# 108. N-Terminale Sequenzanalyse von Peptiden mittels EDMAN-Abbaus:

## Kombinierte Anwendung der direkten und der subtraktiven Methode<sup>1</sup>)

## von György Pataki

(30. III. 1967)

Zum Nachweis der N-terminalen Aminosäuren von Proteinen und Peptiden hat EDMAN's Phenylisothiocyanat-Technik [2], in Verbindung mit der Dünnschichtchromatographie, grosse Verbreitung gefunden [3] [4]. Bei der sogenannten direkten EDMAN-Methode bestimmt man die abgespaltenen Aminosäuren als Phenylthiohydantoine (PTH-Aminosäuren) mit Hilfe verschiedener chromatographischer Verfahren [3] [5]. Gegebenenfalls können die PTH-Aminosäuren hydrolytisch gespalten und als freie Aminosäuren analysiert werden [6]. Bei der subtraktiven Technik wird die Aminosäurezusammensetzung vor und nach Abbau bestimmt [7]. Schliesslich sei die automatische Methode nach EDMAN [8], welche Abbau und Identifizierung von etwa 15 Aminosäureresten in 24 Stunden ermöglicht, erwähnt. Manche Autoren kombinieren die direkte und die subtraktive Technik [9]. Auch die Dimethylaminonaphtalinsulfonyl-(Dansyl)-Methode von HARTLEY [10] kann in Verbindung mit der EDMAN-Reaktion zum Nachweis der N-terminalen Aminosäure verwendet werden [10] [11] [12]. Unserer Meinung nach bietet die gleichzeitige Bestimmung der abgespaltenen Aminosäuren als ihre PTH- und Dansyl-Derivate einerseits, und die quantitative Analyse der Aminosäuren im Ausgangs- und Restpeptid andererseits, die höchstmögliche Sicherheit bei der Sequenzanalyse. Wir haben deshalb mehrere Peptide nach dem von Sjöguist [13] modifizierten Verfahren abgebaut und die N-terminalen Aminosäuren als PTH- und Dansyl-Derivate nachgewiesen. Zusätzlich benutzten wir verschiedene dünnschichtchromatographische Methoden zur quantitativen Aminosäureanalyse. In der vorliegenden Arbeit soll die Sequenzanalyse eines Nonapeptids, Ala-Tyr-Ile-Glu(NH<sub>2</sub>)-Asp(NH<sub>2</sub>)-Ala-Pro-Leu-Gly-NH<sub>2</sub>, beschrieben werden.

Die nach den einzelnen Abbauschritten entstandenen PTH-Aminosäuren zeigt die Figur. Man erkennt, dass die im ersten, zweiten und dritten Abbauschritt abgespaltenen Aminosäuren eindeutig identifiziert werden können. Die subtraktive Methode sowie die Dansyl-Technik bestätigen diese Resultate<sup>2</sup>) (Tabelle). Nach dem vierten und fünften Abbauschritt konnten einerseits PTH-Glutamin und PTH-Glutaminsäure, andererseits PTH-Asparagin und PTH-Asparaginsäure nachgewiesen werden (vgl. Figur), d.h. Asparagin und Glutamin werden, wie wir schon früher beobachtet haben [15], teilweise hydrolysiert. Es ist besonders bemerkenswert, dass vom fünften Abbauschritt an die Erkennung der N-terminalen Aminosäure durch das Auftreten von

<sup>&</sup>lt;sup>1</sup>) 7. Mitteilung über «Anwendung der Dünnschicht-Chromatographie zur Sequenzanalyse von Peptiden». 6. Mitteilung vgl. [1].

<sup>&</sup>lt;sup>2</sup>) Der niedrige Wert für Tyrosin ist wohl einer partiellen Zersetzung während der HCl Hydrolyse (vgl. [14]) zuzuschreiben.

