



# БИООРГАНИЧЕСКАЯ ХИМИЯ

том 10 \* № 9 \* 1984

УДК 577.152.141\*3'134:577.112.4

## ИДЕНТИФИКАЦИЯ АМИНОКИСЛОТНОГО ОСТАТКА ГЛУТАМАТДЕГИДРОГЕНАЗЫ, МОДИФИЦИРУЕМОГО 2,2,6,6-ТЕТРАМЕТИЛ-4-ОКСОПИРЕИДИН-1-ОКСИЛОМ. ИЗУЧЕНИЕ ХАРАКТЕРА ИНАКТИВАЦИИ КАТАЛИТИЧЕСКИ АКТИВНОГО ОЛИГОМЕРА ФЕРМЕНТА ПРИ МОДИФИКАЦИИ

Агаджанян С. А., Арутюнян А. А., Карабашян Л. В.

Институт экспериментальной биологии Академии наук АрмССР, Ереван

Показано, что иминоксильный радикал — 2,2,6,6-тетраметил-4-оксопиперидин-1-оксид селективно блокирует  $\epsilon$ -аминогруппу остатка Lys-126 глутаматдегидрогеназы (*L*-глутамат NAD(P)-оксидоредуктазы, КФ 1.4.1.3) печени крупного рогатого скота. Блокирование  $\epsilon$ -аминогруппы остатка Lys-126 одного из протомеров каталитически активного гексамиера приводит к потере около половины ферментативной активности. Сопутствующая модификация инактивации фермента носит кооперативный характер.

Каталитически активная единица глутаматдегидрогеназы представляет собой гексамер, состоящий из протомеров с идентичной аминокислотной последовательностью [1, 2]. Каждый из этих протомеров содержит 33 остатка лизина [2]. Два из них, остатки Lys-27 и Lys-126, локализованы в области активного центра фермента. Остаток Lys-27 модифицируется глиоксалем и, по-видимому, принимает участие в связывании субстрата [3, 4]. Остаток Lys-126 модифицируется целым рядом реагентов: N(N'-ацетил-4-сульфамоилфенил) малеимидом [5], цианатом [6], 4-иодацетамидосалицилатом [7], *L*-глутамил- $\alpha$ -хлорметилкетоном [8], пиридоксальфосфатом [9–14]. Поскольку модификация остатка Lys-126 сопровождается полной инактивацией фермента, предполагается, что этот остаток принимает участие либо в связывании субстратов, либо непосредственно в катализе [14].

Ранее [15, 16] было показано, что TMPO образует восстанавливаемое борогидридом натрия основание Шиффа с одним из лизиновых остатков, который расположен в области активного центра глутаматдегидрогеназы. При этом было отмечено, что глутаматдегидрогеназа, модифицированная TMPO, по ряду свойств близка к глутаматдегидрогеназе, модифицированной пиридоксальфосфатом [16].

Цель настоящего сообщения заключается в идентификации аминокислотного остатка глутаматдегидрогеназы, модифицируемого TMPO, и изучении характера инактивации фермента вследствие его модификации.

Для получения в индивидуальном виде пептидов, содержащих модифицированные спиновой меткой аминокислотные остатки, кислоторасторимую фракцию протеолитического гидролизата (TMPO)-глутаматдегидрогеназы подвергали гель-хроматографии на колонке с сефадексом G-25 «superfine». Как видно из рис. 1, практически весь пептидный материал, содержащий остаток TMPO, элюируется с колонки единственным пиком. Фракции, обладающие сигналом ЭПР (на рисунке выделены), объединяли и после упаривания подвергали высоковольтному препаративному электрофорезу на бумаге при pH 5.5. Зону электрофореграммы, обладающую не менее 95% интенсивности сигнала ЭПР нанесенного об-

Принятые сокращения: TMPO — 2,2,6,6-тетраметил-4-оксопиперидин-1-оксид; (TMPO)-глутаматдегидрогеназа — глутаматдегидрогеназа, модифицированная TMPO; (*P*-Рху)-глутаматдегидрогеназа — глутаматдегидрогеназа, модифицированная пиридоксальфосфатом; (*P*-Рху, TMPO)-глутаматдегидрогеназа — (TMPO)-глутаматдегидрогеназа, модифицированная пиридоксальфосфатом.

