

Дурандин Никита Александрович

ФИЗИКО-ХИМИЧЕСКИЕ ХАРАКТЕРИСТИКИ АНАЛОГОВ ОЛИВОМИЦИНА А И ИХ КОМПЛЕКСОВ С ДНК

Специальность 02.00.04 – физическая химия

Автореферат диссертации на соискание ученой степени кандидата химических наук

Москва-2014

Работа выполнена в лаборатории процессов фотосенсибилизации ФГБУН Института биохимической физики имени Н. М. Эмануэля Российской академии наук.

Научный руководитель:

Владимир Александрович Кузьмин, доктор химических наук, профессор, заведующий лабораторией процессов фотосенсибилизации ФГБУН Института биохимической физики имени Н. М. Эмануэля Российской академии наук.

Официальные оппоненты:

Комиссаров Геннадий Германович, доктор химических наук, профессор, заведующий лабораторией фотобионики ФГБУН Института химической физики им. Н.Н. Семенова Российской академии наук, Москва

Олейников Владимир Александрович, доктор физикоматематических наук, заведующий лабораторией молекулярной биофизики ФГБУН Института биоорганической химии им. академиков М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова Российской академии наук, Москва

Ведущая организация:

ФГБУН Институт элементоорганических соединений им. А.Н. Несмеянова Российской академии наук, Москва.

Защита состоится «15» октября 2014 г. в 13³⁰ часов на заседании диссертационного совета Д 002.039.01 в конференц-зале Федерального государственного бюджетного учреждения науки Института биохимической физики имени Н. М. Эмануэля Российской академии наук по адресу: 119334, Москва, улица Косыгина, 4.

С диссертацией и авторефератом можно ознакомиться в библиотеке ФГБУН Института химической физики им. Н.Н. Семенова Российской академии наук и на сайте http://ibcp.chph.ras.ru/2014/

Автореферат разослан «»2014 г	2014 г.
-------------------------------	---------

Ученый секретарь диссертационного совета Д 002.039.01

кандидат химических наук

dilling Л.И. Мазалецкая

ОБЩАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА РАБОТЫ

Актуальность

(производные A) Оливомицины оливомицина относятся природным антибиотикам группы ауреоловой кислоты, широкое применение которых ограничено их общерезорбтивной Изучение комплексообразования высокой токсичностью. антибиотиков с мишенью и физико-химических параметров образующихся комплексов направленного синтеза высокоэффективных важно ДЛЯ И малотоксичных противоопухолевых препаратов с выраженной биологической (противоопухолевой, противомикробной) активностью и меньшей неспецифической токсичностью.

Важнейший современный подход при создании новых противоопухолевых лекарств основан на идентификации молекулярных мишеней, специфических для раковой клетки, и направленном поиске ингибиторов этих мишеней, что должно обеспечить более эффективную селективную (менее токсичную) терапию опухолей.

Взаимодействие лигандов с ДНК - развивающаяся в настоящее время область исследований. В отдельное и весьма разветвленное направление сформировались исследования по взаимодействию с ДНК различных низкомолекулярных лигандов (красителей, антибиотиков, коротких пептидов и других биологически активных соединений). Эти лиганды являются не только объектами самостоятельного изучения, но и нашли широкое применение в противоопухолевой и противовирусной терапии, а также в качестве ДНК-специфичных молекулярных зондов в медицинских и научных исследованиях.

Основная внутриклеточная мишень аналогов ауреоловой кислоты — двухцепочечная ДНК (дцДНК). С дцДНК производные ауреоловой кислоты прочно взаимодействуют в виде магний-координированного димера, состоящего из двух молекул антибиотика и одного атома магния. Нарушения структуры и функций ДНК в результате комплексообразования являются пусковым механизмом цитотоксичности аналогов ауреоловой кислоты. Таким образом, изучение констант комплексообразования для ряда аналогов оливомицина А с дцДНК и физико-химических характеристик их комплексов с дцДНК формируют экспериментальную основу для целенаправленного синтеза новых соединений указанного химического класса.

Повышенная активность семейства транскрипционных факторов Sp является часто встречающимся и критическим показателем при развитии рака, отвечающим за рост опухоли, ее метастазирования и ангиогенеза. Сайт связывания Sp1 - транскрипционного фактора, взаимодействующего с GC-обогащенными сайтами в регуляторных областях

генов (в т.ч. онкогенов) - важная мишень анти-траскрипционного эффекта ауреоловой кислоты, так как антибиотик связывался с этим сайтом и снижал Sp1-зависимую транскрипцию. Производные ауреоловой кислоты селективно связываются с GC-парами в малой бороздке двойной спирали ДНК. Эти участки могут являться сайтами связывания транскрипционных факторов, таких как Sp1. По этой причине термодинамических и кинетических характеристик взаимодействия представителей класса ауреоловой кислоты с GC-богатыми олигонуклеотидами, несущими сайты связывания транскрипционных факторов, таких как Sp1, NFAT, и видоизмененными олигонуклеотидами важно для углубления представлений о механизмах цитотоксичности соединений указанного химического класса.

В клетке ДНК упакована в высокоорганизованную структуру в виде хроматина. Одной из систем, моделирующих ДНК в условиях ее высокой компактизации, является холестерическая жидкокристаллическая дисперсия на основе дцДНК (хжкд-ДНК). Определение физико-химических параметров комплексообразования физиологически-активных соединений ДНК-направленного действия с хжкд-ДНК представляет особый интерес в силу того, что хжкд-ДНК может наилучшим образом отображать структуру ДНК в нативном состоянии (в структуре хроматина) и характер взаимодействия антибиотиков с ДНК в ядре.

<u>**Цель работы**</u> - изучение влияния структуры аналогов оливомицина A на их комплексообразование с дцДНК и определение физико-химические характеристик этих аналогов и образующихся комплексов.

В соответствии с указанной целью были поставлены следующие задачи:

- исследовать влияние *О*-ацильных заместителей А-олиозы и Е-оливомикозы оливомицинов на процесс комплексообразования этих соединений с дцДНК и физико-химические характеристики этих комплексов;
- исследовать влияние заместителей в боковой цепи агликона оливомицина A на процесс комплексообразования с дцДНК и параметры комплексов;
- количественно охарактеризовать взаимодействие оливомицина A с олигонуклеотидом, несущим сайты связывания транскрипционных факторов Sp1 и NFAT, и его видоизмененными аналогами с заменами отдельных нуклеотидов;
- определить кинетический механизм реакции комплексообразования оливомицина A с олигонуклеотидом, несущим сайты связывания транскрипционных факторов Sp1 и NFAT, и его видоизмененными аналогами;

- определить константы скоростей реакции комплексообразования оливомицина A с олигонуклеотидом, несущим сайты связывания транскрипционных факторов Sp1 и NFAT, и его видоизмененными аналогами;
- исследовать комплексообразование оливомицина A с холестерической жидкокристаллической дисперсией на основе дцДНК.

Научная новизна

Впервые установлено влияние заместителей в боковой цепи агликона и О-ацильных заместителей А-олиозы и Е-оливомикозы оливомицина А на константы комплексообразования с дцДНК и цитотоксичность. Впервые определены константы комплексообразования и константы скоростей реакции комплексообразования оливомицина А и олигонуклеотида, несущего сайты связывания транскрипционных факторов Sp1 и NFAT, и 2-х аналогов с изменениями отдельных азотистых оснований. Методом кругового дихроизма установлено комплексообразование между оливомицином А и хжкд-ДНК. Экспериментально доказано, что накопление оливомицина А в структуре хжкд-ДНК приводит к переходу из холестерической формы дисперсии в нематическую.

