Monografie

Nr 42

Nr 26

Nr 42 2005

amoniakoliaza fenyloalaniny, budowa enzymu, 5-metyleno-3,5-dihydroimidazol-4-on, inhibitory enzymu, kwas 2-aminoindano-2-fosfonowy, oddziaływania enzym–inhibitor, biosynteza in vitro

JERZY ZOŃ*

BADANIA NAD SYNTEZĄ I WŁAŚCIWOŚCIAMI INHIBITORÓW ORAZ SUBSTRATÓW AMONIAKOLIAZY FENYLOALANINY

W ramach przeglądu literaturowego przedstawiono budowę, mechanizm działania i inhibitory enzymu roślinnego – amoniakoliazy fenyloalaniny. Podstawową część pracy stanowią badania własne, obejmujące projektowanie i opracowanie metod syntezy inhibitorów oraz substratów tego enzymu. Otrzymano siedemdziesiąt trzy analogi fenyloalaniny, fenyloglicyny i kwasu (E)-cynamonowego. Związki te odznaczały się dużą różnorodnością pod względem rodzaju grup funkcyjnych oraz struktury szkieletu węglowego. Najliczniejszą wśród nich grupę stanowiły kwasy fosfonowe. Otrzymane związki zbadano jako potencjalne inhibitory lub substraty amoniakoliazy fenyloalaniny oraz jako inhibitory biosyntezy antocyjanin. Dwa z nich - kwas 2-aminoindano -2-fosfonowy oraz kwas (+)-1-amino-3',4'-dichlorobenzylofosfonowy - okazały się bardzo silnymi inhibitorami zarówno amoniakoliazy fenyloalaniny, jak i biosyntezy antocyjanin. Pierwszy z tych zwiazków, kwas 2-aminoindano-2-fosfonowy, jest obecnie powszechnie używanym w laboratoriach inhibitorem in vivo amoniakoliazy fenyloalaniny. Pochodne kwasu 1-aminobenzylofosfonowego zawierające w pierścieniu różne podstawniki otrzymano w reakcji amidoalkilowania trójwartościowych związków fosforu lub hydrofosfonylowania podstawionych N-benzylidenodifenylometyloamin. Metoda hydrofosfonylowania wydaje się wygodniejszą drogą syntezy, chociaż efekty steryczne mogą stanowić czynnik ograniczający jej zastosowanie. Wartości stałych inhibicji (K_i) dla całej serii podstawionych w pierścieniu benzenowym pochodnych kwasu 1-aminobenzylofosfonowego pozwalają przypuszczać, że wielkość hydrofobowej kieszeni substratu w cząsteczce amoniakoliazy fenyloalaniny jest ograniczona. Badając analogi kwasu (±)-2-aminooksy -3-fenylopropionowego, wysunięto hipotezę, że silne właściwości inhibitorowe związku macierzystego są związane z możliwością utworzenia dodatkowego wiązania wodorowego między parą elektronową atomu tlenu grupy aminooksylowej a enzymem. Opracowano modyfikację literaturowej metody syntezy analogów kwasu (E)-cynamonowego zawierających grupę fosfonawą z alkenów

^{*}Zakład Chemii Organicznej, Wydział Chemiczny, Politechnika Wrocławska, Wybrzeże Wyspiańskiego 27, 50-370 Wrocław, e-mail: jerzy.zon@pwr.wroc.pl.

i pentachlorku fosforu, która pozwala skrócić ich syntezę o jeden etap. Znaleziono błąd w opublikowanej metodzie syntezy kwasu 2-fenyloetynylofosfonowego – produktem tej reakcji jest kwas 2-fenylo-2-oksoetylofosfonowy. Żaden spośród badanych analogów kwasu (*E*)-cynamonowego nie okazał się silnym inhibitorem. Wiele podstawionych pochodnych kwasu (*E*)-cynamonowego jest natomiast substratami w biosyntezie *in vitro* podstawionych pochodnych (*S*)-fenyloalaniny. Wyniki obliczeń teoretycznych sposobu wiązania kwasu 2-aminoindano-2-fosfonowego do modelu amoniakoliazy fenyloalaniny wskazują, że bardziej uprzywilejowany jest konformer z pseudoaksjalną grupą fosfonową. Badania kwasu 2-aminoindano-2-fosfonowego w ciele stałym, w roztworze i obliczenia dla cząsteczki izolowanej wskazują natomiast, że preferowana jest konformacja z grupą fosfonową w pozycji pseudoekwatorialnej. Inhibitor podczas przejścia z roztworu do miejsca aktywnego enzymu musi zatem zmienić konformację z pseudoekwatorialnej na pseudoaksjalną. Otrzymane wyniki obliczeń są zgodne z wynikami badań eksperymentalnych. Można przypuszczać, że z powodu zmiany konformacji cząsteczki kwas 2-aminoindano-2-fosfonowy jest inhibitorem wolnowiążącym.

Wykaz używanych skrótów

AIBN	– 2,2'-azobis(2-metylopropionitryl)	
AIP	- kwas 2-aminoindano-2-fosfonowy, in vivo oraz in vitro silny inhibitor amoniakoliazy feny-	
	loalaniny	
Ala	– alanina	
CA	– kwas (E)-cynamonowy	
C4H	– 4-hydroksylaza kwasu (E)-cynamonowego (oksydoreduktaza z rodziny cytochromu P450)	
CHS	 syntaza chalkonowa 	
4CL	 ligaza kwasu kumarowego: koenzymu A 	
COMT	- O-metylotransferaza estru koenzymu A i kwasu kawowego, której kofaktorem jest S-adeno-	
	zylometionina (SAM)	
DMF	- dimetyloformamid	
Gly	– glicyna	
HAL	– amoniakoliaza histydyny, EC 4.3.1.3	
IC_{50}	 stężenie inhibitora wywołujące hamowanie biosyntezy antocyjanin w 50% 	
K_i	 stała inhibicji enzymu 	
K_m	 stała Michaelisa 	
MIO	- 5-metyleno-3,5-dihydroimidazol-4-on, pochodna dehydroalaniny, elekrofilowa grupa proste-	
	tyczna amoniakoliazy fenyloalaniny i histydyny	
NBS	– <i>N</i> -bromosukcynoimid	
PAL	– amoniakoliaza fenyloalaniny, EC 4.3.1.5	
Ph	– grupa fenylowa	
PHT	– grupa ftaloilowa	
pzc	 pod zmniejszonym ciśnieniem 	
SA	 kwas salicylowy 	
Ser	– seryna	
THF	– tetrahydrofuran	
t.pok.	 temperatura pokojowa, ok. 20 °C 	
t.w.	– temperatura wrzenia	

1. Cel pracy

Amoniakoliaza fenyloalaniny jest enzymem powszechnie występującym w roślinach. Enzym ten katalizuje reakcję eliminacji amoniaku z cząsteczki (S)-fenyloalaniny, prowadzącą do kwasu (E)-cynamonowego, substratu w biosyntezie lignin i różnorodnych związków o dużym znaczeniu dla roślin. W literaturze opisano dwa silne inhibitory amoniakoliazy fenyloalaniny: kwas (\pm)-2-aminooksy-3-fenylopropionowy i kwas (R)-(-)-1-amino-2-fenyloetylofosfonowy. Kwas (\pm)-2-aminooksy-3-fenylopropionowy był używany przez wielu biochemików i fizjologów roślin jako narzędzie do badania metabolizmu i funkcji fizjologicznej związków wywodzących się z kwasu (E)-cynamonowego. Specyficzność działania tego inhibitora w warunkach *in vivo* była jednak kwestionowana.

Celem moich badań było zaprojektowanie i synteza związków o potencjalnych właściwościach inhibitorów amoniakoliazy fenyloalaniny, a przede wszystkim znalezienie efektywnego *in vivo* inhibitora enzymu. Syntetyzowane analogi fenyloalaniny, fenyloglicyny i kwasu (*E*)-cynamonowego były badane pod tym kątem. Analizując otrzymane wyniki, próbowałem znaleźć relacje między budową a aktywnością inhibitorową. Szczególnie interesujące wydawało się określenie wpływu rodzaju grup funkcyjnych i rotacji wokół wybranego wiązania w cząsteczce inhibitora na jego aktywność, a także możliwość zastosowania go jako herbicydu.

Badając wpływ zaprojektowanych i syntetyzowanych analogów fenyloalaniny na amoniakoliazę fenyloalaniny, próbowałem również zweryfikować opisane w literaturze mechanizmy reakcji enzymatycznej.

Celem moich badań była również analiza struktury najsilniejszego ze znalezionych inhibitorów amoniakoliazy fenyloalaniny, kwasu 2-aminoindano-2-fosfonowego za-równo w fazie stałej, w roztworze, jak i związanego z enzymem.

2. Przegląd literatury

2.1. Wprowadzenie

Amoniakoliaza fenyloalaniny (PAL, EC 4.1.3.5) katalizuje reakcję eliminacji amoniaku z (S)-fenyloalaniny dającą, w rezultacie kwas (E)-cynamonowy [1–4]. Występowanie tego enzymu w siewkach jęczmienia odkryli Koukol i Conn [5]. Jest to enzym powszechnie występujący w świecie roślin, sporadycznie spotykany w drożdżach, a całkowicie nieznany u zwierząt [6]. Niedawno doniesiono o występowaniu amoniakoliazy fenyloalaniny w bakteriach Streptomyces maritimus [7].



Schemat 1. Reakcja katalizowana amoniakoliazą fenyloalaniny Scheme 1. Reaction catalyzed by phenylalanine ammonia-lyase

Konformacja grup odchodzących (protonu *pro-R* i amoniaku) w substracie amoniakoliazy fenyloalaniny (schemat 1) jest naprzeciwległa [8], a zatem eliminację tę można nazwać *anti* [9, 10]. Substratem amoniakoliazy fenyloalaniny może być także (S)-tyrozyna [11, 12]. PAL z roślin dwuliściennych (np. z pietruszki) ma zdecydowanie większą specyficzność substratową w stosunku do (S)-fenyloalaniny niż do (S)-tyrozyny, podczas gdy enzym z roślin jednoliściennych (np. z kukurydzy) może mieć porównywalną specyficzność substratową dla (S)-fenyloalaniny i (S)-tyrozyny.

Znaczenie tego enzymu wywodzi się z roli, jaką w roślinach odgrywa powstający podczas reakcji eliminacji kwas (*E*)-cynamonowy (CA). Jest on prekursorem wielu związków fenylopropanoidowych [1–3], takich jak np. ligniny, flawonoidy, kumaryny, stilbeny i kwas salicylowy (schemat 2). Spośród wymienionych metabolitów w największej ilości są biosyntetyzowane ligniny [13]. Stanowią one składnik budowy dojrzałej ściany komórki roślinnej i powstają z CA w kilkuetapowej syntezie. Kwas (*E*)-cynamonowy jest hydroksylowany kolejno w pozycjach 4', 3' i 5' pierścienia benzenowego, a następnie jego hydroksylowe pochodne są *O*-metylowane w pozycjach 3' i 5' [1]. Tak powstałe pochodne kwasu (*E*)-cynamonowego są redukowane



R₁,R₂: H, OH, OCH₃ (i/lub)

Schemat 2. Początkowe etapy metabolizmu kwasu (*E*)-cynamonowego u roślin [1] Scheme 2. Earlier steps of (*E*)-cinnamic acid biotransformation [1]

do pochodnych alkoholu (*E*)-cynamonowego, podstawionych grupą hydroksylową (w pozycjach 4', 3' i 5') lub metoksylową (w pozycjach 3' i 5'). Pochodne te ulegają następnie enzymatycznej polimeryzacji rodnikowej do lignin [1]. Wykorzystanie różnych technik NMR w połączeniu z syntezą modelowych związków umożliwiło szczegółowe poznanie budowy lignin z kukurydzy i rzodkiewnika [14, 15]. W rzodkiewniku (roślina dwuliścienna) dominującymi strukturami (rys. 1) są: β -arylowy eter z wiązaniem β -O-4 (**A**), fenylokumaran z wiązaniem β -5 (**B**), resinol z wiązaniem β - β (**C**) i cykliczny dwueter z wiązaniem 5-5/ β -O-4, α -O-4 (**D**) [14], pochodzące głównie od alkoholu (*E*)-4-hydroksy-3,5-dimetoksycynamonowego i alkoholu (*E*)-4-hydroksy-3-metoksycynamonowego.



Rys. 1. Fragmenty struktury lignin zidentifikowane metodą spektroskopii NMR [14] Fig. 1. Parts of lignin structure determined by NMR spectroscopy [14]

Inny metabolit, kwas salicylowy (SA), odgrywa prawdopodobnie rolę wtórnego przekaźnika informacji w procesie powstawania odporności rośliny na wirusy i bakterie [2]. Wyniki ostatnich badań wskazują, że SA może być także wytwarzany przez roślinę na innej drodze biosyntezy niż z kwasu (*E*)-cynamonowego (na schemacie 2 biosynteza SA jest ukryta pod słowem "inne"), a mianowicie z kwasu izochoryzmowego (schemat 3) [16].



Schemat 3. Alternatywna droga biosyntezy kwasu salicylowego z kwasu izochoryzmowego (G) [16] (kwas szikimowy (E) i kwas chorizmowy (F)) Scheme 3. Alternative biosynthesis of salicylic acid from isochorismic acid (G) [16] (shikimic acid (E) and chorismic acid (F))

W ostatnich latach potwierdzono korzystny wpływ kilku metabolitów szlaku fenylopropanoidowego na zdrowie człowieka. Dobrym przykładem jest wpływ związków polifenolowych z czerwonego wina na zmniejszenie ryzyka wystąpienia choroby wieńcowej [17]. Dwa flawonoidy, genisteina i kwertecyna (rys. 2), wykazują właściwości inhibitorów kinazy cyklino-zależnej oraz są cytotoksyczne wobec modelowych komórek rakowych [18]. Inna pochodna flawonoidów z czerwonego wina, akutisimina A, jest inhibitorem topoizomerazy DNA [19].



Rys. 2. Wzory strukturalne genisteiny (**H**) i kwertecyny (**I**) Fig. 2. Structural formulae of genistein (**H**) and quercetin (**I**)



Rys. 3. Wzór (pentadekaacetylo)trikatechiny otrzymanej na drodze syntezy [21] Fig. 3. Structure of syntesized (pentadecaacetyl)tricatechin [21]

Otrzymano i opisano różne pochodne metabolitów szlaku fenylopropanoidowego [20, 21]. Opracowano np. metodę syntezy pochodnej trikatechiny (rys. 3), której widmo ¹H NMR jest takie samo jak widmo pochodnej związku naturalnego [21].

2.2. Budowa amoniakoliazy fenyloalaniny

Cząsteczka PAL jest homotetramerem. Podjednostka enzymu z pietruszki jest zbudowana z 714 aminokwasów, co odpowiada masie cząsteczkowej enzymu 310 420 g·mol⁻¹. PAL z różnych roślin charakteryzuje się różną masą cząsteczkową [6]. W chwili przygotowywania tego manuskryptu do druku ukazała się praca opisująca strukturę krystaliczną rekombinowanej amoniakoliazy fenyloalaniny z pietruszki [22]. PAL jest białkiem o dominującej strukturze helikalnej – ponad połowa reszt aminokwasów tworzy α-helisy. Enzym ma rzadko występującą elektrofilową grupę prostetyczną 5-metyleno-3,5-dihydroimidazol-4-onu (MIO, struktura **K** na rys. 4). W łańcuchu podjednostki białka można wyróżnić domenę zawierającą grupę prostetyczną, domenę miejsca aktywnego i domenę osłaniającą wejście do miejsca aktywnego. Grupa aminowa substratu jest prawdopodobnie wiązana w miejscu aktywnym przez dwie cząsteczki aasparaginy (Asn²⁶⁰ i Asn³⁸⁴), podczas gdy anion grupy karboksylowej substratu znajduje się prawdopodobnie w pobliżu cząsteczki glutaminy (Gln^{348'}) i argininy (Arg^{354'}) sąsiedniej podjednostki oraz tyrozyny (Tyr¹¹⁰) z tej samej podjednostki [22]. Autorzy pracy twierdzą, że struktura PAL ewolucyjnie wywodzi się od prostszej struktury amoniakoliazy histydyny.

Nie są znane warunki dysocjacji cząsteczki PAL na podjednostki i ponownej asocjacji do aktywnego katalitycznie tetrameru. W świetle obecnej wiedzy na temat budowy PAL wydaje się mało prawdopodobne, aby podjednostka była w stanie zachować aktywność enzymatyczną ze względu na zewnętrzne położenie bardzo reaktywnej grupy prostetycznej MIO; w tetramerze grupy prostetyczne zajmują położenie wewnątrz cząsteczki enzymu [22].



Rys. 4. Wzory strukturalne grupy prostetycznej amoniakoliazy fenyloalaniny według Hansona i Havir (J) [29] oraz Réteya i in. (K) [33]
Fig. 4. Structural formulae of prosthetic group of phenylalanine ammonia-lyase according to Hanson and Havir (J) [29], and Rétey et al. (K) [33]

Przestrzenną budowę amoniakoliazy fenyloalaniny przedstawiono na rys. 5a i b. Przed poznaniem struktury krystalicznej amoniakoliazy fenyloalaniny z pietruszki dostępny był trójwymiarowy model miejsca aktywnego enzymu z pietruszki [23], otrzymany techniką modelowania molekularnego, wykorzystujący homologię tego enzymu z amoniakoliazą (S)-histydyny [24].

Ostatnio opublikowano strukturę amoniakoliazy fenyloalaniny z drożdży (*Rhodosporidium torulides*) otrzymaną za pomocą rentgenowskiej analizy strukturalnej [25]. Autorzy pracy podkreślają obecność w cząsteczce enzymu sześciu fragmentów polipeptydowych przyjmujących kształt helis, obdarzonych momentem dipolowym i skierowanych do centrum aktywnego. Otrzymana struktura trójwymiarowa najbardziej przypomina strukturę amoniakoliazy histydyny (HAL) z bakterii (*Pseudomonas putida*) [24].

2.3. Mechanizm reakcji katalizowanej przez amoniakoliazę fenyloalaniny

Reakcje eliminacji wymagają udziału dobrej grupy odchodzącej i silnej zasady lub podwyższonej temperatury [9, 10]. Nasuwa się zatem pytanie o mechanizm eliminacji amoniaku z cząsteczki (*S*)-fenyloalaniny. Z nadzieją na głębsze poznanie mechanizmu reakcji różni autorzy badali kinetyczne efekty izotopowe reakcji katalizowanej amoniakoliazą fenyloalaniny, pierwszo- i drugorzędowe ze znaczoną izotopowo (*S*)fenyloalaniną lub 3-(1,4-cykloheksadienylo)alaniną [26–28]. Na podstawie otrzymanych wyników nie można zaproponować jednej drogi reakcji, ale są one przydatne do analizy różnych propozycji mechanizmów reakcji.

Duży postęp w badaniach mechanizmu reakcji katalizowanej amoniakoliazą fenyloalaniny stanowiło odkrycie niezbędnej w katalizie grupy prostetycznej o charakterze elektrofilowym [29]. Hanson i Havir przypisali tej grupie strukturę reszty dehydroalaniny (struktura J na rys. 4) i zaproponowali jej rolę przejściowego akceptora grupy aminowej (*S*)-fenyloalaniny w reakcji typu addycja Michaela.

Schuster i Rétey [30] w reakcji katalizowanej przez amoniakoliazę fenyloalaniny przypisali elektrofilowej reszcie dehydroalaniny inną rolę – udział w odwracalnej reakcji typu Friedela–Craftsa z pierścieniem benzenowym (*S*)-fenyloalaniny. Tę hipotezę autorzy oparli na wynikach doświadczeń z (*S*)-4-nitrofenyloalaniną jako substratem i enzymem zmutowanym punktowo (bez grupy prostetycznej). Zaproponowany przez autorów mechanizm reakcji katalitycznej tłumaczył zwiększenie kwasowości protonów w pozycji C3 produktu przejściowego reakcji (karbokation w pozycji sąsiedniej do C3).

