

УДК 577.3

КОМПЬЮТЕРНОЕ МОДЕЛИРОВАНИЕ ГИДРАТАЦИИ ФРАГМЕНТОВ РАЗЛИЧНЫХ СТРУКТУРНЫХ ФОРМ ПОЛИРИБОАДЕНИЛОВОЙ КИСЛОТЫ

А.В. Шестопалова

Інститут радіофізики і електроніки ім. А.Я. Усикова НАНУ, ул. Акад. Проскури, 12, Харків, 61085

e-mail: shestop@ire.kharkov.ua

Поступила в редакцию 8 сентября 2006 г.

Методом Монте Карло выполнено моделирование взаимодействия фрагментов нейтральной однозепочечной и протонированной двухзепочечной спиральных форм полиривоадениловой кислоты (polyrA) с водным окружением. Получены энергетические и структурные характеристики и определены схемы гидратации изученных структурных компонентов polyrA. Проведено сравнение с экспериментальными результатами и показано, что дополнительная стабилизация одно- и двухзепочечных спиральных форм polyrA может осуществляться в результате образования упорядоченной структуры воды в гидратном окружении polyrA.

КЛЮЧЕВЫЕ СЛОВА: метод Монте Карло, полиривоадениловая кислота, протонирование, гидратация

Гомополимеры (олиго- и полинуклеотиды) - удобные модели для изучения различных упорядоченных форм нуклеиновых кислот. В то же время они являются частью природных ДНК и РНК. Например, участки полиривоадениловой кислоты polyrA длиной до 200 нуклеотидов обнаружены в молекулах полидисперской ядерной РНК и информационных РНК у многих вирусов и в клетках животных [1,2], входят в состав высококонсервативных участков ВИЧ [3]. Богатые цитидином центромерные и теломерные последовательности ДНК и РНК могут образовывать *in vitro* тетрамерные структуры, которые получили название *i*-мотивов [4,5]. Эти структуры состоят из двух параллельных дуплексов, которые интегрированы друг в друга во взаимно противоположных направлениях. Каждый из дуплексов содержит полупротонированные пары цитозинов. В растворе, в отличие от природных нуклеиновых кислот, синтетические гомополимеры могут существовать в виде различных структурных форм в зависимости от внешних условий - pH, температуры, ионной силы, присутствия лиганда и образуют устойчивые одно- и мультизепочечные структуры. Так, полиривоцитидиловая (polyrC) и полиривоадениловая (polyrA) кислоты при нейтральных pH образуют однозепочечные, а при pH ~ 4 - двухзепочечные спиральные структуры [6]. Стабилизация спиральных гомополинуклеотидов осуществляется за счет дисперсионных, или вертикальных стэкинг-взаимодействий, и в результате образования внутримолекулярных межзепочечных и внутризепочечных водородных связей. Существенную роль в формировании упорядоченных спиральных структур гомополинуклеотидов играет и водное окружение [7,8]. Методами ИК-спектроскопии, пьезогравиметрии и КВЧ-диэлектрометрии [9,10] было проведено исследование структуры и гидратации polyrC в условиях увлажненных пленок и в растворах при разных pH. На основе экспериментальных данных предложены модели гидратного окружения нейтральной и полупротонированной форм polyrC, предполагающие стабилизацию спиральных структур водными мостиками и водными цепочками. Модели подтверждены и уточнены результатами расчетов взаимодействия с водным окружением спиральных олигоривоцитидилов (однозепочечного тетрануклеотида и дуплекса полупротонированного тетрануклеотида), выполненных методом Монте Карло [10,11].

Аналогичные экспериментальные исследования были выполнены для polyrA. Методами ИК-спектроскопии и пьезогравиметрии в увлажненных пленках [12,13] и КВЧ-диэлектрометрии в растворах [14] было получено, что степень гидратации однозепочечной спиральной polyrA составляет 10-12 (± 1) молекул воды на нуклеотид. Ранее [15] было показано, что гидратация аденоzinмонофосфата (АМФ) равна 10-11 молекул воды, из которых 4-5 образуют водородные связи с донорно-акцепторными группами аденина, 1-2 связаны с рибозой и 4 - 5 - с атомами кислорода фосфатной группы [16]. Поэтому можно считать, что гидратация АМФ и polyrA имеет сходный характер и осуществляется на одних и тех же центрах, которыми являются атомы N1, N3, N7 и аминогруппа N6H₂ аденина, а также атомы кислорода сахафосфатного остова [14]. Степень гидратации двухзепочечной polyrA меньше на 3-4 молекулы, чем у односпирального полинуклеотида, и равна 7-8 молекулам воды на нуклеотид. Это значение намного меньше степени гидратации двуспиральной ДНК, которая составляет 19 - 20 молекул воды на нуклеотид [7]. В отличие от ДНК дополнительного связывания молекул воды, обусловленного формированием двойной спирали, в случае polyrA не наблюдается. Вероятно, малая величина гидратации двухзепочечного спирального комплекса polyrA обусловлена особенностями его структуры. Согласно рентгеноструктурным данным, почти все гидратноактивные центры аденина участвуют в образовании межтяжевых водородных связей. Так, аминогруппа аденина одной цепи связана водородной связью с атомом N7 аденина и с одним

атомом кислорода фосфатной группы противоположной цепи, а связанный с атомом N1 протон может участвовать в образовании водородной связи со вторым атомом кислорода фосфатной группы [6].

Поэтому для более полного описания гидратации одно- и двуспиральной форм *polyrA* в настоящей работе методом Монте Карло выполнено компьютерное моделирование систем, содержащих фрагменты одно- и двуспиральных структур *polyrA* в водных кластерах и проведено сравнение с данными ИК-спектроскопических, пьезогравиметрических и диэлектрометрических исследований. Анализ всей совокупности данных позволил предложить молекулярную модель гидратного окружения *polyrA*, стабилизирующего упорядоченные спиральные структуры *polyrA*.

ОБЪЕКТЫ И МЕТОД ИССЛЕДОВАНИЯ

Целью данной работы было изучение гидратации гексануклеотидов нейтрального аденина в одноцепочечной спиральной форме *polyrA* и дуплексов гексануклеотида протонированного аденина в двухцепочечной спиральной форме *polyr(AH-AH)*. Для описания этих процессов на молекулярном уровне необходимо получить энергетические и структурные характеристики систем, содержащих изучаемые соединения и молекулы растворителя. Поэтому нами использовался компьютерный метод Монте Карло, позволяющий получить такие характеристики, а также мгновенные картины, необходимые при построении моделей гидратного окружения исследуемых молекул. Применение метода Монте Карло для изучения гидратации биомолекул с использованием алгоритма Метрополиса [17] подробно описано в работах [18-20].