Практическая значимость

Впервые полученные количественные данные (константы комплексообразования, значения квантовых выходов, константы скоростей реакции и др.) для ряда аналогов оливомицина А формируют фундаментальные основы для рационального дизайна новых лекарственных средств данного химического класса. Результаты комплексообразованию оливомицина А с олигонуклеотидом, несущим сайты связывания транскрипционных факторов Sp1 и NFAT, и его аналогами, позволили выявить высоко специфическую мишень действия оливомицина A. Впервые установлено комплексообразование оливомицина Α отсутствии ионов магния c высокоорганизованными структурами на основе дцДНК, а именно холестерической жидко-кристаллической дисперсией (хжкд-ДНК). Комплексообразование с хжкд-ДНК сопровождалось индуцированным переходом дисперсии из холестерической нематическую форму. Полученные данные служат основой для создания новых и могут позволить улучшить уже существующие селективные мишень-направленные противоопухолевые препаратов на основе оливомицина А.

Апробация работы

Работа представлена на следующих научных конференциях: международная молодежная конференция ИБХФ РАН-ВУЗЫ, Москва, Россия, (2011, 2012); конгресс «Anticancer Agents Research Congress», Antalya, Turkey (2011); 1-я конференция1st International conference on Fluorescent Biomolecules and their Building Blocks – Design and

Applications (FB3), Gothenburg, Sweden (2012); 4-я школа-конференция 4th Photochemistry Summer School 2012 «Photochemistry, Fundamentals and Applications", Wijk aan Zee, the Netherlands (2012); 38-й конгресс 38 FEBS Congress "Mechanisms in Biology", Saint-Petersburg, Russia (2013).

Публикации

По материалам диссертации опубликовано 3 статьи в рецензируемых журналах, рекомендованных ВАК, 2 статьи в сборниках трудов конференций, 4 тезиса докладов на конференциях.

Структура и объем работы

Работа изложена на 102 страницах, включает 55 рисунков, 6 таблиц и список литературы. Диссертация состоит из введения, обзора литературных данных, методической части, обсуждения результатов и выводов, списка литературы (89 источников).

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ ИССЛЕДОВАНИЯ

В работе были исследованы процессы комплексообразования лигандов с высокомолекулярной ДНК из спермы лосося (salmon Sperm DNA), состоящей из ~500 пар оснований («Sigma Aldrich», США); молекулярная масса ДНК $(0,3-0,7)\cdot 10^6$ Да. Для создания жидко-кристаллической дисперсии на основе ДНК применяли полиэтиленгликоль с молекулярной массой 4000 Да (Sigma Aldrich, CIIIA). Комплексообразование исследовано также ДЛЯ олигонуклеотидов d(TGTAGGGAAAAAG)₂ d(TGGCGGGAAAAAG)₂ (Sp1/NFAT), (Sp1/NFAT-m1),d(TGTAGGTAAAAAG)₂ (Sp1/NFAT-m2) («Литех», Москва). В экспериментах с «внешними» хромофорами использовались митоксантрон (Sigma Aldrich, США) и тиазоловый оранжевый (Sigma Aldrich, США). В качестве внутреннего стандарта для измерения квантового выхода использовали антибиотик из группы ауреоловой кислоты хромомицин A₃ (Sigma Aldrich, США).

Концентрацию оснований ДНК определяли из коэффициента экстинкции 6,7х10³ M⁻¹cм⁻¹. Концентрацию олигонуклеотидов рассчитывали исходя из коэффициентов экстинкции, рассчитанных при помощи программного обеспечения OligoAnalyzer 3.1 от Integrated DNA Technologies (США).

В качестве лигандов были выбраны производные оливомицина А, полученные в в лаборатории химической трансформации антибиотиков Научно-исследовательского института по изысканию новых антибиотиков имени Г.Ф. Гаузе (с.н.с. к.х.н. А.Н. Тевяшовой и др.) под руководством заведующего лабораторией, д.х.н., профессора М.Н. Преображенской:

Рисунок 1. Структурные формулы оливомицина А и его аналогов.

Название соединения	R ₁	R ₂	R ₃
LCTA-254	-OCOCH(CH ₃) ₂	-OCOCH ₃	-CH(OH)CH(OH)CH ₃
LCTA-255	-OCOCH(CH ₃) ₂	-OH	-CH(OH)CH(OH)CH ₃
LCTA-1721	-OCOCH ₃	-OCOCH ₃	-CH(OH)CH(OH)CH ₃
LCTA-1839	-OH	-OH	-CH(OH)CH(OH)CH ₃
LCTA-1840	-OH	-OCOCH ₃	-CH(OH)CH(OH)CH ₃
LCTA-1498	-OCOCH(CH ₃) ₂	-OCOCH ₃	-ОН
LCTA-1599	-OCOCH(CH ₃) ₂	-OCOCH ₃	$-NHC_2H_4N(CH_3)_2$

В качестве растворителя лигандов и ДНК использовали трис-HCl буфер. Концентрацию ДНК определяли по известному коэффициенту экстинкции и оптической плотности раствора ДНК. Эксперименты были проведены в трис-HCl буфере с концентрацией 0.01M, pH~7.5 в присутствии хлорида магния с концентрацией 5×10^{-2} M.

Концентрации лигандов подбирались таким образом, чтобы оптическая плотность в экспериментах по поглощению не превышала 1 О.Е., что соответствует концентрации 10^{-5} - 10^{-4} М, и определялись по известным коэффициентам экстинкции в этиловом спирте.

В экспериментах по флуоресценции концентрация красителей была значительно меньше, порядка 10^{-7} - 10^{-6} М. Растворы красителей приготавливались в этиловом спирте и разбавлялись трис-HCl буфером. Все растворы были приготовлены непосредственно перед проведением эксперимента и оставлялись на 60 минут.

Измерения спектров поглощения проводились на спектрофотометре «Shimadzu UV-3101 PC» (Япония) в кварцевых кюветах 10×10 мм. Для получения спектров флуоресценции применяли спектрофлуориметр «Shimadzu RF-5301 PC» (Shimadzu,

Япония). Из кривых зависимости интенсивности флуоресценции от концентрации ДНК в растворе антибиотиков определяли концентрации связанного и свободного лигандов, после чего эти зависимости преобразовывали в координатах Скэтчарда, чтобы рассчитать равновесные константы комплексообразования.

Зависимость Скэтчарда: $\theta/[DNA] = 1/K_a - \theta/K_a$ (1)

 $[DNA]_{free} = [DNA]_t - [DNA]_b = [DNA]_t - [LCTA]_t \times (I-I_o)/(I_{max}-I_o)$

 $[LCTA]_{free} = [LCTA]_t \times (I_{max}-I)/(I_{max}-I_o)$

 $[LCTA]_b = [LCTA]_t \times (I-I_o)/(I_{max}-I_o)$

 $\theta = [LCTA]_b / [LCTA]_t$

В данных уравнениях K_a — константа связывания, I_o , I_{max} , I — значения интенсивности флуоресценции, минимальной, максимальной и текущей соответственно, [LCTA] и [DNA] — концентрации красителя и ДНК, индексы b и free соответствуют концентрациям лиганда, связанного с ДНК и свободного, соответственно.