W ostatnich dwudziestu latach wielokrotnie badano i porównywano skład aminokwasowy amoniakoliaz fenyloalaniny z różnych roślin oraz skład amoniakoliazy fenyloalaniny ze składem amoniakoliazy histydyny (HAL). Amoniakoliaza histydyny katalizuje reakcję eliminacji amoniaku z (S)-histydyny i występuje powszechnie u bakterii i zwierząt. Stwierdzono duży stopień podobieństwa pomiędzy PAL i HAL. Przełomowym osiągnięciem w badaniach amoniakoliazy histydyny było poznanie struktury przestrzennej rekombinowanego HAL z *Pseudomonas putida* metodą rentgenograficznej analizy strukturalnej [24]. Przeprowadzone badania struktury HAL umożliwiły zaproponowanie nowej struktury elektrofilowej grupy prostetycznej [24]. Przypisano jej strukturę 5-metyleno-3,5-dihydroimidazol-4-onu (MIO, struktura K na rys. 4).





Rys. 4. Widok z boku (a) i z góry (b) przestrzennej budowy amoniakoliazy z pietruszki otrzymany na podstawie rentgenowskiej analizy strukturalnej (Protein Data Bank, numer rekordu 1W27) za pomocą programu VMD. Cztery podjednostki tetrameru zaznaczono różnymi kolorami, MIO zaznaczono kolorem białym

Fig. 4. End (a) and top (b) views of three-dimensional structure of parley phenylalanine ammonia-lyase (Protein Data Bank, record No. 1W27) generated by the VMD software package. The four subunits are distinguished by different colours. MIO is coded by white

Zaproponowano powstawanie MIO z fragmentu enzymu w następującej sekwencji reakcji (prawdopodobnie wymuszonej konformacją białka): dehydratacja (reszty seryny) i kondensacja (addycja grupy NH glicyny do grupy CO alaniny i kolejna dehydratacja) (schemat 4) lub w kolejności odwrotnej, tzn. najpierw kondensacja, a następnie dehydratacja. Według obliczeń metodą dynamiki molekularnej [31], polegających na szacowaniu zmian energii swobodnej dla alternatywnych dróg przebiegu reakcji modyfikacji amoniakoliazy histydyny, droga przedstawiona na schemacie 4 wymaga mniejszego nakładu energii, jest zatem preferowana.

Strukturę 5-metyleno-3,5-dihydroimidazol-4-onu zaproponowano także jako grupę prostetyczną aminomutazy tyrozyny [32]. Enzym ten katalizuje transformację (*S*)-tyrozyny do (*S*)- β -tyrozyny podczas biosyntezy związku oznaczonego symbolem C-1027.



Schemat 4. Proponowana sekwencja reakcji fragmentu Ala¹⁴²–Ser¹⁴³–Gly¹⁴⁴ amoniakoliazy histydyny prowadząca do otrzymania grupy prostetycznej MIO [31] Scheme 4. Suggested sequence of reactions of a fragment histidine ammonia-lyase (Ala¹⁴²–Ser¹⁴³–Gly¹⁴⁴) leading to the prosthetic group MIO [31]

Różnicowe badania spektroskopowe w ultrafiolecie HAL, PAL i odpowiednio dobranych rekombinowanych PAL (z zamienionym jednym aminokwasem) oraz badania struktury HAL [24] sugerowały obecność reszty 5-metyleno-3,5-dihydroimidazol-4onu jako grupy prostetycznej dla amoniakoliazy fenyloalaniny [33]. Badania struktury krystalicznej amoniakoliazy fenyloalaniny z pietruszki [22] i z drożdży [25] ostatecznie to potwierdzają.

Jeden z izoenzymów amoniakoliazy fenyloalaniny z pietruszki został poddany ekspresji w *Escherichia coli* [34, 35] z dużą wydajnością. Dzięki temu, enzym ten mógł być przedmiotem badań krystalograficznych [22].Wydaje się, że może to być metoda otrzymywania większych ilości rekombinowanego PAL.

W literaturze można znaleźć dwie propozycje mechanizmu reakcji eliminacji amoniaku z (*S*)-fenyloalaniny katalizowanej amoniakoliazą fenyloalaniny. Różnią się one funkcją, jaką pełni grupa prostetyczna MIO (schemat 5a i b). Na schemacie 5a przedstawiono sekwencję reakcji z udziałem MIO, którego celem jest pomoc w usunięciu grupy amoniowej w produkcie przejściowym reakcji typu Friedela-Craftsa [36, 37]. Sekwencja reakcji przedstawiona na schemacie 5b uwzględnia udział MIO w reakcji typu Michaela [25]. Przebieg reakcji jest podobny do proponowanego przez Hansona i Havir [29].

Obie hipotezy mają swoje słabe strony. Mechanizm reakcji przedstawiony na schemacie 5a może budzić zastrzeżenia ze względu na dużą barierę energetyczną etapu dearomatyzacji pierścienia benzenowego (*S*)-fenyloalaniny. Hipoteza zawarta zaś w mechanizmie reakcji przedstawionym na schemacie 5b nie wyjaśnia, w jaki sposób w procesie enzymatycznej katalizy może być zrealizowany etap oderwania protonu od węgla C3 substratu. Obie propozycje odgrywają stymulującą rolę w poszukiwaniu pełniejszego opisu i rozumienia przebiegu tej reakcji enzymatycznej.



Schemat 5. Hipotetyczny mechanizm reakcji eliminacji katalizowanej PAL według: a) Réteya i in. [36, 37], b) Calabrese i in. [25] Scheme 5. Hypothetical mechanism of elimination of phenylalanine ammonia-lyase according to: a) Rétey et al. [36, 37], b) Calabrese et al. [25]

2.4. Inhibitory amoniakoliazy fenyloalaniny

Związki chemiczne hamujące reakcje chemiczne bądź enzymatyczne nazywają się inhibitorami. Hamowanie reakcji enzymatycznej może polegać na konkurencji między substratem a inhibitorem o to samo miejsce w enzymie. Istotnym elementem w oddziaływaniach między inhibitorem a enzymem jest grupa farmakoforowa – część cząsteczki inhibitora, która zawiera grupy funkcyjne bezpośrednio oddziałujące z miejscem aktywnym enzymu. Celem syntezy inhibitorów jest zahamowanie reakcji enzymatycznej.



Rys. 6. Wzór strukturalny kwasu (\pm)-2-aminooksy-3-fenylopropionowego Fig. 6. Structural formula of (\pm)-2-aminooxy-3-phenylpropionic acid

Poszukiwanie nowych herbicydów w dużej mierze polega na molekularnym modelowaniu, syntezie i badaniu inhibitorów enzymów ważnych szlaków metabolicznych roślin [38]. Ze względu na to, że biosynteza zwiazków fenylopropanoidowych nie przebiega w organizmach zwierząt, przed wielu laty zaproponowano, aby amoniakoliaza fenyloalaniny była enzymem docelowym w projektowaniu nowego herbicydu [39]. Otrzymano wiele inhibitorów tego enzymu. Spośród wszystkich zbadanych związków najsilniejszym inhibitorem PAL i syntezy antocyjanin do 1992 roku był kwas (±)-2-aminooksy-3-fenylopropionowy [40] (analog substratu zawierający grupę aminooksylową, rys. 6), który biosyntezę antocyjanin ($IC_{50} = 10 \ \mu M$) hamował znacznie słabiej niż amoniakoliazę ($K_i = 0,0014 \mu$ M). Może to sugerować oddziaływanie in vivo kwasu (±)-2-aminooksy-3-fenylopropionowego z innymi enzymami. Domniemanym miejscem działania tego inhibitora moga być enzymy zależne od fosforanu pirydoksalu. Innym silnym inhibitorem omawianego enzymu był w tych latach kwas (R)-(-)-1-amino-2-fenyloetylofosfonowy [41, 42] (rys. 7), analog (S)-fenyloalaniny zawierający grupę fosfonową. Wartości stałych inhibicji dla tego inhibitora wynoszą: $IC_{50} = 50 \ \mu M \ i K_i = 1,5 \ \mu M \ [42].$



Rys. 7. Wzór strukturalny kwasu (R)-(-)-1-amino-2-fenyloetylofosfonowego Fig. 7. Structural formula of (R)-(-)-1-amino-2-phenylethylphosphonic acid

Badania inhibicji przeprowadzono w porównywalnych warunkach jak dla kwasu (±)-2-aminooksy-3-fenylopropionowego.

3. Badania własne

3.1. Synteza analogów fenyloalaniny

3.1.1. Analogi kwasu (±)-2-aminooksy-3-fenylopropionowego

Spośród licznych analogów fenyloalaniny znanych w literaturze moją uwagę zwrócił kwas (\pm)-2-aminooksy-3-fenylopropionowy **1** ze względu na to, że jest on bardzo silnym inhibitorem PAL. Silne *in vitro* inhibitorowe właściwości tego związku w stosunku do amoniakoliazy fenyloalaniny odkryli Amrhein i Gödeke [40]. Syntezę kwasu (*S*)-(–)-2-aminooksy-3-fenylopropionowego z (*R*)-(+)-fenyloalaniny opisał Malcolm i Morley [43].

Analiza porównawcza inhibitora i specjalnie zaprojektowanych analogów może pomóc w odkryciu prawdopodobnego sposobu hamowania reakcji przez inhibitor. Postanowiłem więc otrzymać związki podobne pod względem budowy do kwasu (\pm)-2-aminooksy-3-fenylopropionowego, a następnie zbadać ich wpływ na amoniakoliazę fenyloalaniny. W tym celu otrzymałem kwas (\pm)-2-aminometylo-3-fenylopropionowy (**2**) [44], analog inhibitora **1**, zawierający izosteryczną grupę metylenową zamiast atomu tlenu.



Rys. 8. Kwas (±)-2-aminooksy-3-fenylopropionowy (1) oraz jego analogi 2 i 3 [44] Fig. 8. (±)-2-Aminooxy-3-phenylpropionic acid and its analogues 2 and 3 [44]

Otrzymałem też kwas (*E*)-2-aminometylo-3-fenyloakrylowy (**3**) [44], który można traktować jako usztywniony analog związków **1** i **2** (rys. 8). Kwas (\pm)-2-aminometylo-3-fenylopropionowy (**2**) otrzymałem z cyjanooctanu etylu według schematu 6.

Kwas (*E*)-2-aminometylo-3-fenyloakrylowy (**3**) otrzymałem z aldehydu benzoesowego i 2-(dietoksyfosforylo)propionianu etylu poprzez (*E*)-2-metylo-3-fenyloakrylan etylu jako produkt reakcji Hornera–Wadswortha–Emmonsa (schemat 7) [44].



Schemat 6. Synteza kwasu (±)-2-aminometylo-3-fenylopropionowego (2) [44]:
a) aceton, C₆H₅CH₂Br, K₂CO₃, Bu₄N⁺Br⁻, 50%; b) (i) H₂, Ni-Raneya, (ii) hydroliza, 39%
Scheme 6. Synthesis of (±)-2-aminomethyl-3-phenylpropionic acid (2) [44]:
a) acetone, C₆H₅CH₂Br, K₂CO₃, Bu₄N⁺Br⁻, 50%; b) (i) H₂, Raney-Ni, (ii) hydrolysis, 39%



Schemat 7. Synteza kwasu (*E*)-2-aminometylo-3-fenyloakrylowego (3) [44]:
a) CH₃CH[P(O)(OC₂H₅)₂]COOC₂H₅, THF, *t*-C₄H₉OK, zawartość izomeru Z < 5%, 80%;
b) NBS, 84%; c) hydroliza 48% HBr, 80%; d) CH₃OH-NH₃, 50%
Scheme 7. Synthesis of (*E*)-2-aminomethyl-3-phenylacrylic acid (3) [44]:
a) CH₃CH[P(O)(OC₂H₅)₂]COOC₂H₅, THF, *t*-C₄H₉OK, content of isomer Z <5%, 80%;
b) NBS, 84%; c) hydrolysis 48% HBr, 80%; d) CH₃OH-NH₃, 50%

Syntezy aminokwasu **3** poprzez ftalimidową pochodną lub azydek (rys. 9) były mniej wydajne w porównaniu z reakcją przedstawioną na schemacie 7.



Rys. 9. Inne produkty pośrednie otrzymane w syntezie kwasu (*E*)-2-aminometylo-3-fenyloakrylowego [44] Fig. 9. Other intermediate products during (*E*)-2-aminomethyl-3-phenylacrylic acid [44]

Aminokwasy 2 i 3 nie były do tej pory opisane w literaturze [44]. Analiza właściwości inhibitorowych tych związków oraz dane literaturowe pozwoliły sformułować hipotezę dotyczącą przyczyny silnych właściwości inhibitorowych kwasu (\pm) -2aminooksy-3-fenylopropionowego (1). Szczegółowe omówienie właściwości inhibitorowych znajduje się w rozdz. 3.4.1.1.

3.1.2. Konformacyjnie sztywne analogi kwasu (*R*)-1-amino-2-fenyloetylofosfonowego

Do zainteresowania się fosfonowymi analogami (S)-fenyloalaniny skłoniły mnie znane inhibitorowe właściwości kwasu (R)-(-)-1-amino-2-fenyloetylofosfonowego [41, 42]. Celem było otrzymanie konformacyjnie sztywnego inhibitora o budowie podobnej do fosfonowego analogu fenyloalaniny; postanowiłem zsyntetyzować kwas 2-aminoindano-2-fosfonowy (4, AIP, schemat 8) [45]. Z przeglądu metod syntezy kwasów 1-aminoalkilofosfonowych wynikało, że dogodnym substratem w syntezie



Schemat 8. Synteza kwasu 2-aminoindano-2-fosfonowego (4) [45]: a) 88% HCOOH-30% H₂O₂ (i), 7% H₂SO₄, 55-75% (ii); b) lodowaty CH₃COOH-CH₃CONH₂-CH₃COCl-PCl₃ (i), stęż. HCl-H₂O, ogrzewanie (ii), tlenek propylenu, 7–25% (iii); c) NBS, 60–70%; d) Et₂O–EtOH–EtONa, fosfonooctan trietylu, 68% lub toluen–fosfonooctan trietylu–(C₄H₉)₄N⁺Br⁻–NaOH (stały), 30–60% e) H₂O–EtOH, NaOH, 66%; f) toluen–(C₂H₅)₃N–(C₆H₅O)₂P(O)N₃, C₆H₅CH₂OH, 70%; g) H₂O–HCl, 60%; h) CH₂Cl₂–SOCl₂–DMF (i), CH₂Cl₂, NH₃, 65% (ii); i) 0° C, H₂O–NaOBr (i), HCl–H₂O (ii), CH₃OH, tlenek propylenu, 36% (iii)
Scheme 8. Synthesis of 2-aminoindane-2-phosphonic acid (4) [45]: a) 88% HCOOH–30% H₂O₂ (i), 7% H₂SO₄, 55–75% (ii); b) glacial CH₃COOH–CH₃CONH₂–CH₃COCl–PCl₃ (i), conc. HCl–H₂O, heating (ii), 1,2-epoxypropane 7–25% (iii); c) NBS, 60–70%; d) Et₂O–EtOH–EtONa, triethyl phosphonoacetate, 68% or toluene–triethyl phosphonoacetate–(C₄H₉)₄N⁺Br⁻–NaOH(solid), 30–60% e) H₂O–EtOH, NaOH, 66%; f) toluen–(C₂H₅)₃N–(C₆H₅O)₂P(O)N₃, C₆H₅CH₂OH, 70%; g) H₂O–HCl, 60%; h) CH₂Cl₂–SOCl₂–DMF (i), CH₂Cl₂, NH₃, 65% (iii); i) 0° C, H₂O–NaOBr (i), HCl–H₂O, EtOH–EtONa, triethyl phosphonoacetate, 68% or toluene–triethyl phosphonoacetate–(C₄H₉)₄N⁺Br⁻–NaOH(solid), 30–60% e) H₂O–EtOH, NaOH, 66%; f) toluene–(C₂H₅)₃N–(C₆H₅O)₂P(O)N₃, C₆H₅CH₂OH, 70%; g) H₂O–HCl, 60%; h) CH₂Cl₂–SOCl₂–DMF (i), CH₂Cl₂, NH₃, 65% (ii); i) 0° C, H₂O–NaOBr (i), HCl–H₂O (ii), CH₃OH, 1,2–epoxypropane, 36% (iii)

związku 4 mógł być 2-indanon, który można w prosty sposób otrzymać z indenu (schemat 8). Alternatywnym substratem w syntezie cyklicznego analogu fenyloalaniny 4 mógł być *o*-ksylen, z którego otrzymałem 1,2-bis(bromometylo)benzen, którym alkilowałem fosfonooctan trietylu (schemat 8). Syntezę związku 4 przedstawiono na schemacie 8, a szczegóły wykonania syntezy opisano w publikacjach [45, 46]. Sposób otrzymywania kwasu 2-aminoindano-2-fosfonowego jest także przedmiotem patentu [47]. Kwas 2-aminoindano-2-fosfonowy (4) jest wyjątkowo silnym inhibitorem *in vivo* amoniakoliazy fenyloalaniny [45]. Więcej informacji na ten temat umieszczono w podrozdziale 3.4.1.1.

AIP (4) oraz pozostałe produkty pośrednie (z wyjątkiem 2-indanonu i 1,2bis(bromometylo)benzenu) przedstawione na schemacie 8 były związkami dotąd nieopisanymi w literaturze.

W celu zbadania, jak zmiana fragmentów struktury cząsteczki inhibitora **4** wpływa na oddziaływanie z enzymem, otrzymałem dodatkowo następujące związki: kwas 2-aminoindano-2-karboksylowy (**5**), kwas 2-hydroksyindano-2-fosfonowy (**6**) i kwas 1-aminocyklopentano-1-fosfonowy (**7**). Kwas 2-hydroksyindano-2-fosfonowy (**6**) oraz jego ester diizopropylowy były nowymi związkami. Metody syntezy otrzymanych związków przedstawiono na schemacie 9.