Aminosäure	Ausgangs- peptid <sup>a</sup> )	Abbauschritt							
		1ª)	2ª)	3ª)	4 <sup>b</sup> )	5 <sup>b</sup> )	6°)	7°)	8°)
Alanin	1,8	0,7	0,8	0,8	0,8	0,8	0,1	0	0
Asparaginsäure	1,2	1,4	1,2	1,2	1,2	0,4	0,1	0	0
Glutaminsäure	0,9	0,9	0,9	0,9	0,2	0,1	Spuren	0	0
Glycin	0,7	0,8	0,8	0,7	0,7	0,7	0.8	0,8	0,7
Leucin+			-			•	,		
Isoleucin <sup>d</sup> )	1,6	1,4	1,4	0,9	0,8	0,8	0,8	0,8	0.1
Prolin	1,3	1,3	1,3	1,4	1,4	1,2	1,2	0,4	0,2
Tyrosin	0,5	0,6	0,1	0	0	0	0	0	0

Aminosäureanalyse des Nonapeptids Ala-Tyr-Ile-Glu $(NH_2)$ -Asp $(NH_2)$ -Ala-Pro-Leu-Gly-NH<sub>2</sub> vor und nach jedem Abbauschritt (Angaben in Mol)

<sup>a</sup>) Die qualitative Analyse mittels Dansylchlorids bestätigt das Abbauresultat (Rf-Werte der Dansyl-Derivate in drei Fliessmitteln).

<sup>b</sup>) Dansyl-Glutaminsäure (4. Schritt) und Dansyl-Asparaginsäure + Dansyl-Glutaminsäure (5. Schritt) konnten mittels Dansylchlorids nachgewiesen werden (Rf-Werte der Dansyl-Derivate in 2 Fliessmitteln).

<sup>c</sup>) Die erwartete N-endständige Aminosäure konnte als Dansyl-Derivat nachgewiesen werden (Rf-Werte in 2 Fliessmitteln). Nach jedem Abbauschritt waren ferner zusätzliche Flecke erkennbar, welche den N-terminalen Aminosäuren von Peptiden aus den vorangehenden Abbauschritten entsprachen. In jedem Falle konnte die «richtige» N-endständige Aminosäure ermittelt werden, da die Intensität des zugehörigen Flecks am stärksten war.

<sup>d</sup>) Eine Unterscheidung zwischen Leucin und Isoleucin erfolgte nach der Dinitrophenyl-Technik (vgl. [3]).



Trennung der nach EDMAN-Abbau entstandenen PTH-Aminosäuren auf Kieselgel-G. Versuchsbedingungen nach [3]; die starken Flecke sind schraffiert A = Analyse St = Standardsubtanz

Nebenflecken zwar erschwert, jedoch nicht verhindert wird. Eine eindeutige Zuordnung lässt sich in jedem Fall treffen, und zwar besonders dann, wenn die Ergebnisse der *direkten* Identifizierung als PTH- und als Dansyl-Derivat neben denjenigen der *subtraktiven* Methode (vgl. Tabelle) betrachtet werden. Es ist indessen zu bemerken, dass zur Unterscheidung der Leucine die Anwendung der Dinitrophenyl-Methode (nach [3]) notwendig war. Die zur Analyse erforderliche Substanzmenge beträgt etwa  $10^{-2}$  bis  $5 \times 10^{-3} \mu$ Mol pro Abbauschritt. Inwieweit die beschriebene Arbeitsweise bei höheren Peptiden anwendbar ist, und inwiefern die Kombination mit den neuerdings veröffentlichten «solid-phase» Verfahren [16] möglich ist, müssen weitere Untersuchungen zeigen. In diesem Zusammenhang sei auch auf die neue, verbesserte Abbautechnik hingewiesen, mit welcher EDMAN [8] in Verbindung mit dem «Protein Sequenator» die Sequenzanalyse von 60 Aminosäureresten eines Proteins verwirklichen konnte<sup>3</sup>).

