між аміногрупою гуаніну та фосфатною групою) у формуванні просторової структури конформерів.

Насамкінець автори висловлюють щиру вдячність дирекції та співробітникам Інституту теоретичної фізики ім. М. М. Боголюбова НАН України за надання програмного забезпечення і обчислювальних ресурсів для проведення розрахунків.

T. Yu. Nikolaienko, L. A. Bulavin, D. M. Hovorun¹

Conformational capacity of 5'-deoxyguanylic acid molecule investigated by quantum-mechanical methods

Taras Shevchenko National University of Kyiv 64, Volodymyrska Str., Kyiv, Ukraine, 01601

¹Institute of Molecular Biology and Genetics, NAS of Ukraine 150, Akademika Zabolotnoho Str., Kyiv, Ukraine, 03680

Summary

Aim. Exhaustive conformational analysis of the isolated 5'-deoxyguanylic acid (dGA) molecule. Methods. Torsion angles $\beta = PO_5C_5C_4$, $\gamma = O_5C_5C_4C_5$, $\varepsilon = C_4C_3O_3H_{O_3}$, $\chi = O_4C_1N_9C_4$, $\alpha' = C_5O_5PO_p$, $\zeta_1 = O_5PO_{P_1}H_{P_1}$, $\zeta_2 = O_5PO_{P_2}H_{P_2}$ as well as sugar pseudorotation phase and amplitude have been used to identify the molecule conformation. Initial geometries were built using full sets of conformers of the 2'-deoxyguanosine, methyl dihydrogen phosphate and 1,2-dideoxyribofuranose-5-phosphate molecules obtained previously. Geometry optimi*zation has been carried out at the DFT B3LYP/6-31G(d,p) theory level* while the MP2/6-311++G(d,p) theory level has been used to calculate electronic energies of optimized structures. Results. As many as 745 different conformations of dGA molecule have been revealed with relative Gibbs free energies under standard conditions within 0+16,4 kcal/ mole. Conformational variability of chemical bond lengths, valence angles and endo- and exocyclic torsion angles of guanine has been characterized. Conclusions. It has been found that the energetically most favorable structure has syn orientation of nitrogenous base and C_1 exo sugar puckering. 13 conformers of isolated dGA have been shown to be similar to the structure of nucleotides in AI-, AII-, BI-, ZI- or ZIIforms of DNA. Among them the BI-DNA-like one has the lowest Gibbs free energy (9,1 kcal/mole). The role of intramolecular hydrogen bonds in stabilizing dGA conformer structures has been demonstrated.

Keywords: 5'-deoxyguanylic acid, conformational analysis, DNA, ab initio calculations.

Т. Ю. Николаенко, Л. А. Булавин, Д. Н. Говорун

Квантово-механическое исследование конформационных возможностей молекулы 5'-дезоксигуаниловой кислоты

Резюме

Цель. Полный конформационный анализ изолированной молекулы 5'-дезоксигуаниловой кислоты (дГК). Методы. Конформацию молекулы описывали при помощи торсионных углов $\beta = PO_5C_5C_4$, $\gamma =$ $= O_{5'}C_{5'}C_{4'}C_{3'}, \ \varepsilon = C_{4'}C_{3'}O_{3'}H_{O3'}, \ \chi = O_{4'}C_{1}N_{9}C_{4'}, \ \alpha' = C_{5'}O_{5'}PO_{P'}, \ \zeta_{1} =$ = $O_5 PO_{Pl}H_{Pl}$, $\zeta_2 = O_5 PO_{P2}H_{P2}$, угла P и амплитуды v_{max} псевдовращения фуранозного кольца. Стартовые геометрии создавали на основе ранее полученных семейств конформеров молекул 2'-дезоксигуанозина, метилдигидрофосфата и 1,2-дидезоксирибофуранозы-5-фосфата. Оптимизацию геометрии проводили на уровне теории DFT B3LYP/6-31G(d,p), а расчет электронных энергий – MP2/ 6-311++G(d,p). Результаты. Выявлены 745 конформеров изолированной молекулы дГК с относительными энергиями Гиббса при нормальных условиях в пределах 0÷16,4 ккал/моль. Охарактеризовано влияние конформации молекулы на длины химических связей, величины валентных, а также эндо- и экзоциклических торсионных углов нуклеотидной основы. Выводы. Установлено, что наиболее энергетически выгодный конформер имеет syn-ориентацию основания и С₁ехо-конформацию фуранозного кольца. Среди найденных конформеров структура 13 подобна таковой нуклеотидов ДНК в АІ-, АІІ-, ВІ-, ZІ- или ZII-формах, причем наименьшей энергией Гиббса ($\Delta G = 9,1$ ккал/моль) среди них обладает ВІ-ДНК-подобный. Продемонстрирована роль внутримолекулярных Н-связей в стабилизации пространственной структуры конформеров.

