# ПРОСТРАНСТВЕННОЕ СТРОЕНИЕ ТАХИКИНИНОВОГО ПЕПТИДА ЭЛЕДОИЗИНА

#### Гюльшен АГАЕВА

Институт проблем физики, Бакинский Государственный Университет Баку / АЗЕРБАЙДЖАН gulshen@mail.ru

## РЕЗЮМЕ

Проведено исследование пространственного строения тахикининового нейропептида эледоизина методом теоретического конформационного анализа. На основе фрагментарного анализа были определены энергетически предпочтительные конформационные состояния отдельных фрагментов и всей молекулы эледоизина. Полученные результаты теоретического расчета были сопоставлены с экспериментальными данными.

Ключевые слова: эледоизин, вещество Р, конформация, теоретический конформационный анализ

#### CONFORMATIONAL SPATIAL STRUCTURE OF THE TACHYKININ PEPTIDE ELEDOISIN

#### ABSTRACT

The spatial structure of the tachykinin neyropeptide eledoisin has been investigated by theoretical conformational analysis method. On the base of fragmental analysis the energetically preferable conformations of the separate segments and the full eledoisin molecule were determined. The obtained results of theoretical calculation were compared with experimental data.

Key words: eledoisin, substance P, conformation, theoretical conformational analysis.

# введение

Эледоизин впервые был получен из экстрактов задних слюнных желез моллюска Eledone moschata [1,2]. Этот пептид эледоизин (прежнее название мошатин) относится к группе тахикининовых пептидов и содержит 11 остатков с аминокислотной последовательностью pGlu1-Pro2-Ser3-Lys4-Asp5-Ala6-Phe7-Ile8-Gly9-Leu10 -Met11NH<sub>2</sub> [2]. К этой же группе пептидов относятся вещество Р (SP), нейрокинин А и нейрокинин В, которые были выделены у млекопитающих, а также физалаемин и кассинин, выделенные из амфибии. Все эти пептиды структурно гомологичны, обладают сходным спектром физиологических функций и взаимодействуют с общей системой рецепторов. Эледоизин оказывает сильное гипотензивное действие при тестировании на млекопитающих, подобно кининам и гистамину увеличивает проницаемость сосудов кожи и стимулирует гладкую мускулатур. Гипотензивный эффект эледоизина держится дольше, чем в случае брадикинина. При подкожном введении эледоизина повышается секреторная активность слюнных желез и желез слизистой желудочно-кишечного тракта. В значительных дозах эледоизин стимулирует секрецию гастроистестинального тракта [2]. Этот пептид повышает также секрецию слезы [3]. На основе эледоизина создан и используется препарат в качестве стимулятора секреции слезы. Из

структурно-функциональных исследований эледоизина следует, что его нона- и декапептидные фрагменты в два раза более активны, чем нативный гормон, а Сконцевой гептапептид обладает полной активностью гормона. В последнее время интенсивно изучаются различные структурные аналоги эледоизина в качестве агонистов и антагонистов рецепторов SP-P.

Для целенаправленного моделирования и синтеза новых потенциальных аналогов эледоизина необходимо знание его пространственного строения и конформационных особенностей, требуемых для комплементарного взаимодействия этих лигандов с рецепторами реагирующей клетки. Методами <sup>1</sup>Н-ЯМР и КД-спектроскопии в работе [4,5] была изучена пространственная структура эледоизина. Авторы отмечают, что эледоизин в водном окружении демонстрирует конформационную лабильность, а в 50%-ном растворе трихлорэтана и додецилсульфате натрия формирует альфа-спиральную структуру и имеет более упорядоченную конформацию на участке 6-11. В другой работе [6] методом двумерной Н-ЯМР-спектроскопии было показано, что в воде и диметилсульфоксиде эледоизин предпочтительно находится в раз-вернутой конформации, а в присутствии додецилфосфохолинных мицелл, моделирующей мембранное окружение, эледоизин формирует альфа-спиральную конформацию в центральной и Сконечном участке цепи 4-11 пептида. Однако спектральные методы не могут дать детальное описание всех стабильных конформаций подвижного олигопептида, величины двугранных углов, иерархии стабильности конформеров, энергетические вклады отдельных взаимодействий и т.д. эти задачи разрешаются при использовании метода теоретического конформационного анализа. Поэтому становится важным определение пространственной организации молекулы эледоизина именно теоретическим расчетным методом. В данной статье приведены результаты исследования пространственного строения молекулы эледоизина и сопоставления расчетных конформационных параметров с полученными ранее конформациями эледоизина [4-6] спектральными методами.