Квантовый выход флуоресценции определяли методом сравнения со стандартом по уравнению:

$$\Phi_{\text{fl образ}} = \Phi_{\text{fl станд}} \times \frac{S_{\text{fl образ}} \times \epsilon_{\text{станд}} \times c_{\text{станд}} \times n_{\text{образ}}^2}{S_{\text{fl станд}} \times \epsilon_{\text{образ}} \times c_{\text{образ}} \times n_{\text{станд}}^2} , \, \text{где}$$

 Φ_{fl} образ — квантовый выход флуоресценции исследуемого образца, Φ_{fl} отанд—квантовый выход флуоресценции стандарта, S_{fl} образ — площадь спектра флуоресценции образца, S_{fl} станд — площадь спектра флуоресценции стандарта, $\varepsilon_{\mathrm{станд}}$ — молярный коэффициент экстинкции стандарта, $\varepsilon_{\mathrm{образ}}$ — молярный коэффициент экстинкции образца, $n_{\mathrm{образ}}$ — коэффициент преломления среды стандарта, $\varepsilon_{\mathrm{образ}}$ — концентрация стандарта (в М)

Стандартом служил комплекс хромомицина A_3 с ДНК с известным квантовым выходом. Квантовые выходы флуоресценции лигандов в комплексах с ДНК определяли при высоких концентрациях ДНК, когда в буферных растворах лиганды присутствовали только в виде комплексов с ДНК.

Для определения типов образующихся комплексов антибиотиков с ДНК и олигонуклеотидами проводились измерения спектров кругового дихроизма (КД) на дихрометре СКД-2М (Троицк, Россия), оборудованным термостатируемой ячейкой.

Для того, чтобы детектировать кинетики взаимодействия оливомицина A с олигонуклеотидами в миллисекундном/секундном диапазоне, а также фиксировать промежуточные продукты на основе их флуоресцентных характеристик использовали установку остановленной струи SX-20 (Applied Photophysics, Великобритания).

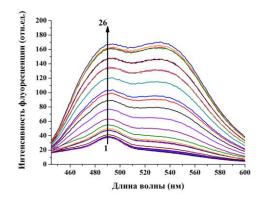
Обработку полученных данных проводили с использованием программного обеспечения OriginPro8 (OriginLab, США).

РЕЗУЛЬТАТЫ ИССЛЕДОВАНИЯ

Физико-химические свойства аналогов оливомицина A с ацильными заместителями в составе A-олиозы и E-оливомикозы и их комплексов с ДНК.

Определение констант комплексообразования аналогов оливомицина A с ацильными заместителями в составе A-олиозы и E-оливомикозы с ДНК.

При помощи спектрофлуорометрического метода регистрировалось образование комплексов аналогов оливомицина А LCTA-255, LCTA-254, LCTA-1721, LCTA-1839, LCTA-1840 с дцДНК. Образование комплексов А LCTA-255, LCTA-254, LCTA-1721, LCTA-1839, LCTA-1840 с дцДНК регистрировали по увеличению интенсивности спектров флуоресценции на длине волны λ_{em} =535 нм при возбуждении λ_{ex} =420 нм (рис. 1 и рис. 2).



Питенсивность флуореспении (отп.ет.) 180 — 160 — 160 — 120

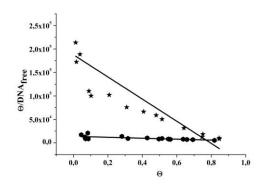
Рисунок 1. Спектры флуоресценции LCTA-254 $(1\times10^{-7} \text{ M})$ при увеличивающихся концентрациях диДНК (от 0 M до 8.3×10^{-4} M п.о.).

Рисунок 2. Зависимость интенсивности флуоресценции при 535 нм для LCTA-254 от концентрации дцДНК.

С использованием данных флуоресценции, константы комплексообразования (K_a) LCTA-255, LCTA-254, LCTA-1721, LCTA-1839, LCTA-1840 с дцДНК рассчитывали по методу Скэтчарда (рисунок 3 и рисунок 4).

Из-за слабого взаимодействия антибиотиков LCTA-1840 и LCTA-1839 с дцДНК и, как следствие, отсутствия характерной кривой насыщения, полученной для других антибиотиков, K_a для LCTA-1840 и LCTA-1839 с ДНК точно определить не представляется возможным. Оценочное значение K_a для LCTA-1840 и ДНК составляет $K_a \le 2.5 \times 10^2 \,\mathrm{M}^{-1}$, а для LCTA-1839 и ДНК оно составляет $K_a \le 1.5 \times 10^2 \,\mathrm{M}^{-1}$.

K_a для LCTA-255, LCTA-254, LCTA-1721, LCTA-1839, LCTA-1840 с дцДНК, определенные по методы Скэтчарда, приведены в таблице 1.



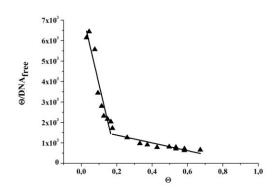


Рисунок 3. График Скэтчарда для LCTA-254 (звезды) и LCTA-1721 (шестиугольники) и диДНК.

Рисунок 4. График Скэтчарда для LCTA-255 и дцДНК.

Соединение	K _a (M ⁻¹)
LCTA-254	$2,35 \times 10^5 \pm 2,2 \times 10^4$
LCTA-255	$4 \times 10^4 \pm 5 \times 10^3$; $1 \times 10^3 \pm 3 \times 10^2$
LCTA-1721	$1 \times 10^4 \pm 2.8 \times 10^3$
LCTA-1840	≤2,5×10 ²
LCTA-1839	≤1,5×10 ²

Таблица 1. Константы комплексообразования с дцДНК аналогов оливомицина A с ацильными заместителями в A-олиозе и E-оливомикозе.

Исследование комплексообразования с ДНК аналогов оливомицина A с ацильными заместителями в составе A-олиозы и E-оливомикозы (метод кругового дихроизма).

Для соединений LCTA-254, LCTA-255, LCTA-1721 наблюдалось значительное возрастание длинноволновой положительной полосы В спектре КД комплексообразовании с дцДНК (1 мМ) (рис. 5, рис. 6). Спектры КД комплексов антибиотиков LCTA-254, LCTA-255, LCTA-1721 с дцДНК свидетельствуют о том, что взаимодействие с дцДНК вызывает сходные изменения в структуре соединений и образуется один тип комплекса, а именно, комплекс по малой бороздке дцДНК. Длинноволновые максимумы КД в комплексах соединений LCTA-254, LCTA-255, LCTA-1721 совпадают, однако их амплитуды существенно различаются. Амплитуды длинноволновых полос в спектрах КД комплексов лигандов с дцДНК при прочих равных условиях возрастают в ряду LCTA-1839<LCTA-1840<LCTA-255<LCTA-1721<LCTA-254, что обусловлено увеличением в данном ряду прочности образующихся комплексов лигандов со спиральной структурой молекулы дцДНК.

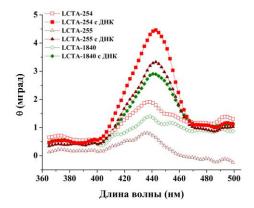


Рисунок 5. Спектры КД LCTA-254 (красные незаштрихованные квадраты), LCTA-255 (коричневые незаштрихованные треугольники) и LCTA-1840 (зеленые незаштрихованные ромбы) (1×10⁻⁵ М) и их комплексов с дцДНК (при [ДНК]= 1×10⁻³ М п.о.) (заштрихованные красные квадраты, коричневые треугольники и зеленые ромбы, соответственно).

Итак, более сильное взаимодействие лиганда со спиральной структурой дцДНК вызывает больший эффект наведенного КД.