Конформация односпиральной *polyrA*, полученная на основе данных рентгеноструктурного анализа, соответствует А-форме РНК со стандартной C_{3'-эндо} конформацией сахара, содержит 9 нуклеотидов на виток, высота которого равна 25,4 Å, расстояния между нуклеотидами вдоль оси спирали составляет 2.82 Å, а наклон оснований к оси спирали ~ 24° [21]. Значения семи основных торсионных углов аденоzin-монофосфата, являющегося мономером односпиральной *polyrA*, близки к значениям этих углов у А-РНК (Табл.1). Основания находятся в анти-конформации и уложены параллельно друг над другом. Используя эти данные, с помощью программы молекулярного моделирования HyperChemPro7.01 нами была построена пространственная модель гексануклеотида одноцепочечной *polyrA* (рис.1).

Таблица 1. Значения торсионных углов для односпиральной *polyrA* и А-формы РНК [6].

| Системы | Углы | α | β | γ | δ | ε | ζ | χ |
|---------------|------|----------|---------|----------|----------|---------------|---------|--------|
| <i>polyrA</i> | | -64 | 154 | 53 | 83 | -145 | -70 | -160 |
| A-РНК | | -68 | 178 | 54 | 82 | -153 | -71 | -158 |

Выбор гексануклеотида как фрагмента упорядоченных структур *polyrA* обусловлен тем, что формирование стабильной одно- или двухцепочечной спиральных структур *polyrA*, согласно данным исследования олигомеров полиривадениловой кислоты с помощью кругового диэроизма, начинается с зародыша порядка 6 пар нуклеотидов [6].

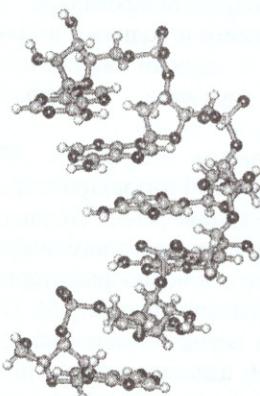


Рис.1. Односпиральная *polyrA*.

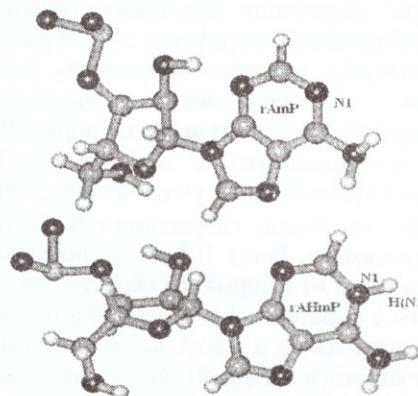


Рис.2. Нейтральный и протонированный *rAMP*

При pH ~ 4 остатки аденина протонируются по положению N1 (рис.2) и образуют водородносвязанную пару (рис.3). Происходит агрегация цепочек с образованием двойной спирали

Компьютерное моделирование гидратации...

poly(rAH-rAH), которая сохраняет структуру двойной спирали в водном растворе и при осаждении на холоде и вытягивании в волокна [22,23].

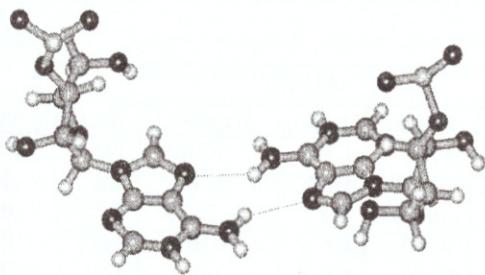


Рис.3. Водородносвязанная пара протонированных *rAHМФ*

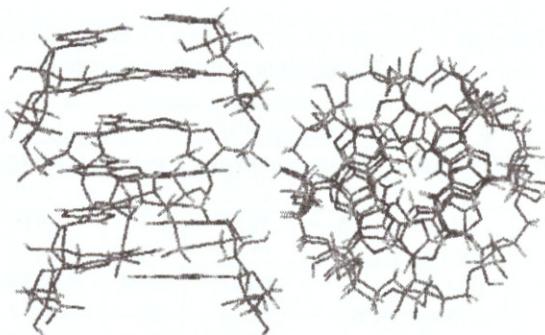


Рис.4. Две проекции двусpirальной протонированной *polyr(AH-AH)*.

Rich and oth. [24] по рентгеновской дифракции на волокнах *polyrA* предложили двусpirальную структуру *polyr(AH-AH)*, у которой ось симметрии второго порядка совпадает с осью спирали и поэтому имеет место параллельная ориентация цепей. Шаг спирали составляет 30,4 \AA с 8 парами оснований на виток и расстоянием между ними 3,8 \AA , углом спирального вращения 45° и углом наклона пары 10°. Но точные данные о пространственной структуре (координаты атомов, торсионные углы) из-за размытости рефлексов на рентгенограмме волокон получить не удалось. Нами с помощью программы молекулярного моделирования HyperChemPro7.1 и последующим уточнением координат атомов методом Монте Карло (оптимизация геометрии двусpirальной *polyr(AH-AH)*) была построена модель гексануклеотида двойной спирали с параллельными цепями, принадлежащая к А-семейству (рис.4).

Для решения стоящей перед нами задачи - определения роли воды в стабилизации структурных компонентов *polyrA* - мы изучали фиксированные конформации гексануклеотида *polyrA* и его дуплекса. В действительности, для корректного расчета энергетических характеристик рассматриваемых нами систем необходимо проводить полный конформационный анализ, который требует определения минимума конформационной энергии по многим параметрам. Ранее при изучении взаимодействия *polyrC* с водой методом Монте Карло [10,11] нами было показано, что можно ограничиться моделированием фиксированных конфигураций фрагментов одно- и двусpirальных полинуклеотидов, поскольку сравнение результатов, полученных для водородносвязанной пары нейтрального и протонированного цитозина и динуклеозидмонофосфата цитозина (самых простых структурных компонентов одно- и двусpirальной формы *polyrC*) с фиксированной и изменяющейся геометрией, введение конформационной энергии в расчет энергетических характеристик в рамках нашей задачи не имеет существенного значения.