Ключевые слова: 5'-дезоксигуаниловая кислота, конформационный анализ, ДНК, расчеты ab initio.

ПЕРЕЛІК ЛІТЕРАТУРИ

- G-Quadruplex DNA: methods and protocols / Ed. P. Baumann.– New York: Humana Press, 2010.–276 p.
- Morris G. K., Williams W. L. Inhibition of growth of Lactobacillus bulgaricus by purine deoxyribonucleotides // J. Bacteriol.– 1965.–90, N 3.–P. 715–719.
- 3. Kimura N., Shimada N., Ishijima Y., Fukuda M., Takagi Y., Ishikawa N. Nucleoside diphosphate kinases in mammalian signal

transduction systems: Recent development and perspective // J. Bioenerg. Biomembr.–2003.–**35**, N 1.–P. 41–47.

- Young D. W., Tollin P., Wilson H. R. The structure of disodium deoxyguanosine-5'-phosphate tetrahydrate // Acta Cryst.-1974.-30, N 8.-P. 2012-2018.
- Nafissi S., Aghabozorgh H., Sadjadi S. A. S. Interaction of T1+ with mononucleotides: metal ion binding and sugar conformation // J. Inorg. Biochem.–1997.–66, N 4.–P. 253–258.
- Robinson J. M., Greig M. J., Griffey R. H., Mohan V., Laude D. A. Hydrogen/deuterium exchange of nucleotides in the gas phase // Anal. Chem.-1998.-70, N 17.-P. 3566-3571.
- Santamaria R., Quiroz-Gutierrez A., Juarez C. Structures and energetic properties of B-DNA nucleotides // J. Mol. Struct.: Theochem.-1995.-357, N 1-2.-P. 161–170.
- Shishkin O. V., Gorb L., Zhikol O. A., Leszczynski J. Conformational analysis of canonical 2-deoxyribonucleotides. 2. Purine nucleotides // J. Biomol. Struct. Dyn.–2004.–22, N 2.–P. 227– 243.
- Nikolaienko T. Yu., Hovorun D. M. Quantum-mechanical conformational analysis of 2'-deoxycytidilic acid molecule the DNA structural unit // Rep. Nat. Acad. Sci. Ukraine.-2010.-N 9.-P. 173-184.
- Nikolaienko T. Yu., Bulavin L. A., Hovorun D. M. Quantummechanical conformational analysis of the 5'-thymidilic acid molecule // Ukr. Biochem. J.-2010.-82, N 6.-P. 76-86.
- Liu D., Wyttenbach T., Bowers M. T. Hydration of mononucleotides // J. Am. Chem. Soc.–2006.–128, N 47.–P. 15155–15163.
- Boryskina O. P., Tkachenko M. Yu., Shestopalova A. V. Variability of DNA structure and protein-nucleic acid reconginition // Biopolym. Cell.-2010.-26, N 5.-P. 360-372.
- Saenger W. Principles of nucleic acid structure.-New York: Springer, 1984.-556 p.
- Nikolaienko T. Yu., Bulavin L. A., Hovorun D. M. The 5'-deoxyadenylic acid molecule conformational capacity investigated using density functional theory (DFT) // Ukr. Biochem. J.– 2011.-in press
- Zhurakivsky R. O., Hovorun D. M. Exhaustive conformational analysis of the 2'-deoxyguanosine molecule with the quantummechanical density functional method // Rep. Nat. Acad. Sci. Ukraine.-2007.-N 4.-P. 187-195.
- Nikolaienko T. Yu., Bulavin L. A., Hovorun D. M. How many conformers of the methyl dihydrogen phosphate molecule exist? Detailed quantum-mechanical investigation // Biophysical bulletin.-2010.-Iss. 25 (2).-P. 17-25.
- 17. Nikolaienko T. Yu., Bulavin L. A., Hovorun D. M., Missura O. O. Conformational variety and physical properties of the 1,2-