# Метод Расчета

Исследование пространственного строения молекулы эледоизина проводилось методом теоретического конформационного анализа с использованием стандартной геометрии. При расчете внутримолекулярной конформационной энергии учитывались энергетические вклады невалентных (Енев.), электростатических (Еэлс.), торсионных взаимодействий (Етор.) и водородных связей (Еиод.св.). Расчет стабильных конформаций пептидов проводился с помощью программы и системы потенциальных функций, ранее описанных и примененных в работах [7-14]. Параметризация потенциальных функций была аппроксимирована к условиям полярной среды: величина диэлектрической проницаемости принята равной 10 [9], а водородные связи предполагались ослабленными (максимальная энергия при ro=1,8 Е составляла -1.5 ккал/моль).

При обсуждении результатов расчета была использована принятая классификация пептидных структур [10,11]. Выбор структурных вариантов при расчете конформаций отдельных пептидов осуществлялся на основе известных значений двугранных углов ( $\phi$  и  $\psi$ ) соответствующих низкоэнергетическим областям конформационной карты R,B,L и P для каждого монопептида [13-16]. Отсчет двугранных углов (( $\phi$  и  $\psi$ ) проводился согласно общепринятой номенклатуре [12]. Для всех неглициновых монопептидов варианты составлялись из R, B и L областей, а для остатка пролина, благодаря жестко фиксированной связи N-C<sup>α</sup>, только из R и B областей. Как известно, для остатка предшествующего пролину, стерически разрешена лишь В форма основной цепи [15,16], что значительно ограничивает его конформационные возможности.



Рис.1. Расчетная атомная модель и переменные двугранные углы молекулы эледоизина

# Результаты и Обсуждение

Конформационное исследование эледоизина делится на ряд последовательно решаемых структурных задач. Расчетная атомная модель и переменные двугранные углы молекулы эледоизина показаны на рисунке 1. Схема расчета приведена на рисунке 2. Согласно экспериментальным данным именно гидрофобный участок молекулы, локализованный на С-конце, ответственен за связывание с рецептором на поверхности реагирующей клетки. Надо отметить, что этот пентапептид считается сигнальной последовательностью для тахикининов. Расчеты конформаций С-концевого пентапептида выявили, что чем больше развернута N-концевая часть пентапептида, тем меньше конформационная стабильность этих структур. Энергетически предпочтительной для пентапептида оказалась α-спиральная структура R<sub>2</sub>R<sub>2</sub>RR<sub>21</sub>R<sub>32</sub>. Низкоэнергетические конформации перекрывающих фрагментов pGlu1-Asp5 и Asp<sup>5</sup>-Ile<sup>8</sup>, позволили последовательно рассмотреть конформационные возможности С-концевого гептапептида Asp5-Met<sup>11</sup>NH<sub>2</sub> и наконец, всей молекулы вещества Р, ундекапептидамида pGlu1-Met<sup>11</sup>NH<sub>2</sub>. При составлении структурных вариантов гептапептида ориентации боковых цепей остатков перекрывающегося участка Phe<sup>7</sup>-Tyr<sup>8</sup> брались с учетом сохранения максимума межостаточных взаимодействий, образуемых этими остатками в перекрывающихся фрагментах. В результате минимизации энергии составленных структурных вариантов были найдены низкоэнергетические конформации С-концевого гептапептида. Энергетически предпочтительными оказались α-спиральные конформации. Иными словами, чем длинее α-спираль на С-конце пептида, тем стабильнее структура гептапептида.



Рис. 2. Схема расчета молекулы эледоизина.

Основные результаты расчета структурных вариантов ундекапептида эледоизина в условиях полярной среды представляют собой семейство конформаций с величинами относительной энергии в интервале 0-10 ккал/моль. Энергетически предпочтительное семейство составляют структуры, содержащие α-спираль на С-концевом гептапептиде. Каждое семейство конформаций ундекапептида формирует одну из стабильных конформаций С-концевого гептапептида. Внутри каждого семейства конформации различаются структурным типом N-концевого тетрапептидного фрагмента, который продолжен относительно жестким участком последовательности Asn<sup>5</sup>-Met<sup>11</sup>NH<sub>2</sub>. Данный конформационно жесткий участок реализуется в шести пространственных формах пептидной цепи. Расчет показал, что молекула эледоизина может формировать, в отличие от молекулы вещества Р, одну глобальную, т.е. самую низкоэнергетическую структуру со значением Еотн=0 ккал/моль: BRB3R22R2 R2R2R3RR21R32, которая содержит один β-изгиб на N-конце и α-спиральный сегмент на С-конце. Следует отметить, что другие последующие по стабильности конформации имеют различные величины относительной энергии Еотн=2.7 ккал/моль и Еотн=5.7 ккал/ моль. В низкоэнергетических конформациях эледоизина остаток Lys4 реализует эффективные межостаточные самые