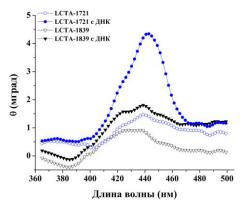


Рисунок 6. Спектры КД LCTA-1721 (незаштрихованные синие круги) и LCTA-1839 (незаштрихованные черные треугольники) $(1\times10^{-5} \text{ M})$ и их комплексов с дцДНК ([ДНК]= $1\times10^{-3} \text{ M}$ п.о.) (заштрихованные синие круги, черные треугольники, соответственно).

Определение квантовых выходов флуоресценции аналогов оливомицина A с ацильными заместителями в составе A-олиозы и E-оливомикозы и их комплексов с ДНК.

Для расчета значений квантовых выходов флуоресценции использовали метод сравнения со стандартом согласно уравнению, приведенному в главе «Материалы и методы исследования». В качестве внутреннего стандарта использовали хромомицин A_3 в комплексе с дцДНК с известным квантовым выходом.

Соединение	$\Phi_{\scriptscriptstyle \mathrm{ЛИГ}}\left(\% ight)$	$\Phi_{ ext{компл}}(\%)$
LCTA-254	0,183	2,5
LCTA-255	0,122	1,76
LCTA-1721	0,146	2,26
LCTA-1840	0,1	1,17
LCTA-1839	0,07	0,3

Таблица 2. Квантовые выходы флуоресценции аналогов оливомицина A с ацильными заместителями в A- олиозе и Е-оливомикозе и их комплексов с дцДНК.

Данные, представленные в таблицах 1 и 2, свидетельствуют о том, что ацильные заместители в составе А-олиозы и Е-оливомикозы сильно влияют на квантовые выходы

флуоресценции LCTA-255, LCTA-254, LCTA-1721, LCTA-1839, LCTA-1840 и их комплексов с ДНК и определяют изменения констант комплексообразования этих лигандов с ДНК. Так, константа комплексообразования для LCTA-254 примерно в 5 раз выше, чем для LCTA-255 и в 20 раз выше по сравнению с LCTA-1721, а квантовые выходы флуоресценции лигандов в буферных растворах и в комплексах с ДНК изменяются в широких пределах: от 0,07 до 2,5 %. Данные, представленные во 2-й и 3-й колонках таблицы 2, свидетельствуют о том, что заместители в составе А- олиозы и Еоливомикозы в разной степени влияют на квантовые выходы флуоресценции лигандов в буферных растворах и в комплексах с ДНК. Это может быть обусловлено различием в микроокружении молекул лигандов в буферных растворах и в комплексе с ДНК. Взаимодействие лигандов с ДНК приводит к изменению квантовых выходов флуоресценции. Действительно, квантовые выходы флуоресценции, например, для LCTA-254 и LCTA-255 в комплексе с ДНК возрастают, соответственно, в 13,7 и 14,4 раз (таблица 2). При наличии сложноэфирных заместителей в R₂ (LCTA-254) возможно образование водородной связи между А-олиозой одной молекулы антибиотика и D-оливозой другой молекулы антибиотика в составе магниевого комплекса. Образование межмолекулярной водородной связи делает комплекс более компактным, придает жесткость структуре, в которой понижена подвижность заместителей. Поэтому квантовые выходы в этих соединениях должны быть выше, чем в соединениях, содержащих ОНгруппу (LCTA-255), в которых такая внутримолекулярная водородная, по-видимому, связь не образуется. Структура LCTA-255 представляется более «рыхлой» по сравнению с LCTA-254. Действительно, LCTA-254 обладает более высокими квантовыми выходами флуоресценции, чем LCTA-255, и в комплексе с ДНК, и в буфере.

Значения квантовых выходов флуоресценции в ряду соединений LCTA-254, LCTA-255 в буферных растворах изменяется под влиянием внутримолекулярной водородной связи (LCTA-254). Поэтому более «рыхлая» структура LCTA-255 обусловливает меньшее, чем для LCTA-254, значение квантового выхода флуоресценции, как в буферном растворе, так и в комплексе с ДНК.

Структуры соединений LCTA-254, LCTA-255 различаются только заместителями в дисахаридной цепи, структура же трисахаридной цепи для этих соединений одинакова. Заместители в трисахаридной цепи обусловливают взаимодействие оливомицинов A с малой бороздкой двухцепочечной ДНК. Поэтому важно исследовать влияние структуры заместителей трисахаридной цепи на K_a LCTA-1721, LCTA-1839, LCTA-1840 с дцДНК. С этой целью были изучены соединения LCTA-1721, у которого ацетильный заместитель в положении R_1 , LCTA-1839, у которого $R_1 = R_2 = OH$, и LCTA-1840 с $R_1 = OH$.

Из данных, представленных в таблице 1, видно, что LCTA-1721 характеризуется значением $K_a = 1 \times 10^4 \pm 2.8 \times 10^3$ М, которое по порядку величины сопоставимо со значением константы для LCTA-255. Оценочное значение K_a для LCTA-1840 и LCTA-1839 почти на 3 порядка меньше, чем для LCTA-254, и почти на 2 порядка меньше, чем для LCTA-255 и LCTA-1721.

В таблице 2 представлены значения квантовых выходов флуоресценции для LCTA-1721, LCTA-1839 и LCTA-1840. Для LCTA-1721 значения квантовых выходов близки к LCTA-254, в то время как LCTA-1840 и LCTA-1839 характеризуются значительно более низкими значениями. Структура LCTA-1721 отличается от структуры LCTA-254 наличием ацетильного заместителя R_1 вместо изобутирильного в трисахаридном фрагменте. Как видно из сравнения LCTA-254 и LCTA-1721, замена изобутирильного заместителя на ацетильный приводит к снижению константы комплексообразования и квантовых выходов. Это может быть обусловлено изменением гидрофобного вклада при взаимодействии антибиотиков и ДНК: изобутирильный заместитель в LCTA-254 характеризуется большей гидрофобностью по сравнению с ацетильным в LCTA-1721. Еще более существенное снижение K_a и Φ_{fl} наблюдается при замене ацетильной группы на гидроксильную в этом же положении при сопоставлении LCTA-1721 и LCTA-1839 и LCTA-1840. Подтверждением этому служат результаты, полученные при замене ацетильного заместителя на гидроксильный в дисахаридной цепи в составе А-олиозы (LCTA-1840 и LCTA-1839), что вызывает столь резкое снижение и K_a, что ее вычисление не представляется возможным: в LCTA-1839, помимо снижения гидрофобности трисахаридной ветви, отсутствует внутримолекулярная водородная связь. Также для LCTA-1839 зафиксированы самые низкие значения $\Phi_{\rm fl}$ как лиганда в буфере, так и в составе комплекса с ДНК, в ряду исследованных аналогов оливомицина А.

Таким образом, соединения с двумя ацильными заместителями в сахаридных цепях - LCTA-254 и LCTA-1721 — характеризуются наибольшими K_a с ДНК (2,35×10⁵ М и 1×10⁴ М, соответственно), $\Phi_{\text{лиг}}$ и $\Phi_{\text{компл}}$ и амплитудами индуцированного КД в комплексе с ДНК. Замена ацетильного заместителя в составе А-олиозы на гидроксильный (LCTA-255) приводит к уменьшению $\Phi_{\text{лиг}}$ и $\Phi_{\text{компл}}$, а также амплитуды индуцированного КД в присутствии с ДНК. Де-O-ацилирование изобутирильного остатка в составе Е-оливомикозы (LCTA-1840), как и полное деацилирование в составе А-олиозы и Е-оливомикозы (LCTA-1839) полностью нарушают комплексообразование этих лигандов с ДНК ($K_a \le 2,5 \times 10^2$ М и $K_a \le 1,5 \times 10^2$ М, соответственно), существенно уменьшают $\Phi_{\text{лиг}}$ и $\Phi_{\text{компл}}$ и амплитуды индуцированного КД в комплексе с ДНК. Следовательно, замена

заместителей в дисахаридной и трисахаридной цепях антибиотика, позволяет варьировать физико-химические свойства соединений и их комплексов с ДНК в широких пределах.