Поэтому при изучении гидратации двух упорядоченных форм *polyrA* мы ограничились изучением гидратации нейтрального (*rAMF*) и протонированного (*rAHМФ*) аденоzinмонофосфатов, чтобы оценить влияние протонирования на гидратацию, и водородносвязанной пары *rAHМФ* (*rAHМФ...rAHМФ*) с фиксированной и изменяющейся геометрией. Конформации нуклеотидов - аденоzinмонофосфатов в нейтральной и протонированной форме - соответствуют данным рентгеноструктурного анализа о структуре односпиральной *polyrA*, которая принадлежит к А-семейству со стандартной C₃-эндо конформацией сахара [6]. Конфигурация водородносвязанной пары *rAHМФ...rAHМФ* (Рис.3) соответствует конфигурации нуклеозидмонофосфатов противоположных цепей двойной спирали протонированной *polyr(AH-AH)*, у которой ось симметрии второго порядка совпадает с осью спирали и поэтому имеет место параллельная ориентация цепей [6]. В случае водородносвязанной пары с изменяющейся геометрией два *rAHМФ* смешались друг относительно друга в рамках алгоритма Метрополиса [17], тогда как конформации сахарофосфатного остова, длины связей и величины валентных углов в процессе расчета не изменялись.

В расчетах исследуемое соединение и 800 молекул воды помещались в центр сферы с жесткими отражательными стенками. Радиус выбирался таким, чтобы объем сферы, необходимый для создания нормальной плотности раствора, был в несколько раз меньше используемого. Радиусы сфер в наших расчетах составляли 25 - 35 \AA . Расчеты проводились при температуре 298К. Для расчетов энергии межмолекулярных взаимодействий вода-основание и основание-основание использовался модифицированный потенциал Леннарда-Джонса 1-6-12, с параметрами, полученными Полтевым с соавторами [25,26], а для расчетов взаимодействий вода-вода - полуэмпирический потенциал 1-6-exp. [27]. Протонирование учитывалось посредством модификации частичных атомных зарядов, которые были получены из *ab initio* расчетов с

базисным набором 3-21G* с помощью РС версии программы GAMESS PC [28] из программного пакета GAMESS (US) QC [29]. для rAMP и rAHMP (Таблица 2).

Таблица 2. Заряды на атомах (в а.и.) нейтрального (rAMP) и протонированного по положению N1 (rAHMP) аденоzinмонофосфатов.

| rAMP | | | | | | rAHMP | | | | | |
|-------|--------|-------|--------|-------|--------|-------|--------|-------|--------|-----------------|--------|
| атомы | заряды | атомы | заряды |
| Ho5' | .1911 | C8 | .1305 | N3 | -.2600 | Ho5' | .1769 | C8 | .1548 | N3 | -.1876 |
| O5' | -.2845 | Hc8 | .1085 | C4 | .1616 | O5' | -.2823 | Hc8 | .1281 | C4 | .2115 |
| C5' | -.0013 | N7 | -.2101 | C3' | .0477 | C5' | -.0017 | N7 | -.2229 | C3' | .0389 |
| Hc5' | .0743 | C5 | .0447 | Hc3' | .0855 | Hc5' | .0780 | C5 | .0303 | Hc3' | .0689 |
| Hc5' | .0739 | C6 | .1903 | C2' | .0458 | Hc5' | .0646 | C6 | .3495 | C2' | .0490 |
| C4' | .0616 | Nc6 | -.3817 | Hc2' | .0928 | C4' | .0508 | Nc6 | -.3779 | Hc2' | .0552 |
| Hc4' | .0689 | Hn6 | .1977 | Oc2' | -.3596 | Hc4' | .0657 | Hn6 | .2863 | Oc2' | -.3259 |
| O4' | -.2452 | Hn6 | .1985 | Hoc2' | .2593 | O4' | -.2592 | Hn6 | .2610 | Hoc2 | .2305 |
| C1' | .1698 | N1 | -.2206 | Oc3' | -.3703 | C1' | .1685 | N1 | -.2953 | Oc3' | -.4193 |
| Hc1' | .0685 | C2 | .1202 | P | .8711 | Hc1' | .0959 | C2 | .1935 | P | .7009 |
| N9 | -.2837 | Hc2 | .0928 | Op1 | -.2458 | N9 | -.2360 | Hc2 | .1416 | Op1 | -.6269 |
| | | | | Op2 | -.2636 | | | | | Op2 | -.3164 |
| | | | | | | | | | | H _{N1} | .2740 |

Нуклеозидмонофосфаты в растворе при физиологических условиях заряжены отрицательно из-за полной ионизации фосфатных групп. Нейтрализация заряда на фосфатных группах осуществляется за счет противоионов, находящихся в растворе. Как правило, это ионы Na⁺. В наших расчетах ионы в явном виде не учитывались, но заряды на фосфатных группах были рассчитаны так, чтобы сохранить условия электронейтральности. Такое приближение широко используется при конформационном анализе нукleinовых кислот и их фрагментов [26] и при изучении гидратации ди- и олигонуклеотидов методом Монте Карло [20,30].

Для установления равновесного состояния каждой системы длина генерируемой марковской цепи составляла 4×10^6 элементарных конфигураций. Статистическая ошибка при вычислении термодинамических величин в наших расчетах (полной потенциальной энергии систем) была порядка ± 0.005 - 0.007 ккал/моль. Чтобы достичь такой точности вычислений, длины генерируемых марковских цепей составляли 20×10^6 элементарных конфигураций для систем с фиксированной геометрией и 25×10^6 для систем с изменяющейся геометрией.

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

Системы rAMФ, rAHМФ, rAHМФ...rAHМФ + H₂O

Первый этап исследования гидратации двух спиральных форм polyrA – это моделирование систем, содержащих rAMФ, rAHМФ и rAHМФ...rAHМФ в кластере из 800 молекул воды. Основная задача на этом этапе исследования – получение энергетических и структурных характеристик перечисленных выше систем, которые позволят определить влияние протонирования на гидратацию компонентов polyrA и сравнить полученные результаты с известными экспериментальными данными о гидратации rAMФ.

Энергетические характеристики исследованных систем представлены в таблице 3. Здесь U_{tot} и U_{ww} – средние значения полной энергии систем и энергий взаимодействия вода-вода, U_{WB} – средняя энергия взаимодействия вода - растворенное вещество, H₂O_{Hc8} – число молекул воды, образующих водородные связи с исследуемым веществом. Также приведены значения средних энергий взаимодействия rAHМФ...rAHМФ U_{BB} для водородосвязанных пар.