взаимодействия между боковыми цепями остатков остатков Asp3 и Lys6, суммарный энергетический вклад которых составляет -11-12 ккал/моль. Следует отметить, что Lys4 играет существенную структурообразующую роль в пространственной организации эледоизина, что предсказывалось спектральными методами. Как показал расчет в N-концевой части молекулы, где в позициях 1 и 4 расположены два остатка пироглутаминовой кислоты и лизина, формируется β-изгиб в стабильных конформациях, о чем свидетельствует величина расстояния между атомами  $C^{\alpha}$  остатков  $pGlu^1$  и Lys4, который составляет

6 Å. Как известно, β-изгибы формируются из четырех последовательных аминокислотных остатков (і, і+1, і+2, і+3) и идентифицируются с помощью общего критерия, согласно которому расстояние между атомами С<sup>α</sup> і-того и і+3-го остатков должно быть меньше 7Å при иной, чем α-спираль, конформации основной цепи. В других низкоэнергетических конформациях эледоизина также формируются β-изгиб на участках 1-4, о наличии β-изгиба свидетельствует расстояние между атомами С<sup>α</sup> остатков в позициях 1 и 4. На рисунке 3 показаны проекции молекулы эледоизина в двух самых низкоэнергетических конформациях. Одна из которых реализует спиральную конформацию на участке 4-11

пептидной цепи, а другая менее стабильная формирует спиральный сегмент на участке 6-11. Следует отметить, что образование низкоэнергетических конформаций ундекапептидамида сопровождается образованием внутримолекулярных водородных связей. Расчет показал, что в α-спиральном сегменте глобальной конформации образуется система регулярных водородных связей, характерных для правой α-спирали: NH(Ile<sup>8</sup>) ...CO(Lys<sup>4</sup>), NH(Gly<sup>9</sup>)...CO(Asp<sup>5</sup>),  $NH(Leu^{10})...CO(Ala^6)$ И NH(Met<sup>11</sup>)... СО(Phe<sup>7</sup>). Конформационный анализ последовательно наращиваемых С-концевых фрагментов молекулы эледоизина выявил значительную преемственность результатов по мере увеличения длины рассматриваемой пептидной цепи. В табл.1 приведены величины двугранных углов двух стабильных конформационных состояний эледоизина. В табл.2 показаны величины энергетических вкладов внутри- и межостаточных взаимодействий в двух низкоэнергетических конформациях I-BRB3R22R2R2R2R2R21R32 (0.0 ккал/моль) и II- BRB3R22B3R2R2R22R21R32 (2.7 ккал/моль). Как видим, в результате расчетов были определены энергетически предпочтительные области величин двугранных углов и взаимное расположение остатков в низкоэнергетических конформациях эледоизина. Полученные в результате расчетного метода конформационные особенности эледоизина по многим геометрическим и энергетическим параметрам находятся в удовлетворительном согласии с результатами спектральных методов.



Рис. 3. Проекции двух низкоэнергетических конформаций молекулы эледоизина I - BRB3 R22R2R2R32RR21R32 (0.0 ккал/ моль) и II -BRB3R22B3R2R22R22R21R32 (2.7 ккал/моль)

Таблица 1. Двугранные углы (град) аминокислотных остатков ундекапептида эледоизина в низкоэнергетических конформациях (I) и (II)

Остаток	Конформация	Основная цепь			Боковая цепь					
			Ψ	ω	χ1	χ2	χ3	χ4	χ5	
pGlu <sup>1</sup>	Ι	-	111	186	-	-	-	-	-	
_	II	-	117	187	-	-	-	-	-	
Pro <sup>2</sup>	Ι	-	-64	180	-	-	-	-	-	
	II	-	-51	184	-	-	-	-	-	
Ser <sup>3</sup>	Ι	-132	93	175	-61	180	-	-	-	
	II	-119	90	177	-60	180	-	-	-	
Lys <sup>4</sup>	Ι	-117	-55	182	180	180	180	180	180	
	II	-120	-53	180	179	180	180	180	180	
Asp <sup>5</sup>	Ι	-59	-39	182	181	90	-	-	-	
_	II	-120	164	181	-59	90	-	-	-	
Ala <sup>6</sup>	Ι	-76	-37	178	182	-	-	-	-	
	II	-69	-31	183	182	-	-	-	-	
Phe <sup>7</sup>	Ι	-64	-43	180	179	90	-	-	-	
	II	-63	-49	179	179	90	-	-	-	
Ile <sup>8</sup>	Ι	-77	-34	-187	-62	183	176	184	-	
	II	-78	-31	-184	187	177	177	183	-	

