



БИООРГАНИЧЕСКАЯ ХИМИЯ

том 10 * № 7 * 1984

УДК 547.963.32'953.2:543.422.25

ДНК-ФОСФОЛИПИДНОЕ ВЗАИМОДЕЙСТВИЕ. ИССЛЕДОВАНИЕ МЕТОДОМ ^{31}P -ЯМР

Викторов А. В., Грепачевский А. А., Бергельсон Л. Д.*

Всесоюзный кардиологический научный центр
Академии медицинских наук СССР, Москва;

* Институт биоорганической химии им. М. М. Шемякина
Академии наук СССР, Москва

Методом ^{31}P -ЯМР изучены комплексы ДНК фага T7 с различными фосфолипидами при молярном отношении фосфолипид – нуклеотид (1 : 2). Используя тионовый аналог фосфатидилхолина, удалось оценить вклад фосфолипидов и ДНК в спектр ^{31}P -ЯМР комплекса. Найдено, что взаимодействие фосфолипидов с ДНК приводит к частичной иммобилизации молекулы ДНК и к полной иммобилизации фосфатных групп молекул фосфолипидов. Иммобилизующая способность фосфолипидов зависит от их структуры, увеличиваясь в ряду: фосфатидилхолин – фосфатидилэтаноламин < < сфингомиелин < тройная смесь фосфатидилхолин – фосфатидилэтаноламин – сфингомиелини. Полученные данные свидетельствуют о неэквивалентности связывания ДНК с различными классами фосфолипидов.

В последние годы появились данные, свидетельствующие о способности фосфолипидов вступать во взаимодействие с ДНК с образованием смешанных агрегатов или комплексов [1–3]. Показано, что для такого взаимодействия необходимо присутствие двухвалентных катионов [3]. Однако природа ДНК-фосфолипидного взаимодействия и его зависимость от структуры фосфолипидов остаются неясными. В настоящей работе для изучения этих вопросов впервые применен метод ^{31}P -ЯМР. При этом основная трудность интерпретации спектров ^{31}P -ЯМР состоит во взаимном перекрывании сигналов от ядер ^{31}P фосфолипидов и ДНК. Поэтому для разделения этих сигналов мы использовали паряду с природными фосфолипидами – ФХ, ФЭ и СМ – тионовый аналог ФХ, для которого сигнал фосфорного резонанса смещеен на 59 м.д. в сторону слабого поля относительно ^{31}P -резонанса природных фосфолипидов [4].

Разбавленные водные растворы ДНК фага T7 характеризуются узким сигналом ^{31}P -ЯМР ($\Delta\nu_{\text{v}} \approx 400$ –450 Гц, рис. 1а), что указывает либо на существование внутримолекулярных движений фосфатных групп с большой амплитудой в наносекундном интервале [5–7], либо на быструю реориентацию всей молекулы ДНК с временем вращательной корреляции порядка 10^{-6} с [8]. Напротив, фосфолипиды в воде при температуре выше фазового перехода самоизвольно образуют крупные агрегаты, спектры ^{31}P -ЯМР которых в условиях, когда можно пренебречь диполь-дипольным взаимодействием ядер фосфора с соседними протонами (см. «Экспериментальную часть»), характеризуются относительно широкими сигналами с анизотропией химического сдвига ~ 40 м.д. со слабопольным плечом в случае ФХ и СМ и с сильнопольным плечом (~ 20 м.д.) в случае ФЭ [9, 10].

Из рис. 1б–д видно, что в спектрах смесей ДНК – фосфолипид (2:1) * характер ^{31}P -ЯМР-сигнала существенно меняется по сравнению со спектрами индивидуальных компонентов: появляется очень широкая составляющая (ширина вблизи базовой линии ≈ 120 м.д.) и наложенный на нее узкий сигнал ($\Delta\nu_{\text{v}} \approx 450$ –500 Гц). Подобные широкие сигналы характерны для сильно иммобилизованных фосфатных групп и напоминают сигна-

* Приятые сокращения: ФХ – фосфатидилхолин, ФЭ – фосфатидилэтаноламин, СМ – сфингомиелин, ТФХ – тионовый аналог фосфатидилхолина, ФЛ – фосфолипид.

