•研究论文•

# 电喷雾电离质谱法研究环肽对 HIV-1 调控区 DNA 的识别及其相关碎裂 机理和稳定性

李卉卉 a,b 郑 波 "叶蕴华" 袁 谷\*,a

(\*北京大学化学与分子工程学院化学生物学系 北京分子科学国家实验室 生物有机与分子工程教育部重点实验室 北京 100871) (\*南京师范大学化学与环境科学学院 江苏省生物功能材料重点实验室 南京 210097)

**摘要**利用电喷雾电离质谱(ESI-MS)和二级质谱(MS/MS)研究了六种结构不同的环五肽,环七肽以及环十肽与 HIV-1 调控区 DNA 的非共价键相互作用.在研究中比较了不同识别分子与靶序列 DNA 结合的强弱,发现环七肽 CP5 对靶点 DNA 具有高亲合性的结合.用 MS/MS 法研究了环肽与 DNA 复合物的碎裂机理;用升温实验研究了其热稳定性,发现 与 CP5 结合后能提高 HIV-1 双螺旋 DNA 的热稳定性. **关键词** HIV-1 基因; ESI-质谱法; DNA 识别;环肽

# DNA-Recognition of Cyclic Peptides in Regulatory Region of HIV-1 Gene by Electrospray Ionization Mass Spectrometry

Li, Huihui<sup>a,b</sup> Zheng, Bo<sup>a</sup> Ye, Yunhua<sup>a</sup> Yuan, Gu<sup>\*,a</sup>

(<sup>a</sup> Beijing National Laboratory for Molecular Sciences, Key Laboratory of Bioorganic Chemistry and Molecular Engineering of the Ministry of Education, Department of Chemical Biology, College of Chemistry, Peking University, Beijing 100871) (<sup>b</sup> Jiangsu Key Laboratory of Biofunctional Materials, School of Chemistry and Environmental Science, Nanjing Normal University, Nanjing 210097)

**Abstract** Electrospray ionization mass spectrometry (ESI-MS) was utilized to investigate the recognition of six cyclopeptides (cyclopentapeptides, cycloheptapeptides and cyclodecapeptide) in the regulatory region of HIV-1 gene. It was found that cyclic peptide CP5 had the higher binding affinity with the HIV-1 DNA, and ESI MS/MS data revealed that the CP5 stabilized the target duplex DNA. **Keywords** HIV-1 gene; ESI-MS; DNA-recognition; cyclic peptide

**Keywords** HIV-1 gene; ESI-MS; DNA-recognition; cyclic peptide

在全球范围内艾滋病(AIDS)对人类危害极大,因此 关于艾滋病新药的研究和开发受到广泛的关注.目前, 临床上治疗艾滋病的药物以逆转录酶抑制剂和蛋白酶 抑制剂为主,两者联合使用可有效抑制病毒的复制.但 是长期用药可产生多重耐药性、毒副反应等问题<sup>[1]</sup>.因 此,需要不断探索治疗艾滋病的新靶点、新药和新的治 疗方案,以发展更有效的防治措施.HIV-1 作为艾滋病 流行的主要病毒,其基因的调控区存在一些特征活性蛋

许多环肽具有重要的生物活性,如抗病毒、抗肿瘤 活性.环肽分子的环状骨架能够有效地插入双螺旋 DNA 沟区中,与特定靶点进行高亲合性的结合<sup>[3~5]</sup>.本

白质的结合位点,可以作为药物作用的新靶点.因此,如果能发现具有特异性识别能力的生物活性分子结合 该调控区的 DNA,进而影响 DNA 结构的稳定性,阻断 活性蛋白质的结合,就有可能抑制病毒基因的转录与表 达过程,起到抑制病毒增殖的作用<sup>[2]</sup>.

<sup>\*</sup> E-mail: guyuan@pku.edu.cn

Received March 10, 2009; revised April 1, 2009; accepted April 28, 2009. 国家自然科学基金(No. 20472009)资助项目.

研究选择了六种结构不同的环五肽,环七肽与环十肽 CP1~CP6(表1和图1),以HIV-1基因调控区12个碱基 对(5'-AAGCAGCTGCTT-3')为靶点<sup>[2]</sup>,使用电喷雾电离 质谱(ESI-MS)和二级质谱(MS/MS)研究环肽与 HIV-1 DNA 的相互作用,比较不同结构的环肽对此12个碱基 对 DNA 亲合能力的大小,探讨结合模式,寻找能够识 别靶点 DNA 的生物活性小分子.