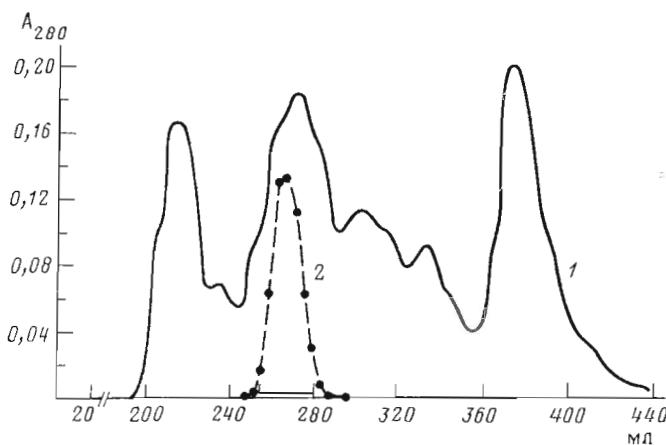


Рис. 1. Гель-хроматография протеолизата (TMPO)-глутаматдегидрогеназы на колонке с сефадексом G-25. 1 — поглощение, 2 — относительная интенсивность сигнала ЭПР

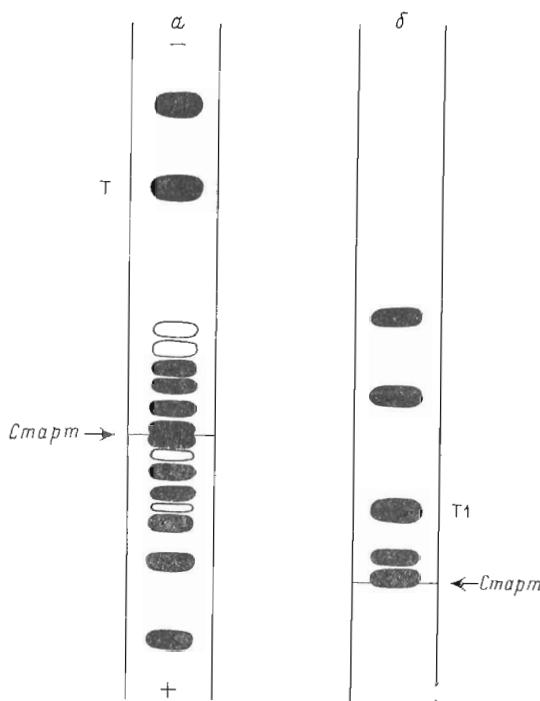


Рис. 2. Очистка фракций гидролизата (TMPO)-глутаматдегидрогеназы, обладающих сигналом ЭПР (256–280 мл, рис. 1), высоковольтным электрофорезом на бумаге (а) и далее зоны Т хроматографией на бумаге (б). Т1 — пептидное пятно, обладающее сигналом ЭПР. Светлыми пятнами обозначены миорные пептидные компоненты

разца (Т, рис. 2а), элюировали с бумаги и дочищали хроматографией на бумаге. Таким образом, из гидролизата (TMPO)-глутаматдегидрогеназы был выделен единственный пептид (Т1, рис. 2б), содержащий аминокислотный остаток, модифицированный спиновой меткой. Для пептида определен аминокислотный состав (по отношению к Val): Val — 1,0, Ala — 2,1, Gly — 2,7, Lys — 1,2 и спин-меченое производное Lys. Аминокислотная последовательность N-концевого фрагмента и аминокислотный состав этого пептида — Gly-Gly-Ala-(Lys\*, Ala, Gly, Val, Lys) — позволяют иден-

\* Спин-меченое производное Lys.

тифицировать его как фрагмент 123–130 первичной структуры глутаматдегидрогеназы печени быка: Gly-Gly-Ala-Lys-Ala-Gly-<sup>123</sup>-Val-Lys-<sup>130</sup>- [2]. Поскольку кислоторастворимая фракция триптического гидролизата (ТМРО)-глутаматдегидрогеназы содержала 90–95 % спиновой метки (см. «Экспериментальную часть»), следует заключить, что ТМРО селективно блокирует ε-аминогруппу остатка Lys-126.