** Здесь и далее отношение ДНК – ФЛ указано в молях нуклеотида на моль фосфолипида.

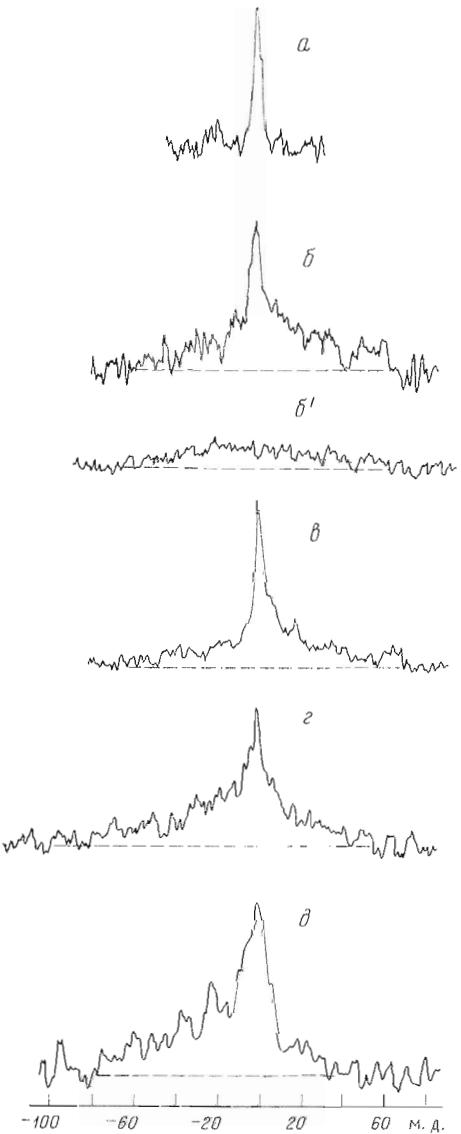


Рис. 1

Рис. 1. Спектры ^{31}P -ЯМР [101,3 МГц] комплексов ДНК – ФХ: *a* – ДНК, водный раствор (0,35 мг/мл); *б* – ДНК – ФХ, 2 : 1; *б'* – ДНК – ФХ после добавления Mn^{2+} (2 мМ); *в* – ДНК – ФЭ, 2 : 1; *г* – ДНК – СМ, 2 : 1; *д* – ДНК – ФЛ, 2 : 1 (ФЛ : ФХ – ФЭ – СМ, 4 : 4 : 1)

Рис. 2. Спектры ^{31}P -ЯМР (101,3 МГц) комплексов ДНК – ТФХ: *а* – ДНК – ТФХ, 2 : 1; *б* – ДНК – ТФХ, 1 : 1; *б'* – ДНК – ТФХ, 1 : 1, после добавления Mn^{2+} (2 мМ); *в* – ДНК – ТФХ, 1 : 2