表1 环肽分子的结构式

	Table 1     Structures of the cyclic peptides
CPn	Structure (MW)
CP1	c(Ala-Tyr-Leu-Ala-Gly) (475)
CP2	c(Ala-Tyr-Leu-Ala-Gly) <sub>2</sub> (950)
CP3	c(Pro-Tyr-Leu-Ala-Gly) (501)
CP4	c(Pro-D-Tyr-Leu-D-Ala-Gly) (501)
CP5	c(Gly-Ile-Pro-Tyr-Ile-Ala-Ala) (685)
CP6	c(Gly-Tyr-Leu-Phe-Pro-Ile-Pro) (787)





## 1 实验部分

### 1.1 仪器和试剂

质谱由 Thermo Finnigan 公司的 LCQ DECA XP plus 质谱仪(ESI-MS)测定.

环肽化合物 CP1~CP6 由叶蕴华实验室唐艳春, 刘 勉合成, 经高效液相色谱纯化<sup>[6~8]</sup>.

DNA 单链(ss: 5'-AAGCAGCTGCTT-3')购自北京奥 科(Augct)公司.

甲醇为色谱纯,乙酸和乙酸铵均为分析纯,水为二 次去离子水.

### 1.2 试样的制备

将 5'-AAGCAGCTGCTT-3' DNA (1.0 mmol/L)的乙 酸铵(500 mmol/L)溶液, 经过退火, 即在 85 ℃保持 10 min, 然后缓慢冷却至室温(超过 4 h), 得到 500 µmol/L 的双螺旋 DNA 溶液.

环肽 CP1~CP6 分别配制成 500 μmol/L 的 1:1 甲 醇-水溶液. 将 2.0 μL 制备好的 500 μmol/L 双螺旋 DNA 溶液分别与 8.0 μL 的环肽溶液混合,用 100 mmol/L 乙 酸铵的 20:80 甲醇-水稀释至 40 μL,直接进样分析(其 中含有 25 μmol/L 的双螺旋 DNA).

竞争实验是将 2.0 μL 的 500 μmol/L 双螺旋 DNA 溶 液与 2.0 μL 的环肽分子 CP5 溶液和 2.0 μL 的 500 μmol/L 聚酰胺分子 P 的 1:1 甲醇-水溶液混合,用 100 mmol/L 乙酸铵的 20:80 甲醇-水稀释至 40 μL,直接进样分析.

#### 1.3 质谱条件

电喷雾电离质谱(ESI-MS)和二级质谱(MS/MS)都是 在负离子模式下完成. 混合溶液是在 2.0 μL/min 的流速 下直接注入到 ESI 离子源. ESI-MS 分析条件优化后为: 喷雾电压 2.0 kV,离子传输管温度 120 ℃, N<sub>2</sub>气流 20 arb. 数据是在 Xcalibur 软件下收集和分析,每张谱图由 10 次扫描平均所得.

## 2 结果与讨论

# 2.1 HIV-1 调控区 DNA 及其与环肽分子形成非共价复 合物的质谱特征

经质谱分析证实, 12 个碱基单链 DNA 的水溶液经过 退火后形成了双螺旋 DNA, 质谱中基峰是双螺旋 DNA 的五电荷离子峰[ds]<sup>5-</sup> (*m*/*z* 1457), 因此选择带五个负电 荷的双螺旋 DNA 为靶点([ds]<sup>5-</sup>)研究环肽与其的非共价 相互作用<sup>[9]</sup>.本研究用 ESI-MS 分析了 HIV-1 调控区 12 个碱基对(5'-AAGCAGCTGCTT-3')双螺旋 DNA 与环肽 CP1~CP6 的非共价相互作用.下面以 CP5 识别双螺旋 DNA 的 ESI 质谱作为例子(图 2), 分析环肽对 DNA 的识 别与结合性能.质谱图显示 DNA 与环肽 CP5 可以按 1: m (m=1~3)的比例结合生成非共价复合物离子([ds+ mCPn]<sup>5-</sup>),其中以 1:1 结合的复合物离子为主.在此 ESI-MS 谱图中, DNA 与 CP5 结合形成的[ds+CP5]<sup>5-</sup>



图 2 DNA 与 CP5 混合后的 ESI-MS 谱图

Figure 2 ESI-MS spectrum of the duplex DNA with CP5

(*m*/*z* 1594)离子相对强度达到 72%,而以 1:2比例结合的 复合物离子[ds+2CP5]<sup>5-</sup> (*m*/*z* 1731)和 1:3比例的[ds+3CP5]<sup>5-</sup> (*m*/*z* 1869),相对强度分别达到 26%和 20%.