Schemat 9. Synteza związków 5, 6 i 7 [45]: a) H₂O–EtOH–(NH₄)₂CO₃–NaCN, 90%;
b) H₂O–Ba(OH)₂, 30%; c) fosfonian diizopropylu–Al₂O₃, 30%; d) HCl–CH₃COOH, 77%;
e) lodowaty CH₃COOH–CH₃CONH₂–CH₃COCl–PCl₃(i), H₂O–HCl, 25% (ii)
Scheme 9. Synthesis of compounds 5, 6 i 7 [45]: a) H₂O–EtOH–(NH₄)₂CO₃–NaCN, 90%;
b) H₂O–Ba(OH)₂, 30%; c) diisopropyl phosphite–Al₂O₃, 30%; d) HCl–CH₃COOH, 77%;
e) glacial CH₃COOH–CH₃CONH₂–CH₃COCl–PCl₃ (i), H₂O–HCl, 25% (ii)

Celem kolejnej syntezy był kwas (\pm) -1-aminoindano-1-fosfonowy (**8**, 1-AIP), aminokwas o takim samym szkielecie węglowym jak kwas 2-aminoindano-2-fosfonowy (**4**). Synteza 1-AIP (**8**) okazała się zadaniem trudniejszym, niż to się wydawało podczas planowania badań. Amidoalkilowanie trichlorku fosforu pochodną otrzymaną z 1-indanonu w warunkach opisywanych w literaturze dla tego typu substratów [48, 49], nie doprowadziło do oczekiwanego aminokwasu **8**. Ostatecznie znaleziono

leziono sposób syntezy kwasu (±)-1-aminoindano-1-fosfonowego (8) z 1-indanonu [50, 51]. Kluczowym etapem tej syntezy okazało się otrzymanie krystalicznej zasady Schiffa z 1-indanonu i benzhydryloaminy (podobna reakcja 1-indanonu z benzyloamina, nie prowadziła do otrzymania *N*-1-indanylidenobenzyloaminy zdolnej do reagowania z fosfonianem dietylu i w rezultacie nie dawała spodziewanego (±)-1-benzyloamino-indano-1-fosfonianu dietylu). Kwaśna hydroliza (±)-1-benzhydryloaminoindano-1-fosfo-

nianu dietylu, otrzymanego w wyniku fosfonylowania *N*-1-indanylidenobenzhydryloaminy, prowadziła do rozpadu na 1-indanon, kwas fosforowy(III) i jego estry oraz soli benzhydryloaminy zamiast oczekiwanego kwasu 1-aminoindano-1fosfonowego [50–52]. Podobnie zachowywał się (\pm)-1-benzhydryloamino-1-(9'-antranylo)-metylofosfonianu dietylu. Wydaje się, że przyczyną rozpadu tych dwóch fosfonianów mogą być czynniki steryczne i elektronowe, w wyniku których współzawodnictwo o miejsce protonowania wygrywa tlen grupy fosforylowej z azotem drugorzędowej grupy aminowej, osłoniętej dwoma dużymi podstawnikami [52, 53]. Jeśli jednak usunie się wodorolitycznie osłonę benzohydrylową z atomu azotu i (\pm)-1-aminoindano-1-fosfonian dietylu podda się kwaśnej hydrolizie, to otrzymuje się kwas (\pm)-1-aminoindano-1-fosfonowy (**8**). W hydrolizacie nie obserwuje się produktów rozpadu związku **8** (kwasu fosforowego(III) i jego estrów) [50, 53]. Opisaną metodę syntezy kwasu (\pm)-1-aminoindano-1-fosfonowego (**8**) przedstawiono na schemacie 10. Podobny sposób postępowania z powodzeniem zastosowano do syntezy kwasu 1-aminocyklopentano-1-fosfonowego z cyklopentanonu [50, 53].



Schemat 10. Synteza kwasu (±-1-aminoindano-1-fosfonowego (8) [50, 51]: a) (C₆H₅)₂CHNH₂, 72%; b) fosfonian dietylu, 70%; c) H₂, 95% etanol, 10% Pd/C, 41%; d) H₂O–HCl, 37%
Scheme10. Synthesis of (±)-1-aminoindane-1-phosphonic acid (8) [50, 51]: a) (C₆H₅)₂CHNH₂, 72%; b) dietyl phosphite, 70%; c) H₂, 95% ethanol, 10% Pd/C, 41%; d) H₂O–HCl, 37%

Niepowodzeniem zakończyły się natomiast próby otrzymania kwasów 1-aminocykloalkano-1-fosfonowych z 1-oksobenzocyklobutenu, 3,4-dihydro-1(2*H*)-naftalenonu (α -tetralonu) i 1-benzosuberonu (1-benzocykloheptanonu). Wydaje się, że krytycznym etapem tej syntezy jest powstawanie zasady Schiffa, która może ulegać tautomeryzacji do enaminy. Ta ostatnia nie jest substratem w syntezie kwasu 1-aminocykloalkano-1-fosfonowego. Kwas (\pm)-1-aminoindano-1-fosfonowy (**8**) jest słabym inhibitorem PAL (por. tabela 1).

W celu zbadania wpływu wielkości pierścienia na aktywność inhibitorową kwasów aminobenzocykloalkanofosfonowych otrzymałem kwas (\pm)-1-aminobenzocyklobutano-1-fosfonowy (**9**) (schemat 11) oraz kwas (\pm)-2-amino-1,2,3,4-tetrahydronaftaleno-2-fosfonowy (**10**) (schemat 12). Syntezę racemicznego kwasu 1-aminobenzocyklobutano-1-fosfonowego (**9**) przeprowadziłem, wychodząc z kwasu antranilowego [54-55]. Z 1-oksobenzocyklobutenu otrzymałem odczynnik amidoalkilujący – trichlorek fosforu [56]. Przebieg syntezy kwasu (\pm)-1-aminobenzocyklobutano-1-fosfonowego (**9**) przedstawiono na schemacie 11. Otrzymywanie związku **9** opisałem w rozdz. 4.1.



Schemat 11. Synteza kwasu (±)-1-aminobenzocyklobutano-1-fosfonowego (9):
a) THF, Cl₃CCOOH, (CH₃)₂CHCH₂CH₂ONO, [54] (i), ClCH₂CH₂Cl, benzenodiazoniowy
-2-karboksylan, tlenek propylenu, Cl₂C=CH₂ (ii), 3% H₂SO₄, [55]; 40% (iii);
b) CH₃COOH–CH₃CONH₂–CH₃COCl–PCl₃ (i), hydroliza H₂O–HCl, 25% (ii)
Scheme 11. Synthesis of (±)-1-aminobenzocyklobutane-1-phosphonic acid (9):
a) THF, Cl₃CCOOH, (CH₃)₂CHCH₂CH₂ONO, [54] (i), ClCH₂CH₂Cl, benzenodiazo-2-carboxylate, 1,2-epoxypropane, Cl₂C=CH₂ (ii), 3% H₂SO₄, [55]; 40% (iii);
b) CH₃COOH–CH₃CONH₂–CH₃COCl–PCl₃ (i), hydrolysis H₂O–HCl, 25% (ii)



Schemat 12. Synteza kwasów (±)-2-amino-1,2,3,4-tetrahydronaftaleno-2-fosfonowego (10) i (±)-2-amino-1,2,3,4-tetrahydronaftaleno-2-karboksylowego (11):
a) CH₃COOH–CH₃CONH₂–CH₃COCl–PCl₃ (i), hydroliza H₂O–HCl, 28% (ii) [56]; b) H₂O–EtOH–(NH₄)₂CO₃–NaCN, 88%; c) H₂O–Ba(OH)₂, 38%
Scheme 12. Synthesis (±)-2-amino-1,2,3,4-tetrahydronaftalene-2-phosphonic acid (10) and (±)-2-amino-1,2,3,4-tetrahydronaftalene-2-carboxylic acid (11):
a) CH₃COOH–CH₃CONH₂–CH₃COCl–PCl₃ (i), hydrolysis H₂O–HCl, 28% (ii) [56]; b) H₂O–EtOH–(NH₄)₂CO₃–NaCN, 88%; c) H₂O–Ba(OH)₂, 38% Drugi z zaprojektowanych aminokwasów – racemiczny kwas 2-amino-1,2,3,4-tetrahydronaftaleno-2-fosfonowy (**10**) – otrzymałem z 3,4-dihydro-2(1*H*)-naftalenonu (β -tetralonu) (schemat 12). Dla porównania otrzymałem również racemiczny kwas 2-amino-1,2,3,4-tetrahydronaftaleno-2-karboksylowy (**11**) poprzez 7,8-benzo-1,3diazaspiro[4.5]

dekan-2,4-dion (hydantoine β -tetralonu) (schemat 12).

Otrzymane aminokwasy 8–10 są nowymi, nieopisanymi dotąd związkami. Właściwości inhibitorowe aminokwasów 9–11 w stosunku do PAL można uporządkować w następującym szeregu: 9 > 10 > 8 > 11, ich omówienie jest tematem rozdz. 3.4.1.

3.1.3. Inne analogi

(S)-2',6'-difluorofenyloalanina jest produktem reakcji kwasu (E)-2',6'-difluorocynamonowego z amoniakiem, katalizowanej przez rekombinowaną amoniakoliazę fenyloalaniny [57] (por. rozdz. 3.4.1.4). W kolejnym etapie badań podjąłem się zatem syntezy racemicznej 2,6-difluorofenyloalaniny (12). Jako substrat wybrałem *N*-difenylometylidenoglicynian etylu [58], a jako odczynnik elektrofilowy – bromek 2,6-difluorobenzylowy, który otrzymałem z alkoholu 2,6-difluorobenzylowego. *N*-Difenylometylidenoglicynian etylu alkilowałem za pomocą bromku 2,6-difluorobenzylowego w warunkach reakcji dwufazowej ciecz–ciało stałe [59]. Racemiczna 2,6-difluorofenyloalanina (12) jest nieopisanym związkiem. Przebieg syntezy przedstawiono na schemacie 13.



Schemat 13. Synteza (±)-2,6-difluorofenyloalaniny (12): a) 2,6-F₂C₆H₃CH₂Br, CH₃CN, K₂CO₃, 95%; b) Et₂O–stęż. HCl, 57%; c) hydroliza HCl–H₂O, 36% Scheme 13. Synthesis of (±)-2,6-difluorophenyloalanine (12): a) 2,6-F₂C₆H₃CH₂Br, CH₃CN, K₂CO₃, 95%; b) Et₂O–conc. HCl, 57%; c) hydrolysis HCl–H₂O, 36%

Wysokorozdzielcza chromatografia na chiralnej kolumnie Chirobiotic T (eluent: woda–etanol) umożliwiła całkowite rozdzielenie racemicznej 2,6-difluorofenyloalaniny (12) na enancjomery [57]. Interesujące wydawało się otrzymanie N,N,N-trimetylo-(S)-fenyloalaniny (13, schemat 14) i zbadanie oddziaływania tego związku z amoniakoliazą fenyloalaniny. Analog substratu zawierający grupę N(CH₃)₃⁺ zamiast grupy NH₃⁺ umożliwia sprawdzenie hipotezy Hansona [29], według której grupa aminowa (S)-fenyloalaniny reaguje z elektrofilową grupą prostetyczną podczas procesu katalitycznego. Taki sam etap reakcji enzymatycznej, postulowany przez Calabrese i in. [25], został przedstawiony na schemacie 5b. N,N,N-Trimetylo-(S)-fenyloalaninę (13) otrzymałem z (S)-fenyloalaniny za pomocą O-metylo-N,N'-diizopropyloizomocznika [60].



Schemat 14. Synteza N,N,N-trimetylo-(S)-fenyloalaniny (13) [60] i (S)-4-nitrofenyloalaniny [61]
oraz przebieg reakcji N-metylowania (S)-4-nitrofenyloalaniny: a) CH₃OH–CH₃OC(=NiC₃H₇)NHiC₃H₇, 20%; b) stęż. H₂SO₄–HNO₃, 43%; c) CH₃OH–CH₃OC(=NiC₃H₇)NHiC₃H₇
Scheme 14. Synthesis of N,N,N-trimethyl-(S)-phenylalanine (13) [60]
and (S)-4-nitrophenyloalanine [61] as well as the product of N-methylation reaction of (S)-4-nitrophenyloalanine: a) CH₃OH–CH₃OC(=NiC₃H₇)NHiC₃H₇, 20%; b) conc. H₂SO₄–HNO₃, 43%; c) CH₃OH–CH₃OC(=NiC₃H₇)NHiC₃H₇

W reakcji nitrowania (S)-fenyloalaniny otrzymałem (S)-4-nitrofenyloalaninę [61]. Próby otrzymania N,N,N-trimetylo-(S)-4-nitrofenyloalaniny z (S)-4-nitrofenyloalaniny za pomocą O-metylo-N,N'-diizopropyloizomocznika w temperaturze pokojowej prowadzą wyłącznie do produktu eliminacji, tzn. do soli trimetyloamoniowej kwasu (E)-4-nitrocynamonowego (schemat 14). Budowę produktu potwierdziłem metodą protonowego rezonansu jądrowego [62]. Różnice w reaktywności między N,N,N-trimetylo-(S)-4-nitrofenyloalaniną a N,N,N-trimetylo-(S)-fenyloalaniną odzwierciedlają zaobserwowane różnice w szybkości reakcji katalizowanej amoniakoliazą fenyloalaniny między (S)-4-nitrofenyloalaniną a (S)-fenyloalaniną [30].

3.2. Synteza analogów fenyloglicyny

W momencie rozpoczęcia moich badań była znana aktywność inhibitorowa analogów fenyloalaniny, podstawionych w pierścieniu benzenowym pochodnych kwasu 1-amino-2-fenyloetylofosfonowego [63]. Kontynuując badania nad inhibitorami amoniakoliazy fenyloalaniny, podjąłem się syntezy homologów tego aminokwasu (krótszych o jedną grupę metylenową, czyli pochodnych kwasu 1-aminobenzylofosfonowego), zawierających w pierścieniu podstawniki o różnych efektach elektronowych i sterycznych [64].

Wzory strukturalne otrzymanych aminokwasów 14–54 przedstawiono na rys. 10. Pochodne kwasu 1-aminobenzylofosfonowego otrzymałem, wykorzystując różne warianty reakcji amidoalkilowania trójwartościowych związków fosforu (reakcją Oleksyszyna) oraz fosfonylowanie podstawionych *N*-benzylidenodifenylometyloamin.





Fig. 10. Structures of obtained 1-aminobenzylphosphonic acid mono- and disubstituted derivatives and related compounds (14–54) [64]

Kwasy aminofosfonowe **16–18**, **26**, **30**, **31**, **36** i **37** otrzymałem bezpośrednio z aldehydów (schemat 15), stosując procedurę A [48, 49].



16-18, 26, 31, 36-37

Schemat 15. Synteza podstawionych pochodnych kwasu (±)-1-aminobenzylofosfonowego z aldehydów (procedura A) [64]: a) CH₃COOH–CH₃CONH₂–CH₃COCl–PCl₃ (i), hydroliza HCl–H₂O, 10–45% (ii) Scheme 15. Synthesis of (±)-1-aminobenzylophosphonic acid devarivatives from aldehydes (procedure A) [64]: a) CH₃COOH–CH₃CONH₂–CH₃COCl–PCl₃ (i), hydrolysis HCl–H₂O, 10–45% (ii)

Do syntezy kwasów aminofosfonowych **19–22**, **24**, **25**, **27-29**, **32-34** i **38** otrzymanych według procedury B [48, 65] (schemat 16) jako substraty wykorzystałem podstawione benzylidenobisacetamidy.



19-22, 24-25, 27-28, 32-34, 38

Schemat 16. Synteza podstawionych pochodnych kwasu (±)-1-aminobenzylofosfonowego z benzylidenobisamidów (procedura B) [64]: a) CH₃CONH₂-CH₃COOH-(CH₃CO)₂O, b) CH₃COOH-PCl₃ (i), hydroliza HCl-H₂O (ii); wydajność a i b 9–31% Scheme 16. Synthesis of (±)-1-aminobenzylophosphonic acid devarivatives from benzylidenebisamides (procedure A) [64]: a) CH₃CONH₂-CH₃COOH-(CH₃CO)₂O, b) CH₃COOH-PCl₃ (i), hydrolysis HCl-H₂O (ii); total yields 9–31%

Kwasy aminofosfonowe **14**, **23** i **35** otrzymałem w reakcji poprzez podstawione w pierścieniu benzenowym pochodne 1-(difenylometyloamino)benzylofosfonianu dietylu (schemat 17, procedura C) w procedurze Greena i in. [66].



Schemat 17. Synteza podstawionych pochodnych kwasu (±)-1-aminobenzylofosfonowego metodą hydrofosfonylowania podstawionych *N*-benzylidenodifenylometyloamin (procedura C) [64]: a) CH₂Cl₂–(C₆H₅)₂CHNH₂–K₂CO₃ (i), H(O)P(OC₂H₅)₂ (ii); b) hydroliza HCl–H₂O; wydajność dla a) i b) 26–34%

Scheme 17. Synthesis of (\pm) -1-aminobenzylophosphonic acid devarivatives by hydrophosphonylation

of *N*-benzylidenediphenylmethylamine (procedure C) [64]: a) CH₂Cl₂–(C₆H₅)₂CHNH₂–K₂CO₃(i), H(O)P(OC₂H₅)₂; b) hydrolysis HCl–H₂O (ii); total yields 26–34%

Spośród zastosowanych metod syntezy pochodnych kwasu 1-aminobenzylofosfonowego procedura C okazała się najwygodniejsza. Efekty steryczne i elektronowe mogą jednak stanowić czynnik ograniczający zastosowanie tej metody [50–53]. Podobnie jak (±)-1-benzhydryloaminoindano-1-fosfonian dietylu (schemat 10), (±)-1benzhydryloamino-1-(9'-antranylo)metylofosfonian dietylu (otrzymany z 9-formyloantracenu, związek nie przedstawiony na schemacie) w warunkach kwaśnej hydrolizy zamiast oczekiwanego kwasu 1-amino-1-(9'-antranylo)metylofosfonowego daje produkty rozpadu: 9-formyloantracen, sól benzhydryloaminy oraz kwas fosforowy(III) i jego estrowe pochodne [53]. Reakcję rozpadu tych dwóch aminofosfonianów można nazwać reakcją retro Kabachnika–Fieldsa. Jest ona podobna do kilku wcześniej zauważonych reakcji rozpadu pochodnych kwasów 1-aminoalkilofosfonowych [52, 67]. O przyczynach rozpadu tego rodzaju zwiazków, w których cząsteczkach istnieją przeszkody steryczne, była już mowa z okazji rozpadu (±)-1-benzhydryloaminoindano-1fosfonian dietylu (s. 21).

Synteza związków **35** i **38** wymagała wcześniejszego otrzymania aldehydu 4-metylonaftoesowego i 3,4-dimetylobenzaldehydu. Pięć aminokwasów: **41**, **43**, **44**, **46** i **47** (rys. 10) było produktami handlowymi. Kwas 1-amino-3-fenylopropylofosfonowy (**15**) otrzymałem z 1-hydroksyimino-3-fenylopropylofosfonianu diizopropylu [68] metodą opisaną w literaturze [69]. Kwas 1-amino-4'-metylobenzylofosfonawy (**39**) otrzymałem z *p*-toluidenobisacetamidu i kwasu fosforowego(III) [48, 70], a kwas 1-amino-4'-metylobenzylo(metylo)fosfinowy (**40**) z *p*-toluidenobisacetamidu i metylodichlorofosfiny według podobnej procedury [48, 65]. Aminokwasy **42** oraz **45** otrzymałem metodą Streckera [71]; ich aktywność porównałem z aktywnością odpowiadających im kwasów 1-aminoalkilofosfonowych (**18** i **37**).

Niektóre kwasy 1-aminofosfonowe (**48–54**, rys. 10) otrzymałem jako związki wzbogacone enancjomerycznie wskutek rozdziału diastereoizomerycznych amidów (schemat 18). Te ostatnie otrzymałem z (\pm)-1-aminoalkilofosfonianów difenylu i bezwodnika kwasu (–)-*O*,*O*-dibenzoilo-*l*-winowego według procedury Kafarskiego [72], natomiast wyjściowe (\pm)-1-aminoalkilofosfoniany difenylowe metodą Oleksyszyna [73]. Przebieg syntezy i rozdział tych związków przedstawiono na schemacie 18.

Czystość enancjometryczna otrzymanych kwasów 1-aminoalkilofosfonowych **48–54**, którą oznaczono metodami ³¹P NMR [72] (dla amidoestrów) i kapilarnej elektroforezy [74] (dla wolnych aminokwasów) jest nie mniejsza niż 95% [64]. Strukurę i czystość związków (**14–54**) użytych do badań biologicznych potwierdzono metodami spektroskopowymi (¹H, ³¹P NMR, IR) i za pomocą analizy elementarnej [64].