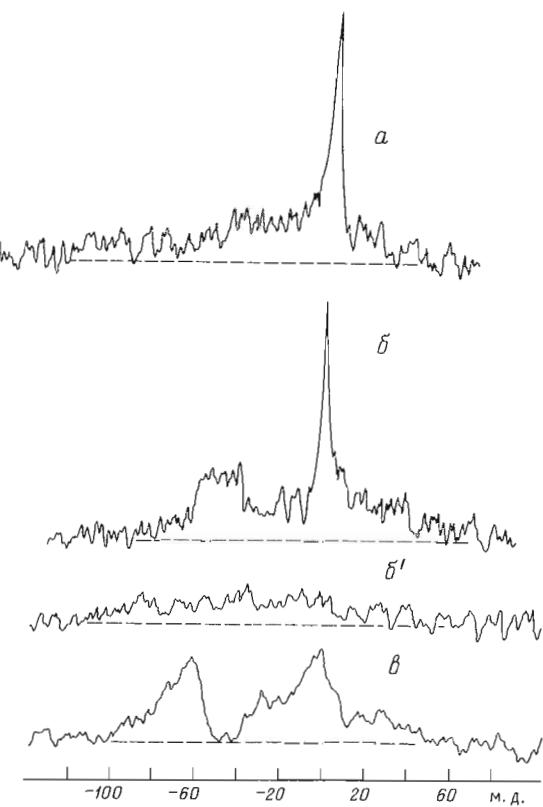


Рис. 2

лы от ядер твердых тел в так называемых порошкообразных спектрах. Приведенные в литературе значения главных компонентов тензора анизотропии химического сдвига ДНК и ФЛ близки между собой*, поэтому эти спектры не позволяют определить вклад ДНК и ФЛ в широкую составляющую сигнала. Полуширина же узкого сигнала близка к полуширине, наблюдаваемой в разбавленном растворе ДНК без липидов. На этом основании можно предположить, что узкий сигнал, вероятно, принадлежит ^{31}P -ядрам ДНК.

Для проверки этого предположения мы заменили природный ФХ на ТФХ. Если часть ядер ФЛ дает в спектре комплекса ДНК – ФЛ узкий сигнал, то в случае ТФХ он должен появляться в области ~ 59 м.д. в слабом поле относительно сигнала ортофосфата. Однако это не так, т. е. для соотношения ДНК – ТФХ 2 : 1 все молекулы ТФХ сильно иммобилизованы, а узкий сигнал ~ 0 м.д. принадлежит фосфатам ДНК (рис. 2а). Интересно, что увеличение количества ТФХ в комплексе ДНК – ТФХ (рис. 2б, в) приводит к появлению в спектре в области 60 м.д. широкого

* Так, для ФХ: $\delta_{11} = -87$, $\delta_{22} = -25$, $\delta_{33} = 119$ м. д. [11]; для ФЭ: $\delta_{11} = -81$, $\delta_{22} = -20$, $\delta_{33} = 105$ м. д. [11]; для ТФХ: $\delta_{11} = -123$, $\delta_{22} = -96$, $\delta_{33} = 54$ м. д. [4]; для ДНК: $\delta_{11} = -85$, $\delta_{22} = -25$, $\delta_{33} = 109$ м. д. [8].

Доля иммобилизованных фосфатных групп ДНК и ФЛ в комплексах
ДНК – ФЛ, рассчитанная по данным спектров ^{31}P -ЯМР
Относительная погрешность приведенных значений 20–25%

Образец	Доля широкого сигнала (доля иммобилизованных фосфатов), % от суммарного сигнала (широкий + узкий)	
	ДНК + липид	ДНК
ДНК	0	0
ДНК – ФХ, 2 : 1	55	30
ДНК – ФЭ, 2 : 1	55	30
ДНК – СМ, 2 : 1	75	60
ДНК – ФЛ, 2 : 1 (ФЛ : ФХ – ФЭ – СМ, 4 : 4 : 1)	80	70
Липид	ДНК	
ДНК – ТФХ, 2 : 1	100	35
ДНК – ТФХ, 1 : 1	80	60
ДНК – ТФХ, 1 : 2	60	80

анизотропного сигнала, свойственного молекулам ТФХ, образующим протяженные бислой [4].