**Experimentelles.** – Abbau der Peptide. Die Umsetzung des Nonapeptids und der Abbaupeptide mit Phenylisothiocyanat und die Isolierung der PTH-Aminosäuren erfolgten nach früheren Angaben [13] [17]. Aliquote Teile der Peptidlösung vor und nach Abbau wurden mit Dansylchlorid umgesetzt und die Dansyl-Derivate auf bekannte Weise [10] [11] gewonnen.

Nachweis der PTH-Aminosäuren. Zur Chromatographie dienten zinksilikathaltige Kieselgel-G-Schichten und die früher angewandten Fliessmittel [3]. In der Regel fand die eindimensionale Technik Anwendung. Für weitere Angaben vgl. [3].

Nachweis der Dansyl-Aminosäuren. Die Dansyl-Derivate wurden auf Kieselgel-G-Schichten mit den Fliessmitteln von SEILER & WIECHMANN [18], MORSE & HORECKER [11] und BUCHANAN et al. (vgl. [3]) chromatographiert. Für weitere Angaben vgl. [3].

Bestimmung der Aminosäuren. Aliquote Teile des Ausgangs- und Abbaupeptids wurden mit  $6 \times HCl 16$  Std. bei  $110^{\circ}$  hydrolysiert. Die Aminosäuren wurden bestimmt: a) durch Dünnschichtchromatographie, Ninhydrinfärbung und Photometrie nach Elution [3]; b) durch Dinitrophenylierung, Trennung der DNP-Derivate [3] und Photometrie nach Elution (vgl. [3]) oder Direktfluorometrie auf der Schicht [1]; c) durch Dansylierung, Trennung der Dansyl-Derivate [3][11][18] und Fluorometrie nach Elution [19] oder Direktfluorometrie auf der Schicht [1]. Eine ausführliche Mitteilung über die angewandten Verfahren wird in anderem Zusammenhang, an anderer Stelle erfolgen.

#### SUMMARY

A particularly reliable N-terminal sequence analysis of peptides can be achieved by the following combined application of EDMAN's phenylisothiocyanate technique, and thin-layer chromatography. The N-terminal amino acids split off are identified as phenylthiohydantoin- and dimethylaminonaphthalensulfonyl-derivatives; additionally, quantitative analysis of amino acids using thin-layer chromatography is carried out *before* and *after* each degradation step. The applicability of this combined procedure is demonstrated in the case of a nonapeptide.

> Analytische Abteilung, Chromatographisches Laboratorium, ROBAPHARM AG, Basel

<sup>&</sup>lt;sup>3</sup>) Der Autor möchte Herrn Professor P. EDMAN für die freundliche Überlassung des Manuskriptes vor der Veröffentlichung bestens danken.