Как видно из результатов Таблицы 3, все системы энергетически стабильны. Энергетическая стабильность нейтрального и протонированного rAMФ определяется их взаимодействием с водой (значения энергий взаимодействия rAMФ или rAHМФ – вода, U_{WB}) при практически одинаковом влиянии обеих форм rAMФ на структуру растворителя (значения энергий взаимодействия вода-вода, U_{ww}). Число молекул воды, формирующих первую гидратную оболочку в результате образования водородных связей с донорно-акцепторными группами исследуемого соединения, можно определить из анализа мгновенных конфигураций на стационарном участке моделирования. При таком анализе мы используем геометрические и энергетические критерии водородной связи. Водородные связи

Компьютерное моделирование гидратации...

образуются, если расстояние между атомом водорода и акцептором водородной связи не более 2,7 Å (или расстояния между электроотрицательными атомами не более 3,2 Å). угол между акцептором водородной связи, атомом водорода и донором водородной связи больше 120°; энергия взаимодействия между молекулами воды (1 водородная связь) более 2,5 - 3 ккал/моль (по абсолютной величине) [31,32].

Таблица 3. Энергетические характеристики систем *r*АМФ, *r*АНМФ, водородносвязанных пар *r*АМФ...*r*АНМФ с различной геометрией (а. - фиксированная геометрия, б. - изменяющаяся геометрия) в кластере из 800 молекул воды и кластера «чистой» воды (данные приведены в ккал/моль: * - на одну молекулу воды, ** - в целом на систему).

| Система | *U _{TOT} | **U _{TOT} | *U _{WW} | **U _{WB} | H ₂ O _{Hes} |
|----------------------|-------------------|--------------------|------------------|-------------------|---------------------------------|
| <i>r</i> АМФ | -8.538±0.005 | -6830.4 | -8.408 | -103.0 | 8 |
| <i>r</i> АНМФ | -8.599±0.005 | -6879.2 | -8.407 | -144.7 | 9 |
| <i>r</i> АНМФ ... а. | -8.659 ± 0.005 | -6927.2 | -8.343 | -117.4 + -127.3 | 14: 7 + 7 |
| <i>r</i> АНМФ б. | -8.678 ± 0.007 | -6942.4 | -8.373 | -115.7 + -121.7 | 15: 7 + 8 |
| H ₂ O | -8.490±0.005 | -6792.0 | -8.490 | | |

U_{WB}: HB-пара: а. = -7.847 ккал/моль; б. = -7.004 ккал/моль.

Нейтральный *r*АМФ связывает 8 ± 1 молекул воды, а протонированный - 9 ± 1 молекул воды. На Рис.5а и Рис.6а показаны мгновенные конфигурации части водного кластера с нейтральной *r*АМФ и протонированной *r*АНМФ формами, а на Рис. 5б, Рис.6б приведены схемы моногидратации *r*АМФ и *r*АНМФ, соответственно. Для каждой из 8 молекул воды, входящих в первую гидратную оболочку *r*АМФ, приведены расстояния (в Å) и углы (в градусах), соответствующие геометрическим критериям водородной связи. Энергии взаимодействия *r*АМФ-вода U_{WB} для этих молекул воды изменяется в пределах от ~ -4.6 ккал/моль до ~ -9.8 ккал/моль для молекулы воды, занимающей мостиковое положение между атомом N7 и группой N6H₂. Все схемы моногидратации для исследованных в работе систем выполнены аналогично.

Отличие от экспериментальных оценок гидратации *r*АМФ (10-11 молекул воды, [15]) определяется тем, что по данным компьютерного моделирования с фосфатными группами связаны 3 молекулы воды, а не 4, как было определено из экспериментальных результатов.

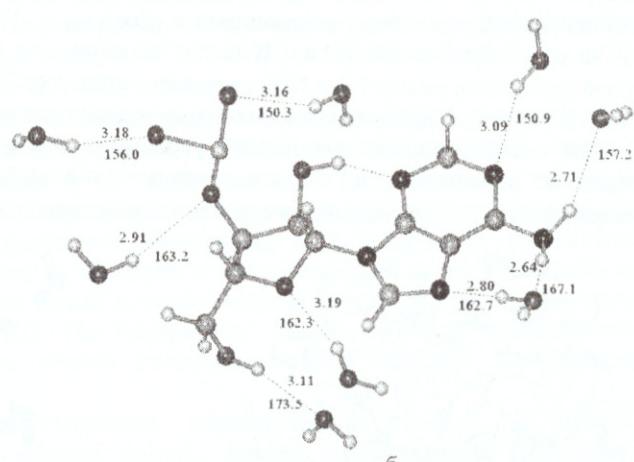
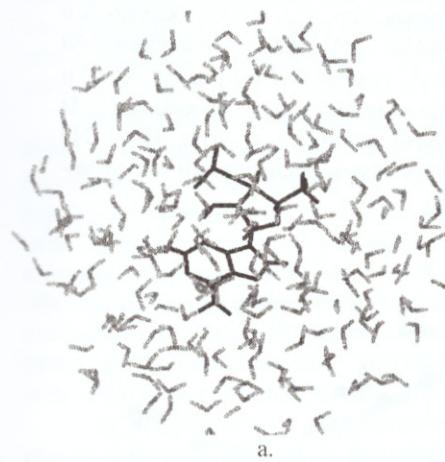


Рис.5. Мгновенные конфигурации *r*АМФ + 800 молекул воды. а. *r*АМФ+ 227 молекул воды в сфере радиуса 11 Å; б. *r*АМФ и 8 молекул воды, образующих водородные связи с донорно-акцепторными группами *r*АМФ. Водородные связи показаны пунктиром.

Такое различие может быть вызвано тем, что в моделировании мы не учитываем в явном виде ион Na⁺. Гидратация основания - аденина у нейтральной формы *r*АМФ также несколько ниже по сравнению с экспериментальными данными, так как у нейтральной формы *r*АМФ возможно образование внутримолекулярной водородной связи N3... H'О'2C2' (Рис.5б). Поэтому атом N3 не может образовать водородную связь с молекулой воды.

У протонированного *r*АНМФ схема моногидратации практически не отличается от *r*АМФ, но разрыв внутримолекулярной водородной связи N3... H'О'2C2' приводит к образованию водородной

связи атома N3 аденина с 1 молекулой воды (Рис. 6б). Гидратация групп сахарного кольца не отличается от экспериментальных результатов и составляет 1-2 молекулы воды, но гидратация фосфатной группы несколько меньше, как и в случае гидратации нейтральной формы *r*АМФ. Таким образом, протонирование *r*АМФ по положению N1 практически не изменило гидратацию сахаофосфатных групп *r*АНМФ, но разрыв внутримолекулярной водородной связи привел к увеличению гидратации аденина на 1 молекулу воды за счет образования водородной связи N3...H₂O.