Доля широкого сигнала в спектрах ^{31}P -ЯМР рассчитывалась следующим образом: сравнение интегральной интенсивности всего наблюдаемого в спектре сигнала с сигналом от внешнего стандарта показало, что в спектре регистрируется ~90% всех фосфатных групп ФЛ и ДНК. Далее предположили, что при соотношении ДНК – ФЛ 2 : 1 ядра ^{31}P молекул ФЛ не вносят вклад в интенсивность узкого сигнала (это предположение основано на отсутствии узкого сигнала в спектре смеси ДНК – ТФХ 2 : 1). Что же касается широкого сигнала, то в него, по-видимому, вносят вклад ядра ^{31}P не только ФЛ, но и ДНК. Действительно, если бы были иммобилизованы только фосфаты ФЛ, то, принимая во внимание взятое отношение фосфатов ДНК и ФЛ (2 : 1), интенсивность широкого компонента должна была бы составлять не более $\frac{1}{3}$ интенсивности суммарного сигнала. Поскольку наблюдаемая доля широкого компонента существенно больше, то, очевидно, часть фосфатов ДНК тоже иммобилизована (таблица). Доля иммобилизованных фосфатов ДНК довольно сильно возрастает при введении в систему СМ (рис. 1г).

Для оценки доступности фосфатных групп в комплексе ДНК – ФЛ со стороны водной фазы были измерены спектры ^{31}P -ЯМР смесей ДНК – ФЛ и ДНК – ТФХ в присутствии парамагнитных ионов Mn^{2+} , которые в концентрации 1–2 мМ уширяют сигнал ^{31}P -ЯМР от фосфатов ФЛ до слияния с базовой линией [12].

Добавление в «наружный» раствор ионов Mn^{2+} вызывает полное уширение узкого сигнала и, кроме того, части широкого; в результате интенсивность остаточного сигнала составляет ~ $\frac{1}{3}$ исходного суммарного (рис. 1б'). Однако в данном случае невозможно установить, уширяются ли ионами Mn^{2+} сигналы фосфатов ФЛ или ДНК. С этой целью аналогичный анализ широкого и узкого сигналов был проведен и для смесей ДНК – ТФХ (таблица). На первом этапе от очень широкого сигнала сильно иммобилизованных фосфатов были отделены узкий изотропный сигнал в области 0 м.д., обусловленный резонансом неиммобилизованных фосфатов ДНК, и более широкий в области 60 м.д., происходящий от ядер ^{31}P молекул ТФХ, имеющих ламеллярную упаковку. Далее было проведено разделение очень широкого сигнала на ФЛ- и ДНК-составляющие, основанное на форме сигнала и значениях главных компонентов тензора магнитной анизотропии химического сдвига, полученных ранее для «пороткообразных спектров» ТФХ и ДНК [4, 7]. Отношение интенсивностей сигналов ТФХ и ДНК после окончательного разделения соответствовало исходному молярному отношению ДНК – ТФХ. Добавление ионов Mn^{2+} к смеси ДНК – ТФХ (1 : 1) индуцирует полное уширение узкого сигнала

ДНК и широкого анизотропного сигнала от молекул ТФХ, образующих ламелярную фазу. При этом значительно усиливается сигнал от иммобилизованных молекул ДНК и в гораздо меньшей степени сигнал от иммобилизованных молекул ТФХ (рис. 2б').

Таким образом, максимальная иммобилизация ДНК обнаруживается в комплексе ДНК с тройной смесью ФХ – ФЭ – СМ (рис. 1д) и в комплексе с СМ (рис. 1г). Кроме того, увеличение количества ТФХ в комплексе ДНК – ТФХ также приводит к возрастанию доли иммобилизованных фосфатных групп ДНК.