Данные по изучению влияния модификации остатка Lys-126 *L*-глутамил-α-хлорметилкетоном [8] и пиридоксальфосфатом [13] на ферментативную активность глутаматдегидрогеназы свидетельствуют о том, что инактивация, сопутствующая модификации, является нелинейной функцией количества модифицированных протомеров каталитически активного гексамиера. Так, модификация лишь одного из шести протомеров этими реагентами приводит к потере около половины ферментативной активности. Для выяснения характера инактивации глутаматдегидрогеназы, в результате блокирования ε-аминогруппы остатка Lys-126 ТМРО, была оценена мольная доля спиновой метки в образцах (ТМРО)-глутаматдегидрогеназ, обладающих 54 и 30 % остаточной активности соответственно. Согласно полученным данным, каждый моль протомеров данных производных фермента содержит соответственно 0,16–0,18 и 0,32–0,38 моль остатка ТМРО. Иначе говоря, модификация в среднем одного протомера приводит к потере половины активности гексамиера глутаматдегидрогеназы, а 70 % инактивация достигается при модификации в среднем около двух протомеров. Поскольку этот эффект, который классифицируется как эффект отрицательной кооперативности, вызывают такие различные по структуре соединения, как ТМРО, *L*-глутамил-α-хлорметилкетон и пиридоксальфосфат, можно предположить, что он скорее всего является следствием блокирования ε-аминогруппы остатка Lys-126 и не связан с взаимодействием остатка модифицирующего реагента с белковой глобулой.

Свидетельство о нелинейном характере инактивации глутаматдегидрогеназы было получено и ранее [16] при сравнении интенсивностей флуоресценции фосфорилированных остатков (*P*-Рху, ТМРО)- и (*P*-Рху)-глутаматдегидрогеназ. Эти производные были получены в аналогичных условиях путем модификации пиридоксальфосфатом (ТМРО)-глутаматдегидрогеназы, обладающей 30 % остаточной активности, и нативной глутаматдегидрогеназы соответственно. Ввиду незначительного различия интенсивностей флуоресценции было ошибочно допущено, что пиридоксальфосфат и ТМРО не конкурируют за центр связывания и взаимодействуют с различными лизиновыми остатками глутаматдегидрогеназы. Однако, учитывая результаты настоящей работы о селективной модификации остатка Lys-126 со стороны ТМРО, данные о незначительном различии интенсивностей флуоресценции [16] могут быть интерпретированы как следствие кооперативной инактивации фермента. Принимая во внимание, что каждый моль протомеров (ТМРО)-глутаматдегидрогеназы, обладающей 30 % остаточной активности, содержит 0,32–0,38 моль остатка ТМРО, мы провели оценку ожидаемого значения отношения флуоресценции фосфорилированных остатков (*P*-Рху, ТМРО)- и (*P*-Рху)-глутаматдегидрогеназ. Учитывая, что пиридоксальфосфат кроме остатка Lys-126 модифицирует также остаток Lys-333 [13], ожидаемое значение отношения флуоресценций должно быть 0,81–0,84. Полученное нами экспериментальное значение отношения флуоресценций составляет 0,85, что хорошо согласуется с ожидаемой величиной этого отношения при учете нелинейного характера инактивации гексамиеров глутаматдегидрогеназы в результате блокирования ε-аминогруппы остатка Lys-126.

Следует заметить, что полученные результаты, несмотря на удовлетворительное согласие с данными по инактивации глутаматдегидрогеназы *L*-глутамил-α-хлорметилкетоном [8] и пиридоксальфосфатом [13], противоречат данным [15], согласно которым инактивация фермента при модификации ТМРО является линейной функцией мольной доли спиновой метки в модифицированном белке. Причины несоответствия этих результатов вряд ли могут быть определены однозначно на основе имею-

### Очистка глутаматдегидрогеназы из печени быка

Стадии очистки	Объем, мл	Концентрация белка, мг/мл	Удельная активность, ед./мг	Степень очистки	Выход по активности, %
Надосадочная фракция гомогената (100 000g)	800	37,5	0,29	1	100
Осаждение 30% $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$	800	6,5	1,45	5	87
Осаждение 50% $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$	100	18,0	3,63	12,5	75
Хроматография на DEAE-сепадексе A-50	180	2,4	11,9	41	60
Хроматография на GTP-сепарозе 4B	200	0,55	38,0	131	48

щихся в настоящее время экспериментальных данных. Однако, поскольку эти противоречавшие результаты получены в близких экспериментальных условиях, можно допустить, что они обусловлены тонкими различиями использованных образцов глутаматдегидрогеназ. Вероятно, что при определенных условиях имеет место нарушение связей между активными центрами гексамиера глутаматдегидрогеназы, не затрагивающее сами центры. В таком случае может наблюдаться исчезновение кооперативных эффектов и поведение олигомерного фермента должно описываться моделью с невзаимодействующими активными центрами.