Физико-химические свойства аналогов оливомицина A с карбоксильным и N,N-диметиламиноэтиламидным заместителями в боковой цепи агликона и их комплексов с ДНК.

Определение констант комплексообразования и квантовых выходов флуоресценции комплексов аналогов оливомицина A с карбоксильным и N,N-диметиламиноэтиламидным заместителями в боковой цепи агликона с ДНК.

Исходя из полученных зависимостей интенсивности флуоресценции (при λ =530 нм) от концентрации дцДНК (рисунок 7) определяли константы комплексообразования LCTA-1498 и LCTA-1599 с дцДНК по методу Скэтчарда (рисунок 8). Квантовые выходы флуоресценции комплексов LCTA-1599 и LCTA-1498 с дцДНК определяли методом сравнения со стандартом, как было сделано для LCTA-254. Полученные данные сведены в таблицу 3.

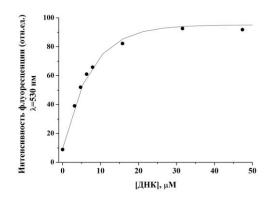


Рисунок 7. Зависимость интенсивности флуоресценции при 530 нм для LCTA-1599 от концентрации дцДНК.

Соединение	K _a (M ⁻¹)	Фкомпл (%)
LCTA-1599	$1,35\times10^5\pm1,6\times10^4$	2,0
LCTA-1498	$2,1\times10^4\pm1,24\times10^3$	1,9

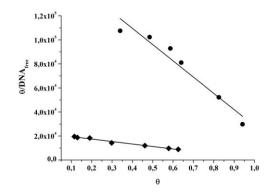


Рисунок 8. График Скэтчарда для LCTA-1498 (ромбы) и LCTA-1599 (круги) и дцДНК.

Таблица 3. Константы комплексообразования аналогов оливомицина А с карбоксильным и N,N-диметиламиноэтиламидным заместителями в боковой цепи агликона с дцДНК и квантовые выходы флуоресценции их комплексов с дцДНК.

Из данных таблицы 3 следует, что амидная группа в структуре LCTA-1599 облегчает встраивание лиганда в малую бороздку ДНК. Действительно, наличие N,N-диметиламиноэтиламидной группы увеличивает сродство LCTA-1599 к ДНК в 6,4 раза по

сравнению с LCTA-1498. Можно предположить, что резкое снижение K_a обусловлено наличием отрицательно заряженной при нейтральном рН карбоксильной группы, которая затрудняет комплексообразование антибиотика с ДНК, имеющей в своей структуре отрицательно заряженный сахарофосфатный остов, то есть электростатическим барьером. Важно отметить, что нивелирование отрицательно заряженной группы LCTA-1498 при переходе к амидной группе LCTA-1599 приводит к увеличению квантового выхода флуоресценции в комплексе с ДНК (таблица 3). В отсутствие электростатического барьера LCTA-1599, по-видимому, более прочно закреплен в малой бороздке ДНК, что уменьшает количество степеней свободы молекулы антибиотика, замедляя безызлучательные процессы. В свою очередь, это увеличивает $\Phi_{\text{компл}}$ и K_a . Немаловажным представляется тот факт, что LCTA-1599 за счет амидной группы представляет собой более гидрофобную молекулу, чем LCTA-1498. Это позволяет лиганду LCTA-1599 образовать более прочный комплекс с ДНК, что подтверждает доминирующую энтропийную природу данного взаимодействия. Потеря гидрофобности при переходе от амидной группы к карбоксильной существенным образом сказывается на K_a , уменьшая ее в 6,4 раза.

При сравнении K_a LCTA-1599 и LCTA-1498 с LCTA-254 видно, что K_a для первого и последнего соединений в ряду отличаются менее, чем в 2 раза, в то время как для LCTA-1498 и LCTA-254 K_a различаются более, чем в 10 раз. Несмотря на более гидрофобную амидную группу LCTA-1599, K_a этого антибиотика с ДНК в 2 раза меньше по сравнению с K_a для LCTA-254. Важную роль при комплексообразовании играет стерический фактор, так как объемный N,N-диметиламиноэтиламидный заместитель затрудняет взаимодействие LCTA-1599 с малой бороздкой ДНК. Наличие отрицательно заряженной карбоксильной группы в LCTA-1498 и вовсе снижает K_a в 10 раз.

Исходя из вышесказанного, можно заключить, что заместители в боковой цепи агликона играют важную роль в комплексообразовании с ДНК, а также влияют на $\Phi_{\text{компл}}$. Замена вицинальных гидроксилов LCTA-254 на карбоксильную группу в LCTA-1498 приводит к уменьшению K_a в 10 раз, в то время как амидирование карбоксильной группы на N,N-диметиламиноэтиламидную группу приводило к росту K_a в 6,4 раза.

Спектрально-кинетические характеристики комплексов оливомицина A с олигонуклеотидом Sp1/NFAT и его аналогами Sp1/NFAT-m1и Sp1/NFAT-m2.

Исследование комплексообразования оливомицина A с олигонуклеотидами Sp1/NFAT и его аналогами Sp1/NFAT-m1 и Sp1/NFAT-m2 методом кругового дихроизма Поглощение в области индуцированного КД в полосе LCTA-254 в присутствии олигонуклеотидов Sp1/NFAT, Sp1/NFAT-m1, Sp1/NFAT-m2 имеют положительный знак, что свидетельствует о комплексообразовании с олигонуклеотидами по малой бороздке. Поглощение в спектре индуцированного КД для комплекса LCTA-254 с олигонуклеотидом Sp1/NFAT в 3,5 раза выше по сравнению с амплитудой свободного лиганда. Поглощение КД комплексов LCTA-254 с олигонуклеотидами увеличиваются в ряду Sp1/NFAT-m2<Sp1/NFAT-m1<Sp1/NFAT при одинаковых условиях измерения (рисунок 9), что может говорить об увеличении взаимодействия между лигандом и спиральной структурой олигонуклеотида, т.к. более сильное взаимодействие между лигандом и мишенью вызывает больший сигнал индуцированного КД.

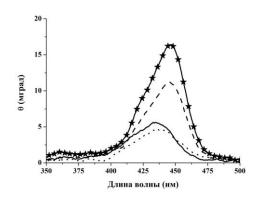


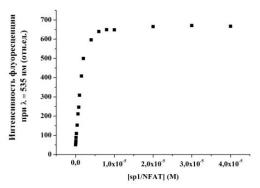
Рисунок 9. Спектры КД LCTA-254 (непрерывная линия) и комплексов LCTA-254 ([LCTA-254]= 1×10^{-5} М) с олигонуклеотидами Sp1/NFAT ([Sp1/NFAT]= 2×10^{-5} М) (черный со звездами), Sp1/NFAT-m1 ([Sp1/NFAT-m1]= 2×10^{-5} М) (пунктир), Sp1/NFAT-m2 ([Sp1/NFAT-m2]= 2×10^{-5} М) (точки)

Определение констант комплексообразования оливомицина A с олигонуклеотидом Sp1/NFAT и его аналогами Sp1/NFAT-m1 и Sp1/NFAT-m2

Последовательное увеличение концентрации олигонуклеотидов Sp1/NFAT, Sp1/NFAT-m1в растворе LCTA-254 приводило к увеличению интенсивности флуоресценции лиганда (λ_{ex} =425 нм; λ_{em} =470 нм и λ_{em} =535 нм) (рисунок 10). Изменения интенсивности спектров флуоресценции LCTA-254 при последовательном увеличении концентрации Sp1/NFAT-m2 не наблюдалось.