六个环肽分子(CP1~CP6)与 DNA 相互作用的 ESI-MS 质谱数据总结在表 2 中.表 2 数据显示双螺旋 DNA 与环肽 CP1 形成的 1:1 非共价复合物离子[ds+ CP1]<sup>5-</sup> (*m*/*z* 1552)相对强度达到 41%,而 1:2 结合的离 子[ds+2CP1]<sup>5-</sup> (*m*/*z* 1647)则较弱,相对强度为 21%. DNA 分别与环肽分子 CP3, CP4(互为非对映异构体)结合 形成的复合物都以 1:1 结合为主,离子峰[ds+CP3]<sup>5-</sup>和 [ds+CP4]<sup>5-</sup> (*m*/*z* 1557)的相对强度相近,分别达到 42% 和 46%.对于 CP4 形成的复合物来说,同时存在明显的 1:2 和 1:3 结合的离子[ds+2CP4]<sup>5-</sup> (*m*/*z* 1657)和[ds+ 3CP4]<sup>5-</sup> (*m*/*z* 1758),相对强度分别达到 23%和 15%;而 DNA 与 CP3 以 1:2 和 1:3 比例结合的能力较弱,相 应复合物离子相对强度仅为 14%和 6%.此外,对于 DNA 与环十肽 CP2、环七肽 CP6 结合而言,以 1:1 结 合形成的复合物为主,但是相对强度都较弱(<20%).

**表 2** HIV-1 DNA 与环肽化合物结合的非共价复合物离子强度

**Table 2** Relative abundance of the complex ions of the HIV-1DNA with the cyclic peptides

CPn –	Relative abundance/%			
	$[ds+CPn]^{5-}$	$[ds+2CPn]^{5-}$	$[ds+3CPn]^{5-}$	
CP1	41	21	12	
CP2	9	N.D. <sup>a</sup>	N.D.	
CP3	42	14	6	
CP4	46	23	15	
CP5	72	26	20	
CP6	16	9	N.D.	

<sup>a</sup> No detected.

ESI-MS 结果表明,环肽(CP1~CP6)与DNA 混合后存在明显的双链 DNA 和环肽的复合物离子峰,并没有发现与单链 DNA 结合的复合物离子,说明环肽化合物能够选择性与双链 DNA 结合.本研究选择以复合物离子([ds+mCPn]<sup>5-</sup>,  $m=1\sim3$ ,  $n=1\sim6$ )的相对强度评价环肽与DNA 亲合力的大小,结果发现它们主要是通过1:1的结合方式与双链 DNA 形成非共价复合物,其中 CP5 的结合能力最强,其次是 CP4, CP1 和 CP3;此外, CP2 和 CP6 与 DNA 以1:1比例结合的复合物离子强度<20%,表明这二个环肽与 DNA 的结合能力很弱.

# 2.2 HIV-1 调控区 DNA 与环肽分子非共价复合物的二 级质谱特征和碎裂机理

通过研究双螺旋 DNA 与环肽化合物1:1复合物离

子[ds+CPn]<sup>5-</sup>的二级质谱,可以分析其碰撞解离的碎裂途径和碎片离子,比较靶点 DNA 在结合前后性质的变化,判断复合物离子的稳定性.二级质谱的分析发现,不同环肽结合的复合物离子存在多种碎裂途径,其主要碎裂途径和碎片离子包括:丢失小分子的双螺旋 DNA 离子[ds]<sup>5-</sup>、丢失 DNA 骨架上 A 碱基的碎片离子[ds+CPn-A]<sup>5-</sup>以及双螺旋 DNA 解链后得到的离子[ss]<sup>2-</sup>和[ss+CPn]<sup>3-</sup>(图 3).