### Экспериментальная часть

В работе использованы NADH,  $\alpha$ -кетоглутаровая кислота, GTP, пиридоксальфосфат, дитиотрейт,  $\gamma$ -метиловый эфир L-глутаминовой кислоты, дансилхлорид (Sigma, США), ТМРО (Reanal, Венгрия), NaBH<sub>4</sub>, дважды кристаллизованный трипсин, трижды кристаллизованный химотрипсин (Koch-Light Laboratories Ltd, Англия), полиамидные пленки (Schleicher und Schüll, ФРГ).

*Глутаматдегидрогеназу из печени крупного рогатого скота* получали следующим методом: 150 г печени гомогенизировали в двухкратном объеме 0,1 М калий-фосфатного буфера, pH 7,2, гомогенизатором типа «Политрон». Объем гомогената доводили до 900 мл, используя тот же буфер, и центрифугировали при 100 000g. Далее для очистки фермента использовали методы фракционирования сульфатом аммония и ионообменной хроматографии на колонке с DEAE-сепадексом A-50 (4×40 см), уравновешенным 0,01 М калий-фосфатным буфером, pH 7,2. Элюцию фермента проводили, используя линейный градиент 0,12–0,25 М KCl в том же буфере. Характеристики фермента после каждого этапа очистки приведены в таблице. Для дальнейшей очистки глутаматдегидрогеназы использовали метод аффинной хроматографии на колонке сепарозы 4B, модифицированной GTP (2,5×3 см). Сепарозу 4B модифицировали согласно методу, описанному ранее [17]. Фермент элюировали KCl (градиент 0,01–0,40 М) в 0,01 М калий-фосфатном буфере, pH 7,2. Удельная активность полученного образца глутаматдегидрогеназы составляла 38 ед./мг белка, что практически совпадает с удельной активностью гомогенного препарата глутаматдегидрогеназы (40 ед./мг белка) [17].

*(TMPO)-глутаматдегидрогеназа.* 30 мг глутаматдегидрогеназы в 3 мл 0,1 М калий-фосфатного буфера, pH 8,0, смешивали с 3 мл 0,3 М ТМРО в том же буфере и инкубировали 30 мин при 20° С. Затем в реакционную смесь добавляли 10-кратный по отношению к ТМРО мольный избыток NABH<sub>4</sub>. Этую и последующие процедуры проводили при 4° С. Через 15 мин объем доводили до 60 мл добавлением 0,2 М калий-фосфатного буфера, pH 6,0, и раствор концентрировали на аппарате «Amicon», используя мембранный PM-30, до конечного объема 3 мл. Остатки непрореагировавших низкомолекулярных компонентов реакции удаляли гель-хроматографией на колонке с сепадексом G-25 (2,5×40 см), уравновешенным 0,1 М калий-фосфатным буфером, pH 7,8. Элюцию

проводили тем же буфером. Полученный образец фермента обладал 30% остаточной активностью и характерным для (ТМРО)-глутаматдегидрогеназы сигналом ЭПР [16]. Для получения образца (ТМРО)-глутаматдегидрогеназы, обладающей 54% остаточной активностью, концентрация ТМРО при инкубации с ферментом составляла 0,08 М.

(P-Pxy)-глутаматдегидрогеназу получали следующим методом: 10 мг глутаматдегидрогеназы растворяли в 2 мл 0,5 мМ раствора пиридоксальфосфата в 0,1 М калий-фосфатном буфере, pH 7,5, и инкубировали 60 мин при 20°С без доступа света. Затем в реакционную смесь добавляли небольшими порциями NaBH<sub>4</sub> до исчезновения желтой окраски. Далее для удаления тизкомолекулярных компонентов реакции использовали процедуры, описанные при получении (ТМРО)-глутаматдегидрогеназы. Полученный образец обладал 7% остаточной активностью и содержал 2,1 моль фосфопиридоксильного остатка в расчете на 1 моль протомеров глутаматдегидрогеназы ( $M_r$  55 393 [2]).