На основании полученных данных можно предположить, что во взаимодействии ДНК с ФЛ участвуют фосфатные группы ФЛ, которые при этом становятся менее доступными для ионов Mn^{2+} . С другой стороны, наблюдаемая при действии ФЛ иммобилизация фосфатных групп ДНК обусловлена, вероятно, иммобилизацией самих фосфатных групп, а всей молекулы ДНК или отдельных ее участков, поскольку фосфатные группы даже иммобилизованных участков ДНК сохраняют способность взаимодействовать с ионами Mn^{2+} . Представляется маловероятным, чтобы фосфатные группы ДНК могли непосредственно участвовать во взаимодействии с ФЛ, становясь при этом, с одной стороны, иммобилизованными, а с другой – оставаясь доступными для парамагнитных катионов. Предлагаемая интерпретация полученных данных находится в согласии с предположением, что узкий сигнал в спектрах ^{31}P -ЯМР разбавленных водных растворов ДНК, в данном случае ДНК фага T7, обусловлен, скорее, быстрыми конформационными переходами всей молекулы ДНК, чем внутримолекулярной подвижностью отдельных фосфатных групп [8].

Следует заметить, что термин «иммобилизованные фосфатные группы» в приложении к ДНК-липидным комплексам не подразумевает полной иммобилизации, так как слабо- и сильноизменяющие границы широкого сигнала заметно отличаются от главных компонентов δ_{11} и δ_{33} тензора магнитной анизотропии химического сдвига (рис. 1б–г).

Сравнение различных фосфолипидов по их способности иммобилизовать ДНК в комплексе ДНК–ФЛ (2:1) (таблица) показывает, что наибольшим иммобилизующим эффектом обладает СМ, затем следуют ФХ и ФЭ. Однако тройная смесь этих липидов иммобилизует молекулы ДНК в большей степени, чем каждый из компонентов отдельно. В этом случае даже «неиммобилизованные» участки молекулы ДНК имеют ограниченную подвижность по сравнению со свободной ДНК, о чем свидетельствует увеличение полуширины узкого сигнала до 800 Гц в случае тройной смеси ФЛ по сравнению с 400–500 Гц в образцах, содержащих один из индивидуальных ФЛ. Эти различия свидетельствуют о неэквивалентности связывания ДНК с различными классами ФЛ.

Экспериментальная часть

ДНК фага T7 выделяли по методу [13], ФХ и ФЭ – согласно методу [14], СМ – как описано в [15], а дипальмитоил–ТФХ был синтезирован по методу [4]. Для приготовления комплексов ДНК – ФЛ в буферную смесь (2 мл: трис-НCl, pH 7,5, 0,02 М + 5 мМ $CaCl_2$ + 700 мкг ДНК фага T7; H_2O/D_2O , 2:1) при интенсивном встряхивании добавляли этанольный раствор липидов (конечная концентрация этаполя 7%).

Спектры ^{31}P -ЯМР получены на импульсном фурье-спектрометре Bruker WM-250 (ФРГ) на частоте 101,3 МГц; ширина развертки 50 КГц. Обычно использовали $\pi/6$ -импульс с задержкой между импульсами 3 с. Спады свободной индукции регистрировались ЭВМ (8 К ячеек памяти). Число сканирований варьировало от 25 000 до 60 000. Температуру контролировали стандартным температурным блоком В-УТ 1000 (Bruker, ФРГ) с точностью $\pm 1^\circ C$.

Форма линий «порошкообразных спектров» полностью гидратированных ФЛ определяется анизотропией химического сдвига ядер ^{31}P и диполь-дипольным взаимодействием ядер ^{31}P с расположенным поблизости протонами [9]. Ранее было показано, что для спектрометров ЯМР с вы-

сокой напряженностью магнитного поля (частота 129 МГц для ядер ^{31}P) анизотропная составляющая доминирует над дипольной и типичные «порошкообразные спектры» для аксиально-симметричного тензора анизотропии химического сдвига могут быть получены даже в отсутствие подавления дипольного взаимодействия с протонами [9, 16–18]. Однако для более точного выявления формы анизотропного сигнала и особенно его краев (σ_{\parallel} и σ_{\perp}) применяется частичное или полное подавление дипольного взаимодействия с протонами. На нашем спектрометре ЯМР (частота 101,3 МГц для ядер ^{31}P) для получения спектра с более резким разрешением краев сигнала оказалось достаточным частичное подавление диполь-дипольного взаимодействия ядер ^1H – ^{31}P при широкомолосной развязке от протонов (≈ 7 Вт).