Исходя из кривых насыщения, были рассчитаны концентрации свободного и связанного антибиотика. Эти данные были преобразованы в координатах Скэтчарда (рисунок 11) в соответствии с уравнением Скэтчарда:

 $r/C_f = K_a \times (n-r)$, где $r = [LCTA-254]_b/[oligo]_t$ – соотношение концентрации связанного антибиотика на добавленную концентрацию олигонуклеотида; $C_f = [LCTA-254]_{free}$ - концентрация свободного (несвязанного) антибиотика; K_a – равновесная константа комплексообразования, n – стехиометрический коэффициент



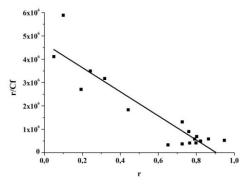


Рисунок 10. Зависимость интенсивности флуоресценции LCTA-254 (2 мкМ) (λ_{em} =535 nm) от концентрации олигонуклеотида Sp1/NFAT.

Рисунок 11. График Скэтчарда комплексообразования LCTA-254 и олигонуклеотида Sp1/NFAT.

Олигонуклеотиды Sp1/NFAT, Sp1/NFAT-m1, Sp1/NFAT-m2 отличаются друг от друга последовательностью пар оснований. Sp1/NFAT является самым GC-насыщенным, в то время как у Sp1/NFAT-m1 и Sp1/NFAT-m2 заменены отдельные G/C-основания на A/T, что сильно влияло на комплексообразование с LCTA-254. Исходя из данных стехиометрии, можно предположить, что в структуре олигонуклеотидов Sp1/NFAT и Sp1/NFAT-m1 имеется только один сайт связывания LCTA-254. Для системы олигонуклеотида Sp1/NFAT-m2 и LCTA-254 Ка, как и стехиометрию, определить не удалось из-за слабого изменения спектров флуоресценции. Так, в ряду олигонуклеотидов Sp1/NFAT-m1, Sp1/NFAT-m2 оливомицин А проявлял наибольшую аффинность к Sp1/NFAT ($\sim 5,16\times 10^6~{\rm M}^{-1}$), что может говорить о крайне высокой специфичности антибиотика к данной последовательности ДНК (Ка оливомицина А с дцДНК спермы лосося составляла лишь $2,35\times10^5$ M⁻¹). Нарушение состава GCнасыщенного участка в Sp1/NFAT-m1 по сравнению с Sp1/NFAT привело к существенному снижению K_a ($\sim 7.5 \times 10^5~{\rm M}^{-1}$), что почти на порядок меньше, чем для исходного олигонуклеотида Sp1/NFAT. Это согласуется с данными о высокой специфичности комплексообразования оливомицина A с олигонуклеотидом Sp1/NFAT. Дальнейшее изменение состава исходного олигонуклеотида Sp1/NFAT, как в Sp1/NFATm2, а именно, увеличение количества A/T оснований вместо G/C, привело к еще более существенному снижению Ка, которую рассчитать не удалось. По оценочным данным она составляет $\leq 2.5 \times 10^4 \,\mathrm{M}^{-1}$ (таблица 4).

Олигонуклеотид	$K_a (M^{-1})$	n		
Sp1/NFAT	$5,16\times10^6\pm5,6\times10^5$	0,9±0,03		
Sp1/NFAT-m1	7,5×10 ⁵ ±3×10 ⁵	0,94±0,165		
Sp1/NFAT-m2	≤2,5×10 ⁴	-		

Таблица 4. Параметры комплексообразования оливомицина A с олигонуклеотидами Sp1/NFAT, Sp1/NFAT-m1 и Sp1/NFAT-m2

Исследование комплексообразования оливомицина A с олигонуклеотидом Sp1/NFAT и его аналогами Sp1/NFAT-m1 и Sp1/NFAT-m2 методом остановленной струи с флуоресцентной детекцией.

Кинетика комплексообразования оливомицина A с олигонуклеотидами Sp1/NFAT, Sp1/NFAT-m1 регистрировалась по возгоранию флуоресценции LCTA-254 (при λ_{em} >450 и λ_{ex} =425 нм) в миллисекундном/секундном диапазоне. Из рисунков 12 и 13 видно, что исследуемый процесс аппроксимируется двумя временами релаксации, изменяющимися от концентрации олигонуклеотида (на примере Sp1/NFAT).

Наблюдаемые кинетические кривые можно объяснить механизмом двух последовательных реакций:

Оливомицин A + олигонуклеотид
$$\xleftarrow{k_{12}}$$
 комплекс I $\xleftarrow{k_{23}}$ комплекс II

Первая стадия процесса характеризуется быстрым временем релаксации, вторая – более медленным, и их можно связать следующей серией уравнений:

для первой стадии:
$$\frac{1}{\tau_1}=\lambda_1=k_{12}\cdot[oligo]+k_{21}\gg k_{23}+k_{32}\quad,\quad K_{eq1}=\frac{k_{12}}{k_{21}}$$
 для второй стадии:
$$\frac{1}{\tau_2}=\lambda_2=k_{32}+k_{23}\frac{K_{eq1}\cdot[oligo]}{K_{eq1}\cdot[oligo]+1}\quad K_{eq2}=\frac{k_{23}}{k_{32}}$$

В соответствии с серией уравнений зависимость обратного времени релаксации первой стадии процесса λ_1 представляет собой прямую. На рисунках 14 и 15 показана экспериментальная и аппроксимированная, исходя из серии уравнений, зависимость λ_1 и λ_2 от концентрации олигонуклеотида Sp1/NFAT. Константу комплексообразования рассчитывали с использованием уравнения:

$$K_{eq} = K_{eq1} \cdot (1 + K_{eq2})$$

Значения констант скоростей реакций и равновесных констант комплексообразования приведены в таблице 5.

Данные, полученные кинетическим методом, согласуются с результатами флуоресцентного титрования, что может говорить о верности предложенной кинетической схемы.

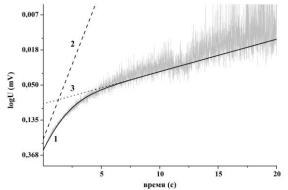


Рисунок 12. Представление кинетической кривой изменения интенсивности флуоресценции в логарифмическом масштабе (logU) комплекса оливомицина A (2 мкМ) с ионами магния (50 мМ) при связывании с олигонуклеотидом Sp1/NFAT (20 мкМ) в виде суммы двух экспонент U(t)=A1e- λ 1t+A2e- λ 2t: экспериментальная кривая U(t) (серый), аппроксимация экспериментальной кривой U(t) (1); экспонента A1e- λ 1t (2), экспонента A2e- λ 2t (3)

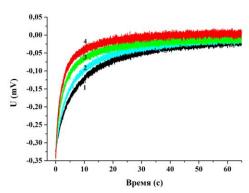


Рисунок 13. Кинетические кривые изменения интенсивности флуоресценции (U) комплекса оливомицина A (1 мкМ) с ионами магния (50 мМ) при связывании с олигонуклеотидом Sp1/NFAT (1: 4 мкМ, 2: 5 мкМ, 3: 10 мкМ, 4: 20 мкМ).

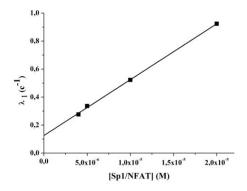


Рисунок 14. Зависимость обратного времени релаксации 1-й стадии $\lambda 1$ процесса комплексообразования оливомицина A с Sp1/NFAT в зависимости от концентрации Sp1/NFAT.