Omówienie innych metod otrzymywania optycznie czynnych kwasów 1-aminoalkilofosfonowych, w tym asymetrycznej syntezy, można znaleźć w przeglądzie Kukhara [75]. W stereoselektywnej syntezie tej grupy związków zdobyłem własne doświadczenia. Badałem reakcję fosfonylowania N-alkilideno-(R)-1-fenyloetyloaminy oraz N-alkilideno-(S)-1-fenyloetyloaminy za pomocą fosforynu tris(trimetylosililowego) [76], którego cząsteczka zawiera przeszkody steryczne, w obecności kwasów Lewisa. Jak się wydaje, była to jedna z pierwszych reakcji diastereoselektywnego katalitycznego fosfonylowania.



Schemat 18. Sposób otrzymania enancjomerycznie wzbogaconych kwasów aminofosfonowych (48–54) [64]: a) CH₃COOH, C₆H₅CH₂OC(O)NH₂, P(OC₆H₅)₃(i), HBr–CH₃COOH (ii), 2M NaOH–CHCl₃, 21–50% (iii); b) dioksan, bezwodnik kwasu (-)-*O*, *O*-dibenzoilo-*l*-winowego;
c) krystalizacja i rekrystalizacja obu diastereoizomerów (i); d) CH₃COOH, 40% HBr, wydajność b)–d) 4–12% Scheme 18. Syntheisis of aminophosphonic acids enriched enantiomerically (48–54) [64]:
a) CH₃COOH, C₆H₅CH₂OC(O)NH₂, P(OC₆H₅)₃ (i), HBr–CH₃COOH (ii), 2M NaOH–CHCl₃ (iii), 21–50%; b) dioxane, (-)-*O*, *O*-dibenzoyl-*l*-tartric anhydride; c) crystallization and recrystallization of both diastereoisomes (i); d) CH₃COOH–40% HBr, yields b)–d) 4–12%

3.3. Synteza analogów kwasu (E)-cynamonowego

Kwas (*E*)-cynamonowy i jego analogi jako inhibitory amoniakoliazy fenyloalaniny pochodzącej z różnych źródeł były badane przez kilku autorów [77–80].

Kwas (*E*)-cynamonowy jest nie tylko produktem reakcji katalizowanej amoniakoliazą fenyloalaniny, ale również substratem ligazy estru koenzymu A i hydroksylaz (w pozycjach 4',3' i 5'). Są to kolejne enzymy szlaku biosyntezy fenylopropanoidów, którego końcowymi produktami są m.in. ligniny, flawonoidy, kumaryny, stilbeny, taniny [1] (schemat 2). Badanie właściwości inhibitorowych związków o budowie zbliżonej do kwasu (*E*)-cynamonowego wydaje się zadaniem szczególnie interesującym pod względem poszukiwania selektywnego inhibitora *O*-metylotransferazy kwasu kawowego (COMT; EC 2.1.1.68) oraz chalkonowej syntazy (CHS; EC 2.3.1.74), czyli dwóch dalszych enzymów szlaku biosyntezy fenylopropanoidów.



Schemat 19. Fragment szlaku biosyntezy fenylopropanoidów uwzględniający chalkonową syntazę (CHS) i *O*-metylotransferazę kwasu kawowego (COMT) [1] Scheme 19. Fragment of phenylpropanoid biosynthesis route including chalcone synthase (CHS) and caffeic acid *O*-methyltransferase (COMT) [1]

COMT jest enzymem tego fragmentu szlaku biosyntezy fenylopropanoidów, który prowadzi do lignin, a CHS jest odnogą szlaku prowadzącą do flawonoidów (schemat 19). Dla obu enzymów selektywny inhibitor *in vivo* stwarza potencjalną możliwość oddzielnego hamowania biosyntezy flawonoidów i biosyntezy lignin. Dzięki poznanej strukturze krystalicznej COMT [81] i CHS [82, 83] można zbudować trójwymiarowe modele tych enzymów i znacznie ograniczyć liczbę potencjalnych inhibitorów.

Do badań wybrałem dwadzieścia osiem analogów kwasu (*E*)-cynamonowego (56–83), których wzory strukturalne znajdują się na rys. 11 [84]. Wśród nich są związki

syntetyzowane (**59**, **60**, **62–74**, **76**, **80-81**) oraz produkty handlowe (**55–58**, **61**, **75**, **77–79**, **82–83**). Można je podzielić na następujące klasy związków: kwasy karboksylowe, kwasy fosfonowe i fosfonawe, kwasy boronowe oraz związki z grupą nitrową.



Rys. 11. Wzory strukturalne kwasu (*E*)-cynamonowego i jego analogów (**55–83**) [84] Fig. 11. Structure of (*E*)-cinnamic acids and its anoalogues (**55–83**) [84]

Sposób otrzymywania trzech kwasów karboksylowych: 1*H*-indeno-2-karboksylowego (**66**), 3*H*-indeno-1-karboksylowego (**69**) i (*E*)-2-metylo-3-fenyloakrylowego (**71**) spośród czternastu badanych przedstawiono na schemacie 20. Otrzymywanie kwasu (*E*)-2-bromometylo-3-fenyloakrylowego (**73**) przedstawiono na schemacie 7. Kwas (*E*)-2-acetamido-3-fenyloakrylowy (**74**) otrzymałem w reakcji kondensacji *N*-acetyloglicyny z benzaldehydem [85].



Schemat 20. Synteza kwasów karboksylowych [84]: a) (COCl)₂, 140 °C (i), hydroliza, NaHCO₃, HCl do pH ~1, 36% (ii); b) Et₂O–BuLi (i), CO₂ (st.) (ii), HCl, 25% (iii); c) CH₃COOH–40% HBr, 32% (i) Scheme 20. Synthesis of carboxylic acids [84]: a) (COCl)₂, 140 °C (i), hydrolysis, NaHCO₃, HCl

to pH ~1, 36% (ii); b) Et_2O -BuLi (i), CO_2 (solid) (ii), HCl, 25%(iii); c) CH₃COOH-40% HBr, 32%(i)

Na schemacie 21 przedstawiono syntezę siedmiu kwasów fosfonowych i fosfonawych: 2-fenyloetenylofosfonowego (**59**), 2-fenyloetenylofosfonawego (**63**), 1*H*-indeno-2-fosfonowego (**67**), 1*H*-indeno-2-fosfonawego (**68**), 2-(4'-metoksyfenylo)etenylofosfonowego (**60**), 2-(1'-naftylo)etenylofosfonowego (**70**) i 2-fenyloetynylofosfonowego (**76**).

2-Fenyloetynylofosfonian dietylu hydrolizowany kwasem solnym daje kwas 2-fenylo-2-oksoetylofosfonowy, który jest produktem przyłączenia cząsteczki wody do związku **76** (schemat 21) [84, 86], nie zaś, jak opisano w literaturze [87], kwasem 2-fenyloetynylofosfonowym (**76**). 2-Fenyloetynylofosfonian dietylu w reakcji z bromkiem trimetylosililowym, a następnie hydrolizowany w temperaturze pokojowej, daje kwas 2-fenyloetynylofosfonowy (**76**) (schemat 21) [84, 86]. Otrzymany związek **76** [84] różni się temperaturą topnienia od podanej w publikacji [87]. Kwas 2-fenyloetynylofosfonowy (**76**) scharakteryzowałem metodami spektroskopowymi (tabela 6).

Synteza kwasów fosfonawych według procedury Fridlanda i Efremova [88] przebiega w trzech etapach: (a) addycja pentachlorku fosforu do alkenów w roztworze benzenowym, (b) redukcja otrzymanego adduktu za pomocą fosfiny, zakończona destylacją pod zmniejszonym ciśnieniem i (c) hydroliza α,β -nienasyconej (P,P-dichloro)fosfiny do nienasyconego kwasu fosfonawego. Stwierdziłem iż zalecany przez autorów [88] etap eliminacji chlorowodoru z β -chloro(P,P-dichloro)fosfiny za pomocą trietyloaminy można pominąć, ponieważ po destylacji wyizolowałem α , β -nienasyconą (P,P-dichloro)fosfinę [84], nie zaś β -chloro(P,P-dichloro)fosfinę [88].



Schemat 21. Synteza kwasów fosfonowych i fosfonawych [84]: a) C_6H_6 –PCl₅ (i), hydroliza, 37% (ii); b) C_6H_6 –PCl₅ (i), PH₃ (ii), hydroliza, 25% (iii); c) C_6H_6 –PCl₅ (i), hydroliza (ii), estryfikacja HC(OC₂H₅)₃, destylacja pzc (iii), CH₂Cl₂–(CH₃)₃SiBr, CH₂Cl₂–H₂O, 6% (iv); d) C_6H_6 –PCl₅ (i), PH₃, destylacja pzc dichlorofosfiny (ii), hydroliza, 24% (iii); e) Et₂O–NaH–CH₂[P(O)(OiC₃H₇)₂]₂ (i), H₂O, kolumna chromatograficzna, 42% (ii); f) CCl₄–(CH₃)₃SiI (i), CH₂Cl₂–H₂O, 39% (ii); g) Et₂O–NaH–CH₂[P(O)(OiC₃H₇)₂]₂ (i), H₂O, destylacji pzc, 69% (ii); h) CH₂Cl₂–(CH₃)₃SiBr (i), CH₂Cl₂–H₂O, 89% (ii); i) Et₂O–C₂H₅MgBr (i), ClP(O)(OC₂H₅)₂ (ii), H₂O, destylacji pzc, 36% (iii); k) CH₂Cl₂–(CH₃)₃SiBr (i), CH₂Cl₂–H₂O, 78% (ii); l) HCl–H₂O, 47% Scheme 21. Synthesis of phosphonic and phosphonous acids [84]: a) C₆H₆–PCl₅ (i), hydrolysis, 37% (ii); b) C₆H₆–PCl₅ (i), PH₃ (ii), hydrolysis, 25% (iii); c) C₆H₆–PCl₅ (i), hydrolysis (ii), esterification by

 $HC(OC_2H_5)_3$, distillation under reduced pressure (iii), $CH_2Cl_2-(CH_3)_3SiBr$, $CH_2Cl_2-H_2O$, 6% (iv); d) $C_6H_6-PCl_5$ (i),

PH₃, distillation of dichlorophosphine under reduced pressure (ii), hydrolysis, 24% (iii); e) Et₂O–NaH $-CH_2[P(O)(OiC_3H_7)_2]_2$ (i), H₂O, column chromatography, 42% (ii); f) $CCl_4-(CH_3)_3SiI$ (i), $CH_2Cl_2-H_2O$, 39% (ii); g) Et₂O–NaH–CH₂[P(O)(OiC₃H₇)₂]₂ (i), H₂O, distillation under reduced pressure, 69% (ii); h) $CH_2Cl_2-(CH_3)_3SiBr$ (i), $CH_2Cl_2-H_2O$, 89% (ii); i) $Et_2O-C_2H_5MgBr$ (i), $CIP(O)(OC_2H_5)_2$ (ii), H₂O, distillation under reduced pressure, 36% (iii); k) $CH_2Cl_2-(CH_3)_3SiBr$ (i), $CH_2Cl_2-H_2O$, 47%

Przebieg omówionych reakcji przedstawiono na przykładzie syntezy kwasu 1*H*-indeno-2-fosfonawego (**68**) (schemat 22). Syntezę kwasów boronowych przedstawiono na schemacie 23, na schemacie 24 zaś metodę syntezy związków nitrowych. W tabeli 6 (rozdz. 4.2) zestawiono właściwości fizykochemiczne otrzymanych analogów kwasu (*E*)-cynamonowego.



Schemat 22. Produkty pośrednie w syntezie kwasu 1*H*-indeno-2-fosfonawego (**68**) z indenu: a) C₆H₆–PCl₅; b) PH₃; c) destylacja pzc; d) H₂O; a)–d) 24% Scheme 22. Intermediate products in the synthesis of 1*H*-indene-2-phosphonous acid (**68**) from indene: a) C₆H₆–PCl₅; b) PH₃; c) distillation under reduced pressure; d) H₂O; a)–d) 24%



Schemat 23. Synteza kwasów boronowych [84]: a) *o*-C₆H₄O₂BH (i), H₂O, 39% (ii); b) *o*-C₆H₄O₂BH, (ii) H₂O, 36%

Scheme 23. Synthesis of boronic acids [84]: a) o-C₆H₄O₂BH (i), H₂O, 39% (ii); b) o-C₆H₄O₂BH, (ii) H₂O, 36%



Schemat 24. Synteza związków nitrowych [84]: a) CH₃COOH–NH₄(CH₃COO)–CH₃NO₂, 62%;
b) CH₃COOH–NH₄(CH₃COO)–CH₃NO₂, 50%; c) CH₃COOH–NH₄(CH₃COO)–CH₃NO₂, 55%;
d) dioksan–etanol–NaBH₄ (i), CH₃COOH, kolumna chromatograficzna, 20% (ii)
Scheme 24. Synthesis of nitro compounds [84]: a) CH₃COOH–NH₄(CH₃COO)–CH₃NO₂, 62%;
b) CH₃COOH–NH₄(CH₃COO)–CH₃NO₂, 50%; c) CH₃COOH–NH₄(CH₃COO)–CH₃NO₂, 62%;
b) CH₃COOH–NH₄(CH₃COO)–CH₃NO₂, 50%; c) CH₃COOH–NH₄(CH₃COO)–CH₃NO₂, 55%;
d) dioxane–ethanol–NaBH₄ (i), CH₃COOH, column chromatography, 20% (ii)

3.4. Właściwości otrzymanych związków

3.4.1. Właściwości biologiczne

Właściwości inhibitorowe otrzymanych aminokwasów 2–11 i 14–54 o czystości analitycznej zostały zbadane w laboratorium prof. Amrheina. Wyniki przedstawiono w tabeli 1. Do badania stałej hamowania (K_i) użyto surowej amoniakoliazy fenyloalaniny z gryki, do badania stężenia inhibitora, dla którego następuje 50% zmniejszenie zawartości antocyjanin (IC_{50}), użyto siewek gryki [45, 64].

Tabela 1. Właściwości inhibitorowe otrzymanych analogów fenyloalaniny i fenyloglicyny [44, 45, 56, 64] w porównaniu ze znanymi inhibitorami (AOPPA i APEPA) [40, 42]
Table 1. Properties of analogues of phenylalanine and phenylglycine as inhibitors of phenylalanine ammonia-lyase and anthocyanin biosynthesis [44, 45, 56, 64]. Known inhibitors (AOPPA i APEPA) [40, 42] were used as standards

Numer związku	$K_i [\mu M]^a$	<i>IC</i> ₅₀ [μM] ^b	Numer związku	$K_i [\mu M]^a$	<i>IC</i> ₅₀ [μM] ^b
$1 (AOPPA)^{c}$	0,0014	10	29	1,8	25
(R)-APEPA ^d	1,5	50	30	e	f
2	16,5	f	31	40	>1000
3	1,3	f	32	4,0	82
4	0,08	1,5	33	1,0	16
5	6,3	3000	34	0,21	5

6	e	>1000	35	0,89	24
7	e	f	36	3,7	220
8	e	f	37	0,30	140
9	0,32	140	38	7,5	f
10	e	1800	39	e	f
11	423	f	40	25	550
14	6,5	250	41	9,0	<5000
15	5,0	110	42	0,24	640
16	8,5	4860	43	e	f
17	1,5	23	44	1,3	1500
18	0,25	30	45	1,0	3000
19	8,3	240	46	2,3	3300
20	34	>1000	47	300	>5000
21	e	<1000	48	3,4	53
22	2,0	10	49	0,17	15
23	0,21	10	50	0,08	2,2
24	5,3	1710	51	e	f
25	1,0	15	52	e	f
26	0,29	22	53	3,1	965
27	e	f	54	10	60
28	3,3	67			

^aBłąd wartości K_i 5–8%; stała Michaelisa (K_m) enzymu wynosi 45 µM. ^bBłąd wartości I_{50} 10–15%. ^c Jako odnośnik – kwas (±)-2-aminoksy-3-fenylopropionowy, dane literaturowe [40]. ^dJako odnośnik kwas (R)-1-amino-2-fenyloetylofosfonowy, dane literaturowe [42]. ^cObserwowano mniej niż 50% hamowania PAL dla stężenia inhibitora 1 mM. ^lObserwowano mniej niż 40% hamowania biosyntezy antocyjanin w siewkach gryki dla stężenia inhibitora 1 mM.

3.4.1.1. Właściwości inhibitorowe analogów fenyloalaniny

Kwas (\pm)-2-aminometylo-3-fenylopropionowy (**2**) [44] okazał się ok. 10 000 razy gorszym inhibitorem amoniakoliazy fenyloalaniny niż kwas (\pm)-2-aminooksy-3-fenylopropionowy (**1**) (tabela 1) mimo dużego podobieństwa strukturalnego obu związków. Wykazywał on natomiast właściwości inhibitorowe w stosunku do transaminazy fenyloalaniny z fasoli złotej (*Phaseolus aureus*) [44].

Można założyć, że grupy aminowe w związkach 1 i 2 różnią się zasadowością w podobnym stopniu jak metoksyaminy (p $K_{BH+} = 12,5$) i metyloaminy (p $K_{BH+} = 10,6$). Gdyby o sile wiązania tych związków z enzymem decydowała zasadowość grupy aminowej, aminokwas 2 powinien być silniejszym inhibitorem niż 1; wyznaczone stałe inhibicji przeczą tej interpretacji (tabela 1). Wydaje się, że obecność atomu tlenu w związku 1 może być przyczyną różnicy między jego aktywnością inhibitorową a aktywnością związku 2 ze względu na możliwość dodatkowego oddziaływania (poprzez wiązanie wodorowe) między inhibitorem (akceptor wiązania wodorowego) a enzymem (donor wiązania wodorowego). Z termodynamicznego punktu widzenia zwiększeniu energii swobodnej oddziaływania inhibitor–enzym o 1,2 kcal/mol w temperaturze 20 °C odpowiada około stukrotnemu zmniejszeniu stałej inhibicji; wzrost energii swobodnej o 3 kcal/mol odpowiada wzrostowi stałej inhibicji o około 5 rzędów wielkości ($\Delta lgK = \delta \Delta G/2, 3RT, R = 1,986$ cal/(mol·K)). Za hipotezą uwzględniającą dodatkowe oddziaływanie między inhibitorem 1 a amoniakoliazą fenyloalaniny przemawia to, że hydrazynowy analog fenyloalaniny, kwas (\pm)-2-hydrazyno-3-fenylopropionowy, jest również silnym inhibitorem PAL [89]. Jeżeli otrzymany model centrum aktywnego amoniakoliazy fenyloalaniny [23] jest poprawny, to obserwowane różnice stałych inhibicji dla obu związków można uzasadnić oddziaływaniem inhibitora 1 z resztą tyrozyny (110 lub 453). Wydaje się, że hipotezę tę potwierdzają najnowsze dane literaturowe [22], z których wynika, że zwłaszcza tyrozyna 110 może tworzyć postulowane wiązanie wodorowe.

Zarówno kwas (*E*)-2-aminometylo-3-fenyloakrylowy (**3**), jak i kwas (±)-2-aminometylo-3-fenylopropionowy (**2**) są bardzo słabymi inhibitorami syntezy antocyjanin ($IC_{50} \ge 2 \text{ mM}$ [44]) w porównaniu z kwasem (±)-2-aminooksy-3-fenylopropionowym (**1**) ($IC_{50} = 10 \mu M$ [40]). Mniej labilny konformacyjnie kwas (*E*)-2-aminometylo-3fenyloakrylowy (**3**) [44] jest ok. 1000 razy gorszym inhibitorem amoniakoliazy fenyloalaniny niż kwas (±)-2-aminooksy-3-fenylopropionowy (**1**) (tabela 1). Interesujący jest też fakt, że kwas (*E*)-2-aminometylo-3-fenyloakrylowy (**3**) jest ok. 10 razy silniejszym inhibitorem PAL niż kwas (±)-2-aminometylo-3-fenylopropionowy (**2**).