**图 3** 双螺旋 DNA 与环肽化合物 1:1 结合的复合物离子[ds+CPn]<sup>5-</sup>的碎裂途径

Figure 3 The dissociation pathway of the complex ion ( $[ds+CPn]^{5-}$ )

对于环五肽 CP1(图 4A), 1:1 结合的复合物离子 [ds+CP1]<sup>5-</sup> (*m*/*z* 1552)丢失一个 A 碱基而得到[ds+ CP1-A]<sup>5-</sup> (*m*/*z* 1525)离子,相对强度达到 100%.同时 也观察到丢失结合分子的碎片离子[ds]<sup>5-</sup> (*m*/*z* 1457), 但相对强度不到 30%.与 CP1 不同, CP3 和 CP4 与 DNA 的复合物离子[ds+CP3]<sup>5-</sup>和[ds+CP4]<sup>5-</sup> (*m*/*z* 1557)更 易丢失结合分子,碎片离子以[ds]<sup>5-</sup> (*m*/*z* 1557)为主(图 4B 和 C).此外,对于 CP3 与 DNA 的复合物离子还存在 丢失 A 碱基得到碎片离子[ds+CP3-A]<sup>5-</sup> (*m*/*z* 1530). 图 4D 显示环七肽分子 CP5 与 DNA 的复合物离子[ds+ CP5]<sup>5-</sup> (*m*/*z* 1594)的主要碎片离子与 CP1 的类似,以丢 失一个 A 碱基的[ds+CP5-A]<sup>5-</sup> (*m*/*z* 1567)为主;但与 CP1 不同的是, CP5 的复合物离子同时存在双螺旋 DNA 解链的碎裂途径,得到[ss]<sup>2-</sup> (*m*/*z* 1821)和[ss+CP5]<sup>3-</sup> (*m*/*z* 1442)碎片离子.

MS/MS 研究结果表明, 虽然环肽 CP1, CP3, CP4 和 CP5 对 DNA 都具有明显的亲合能力, 但是生成的复合物 离子却存在不同的碎裂途径. 这里选择以丢失结合分子 得到的双螺旋 DNA 碎片离子([ds]<sup>5-</sup>)的相对强度来评价 不同结构的环肽与 DNA 结合的稳定性. 结果发现 CP5 的 复合物离子不存在丢失结合分子的碎裂途径, 说明其结 合力强于其它环肽, 不容易被碰撞解离, 其主要的碎片 离子对应于丢失 DNA 骨架上 A 碱基的[ds+CP5-A]<sup>5-</sup>. 其次是 CP1, 双螺旋 DNA 碎片离子[ds]<sup>5-</sup>相对强度为 26%; CP3 和 CP4 最容易丢失, 得到的[ds]<sup>5-</sup>成为其 MS/MS 谱图中的最强峰; 因此 CP3 和 CP4 最容易在碰撞 诱导解离过程中从复合物离子上解离. 此外, 对于 CP3



图 4 双螺旋 DNA 与 CPn (n=1, 3~5)的 1:1 复合物离子[ds+CPn]<sup>5-</sup>的 MS/MS 谱图 Figure 4 MS/MS spectra of the 1:1 complex ions [ds+CPn]<sup>5-</sup> of the duplex DNA with CPn (n=1, 3~5)

的复合物还存在较弱的丢失 A 碱基得到的[ds+CP3-A]<sup>5-</sup>, 说明 CP4 与 CP3 构象上的差异对与靶点 DNA 的 结合存在一定的影响. 值得一提的是, CP5 的复合物离 子同时存在双螺旋 DNA 解链的碎裂途径,得到[ss]<sup>2-</sup>和 [ss+CP5]<sup>3-</sup>碎片离子; 由此可见, 环肽分子 CP5 与靶点 DNA 的结合最为稳定,且在一定程度上影响了双螺旋 DNA 自身的稳定性,这很可能是由于其结合于 DNA 的 沟区内部,导致在碰撞诱导解离过程中不易被丢失.