dideoxyribofuranose-5-phosphate, the model DNA monomer structural unit // Ukr. Biochem. J.-2011.-**83**, N 1.-P. 54-62.

- 18. Frisch M. J., Trucks G. W., Schlegel H. B., Scuseria G. E., Robb M. A., Cheeseman J. R., Montgomery Jr., J. A., Vreven T., Kudin K. N., Burant J. C., Millam J. M., Iyengar S. S., Tomasi J., Barone V., Mennucci B., Cossi M., Scalmani G., Rega N., Petersson G. A., Nakatsuji H., Hada M., Ehara M., Toyota K., Fukuda R., Hasegawa J., Ishida M., Nakajima T., Honda Y., Kitao O., Nakai H., Klene M., Li X., Knox J. E., Hratchian, H. P., Cross J. B., Bakken V., Adamo C., Jaramillo J., Gomperts R., Stratmann R. E., Yazyev O., Austin A. J., Cammi R., Pomelli C., Ochterski J. W., Ayala P. Y., Morokuma K., Voth G. A., Salvador P., Dannenberg J. J., Zakrzewski V. G., Dapprich S., Daniels A. D., Strain M. C., Farkas O., Malick D. K., Rabuck A. D., Raghavachari K., Foresman J. B., Ortiz J. V., Cui Q., Baboul A. G., Clifford S., Cioslowski J., Stefanov B. B., Liu G., Liashenko A., Piskorz P., Komaromi I., Martin R. L., Fox D. J., Keith T., Al-Laham M. A., Peng C. Y., Nanayakkara A., Challacombe M., Gill P. M. W., Johnson B., Chen W., Wong M. W., Gonzalez C., Pople J. A. Gaussian 03, Revision E.01.-Wallingford CT: Gaussian Inc., 2004.
- Bader R. F. W. Atoms in Molecules: a quantum theory.–Oxford: Univ. Press, 1990.–458 p.
- Iogansen A. V. Direct proportionality of the hydrogen bonding energy and the intensification of the stretching v(XH) vibration in infrared spectra // Spectrochim. Acta A.-1999.-55, N 7-8.-P. 1585-1612.
- Espinosa E., Molins E., Lecomte C. Hydrogen bond strengths revealed by topological analyses of experimentally observed electron densities // Chem. Phys. Lett.-1998.-285, N 3-4.-P. 170-173.
- 22. Kitamura K., Wakahara A., Mizuno H., Baba Y., Tomita K. Conformationally «concerted» changes in nucleotide structures. A new description using circular correlation and regression analyses // J. Am. Chem. Soc.–1981.–103, N 13.–P. 3899–3904.
- Svozil D., Kalina J., Omelka M., Schneider B. DNA conformations and their sequence preferences // Nucl. Acids Res.-2008.-36, N 11.-P. 3690-3706.
- 24. Schneide B., Neidle S., Berman H. M. Conformations of the sugar-phosphate backbone in helical DNA crystal structures // Biopolymers.-1997.-42, N 1.-P. 113-124.

UDC 539.1 Received 04.05.11