Ze względu na inhibitorowe właściwości związków 2 i 3, a zwłaszcza słabą inhibicję syntezy antocyjanin oraz brak specyficzności w hamowaniu amoniakoliazy fenyloalaniny (hamowanie transaminazy fenyloalaniny) zaniechano dalszych poszukiwań inhibitorów PAL wśród związków o budowie podobnej do związków 2 i 3.

Na podstawie porównania właściwości inhibitorowych kwasu 2-aminoindano-2fosfonowego (4) i związków o zbliżonej strukturze (5–7) [45] można stwierdzić, że do zachowania silnych właściwości inhibitorowych potrzebna jest obecność trzech grup: aminowej, fosfonowej i pierścienia benzenowego. Grupy te można więc uznać za farmakoforowe. Zamiana grupy fosfonowej na karboksylowa powoduje zmniejszenie aktywności inhibitorowej o 3 rzędy wielkości. Jest to zapewne związane z różnicą w oddziaływaniu grupy fosfonowej i karboksylowej z amoniakoliaza fenyloalaniny. Dla analogów fenyloalaniny zamiana grupy fosfonowej (PO_3H_2) na fosfonawa (PO-₂H₂) powoduje zmniejszenie wartości stałej inhibitorowej o rząd wielkości [42]. Warto podkreślić, że kwasy 2-aminoindano-2-fosfonowy (AIP, 4) i (R)-1-amino-2fenyloetylofosfonowy ((R)-APEPA) mają trzy takie same grupy farmakoforowe, które są położone względem siebie w różny sposób, co powoduje różnice w oddziaływaniach inhibitor-enzym oraz istotne różnice stałych inhibitorowych. AIP (4) jest silniejszym inhibitorem amoniakoliazy fenyloalaniny z gryki (19 razy) i syntezy antocyjanin w siewkach gryki (33 razy) niż (R)-APEPA [40, 45]. Zawartość wolnej (S)-fenyloalaniny w tkance gryki po wcześniejszej 24-godzinnej inkubacji siewek w 10 μM roztworze wodnym inhibitora 4 jest około 20 razy większe niż w ślepej próbie. Świadczy to o hamowaniu in vivo amoniakoliazy fenyloalaniny i koreluje z hamowaniem biosyntezy antocyjanin [45]. W cząsteczce kwasu 2-aminoindano -2-fosfonowego odległości między grupami farmakoforowymi są ściśle określone i wynikają z geometrii szkieletu cyklopentanu w obu konformerach (schemat 26) -z grupa fosfonowa w pozycji pseudoekwatorialnej (EC) oraz pseudoaksjalnej (AC).

W cząsteczce kwasu (*R*)-1-amino-2-fenyloetylofosfonowego występuje natomiast swobodna rotacja wokół dwóch sąsiednich wiązań węgiel–węgiel.

Dodatkowe badania rekombinowanej amoniakoliazy fenyloalaniny z pietruszki potwierdziły wcześniejsze obserwacje z użyciem surowego enzymu z gryki [45], że kwas 2-aminoindano-2-fosfonowy (4) jest konkurencyjnym inhibitorem enzymu [90]. Z drugiej strony z badań kinetyki hamowania enzymu wynika, że kwas 2-aminoindano-2-fosfonowy (4) jest wolnowiążącym się inhibitorem odwracalnym [90]. Reakcję równowagi między enzymem (E = PAL) a inhibitorem (I = AIP) możemy opisać następującym równaniem:

$$E + I \stackrel{\text{wolno}}{=\!\!=\!\!=\!\!=} (EI)^*$$

Gwiazdka w tym równaniu oznacza, że końcowy kompleks enzym–inhibitor, o maksymalnej sile wiązania, powstaje w jednym powolnym etapie. Wyznaczone stałe inhibicji i stałe szybkości inhibicji badanych związków podano w tabeli 2. Powolne hamowanie enzymu inhibitorem może oznaczać powolną zmianę w cząsteczce enzymu lub inhibitora. Zmiana stałej hamowania dla cząsteczki enzymu może np. oznaczać zmianę konformacji, wprowadzenie wody do centrum aktywnego lub zmianę stanu oligomerycznego. Zmiana stałej inhibicji dla cząsteczki inhibitora może wiązać się z hydratacją lub dehydratacją grupy funkcyjnej, zmianą stanu jonizacji lub zmianą konformacji [91]. Próba ustalenia, jaka zmiana następuje w omawianym przypadku, jest przedmiotem rozdz. 3.4.3.

Tabela 2. Stałe hamowania (K_i) amoniakoliazy fenyloalaniny z pietruszki i stałe szybkości asocjacji (k_+) i dysocjacji (k_-) inhibitor–PAL [90] Table 2. Kinetic and inhibition constants of inhibitors

Związek	<i>K_i</i> [μM]	$k_+ imes 10^4 \ [ext{M}^{-1} \cdot ext{s}^{-1}]$	$k_{-} imes 10^4$ [s ⁻¹]
4 ^a	$0,025\pm0,004$		
4 ⁰	$0,007\pm0,002$	2,6±0,04	$1,8\pm0,4$
1	$0,00038 \pm 0,00005$	42,6±0,2	1,6±0,2
2	8,9±0,4		
5	1,9±0,1		
(<i>R</i>)-4'-FAPEPA ^c	1,0±0,1		

^aZmierzone dla stanu ustalonego. Stała Michaelisa (K_m) dla (S)-fenyloalaniny wynosi 17,2 μ M. ^bZmierzone na podstawie szybkości przybywania (EI)^{*} w czasie. ^cJako odnośnik kwas (R)-1-amino-2-(4-fluorofenylo)etylofosfonowy ma zbliżoną aktywność inhibitorową do kwasu (R)-1-amino-2fenyloetylofosfonowego w teście na surowym PAL z gryki.

Spośród wszystkich znanych inhibitorów amoniakoliazy fenyloalaniny kwas 2-aminoindano-2-fosfonowy (4) był przedmiotem licznych badań biologicznych jako potencjalny specyficzny inhibitor *in vivo* [45]. Przykłady zastosowania kwasu 2-aminoindano-2-fosfonowego (AIP) do badania biosyntezy związków fenylopropanoidowych są cytowane w moich pracach [64, 92].

Istniał pogląd, że silny inhibitor PAL może okazać się herbicydem [39]. Nie stwierdzono tego w przypadku kwasu 2-aminoindano-2-fosfonowego. Zahamowanie biosyntezy metabolitów szlaku fenylopropanoidowego w wyniku zahamowanie amoniakoliazy fenyloalaniny za pomocą AIP całkowicie wstrzymuje rozwój rośliny. Zatrzymanie rozwoju jest jednak całkowicie odwracalne i zaprzestanie traktowania rośliny tym inhibitorem powoduje dalszy jej wzrost. Działanie inhibitora nie powoduje żadnych ubocznych zmian w roślinach, takich jak np. zmiana turgoru.

Ze względu na wyjątkowo silne właściwości inhibitorowe kwasu 2-aminoindano-2-fosfonowego wydawało się ciekawe zbadanie wpływu modyfikacji struktury jego cząsteczki na aktywność biologiczną. W tym celu postanowiłem zsyntetyzować kilka związków podobnych do AIP, różniących się wielkością pierścienia i położeniem grup aminowej i fosfonowej.

Racemiczny kwas 1-aminoindano-1-fosfonowy (8) wykazywał bardzo małą aktywność inhibitorową (tabela 1). Stała inhibicji PAL dla związku 8 jest ponad 200 razy większa niż stała inhibicji PAL dla kwasu 2-aminoindano-2-fosfonowego (4). Ponieważ związek 8 jest racematem, więc stała inhibicji PAL jego czystego enancjomeru R będzie mniejsza [42]. Mimo to można stwierdzić, że 1-AIP (8) jest słabym inhibitorem PAL.

Kwas (±)-1-aminobenzocyklobutano-1-fosfonowy (9), zawierający pierścień czteroczłonowy zamiast pięcioczłonowego, okazał się czterokrotnie słabszym inhibitorem PAL niż kwas 2-aminoindano-2-fosfonowy (4) (tabela 1). Można również założyć, że czysty enancjomer *R* kwasu 1-aminobenzocyklobutano-1-fosfonowego będzie miał mniejszą stałą inhibicji niż racemiczny związek 9 [42]. Kwas (±)-1-aminobenzocyklobutano-1-fosfonowy (9) jest także 100 razy gorszym inhibitorem biosyntezy antocyjanin niż AIP (4) (tabela 1). Jeszcze słabszym inhibitorem PAL (50 razy gorszym niż kwas (±)-1-aminobenzocyklobutano-1-fosfonowy) okazał się kwas (±)-2amino-1,2,3,4-tetrahydronaftaleno-2-fosfonowy (10) z pierścieniem sześcioczłonowym w cząsteczce (tabela 1).

Wyniki omówionych badań wskazują na optymalną pod względem aktywności inhibitorowej wielkość pierścienia cyklopentanowego. Zarówno zwiększenie (pierścień cykloheksanowy), jak i zmniejszenie (pierścień cyklobutanowy) pierścienia te właściwości pogarsza. Istotne pozostaje położenie grupy aminowej i fosfonowej w pierścieniu indanu.

Podobieństwo struktury trzeciorzędowej amoniakoliazy fenyloalaniny i histydyny znajduje odzwierciedlenie w podobnej budowie inhibitorów obu enzymów [93].

3.4.1.2. Właściwości inhibitorowe analogów fenyloglicyny

Inną grupą otrzymanych i badanych przeze mnie związków były analogi fenyloglicyny **14–54** [64]. Ich właściwości inhibitorowe zestawiono w tabeli 1. Kwas 1-aminobenzylofosfonowy (**14**) i kwas 1-amino-3-fenylpropylofosfonowy (**15**) mogą być rozważane jako homologi kwasu 1-amino-2-fenyloetylofosfonowego, znanego inhibitora PAL [41-42]. Mimo że nieznacznie silniejszym inhibitorem jest związek 15, do dalszych badań wybrałem podstawione pochodne kwasu 1-aminobenzylofosfonowego (14) ze wzgledu na ich mniejsza swobode konformacyjna w porównaniu ze zwiazkiem 15 (dodatkowa rotacja wokół wiązań wegiel-wegiel). Otrzymałem serię pochodnych kwasu 1-aminobenzylofosfonowego (16-31) mono- i dwupodstawionych w pierścieniu benzenowym. Wśród podstawników znalazły się następujące grupy: chloro-, bromo-, fluoro-, metylo-, trifluorometylo-, etylo-, hydroksy- i metoksy- w różnych położeniach (orto-, meta- i para-) (rys. 10). Doświadczenie na siewkach gryki wykazało, że w roztworze zawierającym 100 μM kwasu (±)-1-amino-4'-chlorobenzylofosfonowego (23) ($K_i = 0.23 \ \mu\text{M i} IC_{50} = 10 \ \mu\text{M}$, tabela 1) następuje 21-krotny wzrost stężenia (S)-fenyloalaniny [64]. Oznacza to, że kwas (±)-1-amino-4'-chlorobenzylofosfonowy (23) jest in vivo inhibitorem PAL. Związki 22 i 17 z podstawnikiem chloro- i metylo- w pozycji *meta-* wykazywały interesujące wartości stałej inhibicji PAL. Z dwóch kolejnych pochodnych – kwasu (±)-1-amino-3',4'-dichlorobenzylofosfonowego (34) i kwasu (±)-1-amino-3',4'-dimetylobenzylofosfonowego (35), silniejsze hamowanie PAL i syntezy antocyjanin wykazywał związek 34. Dwa nowe związki o nieznanej konfiguracji absolutnej - kwas (+)-1-amino-3',4'-dichlorobenzylofosfonowy (50) i kwas (-)-1-amino-3',4'-dichlorobenzylofosfonowy (53) porównano ze związkami o znanej konfiguracji absolutnej: kwasem (R)-(+)-1-aminobenzylofosfonowym (48) i kwasem (S)-(-)-1-aminobenzylofosfonowym (51) [94]. Silniejszymi inhibitorami w tej podgrupie związków okazały się związki 50 i 48. Na podstawie tych wyników z uwzględnieniem stereoselektywności PAL [42] można przypuszczać, że związek 50 ma konfiguracje absolutną R i – konsekwentnie – związek 53 konfigurcję S. W celu potwierdzenia tej hipotezy planowane są badania rentgenograficzne związku 50. Warto zauważyć, że wprowadzenie do pierścienia benzenowego kwasu 1-amino-2-fenyloetylofosfonowego dowolnego podstawnika prowadzi do znacznego zmniejszenia aktywności inhibitorowej [95]. Wyjątkiem są para-, metai orto-flourowe pochodne ze względu na zbliżoną wielkość promieni van der Waalsa atomu fluoru i atomu wodoru. Ta obserwacja oraz wyniki badania aktywności inhibitorowej całej serii podstawionych w pierścieniu benzenowym pochodnych kwasu 1-aminobenzylofosfonowego [64] pozwalają przypuszczać, że wielkość hydrofobowej kieszeni substratu w cząsteczce PAL jest ograniczona.

Okazało się także, że pochodne kwasu 1-aminobenzylofosfonowego mogą być silniejszymi inhibitorami niż kwas 1-aminobenzylofosfonowy. Podstawienie dwiema grupami metylowymi lub dwoma atomami chloru w pierścienu benzenowym w pozycji 3- i 4- spowodowało zwiększenie zdolności inhibitorowych odpowiednich związków. Wydaje się, że skrócenie łańcucha łączącego pierścień benzenowy z grupą fosfonową (o grupę metylenową) w porównaniu z kwasem 1-amino-2-fenyloetylofosfonowym umożliwia dobudowanie na zewnątrz pierścienia benzenowego, grupy o porównywalnej wielkości do fragmentu łańcucha usuniętego z zachowaniem w przybliżeniu całkowitej długości cząsteczki.

3.4.1.3. Właściwości inhibitorowe analogów kwasu (E)-cynamonowego

Stopień hamowania surowej amoniakoliazy fenyloalaniny z gryki ([Phe] = 3,2 mM, [I] = 1 mM) oraz stopień hamowania biosyntezy antocyjanin w siewkach gryki ([I] = 1 mM) został wyznaczony dla całej serii związków (**55–83**) (rys. 12). Właściwości inhibitorowe analogów kwasu (*E*)-cynamonowego [84] były znacznie słabsze niż wcześniej badanych analogów substratu (**2–11** i **14–54**), przedstawiono je więc w innej postaci (rys. 12).

Wśród badanych związków można wyróżnić takie (57, 61 i 71), które wyraźnie hamują biosyntezę antocyjanin w siewkach gryki, a znacznie słabiej amoniakoliazę fenyloalaniny z gryki oraz takie (62, 63, 66 i 68), które znacznie silniej hamują amoniakoliazę fenyloalaniny niż biosyntezę antocyjanin.

Kwas fenylopropinowy (**75**) jest wyjątkowym związkiem w całej serii, ponieważ najsilniej hamuje zarówno PAL, jak i syntezę antocyjanin (rys. 12). Dla tego inhibitora wyznaczono więc stałą inhibicji ($K_i = 8,5 \, \mu$ M) oraz stężenie wywołujące hamowanie biosyntezy antocyjanin w 50% ($IC_{50} = 0,18 \, \text{mM}$) [84]. Sato i in. [78] zauważyli również, że kwas fenylopropinowy silniej niż inne analogi kwasu (*E*)-cynamonowego hamuje amoniakoliazę fenyloalaniny z wilca ziemniaczanego (batata).

Z porównania zdolności hamowania PAL przez związki o różnych grupach przyłączonych do szkieletu 2-fenyloetylenowego wynika, że ich aktywność inhibitorowa się zmniejsza w następującym szeregu [84]:

$$-NO_2 > -COOH > -PO_2H_2 > -B(OH)_2 >> -PO_3H_2$$



Rys. 12. Właściwości inhibitorowe kwasu (*E*)-cynamonowego i jego analogów (**55–83**) [84] Fig. 12. Inhibition properties of (*E*)-cinnamic acid and its analogues (**55–83**) [84]

W podsumowaniu tej części badań można stwierdzić, że wprawdzie reakcja enzymatyczna może być hamowana przez analogi stanu przejściowego, substratu oraz produktu, ale wydaje się, że w przypadku PAL projektowanie związków o budowie zbliżonej do struktury cząsteczki kwasu (*E*)-cynamonowego nie prowadzi do otrzymania silnych inhibitorów. Można to wyjaśnić potencjalną liczbą miejsc oddziaływania inhibitor–enzym. Analogi kwasu (*E*)-cynamonowego mają ich mniej, więc silna asocjacja z cząsteczką PAL jest mniej prawdopodobna, a stałe inhibicji są większe. Badanie inhibicji amoniakoliazy fenyloalaniny z udziałem analogów substratu (**2–11**) oraz produktu (**55–83**) w pełni potwierdza ten prosty model [84].

3.4.1.4. Właściwości substratowe analogów fenyloalaniny

(S)-2,6-Difluorofenyloalanina otrzymana na drodze rozdziału (±)-2,6-difluorofenyloalaniny (12) metodą wysokorozdzielczej chromatografii na chiralnej fazie stałej, jest substratem amoniakoliazy fenyloalaniny z pietruszki poddanej ekspresji w *Escherichia coli* ($K_m = 0,085$ mM i V_{max}/V_{max} -(S)-Phe = 0,85); podobne działanie ma kilka innych pochodnych (S)-fenyloalaniny podstawionych chlorowcami w pierścieniu benzenowym [57].

Jeden z proponowanych mechanizmów działania amoniakoliazy fenyloalaniny zakłada, że nieprotonowana grupa aminowa substratu przyłącza się do elektrofilowej grupy prostetycznej MIO. Jeżeli taka reakcja rzeczywiście ma miejsce to *N*,*N*,*N*- trimetylo-(S)-fenyloalanina (13) nie powinna być substratem tego enzymu [25]. W rzeczywistości związek ten nie okazał się substratem PAL z drożdży *Rhodotorula glutinis* oraz rekombinowanej amoniakoliazy fenyloalaniny z pietruszki, pomimo zastosowania 100 razy większego stężenia enzymu niż zwykle i znacznego wydłużenia czasu reakcji [62]. Natomiast stwierdziliśmy, że N,N,N-trimetylo-(S)-fenyloalanina ulega bardzo powolnemu rozpadowi do kwasu (E)-cynamonowego i trimetyloaminy w roztworze buforu bez enzymu, w temperaturze 30°C.

Kwas 2-aminoindano-2-karboksylowy (5) ($K_m < 1 \mu M$) ulega reakcji eliminacji pod wpływem rekombinowanej amoniakoliazy fenyloalaniny z pietruszki, dając kwas 1*H*-indeno-2-karboksylowy (**66**) [90].

3.4.1.5. Właściwości substratowe pochodnych kwasu (E)-cynamonowego

Kilka pochodnych kwasu (*E*)-cynamonowego zawierających atomy chlorowców w pierścieniu benzenowym jest substratami rekombinowanej amoniakoliazy fenyloalaniny z pietruszki, dając podstawione pochodne (*S*)-fenyloalaniny. Istotnym warunkiem odwrócenia kierunku reakcji jest bardzo duże stężenie amoniaku (5 M, buforowany dwutlenkiem węgla) w mieszaninie reagującej [57].