同时研究了 DNA 与同一环肽分子以不同比例结合 的复合物离子[ds+mCPn]<sup>5-</sup> (m=2, 3)的碎裂机理. 结 果发现,对于 CP6 来说,复合物离子的主要碎裂途径都 是通过丢失碱基,得到碎片离子[ds+mCP6-A]<sup>5-</sup>. 而 对于 CP3 来说,主要是通过丢失 1 个结合分子,得到碎 片离子[ds+(m-1)CP3]<sup>5-</sup>. 在质谱中 DNA 与 CP1 以1: 1 比例结合的复合物离子[ds+CP1]<sup>5-</sup>以丢失一个 A 碱基 而得到[ds+CP1-A]<sup>5-</sup>离子为主,而 1:2 和 1:3 比例 结合的复合物离子则以丢失一个 CP1 的碎裂途径为主. 这里通过比较丢失一个结合分子得到的碎片离子的相 对强度(表 3),发现对于同一环肽分子形成的复合物离 子来说,随着结合环肽数目的增多,相应的丢失一个结 合分子而得到的碎片离子强度逐渐增大,说明结合的稳 定性逐渐降低.

### 2.3 竞争模式下环肽分子与 HIV-1 DNA 的相互作用

为了深入研究环肽与靶点 DNA 的结合能力和结合 模式,以CP5 作为例子进行竞争识别分析(图5).这里引 入了之前作者合成、发现的具有高亲合性的聚酰胺分子 (PyPyPy*β*Dp,简称 P)进行竞争识别研究<sup>[10]</sup>.如图 5A 所 示,在 CP5 和 P 与双螺旋 DNA 的竞争识别中,以DNA 离子[ds]<sup>5-</sup>为基峰,存在强度近似 10%的 CP5 以1:1比 例结合的复合物离子[ds+CP5]<sup>5-</sup> (*m*/*z* 1594)和P的1:1 比例的复合物离子[ds+P]<sup>5-</sup> (*m*/*z* 1562),并且同时存在 结合两个不同小分子的复合物离子[ds+CP5+P]<sup>5-</sup> (*m*/*z* 1699),但强度明显弱于只结合一个小分子的 1:1

表 3 非共价复合物离子[ds+mCPn]<sup>5-</sup>丢失一个 CPn 的碎片离子强度( $m=1\sim3, n=1, 3, 6$ ) Table 3 Relative abundance of the fragment ion with the loss of the CPn in the MS/MS spectra of [ds+mCPn]<sup>5-</sup> ( $m=1\sim3, n=1, 3, 6$ )

CPn –	Relative abundance/%			
	$[ds+CPn]^{5-} \rightarrow [ds]^{5-}$	$[ds+2CPn]^{5-} \rightarrow [ds+CPn]^{5-}$	$[ds+3CPn]^{5-} \rightarrow [ds+2CPn]^{5-}$	
CP1	26	100	100	
CP3	100	100	100	
CP6	4	46	a	

<sup>*a*</sup> There is no 1 : 3 complex ions with CP6.

复合物离子. ESI-MS 分析结果显示: 竞争模式下环肽分子与聚酰胺识别分子互相影响,降低了它们与靶点DNA 的亲合性. 而复合物离子[ds+CP5+P]<sup>5-</sup> (*m*/*z* 1699)的 MS/MS 谱显示(图 5B),主要以丢失一个 A 碱基而得到[ds+CP5+P-A]<sup>5-</sup> (*m*/*z* 1672)离子为主,相对强度达到 100%,同时也观察到丢失聚酰胺分子 P 的碎片离子[ds+CP5]<sup>5-</sup> (*m*/*z* 1594),相对强度接近 40%.



**图 5** (A) CP5 和 P 竞争识别双螺旋 DNA 的 ESI 质谱; (B)复合 物离子[ds+CP5+P]<sup>5-</sup>的 MS/MS 谱

Figure 5 (A) ESI mass spectrum of the duplex DNA with molecules (CP5 and P); (B) MS/MS spectrum of the complex ion  $[ds+CP5+P]^{5-}$ 

由此可见,环七肽 CP5 作为靶点 DNA 高亲合性的 识别分子,其亲合能力与聚酰胺分子(P)近似,并且与聚 酰胺分子(P)之间存在竞争结合的关系.因此,CP5 的结 合模式与聚酰胺分子 P 相同,而聚酰胺分子的结合已被 证实位于双螺旋 DNA 的沟区中<sup>[11]</sup>,故初步判断环肽分 子 CP5 的结合位于 DNA 沟区之中.此外,在复合物离 子[ds+CP5+P]<sup>5-</sup>的 MS/MS 谱图中发现丢失聚酰胺分 子 P 的碎片离子[ds+CP5]<sup>5-</sup>,而未发现丢失 CP5 的碎片 离子,说明 CP5 与靶点 DNA 的结合比 P 更加稳定.