В тех же условиях проводили модификацию (ТМРО)-глутаматдегидрогеназы пиридоксальфосфатом. Полученный образец (P-Pxy, ТМРО)-глутаматдегидрогеназы обладал 5% остаточной активностью и содержал 1,74 моль фосфопиридоксильного остатка в расчете на 1 моль протомеров фермента.

*Протеолитический гидролиз (ТМРО)-глутаматдегидрогеназы.* Смесь, содержащую 20 мг (ТМРО)-глутаматдегидрогеназы и трипсин (соотношение трипсин — белок 1 : 35), инкубировали при 37°С в 20 мл 0,1 М калий-фосфатного буфера, pH 7,5, содержащего 1 мМ дитиотрейт. Для контроля выхода в кислоторастворимую фракцию гидролизата пептидов, включающих в себя остаток ТМРО, через каждые 30 мин из инкубационной смеси отбирали пробы по 0,3 мл. После титрования отобранных проб до pH 2,0 разбавленной хлорной кислотой осадок удаляли центрифугированием, pH кислоторастворимой фракции доводили 0,1 М KOH до 7,5 и оценивали в ней относительное содержание остатка ТМРО, измеряя интенсивность сигнала ЭПР при температуре жидкого азота. Через 60 мин инкубации, когда кислоторастворимая фракция гидролизата содержала 50–60% общего количества спиновой метки (ТМРО)-глутаматдегидрогеназы, в инкубационную смесь добавляли новую порцию трипсина в соотношении трипсин — белок 1 : 20 по отношению к начальному количеству белка. По достижении 90–95% содержания остатка ТМРО в кислоторастворимой фракции гидролизата (через 90 мин после начала инкубации) триптический гидролиз останавливали, понизив pH инкубационной смеси до 2,0 добавлением хлорной кислоты. Нерастворимые компоненты удаляли центрифугированием, а надосадочную фракцию титровали 0,1 М KOH до pH 7,5. Образовавшуюся при этом нерастворимую соль (KClO<sub>4</sub>) удаляли центрифугированием. Для дальнейшего гидролиза пептидного материала к полученному гидролизату добавляли химотрипсин (соотношение химотрипсии — белок 1 : 100 в расчете к первоначальному количеству белка) и инкубировали 15 ч при 20°С. Полученный гидролизат после упаривания на роторном испарителе растворяли в 4 мл 0,1 М аммоний-бикарбонатного буфера, pH 8,3, наносили на колонку (2,5×120 см) с сефадексом G-25, «superfine», уравновешенным тем же буфером, собирали фракции по 4 мл (рис. 1).

Концентрацию белков определяли спектрофотометрически, принимая коэффициент поглощения для (ТМРО)-глутаматдегидрогеназы равным коэффициенту поглощения глутаматдегидрогеназы  $E_{280}$  0,97 (см·мг/мл)<sup>-1</sup> [18], для (P-Pxy, ТМРО)-глутаматдегидрогеназы — равным коэффициенту поглощения (P-Pxy)-глутаматдегидрогеназы  $E_{280}$  1,25 (см·мг/мл)<sup>-1</sup> при pH 7,5 [12]. Мольное содержание фосфопиридоксильного остатка в модифицированных производных глутаматдегидрогеназы определяли, используя молярный коэффициент поглощения  $\epsilon_{325}$  9700 М<sup>-1</sup>·см<sup>-1</sup>, при pH 7,0 [9].

Активность глутаматдегидрогеназы определяли согласно методу, описанному ранее [16]. Интенсивности флуоресценции фосфопиридок-

сильных производных глутаматдегидрогеназы измеряли при 410 нм (возбуждение при 325 нм) на спектрофлуориметре Perkin — Elmer (США).

Спектры ЭПР снимали на радиоспектрометре Varian E-9 (США) в стандартной кварцевой кювете E-248. Мощность СВЧ- поля 20 мВт, амплитуда модуляции 2 Э. В зависимости от поставленной задачи количество спиральной метки определяли методом двойного интегрирования спектра ЭПР с предварительным накоплением сигнала с помощью компьютера Hewlett Packard, используя стандартную программу E-900, либо по интенсивности сигнала ЭПР при температуре 77 К в условиях, описанных ранее [16].

Высоковольтный препаративный электрофорез пептидов проводили в течение 50 мин на бумаге Whatman 3ММ длиной 50 см, используя пиридин-ацетатный буфер, pH 5,5, при 60 В/см, хроматографию на бумаге — в системе растворителей *n*-бутанол — уксусная кислота — вода (3 : 3 : 1).