3.4.2. Właściwości fizykochemiczne kwasu 2-aminoindano-2-fosfonowego

Ze względu na silne właściwości inhibitorowe kwasu 2-aminoindano-2-fosfonowego (4, AIP) przeprowadziłem badania strukturalne tego związku. Ich celem było określenie struktury AIP zarówno w ciele stałym, jak i roztworze. Kwas 2-aminoindano-2-fosfonowy może istnieć w dwóch konformacjach, różniących się stanem protonowania obu grup funkcyjnych. Na schemacie 25 przedstawiono jeden z możliwych stanów protonowania konformeru pseudoekwatorialnego (4EC-c), pozostającego w równowadze z konformerem pseudoaksjalnym (4AC-c). Konformer pseudoekwatorialny (EC) ma grupę fosfonową w pozycji pseudoekwatorialnej, konformer



Schemat 25. Równowaga konformeru pseudoekwatorialnego kwasu 2-aminoindano-2-fosfonowego z konformerem pseudoaksjalnym w formie obojnaczej Scheme 25. Pseudoequatorial–pseudoaxial exchange for the zwitterionic form of 2-aminoindane-2-phosphonic acid

pseudoaksjalny (**AC**) – w pozycji pseudoaksjalnej. Dodanie do nazwy litery c oznacza stan protonowania obu grup: PO_3H^- i NH_3^+ . Założono, że grupy funkcyjne AIP mogą występować we wszystkich możliwych stanach protonowania: (**a**) NH_3^+ , PO_3H_2 , (**b**) NH_2 , PO_3H_2 , (**c**) NH_3^+ , PO_3H^- , (**d**) NH_2 , PO_3H^- , (**e**) NH_3^+ , $PO_3^{-2}^-$ i (**f**) NH_2 , PO_3^{-2} .

3.4.2.1. Badania rentgenograficzne

Otrzymałem dwa rodzaje monokryształów kwasu 2-aminoindano-2-fosfonowego nadające się do badań rentgenograficznych: trwałe na powietrzu kryształy monohydratu [45, 96] i duże, nietrwałe na powietrzu kryształy trójhydratu [96]. Badania ich struktury [96] wykazały, że w obu rodzajach kryształów AIP grupa fosfonowa (w postaci grupy PO_3H^-) zajmuje pseudoekwatorialną pozycję, a grupa aminowa (w postaci NH₃⁺) pozycję pseudoaksjalną (konformer **EC-c** na schemacie 25). W monohydracie i trójhydracie AIP stwierdzono obecność wielu wiązań wodorowych. Niewielką różnicę zaobserwowano w konformacji grupy fosfonowej: kąt dwuścienny O3– P1–C2–C3 wynosił odpowiednio 70,2° dla monohydratu oraz 56,9° dla trójhydratu AIP. Pozostałe kąty są niemal takie same. Strukturę cząsteczki monohydratu kwasu 2aminoindano-2-fosfonowego otrzymaną na podstawie badań krystalograficznych przedstawiono na rys. 13.



Rys. 13. Struktura cząsteczki monohydratu kwasu 2-aminoindano-2-fosfonowego [96] Fig. 13. Molecular structure of 2-aminoindane-2-phosphonic acid monohydrate

W obu rodzajach kryształów pierścień cyklopentanowy szkieletu indanowego przyjmuje konformację koperty. Atomy C3–C4–C9–C1 leżą w jednej płaszczyźnie, a kąt dwuścienny między płaszczyznami określonymi atomami: C3–C4–C9–C1 i C3–C2–C1 (rys. 13) w krysztale zbudowanym z cząsteczek monohydratu kwasu 2–aminoindano-2-fosfonowego wynosi 176,4°. W kryształach tych zaobserwowano też obszary hydrofilowe, w kształcie przypominającym kanały, utworzone przez grupy fos-

fonowe, z cząsteczkami wody wewnątrz nich. Obszary hydrofilowe są od siebie oddzielone obszarami hydrofobowymi zbudowanych z układów indanu. Ułożenie cząsteczek w krysztale przedstawiono na rys. 14.



Rys. 14. Sposób ułożenia cząsteczek w kryształach monohydratu kwasu 2-aminoindano-2-fosfonowego [96]. Linie kreskowane przedstawiają wiązania wodorowe Fig. 14. Crystal packing arrangement of 2-aminoindane-2-phosphonic acid monohydrate. Hydrogen bonds are shown as dashed lines

3.4.2.2. Badania spektroskopowe

Celem badań spektroskopowych NMR było określenie struktury kwasu 2-aminoindano-2-fosfonowego, jego konformacji i równowagi konformacyjnej w roztworze. Zarejestrowano widma ¹H, ³¹P i ¹³C NMR kwasu 2-aminoindano-2-fosfonowego w roztworze kwaśnym i zasadowym, w temperaturze 293 i 340 K [96]. Otrzymane wyniki zestawiono w tabeli 3.

Tabela 3. Przesunięcia chemiczne (δ)^a i stałe sprzężeń (*J*) kwasu 2-aminoindano-2-fosfonowego [96] Table 3. Chemical shifts (δ)^a and coupling constants (*J*) of 2-aminoindane-2-phosphonic acid [96]

$D_2O + DCl (pD = 1.04)$	$D_2O + NaOD (pD = 8.93)$					
T=2	<i>T</i> = 293 K					
¹ H NMR: 6,57 (m, 4H, aromatyczne), 2,88 (dd,	¹ H NMR: 7,14 (m, 4H, aromatyczne), 3,46 (dd,					
${}^{3}J_{\rm PH} = 12,5$ Hz, ${}^{2}J_{\rm HH} = 17,3$ Hz, 2H, CH ₂), 2,51	${}^{3}J_{\rm PH} = 9,3$ Hz, ${}^{2}J_{\rm HH} = 17,5$ Hz, 2H, CH ₂), 2,93					
$(dd, {}^{3}J_{PH} = 4,2 Hz, {}^{2}J_{HH} = 17,3 Hz, 2H, CH_{2})$	$(dd, 3J_{PH}>1 Hz, {}^{2}J_{HH} = 17,5 Hz, 2H, CH_{2})$					
³¹ P{ ¹ H} NMR: 17,84 (<i>S</i>)	³¹ P{ ¹ H} NMR: 13,96 (<i>S</i>)					
¹³ C NMR: 137,48, 137,45, 127,31, 124,56 (aro-	¹³ C NMR: 139,68, 139,57, 127,24, 125,06 (aro-					
matyczne), 59,68 (d, ${}^{1}J_{PC} = 160,0$ Hz, PCN),	matyczne), 62,84 (d, ${}^{1}J_{PC} = 143,0$ Hz, PCN),					
39,12 (CH ₂)	40,69 (CH ₂)					
T = 340 K						
¹ H NMR: 7,35 (m, 4H, aromatyczne), 3,69	¹ H NMR: 7,72 (m, 4H, aromatyczne), 3,90 (dd,					
$(dd, {}^{3}J_{PH} = 12,6 Hz, {}^{2}J_{HH} = 17,4 Hz, 2H, CH_{2}),$	${}^{3}J_{\rm PH} = 9,8$ Hz, ${}^{2}J_{\rm HH} = 16,5$ Hz, 2H, CH ₂), 3,14					
3,33 (dd, ${}^{3}J_{\text{PH}}$ = 5,8 Hz, ${}^{2}J_{\text{HH}}$ = 17,5 Hz, 2H, CH ₂)	$(dd, {}^{3}J_{PH} = 1,9 Hz, {}^{2}J_{HH} = 16,5 Hz, 2H, CH_{2})$					

^aPrzesunięcia chemiczne w ppm.

Wartości stałych sprzężenia (${}^{3}J_{\rm HP}$) między atomem fosforu a protonami grupy metylenowej (H_a i H_b, rys. 15) umożliwiają określenie odpowiednich kątów dwuściennych PCCH_a i PCCH_b.



Rys. 15. Oznaczenie protonów metylenowych dla obu konformerów obojnaczej formy kwasu 2-aminoindano-2-fosfonowego Fig. 15. Description of the methylene protons of 2-aminoindane-2-phosphonic acid conformers

W tabeli 4 zestawiono obliczone (*ab initio*) i zmierzone (na podstawie otrzymanych widm) kąty dwuścienne oraz zmierzone i oszacowane (na podstawie literaturowej zależności typu krzywej Karplusa dla obliczonych kątów dwuściennych [97]) stałe sprzężeń HCCP (${}^{3}J_{PH}$).

Zaobserwowano różnice między widmami ¹H NMR kwasu 2-aminoindano-2fosfonowego w kwaśnym i zasadowym roztworze wodnym. Obliczenia teoretyczne wskazują na istnienie niewielkiej bariery między konformacjami pseudoekwatorialną i pseudoaksjalną. Szczegółowe wyniki tych obliczeń zostaną omówione w rozdz. 3.4.3. Z wcześniejszych badań NMR [98] wynikało, że w środowisku kwaśnym grupa fosfonowa zajmuje pozycję pseudoaksjalną, a w zasadowym – pseudoekwatorialną. Wydaje się, że jest to pogląd uzasadniony, gdyż w środowisku kwaśnym grupa aminowa jest protonowana do silnie hydrofilowej, a w konsekwencji hydratowanej grupy amoniowej (NH₃⁺). Jej objętość jest więc znaczna i z tego powodu może zajmować pozycję pseudoekwatorialną, pozostawiając grupie fosfonowej pozycję pseudoaksjalną (**AC**). W środowisku zasadowym natomiast grupa aminowa (NH₂) jest bardziej hydrofobowa niż zjonizowana grupa fosfonowa (PO_3^{2-}) i to ona właśnie zajmie pozycję pseudoekwatorialną (**EC**). Nie zauważono podwojenia sygnałów w roztworach badanych próbek (także w badaniach spektroskopowych ¹³C NMR), co świadczy o szybkim ustalaniu się stanu równowagi między konformerami pseudoaksjalnym i pseudoekwatorialnym (schemat 25).

Tabela 4. Kąty dwuścienne i stałe sprzężenia (³*J*_{PH}) zmierzone oraz oszacowane dla pseudoaksjalnego i pseudoekwatorialnego konformeru kwasu 2-aminoindano-2-fosfonowego [96] Table 4. Dihedral angles and coupling constants calculated and estimated for pseudoaxial and pseudoequatorial conformers of 2-aminoindane-2-phosphonic acid

Konformer	Obliczony kąt dwuścienny [°]		Zmierzone stałe sprzężenia [Hz]		Szacowane stałe sprzężenia [Hz]	
	фрссна	<i>Ф</i> РССНЬ	${}^{3}J_{\rm PHa}$	${}^{3}J_{\mathrm{PHb}}$	${}^{3}J_{\rm PHa}$	${}^{3}J_{\mathrm{PHb}}$
AC ^a	od -19 do -26	od -139 do -140	12,5	4,2	14-17	15-17
EC ^b	35–45	72-84	9,3	1,0	10-11	1–3

^aKonformer z grupą fosfonową w pozycji pseudoaksjalnej. ^bKonformer z grupą fosfonową w pozycji pseudoekwatorialnej.

Spośród czterech oszacowanych stałych sprzężenia tylko wartość ${}^{3}J_{\text{PHb}}$ dla pseudoaksjalnego konformeru różni się od stałej zmierzonej. Warto jednak dodać, że w tym obszarze zależności krzywej Karplusa [97] małym zmianom kątów dwuściennych odpowiada duża zmiana stałych sprzężenia. Korzystając z wykresu typu Karplusa, można oszacować, że zmniejszenie kąta dwuściennego o 20° dla kątów mniejszych od 140° powoduje zmniejszenie stałej sprzężenia o 15 Hz. Taka wartość szacowanej stałej sprzężenia (5 Hz) jest w dobrej zgodności z wartością zmierzoną (4,2 Hz) [96].

Z badań NMR wynika, że konformacja kwasu 2-aminoindano-2-fosfonowego w roztworach wodnych zależy od pH środowiska. W środowisku kwaśnym przeważa konformacja pseudoaksjalna (AC), w zasadowym zaś – pseudoekwatorialna (EC).

Celem badań spektroskopowych IR było poznanie struktury monohydratu kwasu 2-aminoindano-2-fosfonowego (4) i przypisanie pasm absorpcji poszczególnym grupom atomów. W tym celu porównano widmo IR związku (4) z widmem jego deuterowanego odpowiednika (4D₄) oraz z opublikowanymi widmami podobnych związków [96]. W tabeli 5 zestawiono częstości drgań w podczerwieni cząsteczek związków 4 i 4D₄ wraz z przypisaniem tych drgań poszczególnym grupom atomów.

Zarówno badania rentgenograficzne, jak i spektroskopowe w podczerwieni wskazywały na obecność w krysztale kwasu 2-aminoindano-2-fosfonowego cząsteczki wody [96] oraz wiązań wodorowych [45, 96].

Tabela 5. Wybrane częstości drgań w podczerwieni [cm⁻¹] monohydratu kwasu 2-aminoindano-2-fosfonowego (4) i deuterowanego kwasu 2-aminoindano-2-fosfonowego (4D₄) [96]
 Table 5. Selected IR frequencies [cm⁻¹] for 2-aminoindane-2-phosphonic acid monohydrate and its deuterated counterpart

Związ	D	
4	4D ₄	Przypisanie pasma
3259 vs ^a	2462 s	$v_{\rm as}({\rm H_2O})$
3169 vs	2367 s	$v_{\rm s}({\rm H_2O})$
2911 s	2905 s	v(CH)
2847 s	2087 s	$v_{\rm as}(\rm NH_3)$
2834 vs	2842 vs	ν(CH)
2739 s	1995 s	<i>v</i> s (NH3)
1640 m	1219 s	$\delta_{\rm sc}({\rm H_2O})$
1620 s	1189 s	$\delta(\rm NH_3)$
1535 vs	1114 vs	$\delta_{\rm s}({\rm NH3})$
1430 m	1430 m	ð(CH)
1228 m	1232 m	$\nu_{\rm d}({\rm PO}_3)$
1178 m	1178 m	
1155 m	1160 m	
1067 m	1070 m	
1089 m	791 w	$\rho_{\rm r}({\rm NH_3})$
952 m	946 m	$\nu_{\rm S}({\rm PO}_3)$
906 m	901 m	
798 w	798 w	γ(CH)
750 m	752 m	ν (PC)
738 m	720 m	
662 w,br	490 sh	$\rho_{\rm r}({\rm H_2O})$
543 m	540 m	$\delta(\mathrm{PO}_3)$
531 m	528 m	
509 m	515 sh	
376 m	367 m	$\delta(\mathrm{PO}_3)$
335 m	321 m	

 $^{a}\nu-$ walencyjne rozciągające, $\delta-$ deformacyjne zginające w płaszczyźnie; $\delta_{sc}-$ deformacyjne nożycowe w płaszczyźnie, $\rho_{v}-$ deformacyjne wachlarzowe w płaszczyźnie, $\rho_{r}-$ deformacyjne wahadłowe w płaszczyźnie, $\gamma-$ deformacyjne zginające poza płaszczyzną, s- silne, m- średnie, w- słabe, sh- przegięcie; br- szerokie; indeks dolny: s, as i d oznacza: symetryczne, asymetryczne zdegenerowane.

3.4.2.3. Badania potencjometryczne

Wyznaczone wartości stałych kwasowych (p K_{1-3}) kwasu 2-aminoindano-2-fosfonowego (4) wynoszą: p $K_1 = 2,50$, p $K_2 = 5,62$ oraz p $K_3 = 9,37$ [96]. Wartość pierwszej stałej kwasowej jest większa o jednostkę od typowych wartości dla kwasów 1-aminoalkilofosfonowych, dwie pozostałe wartości są zgodne z oczekiwaniami [99].

3.4.3. Modelowanie oddziaływania między amoniakoliazą fenyloalaniny a kwasem 2-aminoindano-2-fosfonowym

Celem modelowania oddziaływania między amoniakoliazą fenyloalaniny a kwasem 2-aminoindano-2-fosfonowym było poznanie struktury izolowanej cząsteczki kwasu 2-aminoindano-2-fosfonowego oraz jego struktury w enzymie [96]. Metodą *ab initio* Hartree–Focka, DFT/B3LYP i MP2 obliczono energię konformeru pseudoekwatorialnego i pseudoaksjalnego (EC i AC, grupa fosfonowa w pozycji pseudoekwatorialnej lub pseudoaksjalnej) dla cząsteczki izolowanej oraz barierę energetyczną między konformerami dla sześciu (**a-f**) różnych stanów jonizacji, odpowiadających dwunastu różnym strukturom (stany jonizacji i ich symbole podano na s. 42) [96]. Dla każdej ze struktur trwalszym termodynamicznie okazał się konformer z grupą fosfonową w pozycji pseudoekwatorialnej (EC). Obliczona bariera energetyczna między konformerami jest mała i w zależności od stanu jonizacji wynosi 2–5 kcal·mol⁻¹ [96]. Struktury AIP otrzymane z obliczeń *ab initio* (długości wiązań, kąty) są zgodne w granicach błędu z otrzymanymi z pomiarów krystalograficznych. Dwie przykładowe struktury (**4EC-c i 4AC-c**) pokazano na schemacie 25.



Rys. 16. Sposób wiązania pięćdziesięciu pseudoaksjalnych konformacji kwasu 2-aminoindano -2-fosfonowego (**AC-d**) z modelem miejsca aktywnego amoniakoliazy fenyloalaniny [96] Fig. 16. Bonding of fifty pseudoaxial conformations of 2-aminoindane-2-phosphonic acid (**AC-d**) docked in the phenylalanine ammonia-lyase [96]

Do określenia struktury kwasu 2-aminoindano-2-fosfonowego w enzymie wykorzystano obliczenia (metodami *ab initio*) oddziaływań między modelem miejsca aktywnego amoniakoliazy fenyloalaniny z pietruszki a różnymi strukturami inhibitora (dwanaście różnych struktur kwasu 2-aminoindano-2-fosfonowego, od AC-a do AC-f oraz od EC-a do EC-f). Model PAL otrzymano metodą homologii [23] za pomocą zestawu programów do modelowania molekularnego. Dla każdego konformeru i stanu protonowania przeprowadzono pięćdziesiąt prób dokowania inhibitora do modelowego centrum aktywnego enzymu. Przykładowe sposoby wiązania się struktury AC-d kwasu 2-aminoindano-2-fosfonowego z modelem amoniakoliazy fenyloalaniny przedstawiono na rys. 16. Jak wynika z przeprowadzonych obliczeń, struktura AC-d praktycznie wiąże się tylko w jeden sposób z centrum aktywnym enzymu. Podobnie jest dla pozostałych stanów protonowania (a-c i e-f) konformeru pseudoaksjalnego (AC) (rys. 18). W przeciwieństwie do struktury AC-d struktura EC-d wiąże się na wiele różnych sposobów (rys. 17), w przypadkowych miejscach, co świadczy o gorszym oddziaływaniu inhibitora z modelem enzymu. Podobnie oddziałują pozostałe stany protonowania (a-c i e-f) konformeru pseudoekwatorialnego (EC) (rys. 18).



Rys. 17. Sposób wiązania pięćdziesięciu pseudoekwatorialnych konformacji kwasu 2-aminoindano
 -2-fosfonowego (EC-d) do modelu miejsca aktywnego amoniakoliazy fenyloalaniny [96]
 Fig. 17. Bonding of fifty pseudoequatorial conformations of 2-aminoindane
 -2-phosphonic acid (AC-d) docked in the phenylalanine ammonia-lyase [96]

Miarą oddziaływania może być entalpia wiązania lub liczba i wielkość klasterów (klasterem jest zbiór struktur, gdzie średnie odchylenie kwadratowe, RMSD, nie przekracza 1 Å) tworzonych przez struktury zadokowane w 50 próbach, które odpowiadają specyficzności oddziaływania. Przyjąłem, że druga cecha jest bardziej miarodajna. Wyniki wiązania badanych struktur kwasu 2-aminoindano-2-fosfonowego do modelu PAL przedstawiono na rys. 18. Jedynie struktury inhibitora z grupą fosfonową w pozycji pseudoaksjalnej dla wszystkich możliwych stanów jonizacji (od **AC-a** do **AC-f**) wiążą się z modelem centrum aktywnego PAL w pobliżu grupy prostetycznej MIO i argininy z pozycji 354. Struktury inhibitora z grupą fosfonową w pozycji pseudoekwatorialnej wiążą się w różnych miejscach centrum aktywnego PAL, a często nawet poza nim [96]. Otrzymane wyniki wskazują, że uprzywilejowany jest konformer z pseudoaksjalną grupą fosfonową (**AC**). Jednak z badań AIP w ciele stałym i w roztworze wynika, że inhibitor preferuje konformację z grupą fosfonową w pozycji pseudoekwatorialnej (**EC**), a więc nie tę, która jest preferowana przez model enzymu [96]. Po przejściu z roztworu do miejsca aktywnego enzymu AIP musi zatem zmienić konformację z pseudoekwatorialnej (**EC**) na pseudoaksjalną (**AC**). Thumaczyłoby to stwierdzoną wcześniej [90] zależność inhibicji amoniakoliazy fenyloalaniny z pietruszki dla kwasu 2-aminoindano-2-fosfonowego od czasu i brak takiej zależności dla podobnego, ale nie cyklicznego inhibitora PAL – kwasu (*R*)-1-amino-2-(4'-fluorofenylo)etylofosfonowego.