# 2.4 环肽的结合对 HIV-1 DNA 热稳定性的影响

通过改变质谱仪中离子传输管的温度(120~400 ℃),研究 DNA 与环肽识别分子结合前后热稳定性的变化<sup>[12]</sup>.以 CP5 与双螺旋 DNA 形成非共价复合物作为例子分析环肽的结合对 DNA 热稳定性的影响.未加环肽 CP5 的 DNA 溶液的 ESI-MS 谱图显示,当温度由 120 ℃

逐渐上升至 320 ℃时, 作为主要离子峰的双螺旋 DNA [ds]<sup>5-</sup> (m/z 1457) 的相对峰强逐渐减弱, 而单链 DNA 的 离子峰显著增强([ss]<sup>3-</sup>和[ss]<sup>2-</sup>, m/z 1214, 1821). 当温度 上升至400 ℃时, DNA 离子的骨架发生断裂, 产生一系 列碎片离子. 由此可见, 随着温度上升, 双螺旋 DNA 离 子首先发生解链形成单链,接着发生 DNA 骨架的断裂. 双螺旋 DNA 与环肽 CP5 混合后以形成 1:1 结合的复 合物离子[ds+CP5]<sup>5-</sup> (m/z 1594)为主, 相应的 ESI-MS 谱图显示,随着温度的上升(120~320 ℃),复合物离子 峰逐渐减弱, 失去 CP5 的离子和双螺旋 DNA 解链形成 的单链 DNA 碎片离子峰逐渐增强. 当温度继续上升至 400 ℃, 碎裂途径与结合前相似, DNA 离子的骨架发生 断裂产生一系列碎片离子. 将双螺旋 DNA 及其复合物 离子相对峰强随着离子传输管温度的变化作图[12],可得 相应离子的解离曲线(图 6),并将各离子的相对峰强减 小到原来的 50%时对应的温度定义为该离子的解离温 度(T50). T50 值越大, 说明该离子在气相状态下的热稳定 性越好, 需要更高的温度才能解离. 结果表明, 双螺旋 DNA 在结合前的 T<sub>50</sub> 值为 188 ℃, 与 CP5 结合后的 T<sub>50</sub> 值上升到 205 ℃; 由此可见, 与 CP5 结合能够提高 HIV-1 双螺旋 DNA 的热稳定性.



**图 6** 双螺旋 DNA 与 CP5 结合前后随温度变化的解离曲线 **Figure 6** The transition curves for the thermal dissociation (A) [ds]<sup>5-</sup>; (B) [ds+CP5]<sup>5-</sup>

### 2.5 环肽分子结构与结合能力间的关系

通过 ESI-MS 和 MS/MS 对六种结构不同的环肽

(CP1~CP6)与特定 HIV-1 基因靶点 DNA 的相互作用进 行研究,可以总结出几点环肽结构和结合能力间的关 系. 首先, 从环肽的环骨架大小来看, 环七肽 CP5 的结 合能力最强,其次是环五肽 CP4, CP1 和 CP3,而环十肽 CP2 最弱, 表明相比于环五肽和环十肽而言, 环七肽的 结合能力更强. 其中, 环十肽 CP2 是环五肽 CP1 的串联 重复序列(2倍), 说明排除氨基酸序列的影响, 含有5个 氨基酸的环肽比含有10个的结合能力强.其次,从氨基 酸残基的种类上来看,同为环七肽的 CP5 和 CP6,前者 的结合能力要明显强于后者. 通过比较二者间的氨基酸 序列可见,环七肽CP6含有的Pro残基比CP5多1个,其 侧链的五元杂环可能对 CP6 环的扭曲产生影响,同时其 Phe 残基侧链的苯环对于结合可能存在一定的位阻作用, 导致了 CP6 的结合能力很弱. 最后, 从氨基酸残基的构 象上来看,环五肽 CP3 和 CP4 互为非对映异构体,但是 由于CP4结构中含有2个D型氨基酸残基,这种构象上 的差异导致与靶点 DNA 的结合模式有所不同, 虽然二 者1:1结合的强度相近,但CP4存在更明显的1:2和 1:3 结合. 由此可见, 环肽分子对特定靶点 DNA 的结 合能力取决于多种因素, 既与环骨架的大小有关, 也与 环上氨基酸残基的种类和构象有关.