Аминокислотный состав определяли данисильным методом [19], N-концевую последовательность аминокислот — данисильным вариантом метода Эдмана [20]. Интенсивности флуоресценции пятен Dns-аминокислот измеряли на спектрофлуориметре Farrand Optical Co. Inc. (США), оборудованном сканирующей приставкой.

Авторы выражают благодарность сотруднице лаборатории физико-химических исследований Института экспериментальной кардиологии ВКИЦ АМН СССР Н. В. Медведевой за помощь в съемке и обработке спектров ЭПР.

#### ЛИТЕРАТУРА

1. Reisler E., Pouyet J., Eisenberg H. Biochemistry, 1970, v. 9, № 15, p. 3095—3102.
2. Moon K., Smith E. L. J. Biol. Chem., 1973, v. 248, № 9, p. 3082—3088.
3. Deppert W., Hucho F., Sund H. Eur. J. Biochem., 1973, v. 32, № 1, p. 76—82.
4. Rasched I., Jörnwall H., Sund H. Eur. J. Biochem., 1974, v. 41, № 3, p. 603—606.
5. Holbrook J. J., Jackel R. Biochem. J., 1969, v. 111, № 5, p. 689—694.
6. Veronese F. M., Piszkiewicz D., Smith E. L. J. Biol. Chem., 1972, v. 247, № 3, p. 754—759.
7. Holbrook J. J., Roberts P. A., Wallis R. B. Biochem. J., 1973, v. 133, № 4, p. 165—171.
8. Rasool Ch. G., Nicolaidis S., Akhtar M. Biochem. J., 1976, v. 157, № 3, p. 675—686.
9. Anderson B. M., Anderson C. D., Churchich J. E. Biochemistry, 1966, v. 5, № 9, p. 2893—2900.
10. Piszkiewicz D., Landon M., Smith E. L. J. Biol. Chem., 1970, v. 245, № 10, p. 2622—2626.
11. Goldin B. R., Frieden C. J. Biol. Chem., 1972, v. 247, № 7, p. 2139—2144.
12. Brown A., Culver J. M., Fisher H. F. Biochemistry, 1973, v. 12, № 22, p. 4367—4373.
13. Talbot J.-C., Gros C., Cosson M.-P., Pantaloni D. Biochim. et biophys. acta, 1977, v. 494, № 1, p. 19—32.
14. Chen S.-S., Engel P. C. Biochem. J., 1975, v. 147, № 2, p. 351—358.
15. Andree P. J., Zantema A. Biochemistry, 1978, v. 17, № 5, p. 778—783.
16. Агаджанян С. А., Погосян А. А., Карабашян Л. В. Молекулярн. биология, 1982, т. 16, № 2, с. 345—351.
17. McCarthy A.-D., Walker J. M., Tipton K. F. Biochem. J., 1980, v. 191, № 2, p. 605—611.
18. Olson J. A., Anfinsen C. B. J. Biol. Chem., 1952, v. 197, № 1, p. 67—79.
19. Арутюнян А. А., Северин Е. С., Баршавский Я. М. Биохимия, 1975, т. 40, № 4, с. 878—884.
20. Gray W. R., Hartley B. S. Biochem. J., 1963, v. 89, № 1, p. 59.

Поступила в редакцию  
22.XII.1983

#### IDENTIFICATION OF AMINO ACID RESIDUE MODIFIED BY 2,2,6,6-TETRAMETHYL-4-OXO-PIPERIDINE-1-OXYL

IN GLUTAMATE DEHYDROGENASE. INVESTIGATION OF THE INACTIVATION  
CHARACTER OF CATALYTICALLY ACTIVE OLIGOMER DURING MODIFICATION

AGADZHANYAN S. A., ARUTUNIAN A. A., KARABASHYAN L. V.

Institute of Experimental Biology, Academy of Sciences  
of the Armenian SSR, Yerevan

It has been shown that 2,2,6,6-tetramethyl-4-oxo-piperidine-1-oxyl selectively blocks ε-amino group of Lys<sup>126</sup> residue in bovine liver glutamate dehydrogenase (*L*-glutamate NAD(P) oxydoreductase, EC 1.4.1.3). Modification of this residue in one of the six protomers of catalytically active hexamer is accompanied by the loss of about half of the enzymatic activity. The enzyme inactivation caused by modification has a cooperative character.