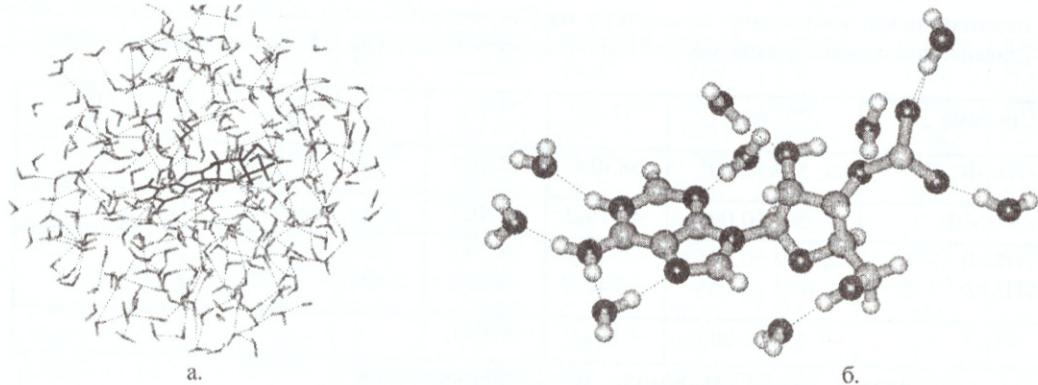


Рис.6. Мгновенные конфигурации *r*АНМФ. а. *r*АМФ+ 317 молекул воды в сфере радиуса 12 Å; б. *r*АНМФ и 9 молекул воды, образующих водородные связи с донорно-акцепторными группами *r*АНМФ. Водородные связи показаны пунктиром.

Рассмотрим энергетические и структурные характеристики двух состояний пары *r*АНМФ...*r*АНМФ – с фиксированной и изменяющейся геометрией. Как видно из результатов, представленных в Таблице 3, эти два состояния пары *r*АНМФ...*r*АНМФ энергетически отличаются менее чем на 1%. Как показывает анализ мгновенных конфигураций и величины энергии взаимодействия *r*АНМФ – *r*АНМФ $U_{\text{ВВ}}$, обе водородные связи сохраняются и у фиксированной, и у изменяющейся конформации пары (Рис.7,8). Эти связи соответствуют критериям водородной связи, характерные для образования таких пар азотистых оснований нуклеиновых кислот. Так, в работе по моделированию методом Монте Карло гидратации водородносвязанной пары G...C [33] получено, что в кластере из 345 молекул воды пара G...C образует три водородные связи с расстояниями между атомами донорно-акцепторных групп гуанина и цитозина от 2.96 Å (водородная связь Гуанин-N1H...N3-Цитозин) до 3.04 Å (водородная связь Гуанин-NH₂...O=C-Цитозин) и энергией взаимодействия между основаниями в паре $U_{\text{ВВ}} = -17,32$ ккал/моль (или $U_{\text{ВВ}} \approx -5.7$ ккал/моль в среднем на одну водородную связь). В наших расчетах для пары *r*АНМФ...*r*АНМФ с фиксированной геометрией расстояния между N7 и NH₂ аденинов составляют 3.2 Å и 2.8 Å, углы H-N...N7 равны ~178° и 167°, а энергия взаимодействия (в среднем на одну водородную связь между *r*АНМФ) $U_{\text{ВВ}} \approx -3.0$ ккал/моль. В случае пары с изменяющейся геометрией расстояния между N7 и NH₂ аденинов и углы H-N...N7 практически не изменились, так же, как и энергия взаимодействия между протонированными аденоzin-монофосфатами ($U_{\text{ВВ}} \approx -3.9$ ккал/моль в среднем на одну водородную связь).

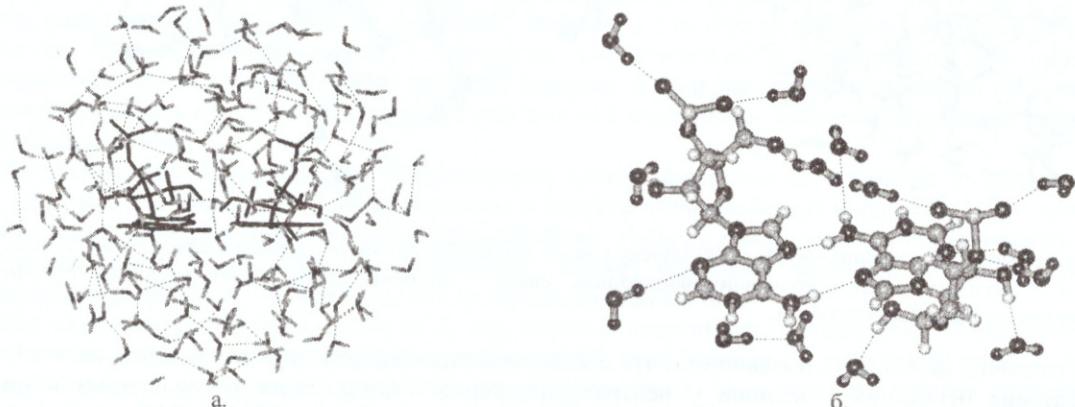


Рис.7. Мгновенные конфигурации пары *r*АНМФ...*r*АНМФ с изменяющейся геометрией. а. *r*АНМФ...*r*АНМФ + 215 молекул воды в сфере радиуса 12 Å; б. *r*АНМФ...*r*АНМФ и 14 молекул воды, образующих водородные связи с донорно-акцепторными группами *r*АНМФ...*r*АНМФ. Водородные связи показаны пунктиром.

Компьютерное моделирование гидратации...

В результате образования двух межмолекулярных водородных связей N7...HNH гидратация каждого из *r*АНМФ в обеих парах уменьшается, поскольку гидратноактивные центры N7 и NH₂ дегидратируются. Гидратация *r*АНМФ...*r*АНМФ пары в обоих состояниях, или число связанных с парой молекул воды H₂O_{Hes}, практически не отличается. Аденины и фосфатные группы обоих *r*АНМФ связывают по 3 молекулы воды, а рибозы по 1-2 молекуле воды в каждой из моделюированных систем. Таким образом, гидратация водородосвязанной пары составляет 7-8 молекул воды на нуклеотид.