### 3 结论

本研究以 HIV-1 基因调控区的双螺旋 DNA 为靶点, 利用电喷雾电离质谱(ESI-MS)和二级质谱(MS/MS)研究 了六种结构不同的环肽(CP1~CP6)分别与 HIV-1 基因 DNA 的相互作用. ESI-MS 研究结果表明,环七肽 CP5 具有最强的亲合能力,其次是 CP4, CP1 和 CP3;且以 1:1 结合的非共价复合物为主.利用 MS/MS 研究了识 别分子与 DNA 复合物的碎裂机理和稳定性,研究结果 发现 CP5 与靶点 DNA 的结合最为稳定.复合离子主要 的碎裂途径和碎片离子包括:丢失环肽分子产生双螺旋 DNA 离子[ds]<sup>5-</sup>,丢失 DNA 骨架上 A 碱基产生碎片离 子[ds+CPn-A]<sup>5-</sup>以及双螺旋 DNA 解链后得到的离子 [ss]<sup>2-</sup>和[ss+CPn]<sup>3-</sup>.此外,环肽分子 CP5 与靶点 DNA 的结合在一定程度上影响了双螺旋 DNA 自身的稳定性, 这很可能是由于其结合于 DNA 的沟区内部,导致在碰 撞诱导解离过程中不易被丢失.利用竞争模式分析研究 了环七肽 CP5 与靶点 DNA 的结合能力,进一步证实环 七肽 CP5 作为靶点 DNA 高亲合性的识别分子,其亲合 能力与聚酰胺分子(P)相似,且比 P 的结合更加稳定;便 用升温实验研究了其热稳定性,发现与 CP5 的结合能够 提高 HIV-1 双螺旋 DNA 的热稳定性.

#### References

- 1 Jiang, X. H.; Long, Y. Q. *Chin. J. Org. Chem.* **2004**, *24*, 1380 (in Chinese).
  - (姜晓华,龙亚秋,有机化学,2004,24,1380.)
- 2 Gottesfeld, J. M.; Neely, L.; Trauger, J. W.; Baird, E. E.; Dervan, P. B. *Nature* 1997, 387, 202.
- 3 Natarajan, T.; Ikramul, H.; Tariq, M. R. *Bioorg. Med. Chem. Lett.* **2000**, *10*, 971.
- 4 Tan, R.; Chen, L.; Buettner, J. A.; Hudson, D.; Frankel, A. D. *Cell* 1993, 73, 1031.
- 5 Battiste, J. L.; Mao, H.; Rao, N. S.; Tan, R.; Muhan-diram, D. R.; Kay, L. E.; Frankel, A. D.; Williamson, J. R. *Science* **1996**, *273*, 1547.
- 6 Tang, Y. C.; Xie, H. B.; Tian, G. L.; Ye, Y. H. J. Peptide Res. 2002, 60, 95.
- 7 Liu, M.; Tian, G.-L.; Ye, Y.-H. Chin. J. Chem. 2003, 21, 864.
- 8 Liu, M.; Tang, Y. C.; Fan, K. Q.; Jiang, X.; Lai, L. H.; Ye, Y. H. J. Peptide Res. 2005, 65, 55.
- Liu, Y. Q.; Li, H. H.; Ye, Y. H.; Yuan, G. Chin. Chem. Lett. 2009, 20, 330.
- Li, H. H.; Han, D. W.; Yuan, G. Acta Chim. Sinica 2007, 65, 1543 (in Chinese).
  (李卉卉, 韩德伟, 袁谷, 化学学报, 2007, 65, 1543.)
- 11 Dervan, P. B.; Burli, R. W. Curr. Opin. Chem. Biol. **1999**, *3*, 688.
- Li, H. H.; Yuan, G.; Du, D. M. J. Am. Soc. Mass Spectrom. 2008, 19, 550.

(A0903104 Cheng, F.; Zheng, G.)