Rys. 18. Graficzne przedstawienie liczby i wielkości klasterów tworzonych w wyniku 50 prób dokowania cząsteczki kwasu 2-aminoindano-2-fosfonowego do modelu miejsca aktywnego amoniakoliazy fenyloalaniny (oś x – zmiana energii swobodnej oddziaływania inhibitor–enzym w kcal·mol⁻¹; oś y – liczba cząsteczek w

klasterze, litery a–f oznaczają różne stany protonowania grup funcyjnych; AC – konformacja z pseudoaksjalną grupą fosfonową; EC – konformacja z pseudoekwatorialną grupą fosfonową) [96]
 Fig. 18. Number and size clusters from the docking procedure of 2-aminoindane-2-phosphonic acid in the phenylalanine ammonia-lyase mode [96]

4. Część eksperymentalna

Większość opisanych w niniejszej pracy związków jest przedmiotem opublikowanych prac, część eksperymentalna zawiera więc jedynie opisy syntezy i właściwości fizykochemiczne związków, które nie były przedmiotem publikacji.

4.1. Synteza kwasu (±)-1-aminobenzocyklobutano-1-fosfonowego

Kwas (\pm) -*1-aminobenzocyklobutano-1-fosfonowy* (9) otrzymałem z kwasu antranilowego (schemat 11).

1-Oksobenzocyklobuten otrzymałem według zmodyfikowanej procedury Liebeskinda [55]. W kolbie okrągłodennej (poj. 1 dm³), wyposażonej w chłodnicę zwrotną i dopływ azotu, umieszczono 1,2-dichloroetylen (50 cm³). Do kolby przeniesiono za pomocą polipropylenowej łopatki i 1,2-dichloroetylenu (50 cm³) otrzymany z kwasu antranilowego (0,25 mola) bezpośrednio przed reakcją benzenodiazoniowy-2-karboksylan [54] (suchy benzenodiazoniowy-2-karboksylan ma właściwości wybuchowe). Do zawiesiny dodano tlenek propylenu (31 cm³, 0,44 mola), świeżo destylowany chlorek winylidenu (150 cm³) oraz 1,2-dichloroetylen (400 cm³) i ogrzewano w temperaturze wrzenia pod azotem przez 15 godzin.

Mieszaninę ochłodzoną do temperatury pokojowej przesączono w celu usunięcia brązowego osadu, a przesącz odparowano pzc (temperatura łaźni ok. 50 °C pod ciśnieniem 30 mm Hg). Otrzymany olej hydrolizowano 3% kwasem siarkowym (125 cm³), który mieszano w temperaturze wrzenia przez 26 godzin. Mieszaninę poddano destylacji z parą wodną i odebrano ok. 400 cm³ destylatu. Destylat ektrahowano benzenem (2×50 cm³). Połączone ekstrakty benzenowe przemyto nasyconym roztworem solanki (2×50 cm³) i wysuszono bezwodnym Na₂SO₄. Z przesączu odparowano rozpuszczalnik, a pozostałość poddano destylacji pzc. Otrzymano 1-oksobenzocyklobuten: 11,7 g (40%), t.w. 50–52°C (25 mm Hg). ¹H NMR (300 MHz, CHCl₃): δ 7,57–7,50 (m, 2H, C₆H₄), 7,45–7,32 (m, 2H, C₆H₄), 3,99 (s, 2H, CH₂C(O)). IR (film): 1768 (v_{C=0}) cm⁻¹. *Kwas* (±)-*1-aminobenzocyklobutano-1-fosfonowy* (9). W trójszyjnej kolbie okrągłodennej (100 cm³) wyposażonej w mieszadło magnetyczne, wkraplacz i termometr umieszczono 1-oksobenzocyklobuten (2,90 g, 0,0245 mola), acetamid (2,90 g, 0,0491 mola) i lodowaty kwas octowy (15 cm³). Mieszany roztwór ochłodzono na łaźni wodno-lodowej do 5 °C i wkroplono w ciągu 3 minut chlorek acetylu (1,75 cm³, 0,0245 mola). Nadal mieszając, przez następne 2 godziny utrzymywano temperaturę poniżej 10 °C. Wkroplono trichlorek fosforu (2,14 cm³, 0,0245 mola), usunięto łaźnię chłodzącą i kontynuowano mieszanie przez 5 godzin. Następnie mieszaninę ogrzewano godzinę w temperaturze 60 °C i następną godzinę w temperaturze 90 °C. Z mieszaniny odparowano pzc lotne składniki, włącznie z kwasem octowym.

Do pozostałości dodano stężonego kwasu solnego (25 cm³) i wody (25 cm³) i ogrzewano w temperaturze wrzenia przez 20 godzin. Osad odsączono, a przesącz ekstrahowano chlorkiem metylenu (2×20 cm³). Warstwę wodną zagotowano z węglem aktywnym i po odsączeniu odparowano pzc do sucha. Pozostałość ekstrahowano dwoma porcjami roztworu stężonego kwasu solnego (0,5 cm³) w metanolu (20 cm³). Połączone metanolowe ekstrakty odparowano pzc, pozostałość rozpuszczono w wodzie (10 cm³) i naniesiono na kolumnę jonowymienną w postaci H⁺ (Dowex 50 W, średnica złoża $\phi = 2,5$ cm, długość złoża l = 38 cm), którą eluowano wodą. Wyciek z kolumny analizowano metodą chromatografii cienkowarstwowej (silikażel; *n*-butanol–lodowaty kwas octowy–pirydyna–woda w stosunku 6:6:3:5 części obj.; wywoływacz – 1% roztwór ninhydryny w alkoholu izopropylowym; 130 °C; $R_f = 0,77$). Frakcje właściwe łączono i odparowywano pzc do sucha. Produkt krystalizowano z wody.

Otrzymano czysty kwas (±)-1-aminobenzocyklobutano-1-fosfonowy (**9**): 1,24 g (25%); t.t. 181–184 °C (z rozkładem). ¹H NMR (300 MHz, D₂O–DCl): δ 7,28–7,00 (m, 4H, C₆H₄), 3,55 (dd, ²J_{HH} = 15,1 Hz, ³J_{HP} = 7,0 Hz, 1H, CH₂CP), 3,24 (dd, ²J_{HH} = 15,1 Hz, ³J_{HP} = 4,0 Hz, 1H, CH₂CP). ³¹P{¹H}NMR (121 MHz, D₂O–DCl): δ 15,28 (*S*). ¹³C NMR (75 MHz, D₂O–DCl): δ 141,76 (d, ²J_{CP} = 10,9 Hz, C₆H₄), 138,92 (d, ³J_{CP} = 5,0 Hz, C₆H₄), 131,13 (C₆H₄), 128,46 (d, ³J_{CP} = 1,1 Hz, C₆H₄), 123,95 (C₆H₄), 122,59 (C₆H₄), 57,56 (d, ¹J_{CP} = 156,4 Hz, NCP), 38,80 (CH₂). IR (KBr): v_{max} 3181, 2810, 2433, 2107, 1611, 1534, 1150, 1086, 911, 751 cm⁻¹. Oznaczono % N = 6,37 i % P = 14,23. Obliczona zawartość dla C₈H₁₂NO₄P (monohydrat): % N = 6,45 i %, P = 14,26.

4.2. Właściwości fizykochemiczne analogów kwasu (*E*)-cynamonowego

W tabeli 6 zebrano właściwości fizykochemiczne analogów kwasu (*E*)-cynamonowego, których dotychczas nie opublikowano [84]. Wzory strukturalne tych związków pokazano na rys. 11.

Numer	Temperatura	NMR	IR (KBr)
związku	topnienia" (rozpuszczalnik)	δ[ppm], J [Hz]	$V_{\max} [cm^{-1}]$
1	2	3	4
59	151–153 °C (H ₂ O)	¹ H (300 MHz, DMSO–d ₆): 7,55–7,45 (m, 2H,	2800, 1610, 1450, 1130,
		C_6H_2), 7,37–7,23 (m, 3H, C_6H_3), 7,10 (dd, $J = 18$,	970, 740, 500
		$J = 21, 1H, C_6CH=$), 6,42 (dd, $J = 16,5, J = 16,5,J = 16,5,J = 16,5,J = 16,5,J = 1$	
		[H, = CHP] $^{31}P(H)$ (121 MH= CPC1 - PMSO - 4): 14.2 (6)	
60	143 145 °C (H O)	$P\{H\}$ (121 MHz, CDC1 ₃ -DMSO-d ₆): 14,2 (3) ^{1}H (300 MHz, CDC1 ₂ -DMSO-d ₃): 7.34 (d. $I = 9$	2800 1600 1510 1250
00	143-143 C (1120)	2H C ₆ H ₂) 7 16 (dd $J = 17$ $J = 22$ 1H C ₆ CH=)	1180 1100 1030 850
		$6.81 (d, J = 9, 2H, C_{c}H_{2}), 6.17 (dd, J = 17, J = 17).$	800, 520, 440
		$1H_{2} = CHP_{3}, 3,73 (s, 3H, C_{6}OCH_{3})$	
		³¹ P{ ¹ H} (121 MHz, CDCl ₃ –DMSO–d ₆): 22,5 (<i>S</i>)	
62	170–173 °C	¹ H (80 MHz, DMSO– d_6): 8,05 (d, $J = 2, 2H$,	3480, 1600, 1520, 1480,
	(CH ₃ OH)	C_6H_2), 7,35 (m, 2H, C_6H i CH=), 6,80 (d, $J = 8$,	1430, 1360, 1300, 1210,
(2)		$1H_{2} = CH_{2}$, $3,75$ (s, $3H_{2}$, $CH_{3}O_{2}$)	1020, 980, 820, 570
63	$/4 - /6 ^{\circ}\mathrm{C} (\mathrm{H}_2\mathrm{O})$	$H (80 \text{ MHz}, \text{DMSO-d}_6): /,96-/,/0 (m, 6H, 12) + 7.25 (d, 1-550, 11) PU) + 6.88 (dd)$	2600, 1610, 1150, 980,
		L_{6}^{-15} CH-), 7,55 (d, $J = 550$, HI, FH), 0,68 (dd, I = 17 $I = 17$ 1H = CHP)	740, 090, 420
65	169–172 °C (H₂O)	1 H (80 MHz, DMSO-d ₄); 7.75–7.10 (m. 6H.	3330, 1620, 1580, 1450,
		$C_6H_5CH=$), 6,05 (d, $J = 18$, 1H, = CHB)	1360, 1220, 990, 740,
			690, 490
66	250–252 °C (subli-	¹ H (80 MHz, CD ₃ COCD ₃): 7,9–7,1 (m, 5H,	1690, 1590, 1575, 1270,
	macja)	$C_6H_4CH=$), 3,62 (m, 2H, CH ₂)	1210, 760
67	187–188 °C (H ₂ O)	¹ H (300 MHz, DMSO– d_6): 7,49 (d, $J = 7$, 1H,	2800, 1550, 1180, 1080,
		C_6H_1 , 7,48 (d, $J = 7$, 1H, C_6H_1), 7,33–7,19	1000, 940, 750, 490
		$(m, 3H, C_6H_2 \ I \ CH=), 3,52 \ (s, 2H, CH_2)$	
		1435(d I = 196) $1407(d I = 190)$ 1405	
		(d, J = 13.3), 127.1, 126.7, 124.6 (d, J = 1.9),	
		122,8, 40,3	
		$^{31}P{^{1}H}$ (121 MHz, DMSO–d ₆): 11,6 (S)	
68	159–162 °C (H ₂ O)	¹ H (300 MHz, CDCl ₃ –DMSO–d ₆): 7,52–7,43	2600, 2430, 2100, 1740,
		$(m, 3H, C_6H_2CH=), 7,43 (d, J = 551, 1H, PH),$	1680, 1180, 1070, 980,
		$^{31}D(^{1}H)$ (121 MH= DMSO 4); 20.0 (5)	/50, /10, 510, 420
69	163_165 °C (C.H.)	1 H (300 MHz CDCl_DMSO_d;): 7.92 (dd	3043 2890 2603 1683
0)	103-103 C (C ₆ 11 ₆)	J = 74 $J = 14$ 1H C _c H ₄) 7 39 (dd 74 $J = 14$	1568 1465 1261 771
		1H, $C_{6}H_{4}$), 7,33 (t, $J = 2$, 1H, CH=), 7,21 (ddd,	1000, 1100, 1201, 771
		$J = 7,4, J = 7,4, J = 0,9, 1H, C_6H_4), 7,13 (ddd,$	
		$J = 7,4, J = 7,4, 1,3, 1H, C_6H_4), 3,44 (d, J = 1,4,$	
		2H, CH ₂)	
		¹³ C (75 MHz, CDCl ₃ –DMSO–d ₆): 165,9, 144,3,	
		143,4, 141,1, 136,8, 126,4, 125,3, 123,7, 122,5,	
1	1	30,3	1

Tabela 6. Właściwości fizykochemiczne analogów kwasu (E)-cynamonowegoTable 6. Physicochemical properties of (E)-cinnamic acid analogues

cd. tabeli 6

1	2	3	4
70	171–172 °C (H ₂ O)	¹ H (80 MHz, DMSO–d ₆): 8,35–7,50 (m, 8H,	2900-2600, 1620, 1340,
		$C_{10}H_7CH=$), 6,60 (dd, $J = 17$, $J = 17$, 1H, = CHP)	1240, 1050, 1000, 960,
			790, 610, 520, 480, 410
71	79–80 °C (H ₂ O)	¹ H (300 MHz, CDCl ₃): 7,82 (q, <i>J</i> = 1,4, 1H, CH=),	3051, 2940, 2817, 2621,
		7,45–7,33 (m, 5H, C_6H_5), 2,14 (d, $J = 1,4, 3H$)	2511, 1667, 1616, 1448,
			1269, 1287, 1127, 769,
			688, 518
72	64–65 °C (CH ₃ OH)	¹ H (300 MHz, CDCl ₃): 8,07 (bs, 1H, CH=), 7,50	3058, 2975, 2807, 1518,
		$-7,37 (m, 5H, C_6H_5), 2,44 (d, J = 1,0, 3H, CH_3)$	1322, 763, 708, 690, 505
76	112–115 °C	1 H(100 MHz, D ₂ O): 7,2–7,7 (m)	2800, 2200, 1450, 1130,
		$^{31}P{^{1}H}$ (32 MHz, D ₂ O): 9,0 (S)	1020, 760, 690, 540, 500,
			470
80	olej (kolumna	¹ H (80 MHz, CDCl ₃): 7,2 (bs, 5H, C ₆ H ₅), 4,55	1530, 1362, 858
	chromatograficzna)	$(t, J = 7, 2H, CH_2NO_2), 3,26 (t, J = 7, 2H, CH_2)$	
81	56–59 °C (H ₂ O)	¹ H (100 MHz, CDCl ₃): 7,20 (bs, 5H, C ₆ H ₅), 2,75	3300, 1370, 1200, 1030,
		$(t, J = 7, CH_2), 1,15 (t, J = 7, 2H, CH_2B)$	830, 750, 690

^aLiteraturowy sposób syntezy związku: **59**, [100]; **60**, [84]; **62**, [101]; **63**, [88]; **65**, [102]; **66**, [90]; **67**, [100]; **68**, [84]; **69**, [103]; **70**, [84]; **71**, [44]; **72**, [101]; **76**, [84]; **80**, [104]; **81**, [102].

5. Podsumowanie

Przez wiele lat zajmowałem się syntezą potencjalnych inhibitorów amoniakoliazy fenyloalaniny, jednego z kluczowych enzymów roślinnych. W wyniku zaplanowanych syntez otrzymałem siedemdziesiąt trzy analogi fenyloalaniny, fenyloglicyny i kwasu (*E*)-cynamonowego. Związki te cechowała duża różnorodność zarówno pod względem rodzaju grup funkcyjnych, jak i struktury szkieletu węglowego. Najliczniejszą grupę stanowiły wśród nich związki fosfonowe.

Dwa spośród otrzymanych związków, kwas 2-aminoindano-2-fosfonowy (4) oraz kwas (+)-1-amino-3',4'-dichlorobenzylofosfonowy (50), okazały się bardzo silnymi inhibitorami zarówno amoniakoliazy fenyloalaniny, jak i biosyntezy antocyjanin.

Największe znaczenie ma, moim zdaniem, otrzymany przeze mnie kwas 2-aminoindano-2-fosfonowy (4) (AIP). Związek ten jest obecnie używanym w wielu laboratoriach inhibitorem *in vivo* amoniakoliazy fenyloalaniny.

Pochodne kwasu 1-aminobenzylofosfonowego, zawierające w pierścieniu różne podstawniki, otrzymałem dwiema niezależnymi metodami. Wydaje się, że najwygodniejszą metodą ich syntezy jest hydrofosfonylacja podstawionych pochodnych *N*benzylidenodifenylometyloaminy, ale okazało się, że efekty steryczne i elektronowe mogą stanowić czynnik ograniczający zastosowanie tej metody.

Wprowadzona przeze mnie modyfikacja literaturowej syntezy analogów kwasu (E)-cynamonowego zawierających grupę fosfonawą (**63**, **64** i **68**) z alkenów i pentachlorku fosforu pozwala skrócić ich syntezę o jeden etap. Stwierdziłem, że w opublikowanej metodzie syntezy kwasu 2-fenyloetynylofosfonowego (**76**) jest błąd, polegający na tym, że zamiast związku **76** otrzymuje się kwas 2-fenylo-2-oksoetylofosfonowy.

Obliczenia teoretyczne sposobu wiązania kwasu 2-aminoindano-2-fosfonowego do modelu amoniakoliazy fenyloalaniny wskazują, że bardziej uprzywilejowany jest konformer z pseudoaksjalną grupą fosfonową (AC). Badania kwasu 2-aminoindano-2fosfonowego w ciele stałym, w roztworze i obliczenia dla cząsteczeki izolowanej wskazują natomiast, że preferowaną konformacją jest struktura z grupą fosfonową w pozycji pseudoekwatorialnej (EC). Po przejściu z roztworu do miejsca aktywnego enzymu inhibitor musi zatem zmienić konformację z pseudoekwatorialnej (EC) na pseudoaksjalną (AC). Wyniki obliczeń są zgodne z wynikami badań eksperymentalnych. Można przypuszczać, że z powodu zmiany konformacji kwas 2-aminoindano -2-fosfonowy jest inhibitorem wolnowiążącym.

Badając analogi kwasu (±)-2-aminooksy-3-fenylopropionowego (związki 2 i 3), wysunąłem hipotezę, że silne właściwości inhibitorowe związku macierzystego są związane z możliwością utworzenia dodatkowego wiązania wodorowego między parą elektronową atomu tlenu grupy aminooksylowej a enzymem.