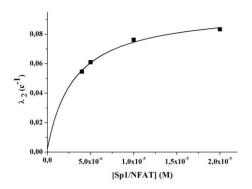


Рисунок 15. Зависимость обратного времени релаксации 2-й стадии $\lambda 2$ процесса комплексообразования оливомицина A с Sp1/NFAT в зависимости от концентрации Sp1/NFAT.

Таблица 5. Кинетические параметры комплексообразования оливомицина A с олигонуклеотидами Sp1/NFAT и Sp1/NFAT-m1.

	$k_{12}, M^{-1}c^{-1}$	$k_{2I},$ c^{-1}	K _{eq1} , M ⁻¹	k_{23}, c^{-1}	k_{32}, c^{-1}	$\mathbf{K}_{\mathrm{eq}2}$	K _{eq} , M ⁻¹
Sp1/NFAT	4×10 ⁴	0,13	3,08×10 ⁵	0,1	2,25×10 ⁻³	44,4	1,37×10 ⁷
Sp1/NFAT-m1	3,9×10 ³	0,17	2,3×10 ⁴	0,12	2,3×10 ⁻²	5,2	1,2×10 ⁵

Анализ кинетических кривых позволяет сделать вывод о том, что механизм комплексообразования оливомицина А с олигонуклеотидами Sp1/NFAT, Sp1/NFAT-m1 хорошо аппроксимируется моделью двух последовательных реакций: одной быстрой и второй - более медленной. Модель рассматривает образование промежуточного комплекса (комплекс I) на первой стадии процесса с последующей его перестройкой в более стабильный комплекс (комплекс II) на второй стадии. Каждая стадия зависит от состава олигонуклеотида. В связи с этим, первая стадия, вероятно, характеризует взаимодействие сахарных цепей антибиотика с основаниями олигонуклеотидов, а вторая, более медленная — встраивание хромофора антибиотика в узкую бороздку олигонуклеотидов. Константы скоростей реакций оливомицина А с олигонуклеотидом Sp1/NFAT в среднем на порядок выше таковых для Sp1/NFAT-m1, что подтверждает данные о высокой специфичности данного взаимодействия. Константы равновесия, полученные на основе кинетических данных, согласуются с константами, полученными методом флуоресцентного титрования, что свидетельствует, по-видимому, в пользу предложенной кинетической модели.

Физико-химические характеристики взаимодействия оливомицина A с жидкокристаллической дисперсией на основе ДНК.

Исследование изменения структуры холестерической жидкокристаллической дисперсии на основе диДНК под действием оливомицина А методом кругового дихроизма

Важно отметить, что полоса КД при длине волны около 270 нм для ДНК, конденсированной в холестерическую форму, может быть на несколько порядков более интенсивной (psi-полоса), нежели для линейной дцДНК, что делает данную систему крайне привлекательной для изучения методом КД.

Как показано на рисунках 16 и 17, при увеличении концентрации оливомицина А изменяется интенсивность psi-полосы хжкд-ДНК, в то время как в диапазоне длин волн поглощения LCTA-254 появились две полосы отрицательного и положительного знаков при 380 нм и 425 нм, соответственно.

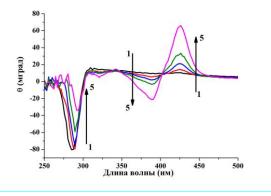


Рисунок 16. Спектры КД хжкд-ДНК 3×10^{-5} М п.о. при увеличивающихся концентрациях оливомицина А: 1 (черный) – 0 М; 2 (красный) – 1,6×10-5 М; 3 (синий) – 2,4×10-5 М; 4 (зеленый) – 4,8×10-5 М; 5 (фиолетовый) – 1,04×10-4 М.

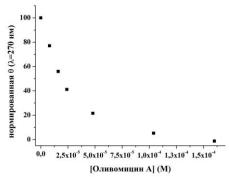


Рисунок 17. Зависимость нормализованной амплитуды спектров КД (λ =270 нм) хжкд-ДНК 3×10^{-5} М п.о. от концентрации добавленного оливомицина A.

При достижении концентрации $1,6 \times 10^{-4}$ М антибиотика аномальная полоса дальнего порядка хжкд-ДНК практически исчезает (рисунок 17), что может говорить о переходе холестерической упаковки жидко-кристаллической структуры в нематическую.

Эффект был подробно изучен с применением известного интеркалятора тиазолового оранжевого (ТО) (метод «внешнего» хромофора). Интеркалятор ТО использован в качестве метки для мониторинга состояния высокоорганизованной структуры на основе ДНК. Изменение амплитуды полосы при λ =270 нм, связанной с поглощением азотистых оснований ДНК, и при λ =510 нм, характерной для индуцированного КД ТО, в зависимости от концентрации оливомицина А представлены на рисунках 19 и 20. Важно отметить схожий характер концентрационных зависимостей амплитуд спектров КД при обеих длинах волн. Аномальная рзі-полоса хжкд-ДНК на длине волны азотистых оснований практически полностью исчезает при концентрации оливомицина А, равной 1×10^{-4} М. В то же время при увеличении концентрации антибиотика резко сокращается амплитуда спектров индуцированного КД контрольной молекулы ТО, что подтверждает эффект изменения структуры хжкд-ДНК.

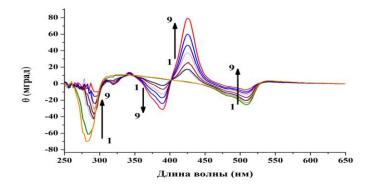
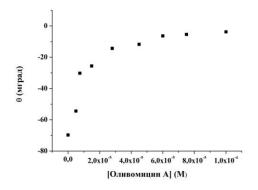


Рисунок 18. Спектры КД комплекса ТО 1,5×10⁻⁵ с хжкд-ДНК 3×10⁻⁵ М п.о. при увеличивающихся концентрациях оливомицина А (от 0 до 1×10⁻⁴ М).



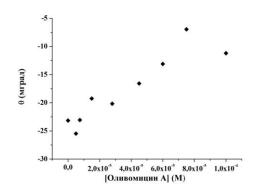


Рисунок 19. Зависимость значения амплитуд спектров КД комплекса красителя ТО $1,5\times10^{-5}$ М с хжкд-ДНК 3×10^{-5} М п.о. на длине волны хжкд-ДНК 270 нм от концентрации оливомицина А.

Рисунок 20. Зависимость значения амплитуд спектров КД комплекса красителя ТО $1,5 \times 10^{-5}$ М с хжкд-ДНК 3×10^{-5} М п.о. на длине волны красителя ТО 510 нм от концентрации оливомицина А.

Данные, полученные методом КД, указывают на комплексообразование олиовомицина А с хжкд-ДНК. По-видимому, взаимодействие оливомицина А со сверхконденсированной ДНК приводит лишь к нематизации слоев в структуре хжкд-ДНК, но не нарушает или слабо дезорганизует вторичную структуру ДНК в составе квазинематических слоёв. Это предположение также подтверждается тем фактом, что в диапазоне концентраций оливомицина А, при которых ряі-полоса хжкд-ДНК почти не проявлялась, амплитуда полосы индуцированного КД ТО сравнима с амплитудой индуцированного КД комплекса ТО с дцДНК.