Gly <sup>9</sup>	Ι	-60	-38	-180	-	-	-	-	-
	II	-61	-38	-179	-	-	-	-	-
Leu <sup>10</sup>	Ι	-81	-64	-174	175	64	60	57	-
	II	-81	-63	-174	175	64	60	58	-
Met <sup>11</sup>	I	-93	-53	-182	-58	180	181	180	-
	II	-92	-52	-181	-59	180	180	180	-

I - BRB3R22R2R2R2R21R32 (0.0) II - BRB3R22B3R2R2R21R32 (2.7)

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	Nº
											остатка
I 1.3	-0.4	-0.8	-4.3	-1.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	-0.2	1
II 1.2	-0.2	-1.1	-5.0	-0.2	2.1	0.0	-0.8	0.0	0.0	-0.2	
	0.3	-1.3	-0.6	0.1	-0.1	-0.0	-0.0	0.0	0.0	0.0	2
	0.3	-1.3	-0.7	0.1	-0.0	0.0	-1.2	-0.3	0.0	0.0	
		1.2	-0.4	-0.6	-0.8	-1.4	-0.1	0.0	0.0	0.0	3
		1.2	-0.4	-0.8	0.0	0.0	-0.3	-0.3	0.0	0.0	
			2.4	-3.7	-1.2	-2.6	-3.8	-0.1	0.0	0.4	4
			2.4	-7.5	-2.0	0.0	-1.2	-0.1	0.0	0.3	
				2.4	-1.0	-1.1	-2.1	-1.7	-0.1	-0.4	5
				2.7	-1.5	-2.0	-2.6	-2.2	-0.2	-0.5	
					1.2	-0.2	-1.1	-1.6	-1.9	-0.1	6
					1.3	0.5	-1.1	-1.6	-1.7	-0.1	
						-0.1	-2.6	-1.0	-2.4	-3.3	7
						0.0	-2.4	-1.0	-1.9	-3.9	
							1.4	0.4	-1.2	-2.7	8
							4.0	0.6	-1.2	-2.7	
								1.2	-0.7	-0.8	9
								1.2	-0.6	-0.8	
									-1.0	-3.8	10
									-1.0	-3.7	
										-2.3	11

## ЛИТЕРАТУРА

- 1. Anastasi A., Erspamer V. //Br.J.Pharmacol Chemother, 1962, V.19(2), P.326-336.
- Erspamer V., Anastasi A. // Experienta, 1962, V.15, n.18, P.58-59.
- Jaeger W., //Klin Monatsbl Augenheilkd 1988; V.192 P.163-6.
- 4. De Marco, A., and G. Gatti, //Int. J. Pep. Pro. Res. 7:437–444, 1975.
- <u>Wilson J.C.</u>, <u>Nielsen K.J.</u>, <u>McLeish M.J.</u>, <u>Craik D.J.</u>, // <u>Biochemistry</u>. 1994 ,V.33(22),P.6802-11.
- 6. Grace R.C.R, Chandrashekar I.R., Cowsik S.M., //Biophysical Journal ,2003, V.84, P.655-664.
- Scott R.A., Scheraga H.A.// J.Chem.Phys., 1966, V.45, P.2091.
- Momany F.A., McGuire, Burgess A.W., Scheraga // J.Phys.Chem., 1975, V.79, P.2361.

 Липкинд Г.М., Архипова С.Ф., Попов Е.М.// Молек. биол., 1970, Т.4, С.331.

-2.3

- 10. Scheraga H.A. // Adv. Phys. Org. Chem., 1968, V.61, P.103.
- 11. Попов Е.М., Дашевский В.Г., Липкинд Г.М., Архипова С.Ф.// Молек. биол., 1968 , Т.2, С.612.
- 12. IUPAC-IUB Commission on Biochemical Nomenclature // Biochim.Biophys.Acta, 1971,V.121, P.121
- 13. Popov E.M. // Int. J.Quant. Chem., 1979, V.16, P.707.
- 14. Годжаев Н.М., Максумов И.С., Исмаилова Л.И. // Ж.Структ. хим.,1983, 24.,с.147.
- 15. Schimmel P.R., Flory P.J. //J.Mol.Biol., 1968, V.34, P.105.
- 16. Ponnuswamy P.K., McGuire, Scheraga H.A.// Int. J.Pept. Protein Res., 1973, V.5, P.73.