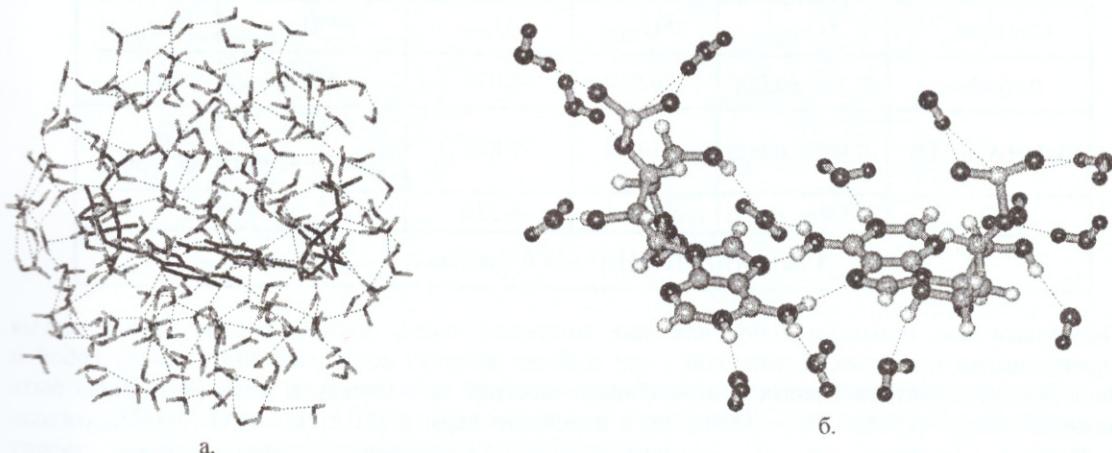


Рис.8. Мгновенные конфигурации *r*АНМФ...*r*АНМФ с фиксированной геометрией. а. *r*АНМФ...*r*АНМФ + 218 молекул воды в сфере радиуса 12 Å; б. *r*АНМФ...*r*АНМФ и 15 молекул воды, образующих водородные связи с донорно-акцепторными группами *r*АНМФ...*r*АНМФ. Водородные связи показаны пунктиром.

Системы polyrA + H₂O и polyr(AH-AH) + H₂O

Рассмотрим гидратацию двух различных спиральных структур polyrA. Согласно экспериментальным данным, односпиральная конформация polyrA формируется при ~80% относительной влажности, или связывании 10 - 11 ± 1 молекулы воды на нуклеотид. Стабилизация такой структуры обеспечивается Ван-дер-ваальсовыми взаимодействиями между плоскостями аденинов вдоль цепи (стэкинг-взаимодействия) и, возможно, молекулами воды. По изменению спектральных характеристик, определенных в ИК-спектроскопических исследованиях пленок polyrA при нейтральных pH, было предложено, что односпиральную структуру polyrA может дополнительно стабилизировать образование таких водных мостиков: N7...H₂O... HNH, N7...2(H₂O)...O1P в плоскости пары и N1...H-O-H... N1, N3...H-O-H... NH₂ вдоль цепи.

По данным аналогичных исследований увлажненных пленок и растворов polyrA в кислых средах, была определена гидратация двусpirальной структуры polyr(AH-AH), которая оказалась ниже, чем гидратация односпиральной структуры и равной 8 ± 1 молекулы воды на нуклеотид. Стабилизация структуры осуществляется за счет Ван-дер-ваальсовых стэкинг-взаимодействий остатков аденина вдоль цепи и межцепочечных взаимодействий в результате образования двух водородных связей между аденинами противоположных цепей. Очевидно, по аналогии с односпиральной структурой, возможны образования водных мостиков и цепочек вдоль цепей, которые могут вносить дополнительный вклад в стабилизацию двойной спирали polyr(AH-AH). Но конкретных данных о таких упорядоченных фрагментах растворителя, формирующихся вблизи гидратно-активных центров двусpirальной polyr(AH-AH), предложено не было.

В таблице 4 представлены энергетические характеристики систем, содержащих гексануклеотиды одно- и двусpirальной формы polyrA. Видно, что системы энергетически стабильны. С односпиральным гексануклеотидом связаны порядка 70 молекул воды, или 11-12 молекул воды на нуклеотид, что согласуется с экспериментальными данными [12,14]. Рассмотрим мгновенные конфигурации этой системы (Рис.9).

Анализ мгновенных конфигураций позволяет сделать вывод, что в спиральных фрагментах polyrA сохраняются центры гидратации, определенные для изолированных структурных компонентов. При формировании спиральных олигонуклеотидов polyrA молекулы воды, связывающиеся с отдельными гидратно-активными группами нуклеотидов, формируют упорядоченные водные структуры, занимая мостиковые положения между донорно-акцепторными группами фрагментов polyrA.

Можно выделить 48 молекул воды, которые образуют систему водных мостиков и цепочек между донорно-акцепторными группами гексануклеотида. Детальный анализ позволяет выделить три

типа упорядоченных структур воды вблизи односпиральной polyrA. Это водные мостики (Рис.9, тип молекул воды W1 и W2) и водные цепочки (Рис.9, тип молекул воды W3).

Таблица 4. Энергетические характеристики систем polyrA и polyr(AH-AH) в кластере из 800 молекул воды и кластера «чистой» воды (данные приведены в ккал/моль: * - на одну молекулу воды, ** - в целом на систему).

| Система | *U _{TOT} | **U _{TOT} | * U _{WW} | ** U _{WB} | H ₂ O _{Hes} |
|--|-------------------|--------------------|-------------------|----------------------------|---------------------------------|
| polyrA | -8.765 ± 0.005 | -7020.0 | -8.070 | -556.1 | 70 |
| polyr(AH-AH) | -8.930 ± 0.005 | -7143.8 | -7.888 | -788.8: -389.7 + -399.1 | 98: 48 + 50 |
| H ₂ O | -8.530 ± 0.005 | -6824.1 | -8.530 | | |
| $U_{BB} [\text{poly}(rAH-AH)] = -44.6 \text{ ккал/моль}$ | | | | | |

Мостиком мы называем одну или две молекулы воды, расположенные между двумя гидратноактивными центрами, а цепочкой - три и более молекул воды, связанные между собой и соединяющие два гидратноактивных центра. Водные мостики из 1 молекулы воды (W1) могут быть расположены между: (1) N3...H₂O...O2'H2'(r) в плоскости пары и (2) A_nN3...H₂O...NH2A_{n+1} вдоль цепи. Водные мостики из 2 молекул воды (W2) могут образовываться между (A)N3...2H₂O...O2'H2'(r). Водные цепочки из 3 и более молекул воды (W3) могут образовываться между группами сахарофосфатного острова OPO..nH₂O...O4'(r)...H₂O...O2'C2'(r). Эти водные мостики и цепочки соединяют донорно-акцепторные группы polyrA вдоль цепи. Определенные из анализа мгновенных конфигураций водные мостики и цепочки согласуются с возможными мостиковыми положениями молекул воды, предложенными на основе экспериментальных данных.