В соответствии с теорией, вклад взаимодействия между цепочками поперечных диполей строго зависит от расстояния между полярными или заряженными группами молекул, образующих комплексы с хжкд-ДНК. Таким образом, находясь на коротком расстоянии друг от друга, заряженные группы молекул, расположенных на ДНК в виде поперечных диполей, обеспечивают значительный вклад общий потенциал взаимодействия хиральных молекул. Данный вклад может быть достаточным, для того ноль или инвертировать закрутку хжкд-ДНК, превращая, чтобы обратить В холестерический жидкий кристалл в нематический, а затем нематический жидкий кристалл в холестерический, но с обратной первоначальному состоянию закруткой. Такая ситуация может быть реализована при высоких концентрациях антибиотика, связанного с хжкд-ДНК, когда уровни заполнения хжкд-ДНК оливомицином А достаточны для обеспечения малых расстояний между полярными группами антибиотика в цепочке поперечных диполей. Объяснением эффекта инвертирования полосы дальнего порядка хжкд-ДНК под действием оливомицина А может служить наличие в составе В-оливомозы антибиотика метокси-группы с высокой полярностью, что позволяет выстроить спираль диполей на цепочке дцДНК в составе хжкд-ДНК.

выводы

- 1. Оливомицин А (LCTA-254) имеет наибольшую константу комплексообразования с ДНК и квантовый выход в комплексе с ДНК по сравнению с другими его производными, несущими различные ацильные заместители в составе А-олиозы и Е-оливомикозы, что объясняется наиболее высокой гидрофобностью LCTA-254. Частичное или полное деацилирование LCTA-254 и LCTA-1721 с получением новых производных LCTA-1840 и LCTA-1839 привело к снижению гидрофобности молекул и, как следствие, к утрате способности образовывать комплексы с ДНК.
- 2. Производное LCTA-1498, содержащее карбоксильную группу в боковой цепи агликона, обладает на порядок меньшей константой комплексообразования с ДНК по сравнению с его N,N-диметиламиноэтиламидом, LCTA-1599, в связи с меньшей гидрофобностью первого и электростатическим барьером между отрицательно заряженными карбоксильной группой лиганда и сахарофосфатным остовом ДНК.
- 3. Оливомицин А проявляет высокое сродство и специфичность к сайту связывания транскрипционного фактора Sp1 в составе олигонуклеотидов. Константа комплексообразования этого антибиотика с олигонуклеотидом Sp1/NFAT на два порядка выше, чем с дцДНК, а замена GC-оснований на AT в структуре дуплекса Sp1/NFAT приводит к существенному уменьшению константы комплексообразования оливомицина A с модифицированными олигонуклеотидами.
- 4. Установлен кинетический механизм взаимодействия оливомицина A с олигонуклеотидом Sp1/NFAT и его модифицированными аналогами. Согласно предложенной модели процесс комплексообразования оливомицина A с олигонуклеотидом Sp1/NFAT и его аналогами состоит из двух последовательных реакций. Константы скоростей реакций комплексообразования резко изменяются в зависимости от состава олигонуклеотидов.
- 5. Взаимодействие оливомицина A с холестерической жидкокристаллической дисперсией на основе ДНК приводит к нарушению холестерической структуры дисперсии, связанному с переходом дисперсии из холестерической формы в нематическую.

СПИСОК ПУБЛИКАЦИЙ ПО ТЕМЕ ДИССЕРТАЦИИ

 Tevyashova, A. N. Modification of olivomycin A at the side chain of the aglycon yields the derivative with perspective antitumor characteristics / A. N. Tevyashova, A. A. Shtil, E. N. Olsufyeva, Y. N. Luzikov, M. I. Reznikova, L. G. Dezhenkova, E. B. Isakova, V. M.

- Bukhman, N. A. Durandin, A. M. Vinogradov, V. A. Kuzmin, M. N. Preobrazhenskaya // Bioorg. Med. Chem. 2011. V. 19. Issue 24. P.7387–7393.
- Tevyashova, A. N. Role of the acyl groups in carbohydrate chains in cytotoxic properties of olivomycin A / A. N. Tevyashova, N. A. Durandin, A. M. Vinogradov, V. B. Zbarsky, M. I. Reznikova, L. G. Dezhenkova, E. E. Bykov, E. N. Olsufyeva, V. A. Kuzmin, A. A. Shtil, M. N. Preobrazhenskaya // J. Antibiot. (Tokyo). 2013. V. 66 Issue 9. P.523–530.
- 3. Durandin, N. Inhibition of c-Myc transcription by olivomycin a involves preferential drug binding to NFAT/ Sp1 promoter site / N. Durandin, A. Vinogradov, A. Shtil, V. Kuzmin // FEBS journal. 2013. V. 280. P.86–87.
- Durandin, N. On The Road To Olivomycin A-based Antitumor Therapeutics: A Novel Modification Of The Aglycone Side Chain / N. Durandin, A. Tevyashova, A. Vinogradov, E. Olsufieva, V. Bukhman, A. Shtil, M. Preobrazhenskaya, V. Kuzmin // Book of abstracts of «Anticancer Agents Research Congress», Antalya, 2011. - C. 112
- 5. Штиль А. А. Разработка противоопухолевых препаратов нового поколения на основе аналогов ауреоловой кислоты и исследование физико-химических свойств их комплексов с ДНК / А. А. Штиль, А. Н. Тевяшова, Н. А. Дурандин, А. М. Виноградов, Е. Н. Олсуфьева, М. Н. Преображенская, В. А. Кузьмин // Сборник тезисов докладов на конференциях и семинарах по научным направлениям Программы фундаментальных исследований Президиума РАН «Фундаментальные науки медицине», Москва. М.: «Слово», 2011. С. 113-115
- 6. Дурандин Н. А. Противоопухолевая терапия на основе Оливомицина А: Новая модификация боковой цепи агликона / Н. А. Дурандин, А. Н. Тевяшова, А. М. Виноградов, Е. Н. Олсуфьева, В. М. Бухман, А. А. Штиль, М. Н. Преображенская, В. А. Кузьмин // Сборник научных трудов XI Ежегодной международной молодежной конференции ИБХФ РАН-ВУЗЫ, ИБХФ, Москва. М.: РУДН, 2012. С. 126-127
- Durandin N. A role of acyl substituents in drug:DNA complex formation and antitumor properties of novel olivomycin A derivatives / N. Durandin, A. Vinogradov, A. Tevyashova, E. Olsufyeva, E. Bykov, L. Dezhenkova, A. Shtil, M. Preobrazhenskaya, V. Kuzmin // Book of abstracts of 1st International conference on Fluorescent Biomolecules and their Building Blocks Design and Applications (FB3). Gothenburg: Chalmers University of Technology, 2012. P. 93
- 8. Durandin N. DNA complex formation of Olivomycin A derivatives and furodihydroquinolines: Drug-DNA Binding for Medicinal Therapies / N. Durandin,

- A. Vinogradov, O. Lygo, A. Tevyashova, E. Khodot, A. Shtil, M. Preobrazhenskaya, T. Nekipelova, V. Kuzmin // Book of abstracts of 4th Photochemistry Summer School 2012 on «Photochemistry, Fundamentals and Applications» (Wijk aan Zee). Amsterdam: University of Amsterdam, 2012. P. 47
- 9. Durandin N. A. Role of the acyl groups in carbohydrate chains in biological properties of olivomycin A and its analogs / Durandin N. A., Tevyashova A. N., Vinogradov A. M., Olsufyeva E. N., Shtil A. A., Preobrazhenskaya M. N., Kuzmin V. A. // Сборник научных трудов XII Ежегодной международной молодежной конференции ИБХФ РАН-ВУЗЫ, ИБХФ, Москва. М.: РУДН, 2012. С. 54-58