Полученная интерферограмма перед преобразованием Фурье экспоненциально фильтровалась, что приводило к уширению линий в спектре на 100 Гц.

ЛИТЕРАТУРА

1. Manzoli F. A., Muchmore J. H., Bonora B., Capitani S., Bartoli S. Biochim. et biophys. acta, 1974, v. 340, № 1, p. 1–15.
2. Hoefman R. M., Margolis L. B., Bergelson L. D. FEBS Lett., 1978, v. 93, № 2, p. 11–15.
3. Gruzdev A. D., Khramtsov V. V., Weiner L. M., Budker V. G. FEBS Lett., 1982, v. 137, № 2, p. 227–230.
4. Vasilenko I. A., de Kruijff B., Verkleij A. J. Biochim. et biophys. acta, 1982, v. 685, № 2, p. 144–152.
5. Hogan M. E., Jardetzky O. Proc. Nat. Acad. Sci. USA, 1979, v. 76, № 21, p. 6341–6347.
6. Hogan M. E., Jardetzky O. Biochemistry, 1980, v. 19, № 11, p. 3460–3465.
7. Lipari P. G., Szabo A. Biochemistry, 1981, v. 20, № 21, p. 6250–6256.
8. Opella S. J., Wise W. B., Diverdi J. A. Biochemistry, 1981, v. 20, № 2, p. 284–290.
9. Seelig J. Biochim. et biophys. acta, 1978, v. 575, № 2, p. 105–140.
10. Cullis P. R., de Kruijff B. Biochim. et biophys. acta, 1979, v. 559, № 3, p. 399–420.
11. Kohler S. J., Klein M. P. Biochemistry, 1977, v. 16, № 3, p. 519–526.
12. Bergelson L. D. Meth. Membr. Biol., 1977, v. 9, № 3, p. 265–326.
13. Friedman J. A. J. Biol. Chem., 1972, v. 247, № 9, p. 35–42.
14. Dowson R. M. C. Biochemistry, 1963, v. 88, № 4, p. 414–423.
15. Hanaman D. J. Biochem. Preparations, 1961, v. 8, № 1, p. 121–124.
16. McLaughlin A. C., Cullis P. R., Hemminga M. A., Hoult D. I., Radda G. K., Ritchie G. A., Seeley P. J., Richards R. E. FEBS Lett., 1975, v. 57, № 2, p. 213–218.
17. Cullis P. R., de Kruijff B., Richards R. E. Biochim. et biophys. acta, 1976, v. 426, № 3, p. 426–433.
18. McLaughlin A. C., Cullis P. R., Berden J. A., Richards R. E. J. Magn. Res., 1975, v. 20, № 2, p. 146–166.

Поступила в редакцию

15.XII.1983

После доработки

26.I.1984

DNA-PHOSPHOLIPID INTERACTION. ^{31}P NMR INVESTIGATION

VIKTOROV A. V., GREPACHEVSKY A. A., BERGELSON L. D.*

All-Union Cardiology Research Center, Academy of Medical Sciences
of the USSR, Moscow;* M. M. Shemyakin Institute of Bioorganic Chemistry,
Academy of Sciences of the USSR, Moscow

The phage T7 DNA complexes with various phospholipids (PL) were studied by ^{31}P NMR at PL/nucleotide molar ratio of 2:1. Using a phosphatidylcholine thion analogue, the contributions of PL and DNA into the ^{31}P NMR spectrum of the complex were estimated. It was found that PL – DNA interaction results in partial immobilization of DNA molecule and complete immobilization of PL phosphate groups. Immobilizing ability of PL depends on their structure, increasing in the following row: phosphatidylcholine – phosphatidylethanolamine < sphingomyelin \leq ternary mixture of these PL. The data obtained are indicative of nonequivalent binding of DNA with various PL species.