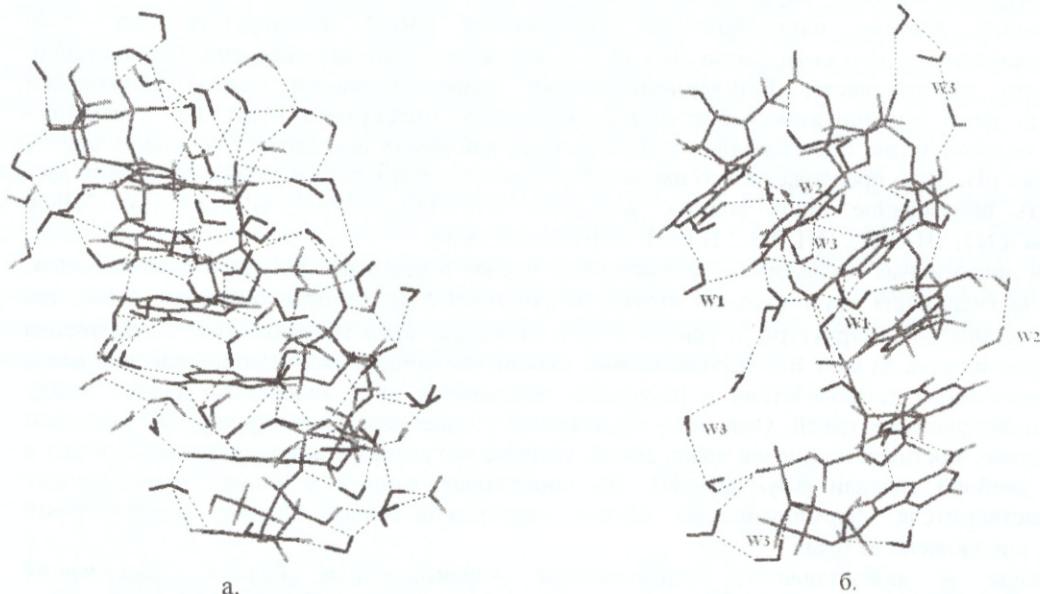


Рис.9. Фрагменты упорядоченной структуры воды около гексануклеотида односпиральной polyrA. а. polyrA и 70 молекул воды. Выделены 48 молекул воды, образующие сетку водородных связей между группами polyrA; б. polyrA и три типа молекул воды, образующих водные мостики и цепочки.

Рассмотрим результаты моделирования гексануклеотида двуспиральной структуры протонированной polyr(AH-AH) (Табл. 4). Стабильность этой системы определяется как взаимодействием между цепями в двойной спирали, которая составляет около -7 ккал/моль на пару оснований (-44.6 ккал/моль для дуплекса), так и взаимодействием с растворителем.

Наибольший вклад во взаимодействие polyr(AH-AH) с водой вносят 98 молекулы воды, с каждой из цепей водородные связи образуют приблизительно одинаковое число молекул воды ~ 48 ± 1 молекулы воды или 8 ± 1 молекула воды на нуклеотид. Эти результаты также согласуются с экспериментальными данными о гидратации двуспиральной polyr(AH-AH) [13,14]. Анализ мгновенных

Компьютерное моделирование гидратации...

конфигураций гексануклеотида двухцепочечной polyr(AH-AH) в водном кластере (Рис.10а) позволил обнаружить три типа упорядоченных фрагментов молекул воды, которые могут вносить дополнительный вклад в стабилизацию двойной спирали polyr(AH-AH).

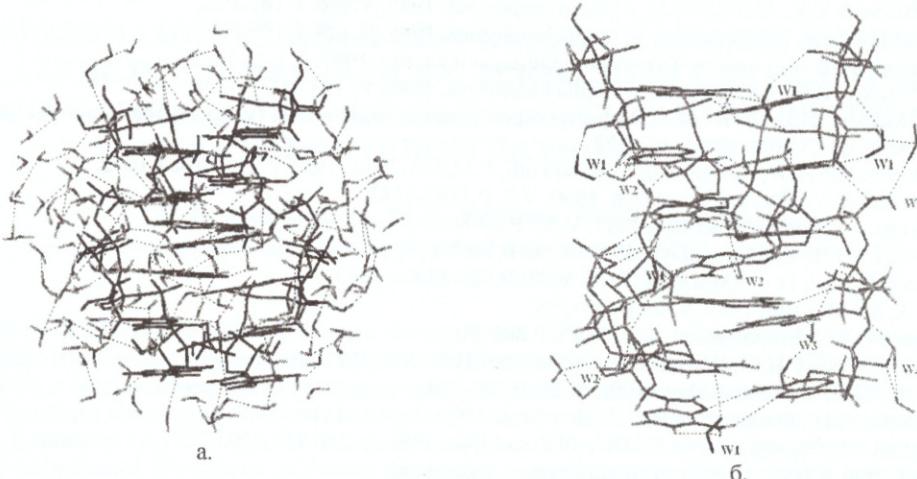


Рис.10. Фрагменты упорядоченной структуры воды около гексануклеотида двусpirальной polyr(AH-AH). а. polyr(AH-AH) и 190 молекул воды в радиусе 12Å; б. polyr(AH-AH) и три типа молекул воды, образующих водные мостики и цепочки.