#### LITERATURVERZEICHNIS

- [1] G. PATAKI & ED. STRASKY, Chimia 20, 361 (1966).
- [2] P. EDMAN, Acta chem. scand. 4, 283 (1950).
- [3] G. PATAKI, «Dünnschichtchromatographie in der Aminosäure- und Peptid-Chemie», W. de Gruyter, Berlin 1966.
- [4] G. PATAKI, in M. LEDERER (Herausgeber), Chromatographic Reviews 9 (1967), im Druck.
- [5] J. L. BAILEY, «Techniques in Protein Chemistry», Elsevier, Amsterdam 1967.
- [6] H. O. VAN ORDEN & F. H. CARPENTER, Biochem. biophysic Res. Comm. 14, 399 (1964).
- [7] C. H. W. HIRS, W. MOORE & W. H. STEIN, J. biol. Chemistry 235, 633 (1960); W. KONIGS-BERG & R. J. HILL, *ibid.* 237, 2547 (1962).
- [8] P. EDMAN, Thromb. Diath. Haemorragh. (Stuttgart) Suppl. 13, 17 (1963); P. EDMAN & G. BEGG, Europ. J. Biochemistry, im Druck.
- [9] C. NOLAN & E. L. SMITH, J. biol. Chemistry 237, 446 (1962); O. P. BAHL & E. L. SMITH, *ibid. 240*, 3585 (1965); E. MARGOLIASH, *ibid. 237*, 2161 (1962); R. SARGES & B. WITKOP, J. Amer. chem. Soc. 86, 1862 (1964), 87, 2011 (1965); B. KASSEL & M. LASKOWSKI, Biochem. biophys. Res. Comm. 20, 463 (1965); D. T. GISH, J. Amer. chem. Soc. 83, 3303 (1961); TH. WIELAND & U. GEBERT, Liebigs Ann. Chem. 700, 157 (1966).
- [10] W. R. GRAY & B. S. HARTLEY, Biochem. J. 89, 59 P (1963); 89, 379 (1963).
- [11] D. MORSE & B. L. HORECKER, Analyt. Biochemistry 14, 429 (1966).
- [12] P. NEDKOV & N. GENOV, Biochim. biophys. Acta 127, 541 (1966); D. M. FAMBROUGH & J. BONNER, Biochemistry 5, 2563 (1966); O. MIKEŠ, H. G. MÜLLER, V. HOLEVŠOVSKÝ, V. TOMÁŠEK & F. ŠORM, Coll. Czech. Chem. Comm. 32, 620 (1967).
- [13] J. Sjöguist, Arkiv Kemi 14, 291 (1959).
- [14] C. H. W. HIRS, J. biol. Chemistry 235, 625 (1960); F. SANGER & E. O. P. THOMPSON, Biochim. biophys. Acta 71, 468 (1963).
- [15] G. PATAKI, J. Chromatogr. 21, 133 (1966).
- [16] R. A. LAURSEN, J. Amer. chem. Soc. 88, 5344 (1966); A. DIJKSTRA, H. A. BILLIET, A. H. VAN DONINCK, H. VAN VELTHUYZEN, L. MAAT & C. BEYERMANN, Recueil Trav. chim. Pays-Bas 86, 65 (1967).
- [17] G. PATAKI, Helv. 47, 1763 (1964).
- [18] N. SEILER & H. WIECHMANN, Experientia 20, 559 (1964).
- [19] D. J. NEADLE & R. J. POLLIT, Biochem. J. 97, 607 (1965); N. SEILER & H. WIECHMANN, Z. analyt. Chem. 220, 109 (1966); G. SCHMER, Z. physiol. Chem. 348, 199 (1967).

### 109. Zur Struktur des $\gamma$ -MnO<sub>2</sub>

### von R. Giovanoli, R. Maurer und W. Feitknecht

(23.III.67)

**1. Einleitung.** –  $\gamma$ -MnO<sub>2</sub> ist in zahlreichen, je nach Autor verschieden benannten Ausbildungsformen bekannt [1–4]. Die wichtigsten Unterschiede dürften solche des Ordnungsgrades und der Kristallitgrösse sein. Die Mehrzahl der Autoren betrachtet die Struktur des  $\gamma$ -MnO<sub>2</sub> als eine Abart des natürlich vorkommenden, im Diasportyp kristallisierenden Ramsdellits. Elektrolytbraunstein gehört ebenso in die Gruppe der  $\gamma$ -MnO<sub>2</sub> [1] wie das nach dem Fundort Nsute (Ghana) bezeichnete Mineral Nsutit [3].

Im Rahmen von Versuchen zur Umkristallisation, Reduktion und Reoxydation von  $\gamma$ -MnO<sub>2</sub> erhielten wir verschiedene  $\gamma$ -MnO<sub>2</sub>-Präparate, darunter ein verhältnismässig grobteiliges, nadeliges Produkt, welches sich zur nähreren Untersuchung mittels RÖNTGEN-Strahlenbeugung, Elektronenmikroskopie und Elektronenbeugung eignete [5].