Это водные мостики, тип молекул воды W1 и W2, и водные цепочки, тип молекул воды W3 (Рис.10б). Водные мостики из 1 молекулы воды (W1) могут быть расположены между: (A)N3...H2O...O2'H2'(r); (A) NH...H2O...O5'C5'(остов); NH2...H2O...OP (атом О фосфатной группы). Эти мостики соединяют указанные донорно-акцепторные группы polyrA вдоль каждой из цепей. Водные мостики из 2 молекул воды (W2) могут образовываться между: (остов) O3'...2 H2O...O4' (r); (A) N3...2H2O...O4'(r); C2'O2'H...2H2O...O4'(r); (A)N3...2H2O...H2'O2'(r). Эти мостики соединяют указанные донорно-акцепторные группы polyrA вдоль каждой из цепей. Водные цепочки из 3 молекул воды (W3) могут образовываться между: (A1) NH...2H2O...(A2)N3...H2O...O2'C2'(r); (A)N3...2H2O...O4'(r)...H2O...O2'C2'(r).

Помимо водных мостиков возможна дополнительная стабилизация упорядоченной структуры polyr(AH-AH), которую вносит водородная связь между NH...OP группами одного аденоzinмонофосфата (Рис.10б).

ВЫВОДЫ

Компьютерное моделирование методом Монте Карло систем, содержащих компоненты нейтральной и протонированной форм полиривадениловой кислоты в водных кластерах, позволило определить роль водного окружения в стабилизации одно- и двусpirальных структур polyrA. Показано, что протонирование аденина по положению N1 практически не повлияло на гидратацию аденоzinмонофосфата. Полученные при моделировании данные о количестве и распределении связанных с rAMФ молекул воды согласуются с экспериментальными данными. На основе анализа мгновенных конфигураций фрагментов одно- и двухцепочных фрагментов спиральных форм polyrA в водных кластерах определены молекулы воды, формирующие упорядоченные структуры в гидратном окружении гексануклеотида polyrA и его протонированного дуплекса. При образовании спиральных олигонуклеотидов polyrA молекулы воды, связывающиеся с отдельными гидратно-активными группами нуклеотидов, формируют упорядоченные водные структуры, занимающие мостиковые положения между донорно-акцепторными группами фрагментов polyrA. Образование таких водные мостики и цепочки может дополнительно стабилизировать одно- и двухцепочные спирали нейтральной и протонированной форм полиривадениловой кислоты.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Edmonds M., Winters M.A. // Prog.Nucl.Acid Res.Mol.Biol. 1976. V.17. P.149-179.
2. Ahlquist P., Kaesberg P. // Nucl.Acids Res. 1978. V.7. P.1195-1204.
3. Gee A. H., Kasprzak W., Shapiro B. A. // J.Biomol.Str.Dyn. 2006. V.23. P. 417-428.
4. Gueron M., Leroy J-L. The i-motif in nucleic acids // Cur.Opin.Struct.Biol. 2000. V. 10. P.326-331.
5. Snooussi K., Nonin-Lecomte S., Leroy J.-L. The RNA i-motif // J.Mol.Biol. 2001. V. 309. P.139-153.
6. Зенгер В. Принципы структурной организации нуклеиновых кислот: -М.: Мир, 1987.-584с.
7. Малеев В.Я., Семенов М.А., Гасан А.И., Кашпур В.А. // Биофизика. 1993. Т.38. С.768-790 .
8. Semenov M.A., Bereznyak E.G. // J.Comments on Mol.Cell.Biophys. 2000. V.1. P.1-23, 2000

9. Семенов М.А., Больбух Т.В., Сагайдакова Н.Н., Малеев В.Я. // Биофизика. 2000. Т.45. С.34-39.
10. Maleev V., Semenov M., Kashpur V. and oth. // J. Mol. Structure. 2002, V. 605. P.51-61.
11. Анищенко Д.Б., Шестопалова А.В., Малеев В.Я. // Вісник ХДУ № 488. Біофізичний вісник. 2000. вип.6. С. 26-32.
12. Semenov M.A., Bolbukh T.V., Starikov E.B. // Studia biophysica. 1985. V.106. P.181-192.
13. Bolbukh T.V., Starikov E.B., Semenov M.A. // Studia biophysica. 1985. V.108. P.199-207.
14. Семенов М.А., Кащпур В.А., Больбух Т.В. // Бионополимеры и клетка. 1987. Т.3. С. 18-22.
15. Semenov M.A., Starikov E.B., Bolbukh T.V. // Studia biophysica. 1985. V. 123. P. 217-224.
16. Кащпур В.А., Малеев В.Я. // В кн. "Эффекты нетеплового воздействия мм излучения на биологические объекты". М., ИРЭ АН СССР, 1983, с.163-172
17. Metropolis N., Rosenbluth A.W., Rosenbluth M.N. and oth. // J.Chem.Phys. 1953.V.21. P.1087-1092.
18. Danilov V.I., Tolokh I.S. // J.Biomol.Struct.Dyn. 1990. V.7. P.1167-1183.
19. Danilov V.I. and oth. // J.Biomol.Struct.Dyn.1997. V.15. P.69-80.
20. Danilov V.I. and oth. // J.Biomol.Struct.Dyn. 1999. V.16. P.1107-1117.
21. Saenger W., Riecke J., Suck D. // J.Mol.Biol. 1975. V.93. P.529-534.
22. Finch J.T., Klug A. // J.Mol.Biol.1969. V.46. P.597-598 .
23. Lerner D.B., Kearns D.R. // Biopolymers. 1981. V.20. P.803-816 .
24. Rich A., Davies D.R. Crick F.H.C., Watson J.D. // J.Mol.Biol.1961. V.3. P.71-86.
25. Poltev V.I. and oth. // J.Biomol.Struct.Dyn., 1998, V.16. P.289-300.
26. Журкин В.Б., Полтев В.И., Флорентьев В.Л. // Мол.биол. 1980. Т.14. С.1116-1130.
27. Poltev V.I., Grokina T.I., Malenkov G.G. // J.Biomol.Struct.Dyn. 1984. V.2. P.413-429.
28. Granonovsky A.A., <http://classic.chem.msu.su/gran/gamess/index.html>
29. Schmidt M.W., Baldrige K.K., Boatz J.A. et al // J. Comput. Chem. 1993. V. 14. P. 1347-1363
30. Subramanian P.S., Beveridge D.L. // J.Biomol.Struct.Dyn. 1989. V.6. P.1093-1122.
31. Malenkov G.G., Tytik D.L., Zheligovskaya E.A. // J.Mol.Liquids. 1999. V.82. P. 27-38.
32. Arai S., Chatake T., Ohhara T. and oth. // Nuc.Acids Res.2005. V.33. P.3017-3024.
33. Coutinho K., Ludwig V., Canuto S. // Phys.Rev. E - Statistical Physics, Plasmas, Fluids and Related Interdisciplinary Topics. 2004. V. 69. P. 61902-61908.