W warunkach wyczerpującej *N*-metylacji (*S*)-4-nitrofenyloalaniny za pomocą *O*-metylo-*N*,*N*'-diizopropylomocznika zamiast oczekiwanej *N*,*N*,*N*-trimetylo-(*S*)-4nitrofenyloalaniny powstaje sól kwasu (*E*)-4-nitrocynamonowego i trimetyloaminy. Ten produkt reakcji jest wynikiem rozpadu *N*,*N*,*N*-trimetylo-(*S*)-4-nitrofenyloalaniny w temperaturze pokojowej.

Wyniki badania aktywności inhibitorowej całej serii pochodnych kwasu 1-aminobenzylofosfonowego podstawionych w pierścieniu benzenowym pozwalają przypuszczać, że wielkość hydrofobowej kieszeni substratu w cząsteczce amoniakoliazy fenyloalaniny jest ograniczona.

Nie wydaje się, że projektowanie inhibitorów o budowie zbliżonej do kwasu (E)-cynamonowego może doprowadzić do otrzymania silnych inhibitorów amoniakoliazy fenyloalaniny. Spośród badanych analogów tego kwasu żaden nie miał takich właściwości.

Zgromadzone dane wiążące strukturę z właściwościami inhibitorowymi dużej liczby związków mogą być przydatne w projektowaniu inhibitorów i znaczników fotoreaktywnych amoniakoliazy fenyloalaniny^{*}.

Autor serdecznie dziękuje wszystkim Bliskim, Kolegom i Współpracownikom, którzy przyczynili się do powstania tej monografii.

^{*}Po oddaniu monografii do druku ukazał się artykuł przeglądowy na temat mechanizmu enzymatycznej reakcji eliminacji amoniaku z histydyny i fenyloalaniny (Poppe L., Rétey J., Angew. Chem. Int. Ed., 2005, 44, 3668), którego autor nie mógł już uwzględnić w cytowanym piśmiennictwie.

Literatura

- CROTEAU R., KUTCHAN T.M., LEWIS N.G., Natural products (secondary metabolites), [in:] Biochemistry & Molecular Biology of Plant, B.B. Buchanan, W. Gruissem, R.L Jones, (Eds.), American Society of Plant Physiologists, Rockville, Maryland, 2001, Chapter 24, 1250–1318.
- [2] DIXON R.A., ACHNINE L., KOTA P., LIU C.J., REDDY M.S.S., WANG L.J., Mol. Plant Pathology, 2002, 3, 371.
- [3] HAHLBROCK K., SCHEEL D., Ann. Rev. Plant Physiol. Mol. Biol., 1989, 40, 347.
- [4] SILVERMAN R.B., [in:] The Organic Chemistry of Enzyme-Catalyzed Reactions, Academic Press, San Diego, 2002, 424–428.
- [5] KOUKOL J., CONN E.E., J. Biol. Chem., 1961, 236, 2692.
- [6] HANSON K.R., HAVIR E.A., Phenylalanine ammonia-lyase, [in:] The Biochemistry of Plants: A Comprehensive Treatise, Conn E.E. (Ed.), Academic Press, New York, 1981, Vol. 7, 577–625.
- [7] XIANG L.K., MOORE B.S., J. Biol. Chem., 2002, 277, 32505.
- [8] WIGHTMAN R.H., STAUNTON J., BATTERSBY A.R., HANSON K.R., J. Chem. Soc. Perkin I, 1972, 2355.
- [9] SMITH M.B., MARCH J., [in:] March's Advanced Organic Chemistry. Reactions, Mechanisms, and Structure, Wiley, New York, 2001, Chapter 17, 1299–1376.
- [10] CLAYDEN J., GREEVES N., WARREN S., WOTHERS P., [in:] Organic Chemistry, Oxford University Press, New York, 2001, Chapt. 19, 477–502.
- [11] MARSH H.V., HAVIR E.A., HANSON K.R., Biochemistry, 1968, 7, 1915.
- [12] RÖSLER J., KREKEL F., AMRHEIN N., SCHMID J., Plant Physiol., 1997, 113, 175.
- [13] BOUDET A.M., Plant Physiol. Biochem., 2000, 38, 1.
- [14] MARITA J.M., RALPH J., HATFIELD R.D., CHAPPLE C., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 1999, 96, 12328.
- [15] RALPH J., HATFIED R.D., QUIDEAU S., HELM R.F., GRABBER J.H., JUNG H.-J. G., J. Am. Chem. Soc., 1994, 116, 9448.
- [16] WILDERMUTH M.C., DEWDNEY J., WU G., AUSUBEL F.M., Nature, 2001, 414, 562.
- [17] CORDER R., DOUTHWAITE J.A., LEES D.M., KHAN N.Q., VISEU DOS SANTOS A.C., WOOD E.G., CARRIER M.J., Nature, 2001, 414, 863.
- [18] HUWE A., MAZITSCHEK R., GIANNIS A., Angew. Chem. Int. Ed., 2003, 42, 2122.
- [19] QUIDEAN S., JOURDES M., SAURIER C., GLORIES Y., PARDON P., BAUDRY CH., Angew. Chem. Int. Ed., 2003, 42, 6012.
- [20] DUY., WEIG., LINHARDT R.J., J. Org. Chem., 2004, 69, 2206.
- [21] OHMORI K., USHIMARU N., SUZUKI K., Proc. Natl. Acad. Sci., USA 2004, 101, 12002.
- [22] RITTER H., SCHULZ G.E., Plant Cell, 2004, 16, 3426.
- [23] RÖTHER D., POPPE L., MORLOCK G., VIERGUTZ S., RÉTEY J., Eur. J. Biochem., 2002, 269, 3065.
- [24] SCHWEDE T.S., RÉTEY J., SCHULZ G.E., Biochemistry, 1999, 38, 5355.
- [25] CALABRESE J.C., JORDAN D.B., BOODHOO A., SARIASLANI S., VANNELLI T., Biochemistry, 2004, 43, 11403.
- [26] HERMES J.D., WEISS P.M., CLELAND W.W., Biochemistry, 1985, 24, 2959.
- [27] GLOGE A., LANGER B., POPPE L., RÉTEY J., Arch.Biochem. Biophys., 1998, 359, 1.

- [28] LEWANDOWICZ A., JEMIELITY J., KAŃSKA M., ZOŃ J., PANETH P., Arch. Biochem. and Biophys., 1999, 370, 216.
- [29] HANSON K.R., HAVIR E.A., Arch. Biochem. Biophys., 1970, 141, 1.
- [30] SCHUSTER B., RÉTEY J., Proc. Natl. Acad. Sci., 1995, 92, 8433.
- [31] DONNELLY M., FEDELES F., WIRSTAM M., SIEGBAHN P.E., ZIMMER M., J. Am. Chem. Soc., 2001, 123, 4679.
- [32] CHRISTENSON S.D., LIU W., TONEY M.D., SHEN B., J. Am. Chem. Soc., 2003, 125, 6062.
- [33] RÖTHER D., MERKEL D., RÉTEY J., Angew. Chem. Int. Ed., 2000, 39, 2462.
- [34] APPERT C., LOGEMANN E., HAHLBROCK K., SCHMID J., AMRHEIN N., EUR. J. Biochem., 1994, 225, 491.
- [35] BAEDEKER M., SCHULZ G.E., FEBS Letters, 1999, 457, 57.
- [36] LANGER B., LANGER M., RÉTEY J., [in:] Advances in Protein Chemistry, Klinman J.P., Dove J.E., (Eds.), Academic Press, New York, 2001, Vol. 58, 175–214.
- [37] RÉTEY J., Biochim. Biophys. Acta, 2003, 1647, 179.
- [38] SCHLOSS J.V., [in:] *Target Sites of Herbicides Action*, Böger P., Sadmann G., (Eds.), CRC Press, Boca Raton, 1989.
- [39] JANGAARD N.O., Phytochemistry, 1971, 13, 1765.
- [40] AMRHEIN N., GÖDEKE K.H., Plant Sci. Letters, 1977, 8, 313.
- [41] JANAS K.M., FILIPIAK A., KOWALIK J., MASTALERZ P., KNYPL J.S., Acta Biochim. Polon., 1985, 32, 131.
- [42] LABER B., KLITZ H.-H., AMRHEIN N., Z. Naturforsch., 1986, 41c, 49.
- [43] MALCOLM T.B., MORLEY J.S., J.Chem. Soc. Perkin Trans 1, 1979, 2138.
- [44] ZON J., Laber B., Phytochemistry, 1988, 27, 711.
- [45] ZOŃ J., AMRHEIN N., Liebigs Ann. Chem., 1992, 625.
- [46] Zoń J., Pol. J. Chem., 1979, 53, 541.
- [47] ZOŃ J., AMRHEIN N., Sposób wytwarzania nowego kwasu 2-aminoindano-2-fosfonowego, Patent Polski, PL 163326 B1, 1994.
- [48] OLEKSYSZYN J., J. Prakt. Chemie, 1987, 329, 19.
- [49] SOROKA M., Liebigs Ann. Chem., 1990, 331.
- [50] RYCHLEWSKI T., Synteza racemicznego kwasu 1-aminoindano-1-fosfonowego, praca dyplomowa, Instytut Chemii Organicznej Biochemii i Biotechnologii, Politechnika Wrocławska, Wrocław, 1998, 1–43.
- [51] RYCHLEWSKI T., ZOŃ J., Phosphorus Sulfur and Silicon, 1999, 147, 463.
- [52] DERON A., GANCARZ R., GANCARZ I., HALAMA A., KUŹMA Ł., RYCHLEWSKI T., ZOŃ J., Phosphorus Sulfur and Silicon, 1999, 144–146, 437.
- [53] ZOŃ J., MIZIAK P., RYCHLEWSKI T., GANCARZ R., praca nieopublikowana.
- [54] LOGULLO F.M., SEITZ A.H., FRIEDMAN L., Organic Syntheses, Wiley, New York, 1973, Coll. Vol. V, 54–59.
- [55] SOUTH M.S., LIEBESKIND L.S., J. Org. Chem., 1982, 47, 3815.
- [56] ZOŃ J., AMRHEIN N., praca nieopublikowana.
- [57] GLOGE A., ZOŃ J., KÖVÁRI Á., POPPE L., RÉTEY J., Chem. Eur. J., 2000, 6, 3386.
- [58] O'DONNELL M.J., POLT R., J. Org. Chem., 1982, 47, 2663.
- [59] LÓPEZ A., MORENO-MAÑAS M., PLEIXANTS R., ROGLANS A., EZQUERRA J., PEDREGAL C., Tetrahedron, 1996, 52, 8365.
- [60] GOLDBERG Y., ABELE E., BREMANIS G., TRAPENCIERS P., GAUKHMAN A., POPELIS J., GOMTSYAN A., KALVINŠ I., SHYMANSKA M., LUKEVICS E., Tetrahedron, 1990, 46, 1911.
- [61] CAZIN J., DUFLOS J., DUPAS G., BOURGUIGNON J., QUÉGUINER G., J. Chem. Soc. Perkin Trans. I, 1989, 867.
- [62] ZOŃ J., OSIADACZ J., ROSZAK S., RÉTEY J., praca nieopublikowana.
- [63] MAIER L., DIEL P.J., Phosphorus Sulfur and Silicon, 1994, 90, 259.
- [64] ZOŃ J., AMRHEIN N., GANCARZ R., Phytochemistry, 2002, 59, 9.
- [65] SOROKA M., JAWORSKA D., SZCZĘSNY Z., Liebigs Ann. Chem., 1990, 1153.

- [66] GREEN D., PATEL G., ELGENDY S., BABAN J.A., CLAESON G., KAKKAR V.V., DEADMAN J., Tetrahedron, 1994, 50, 5099.
- [67] KAFARSKI P., ZOŃ J., Synthesis of α-aminoalkanephosphonic and α-aminoalkanephosphinic acids, [in:] Aminophosphonic and Aminophosphinic Acids, Kukhar V.P., Hudson H.R. (Eds.), Wiley, 2000, Chapt. 2, 33–74.
- [68] ZON J., Synthesis, 1984, 661.
- [69] KOWALIK J., KUPCZYK-SUBOTKOWSKA L., MASTALERZ P., Synthesis, 1981, 57.
- [70] TYKA R., HÄGELE G., Phosphorus Sulfur and Silicon, 1989, 44, 103.
- [71] GREENSTEIN J.P., WINITZ M., [in:] Chemistry of the Amino Acids, Wiley, New York, Vol. 3, 1961, 2694–2694.
- [72] KAFARSKI P., LEJCZAK B., SZEWCZYK J., Can. J. Chem., 1983, 61, 2425.
- [73] OLEKSYSZYN J., SUBOTKOWSKA L., MASTALERZ P., Synthesis, 1979, 985.
- [74] DŻYGIEL P., RUDZIŃSKA E., WIECZOREK P., KAFARSKI P., J. Chromatography A, 2000, 895, 301.
- [75] KUKHAR V.P., Asymmetric synthesis of aminophosphonic and aminoalkanephosphinic acids, [in:] Aminophosphonic and Aminophosphinic Acids, Kukhar V.P., Hudson H.R. (Eds.), Wiley, 2000, Chapt. 5, 127–172.
- [76] ZON J., Pol. J. Chem., 1981, 55, 643.
- [77] JORRÍN J., LÓPEZ-VALBUENA R., TENA M., Biochim. Biophys. Acta, 1988, 964, 73.
- [78] SATO T., KIUCHI F., SANKAWA U., Phytochemistry, 1982, 21, 845.
- [79] HODGINS D.S., J. Biol. Chem., 1971, 246, 2977.
- [80] MINAMIKAWA T., URITANI I., J. Biochem. (Tokyo), 1965, 58, 53.
- [81] ZUBIETA C., KOTA P., FERRER J.L., DIXON R.A., NOEL J.P., Plant Cell, 2002, 14, 1265.
- [82] JEZ J.M., BOWMAN M.E., NOEL J.P., Proc. Nat. Acad. Sci USA, 2002, 99, 5319.
- [83] FERRER J.L., JEZ J.M., BOWMAN M.E., DIXON R.A., NOEL J.P., Nature Struct. Biol., 1999, 6, 775.
- [84] KLUCZYK A., SZEFCZYK B., AMRHEIN N., ZOŃ J., Pol. J. Chem., 2005, 79, 583.
- [85] HERBST R.M., SHEMIN D., Organic Synthesis, Coll. Vol. II, 1943, 1.
- [86] KLUCZYK A., Synteza analogów kwasu (E)-cynamonowego i ich wpływ na amoniakoliazę fenyloalaniny, praca magisterska, Instytut Chemii Organicznej i Fizycznej, Politechnika Wrocławska, Wrocław, 1991, str. 1–82.
- [87] BERGMAN E., BONDI A., Chem. Ber., 1933, 66, 278.
- [88] FRIDLAND S.V., EFREMOV A.I., Zh. Obshch. Khim., 1978, 48, 319.
- [89] BRAND L.M., HARPER A.E., Biochemistry, 1976, 15, 1814.
- [90] APPERT C., ZON J., AMRHEIN N., Phytochemistry, 2003, 62, 415.
- [91] SCHLOSS J.V., Acc. Chem. Res., 1988, 21, 348.
- [92] ZOŃ J., Prace Naukowe Centrum Biomonitoringu, Biotechnologii i Ochrony Ekosystemów Dolnego Śląska, Oficyna Wydawnicza Politechniki Wrocławskiej, Wrocław, 2002, 31–37.
- [93] Zoń J., Phosphorus Sulfur and Silicon, 1996, 109–110, 349.
- [94] GŁOWIAK T., SAWKA-DOBROWOLSKA W., KOWALIK J., MASTALERZ P., SOROKA M., ZOŃ J., Tetrahedron Lett., 1977, 3965.
- [95] MAIER L., DIEL P.J., Phosphorus Sulfur and Silicon, 1994, 90, 259.
- [96] ZOŃ J., SZEFCZYK B., SAWKA-DOBROWOLSKA W., GANCARZ R., KUCHARSKA-ZOŃ M., LATAJKA R., AMRHEIN N., MIZIAK P., SZCZEPANIK W., New J. Chem., 2004, 28, 1048.
- [97] BENEZRA C., J. Am. Chem. Soc., 1973, 95, 6890.
- [98] GANCARZ R., LATAJKA R., HALAMA A., KAFARSKI P., Magn. Reson. Chem., 2000, 38, 867.
- [99] KISS T., LÀZÀR I., Structure and stability constants of metal complexes in solution, [in:] Aminophosphonic and Aminophosphinic Acids, Kukhar V.P., Hudson H.R. (Eds.), Wiley, 2000, Chapt. 9, 285–287.
- [100] FEDOROVA G.K., RUBAN R.N., KIRSANOV A.V., Zh. Obshch. Khim., 1969, 39, 1471.
- [101] GUIRAUD C.B., LAPPIN G.R., J. Org. Chem., 1953, 18, 1.
- [102] BROWN H.C., GUPTA S.K., J. Am. Chem. Soc., 1975, 97, 5249.

- [103] COLEY J.R., KAMAREWSKY V.I., J. Am. Chem. Soc., 1952, 74, 4448.
- [104] BHATTACHARJYA A., MUKHOPADHYAY R., PAKRASHI S.C., Synthesis, 1985, 886.

Publikacje autora zawierające rezultaty badań, które posłużyły do napisania niniejszej monografii

- Zoń J., Direct synthesis of diethyl N-carbobenzoxyaminoalkanephosphonates, Pol. J. Chem., 1979, 53, 541–542.
- Zoń J., *Asymmetric addition of tris(trimethylsilyl) phosphite to chiral aldimine*, Pol. J. Chem., 1981, 55, 643–646.
- ZOŃ J., Synthesis of diisopropyl 1-nitroalkanephosphonates from diisopropyl 1-oxoalkanephosphonates, Synthesis, 1984, 661–663.
- ZOŃ J., LABER B., Novel phenylalanine analogues as putative inhibitors of enzymes acting on phenylalanine, Phytochemistry, 1988, 27, 711–714.
- ZOŃ J., AMRHEIN N., Inhibitors of phenylalanine ammonia-lyase: 2-Aminoindan-2-phosphonic acid and related compounds, Liebigs Ann. Chem., 1992, 625–628.
- ZON J., Phosphonic analogues of phenylalanine and histidine as strong inhibitors of phenylalanine and histidine ammonia-lyases, Phosphorus Sulfur and Silicon, 1996, 109–110, 349–352.
- RYCHLEWSKI T., ZON J., Synthesis of racemic 1-aminoindan-1-phosphonic acid, Phosphorus Sulfur and Silicon, 1999, 147, 463–463.
- GLOGE A., ZOŃ J., KÖVÁRI Á., POPPE L., RÉTEY J., Phenylalanine ammonia-lyase: The use of its broad substrate specificity for mechanistic investigations and biocatalysis – synthesis of L-arylalanines, Chem. Eur. J., 2000, 6, 3386–3390.
- ZOŃ J., Amoniakoliaza fenyloalaniny szeroko rozpowszechniony enzym roślinny z unikalną grupą prostetyczną, Prace Naukowe Centrum Biomonitoringu, Biotechnologii i Ochrony Ekosystemów Dolnego Śląska, Oficyna Wydawnicza Politechniki Wrocławskiej, Wrocław, 2002, 31–37.
- ZOŃ J., AMRHEIN N., GANCARZ R., Inhibitors of phenylalanine ammonia-lyase: 1-aminobenzylphosphonic acids substituted in the benzene ring, Phytochemistry, 2002, 59, 9–21.
- APPERT C., ZON J., AMRHEIN N., Kinetic analysis of the inhibition of phenylalanine ammonia-lyase by 2aminoindan-2-phosphonic acid and other phenylalanine analogues, Phytochemistry, 2003, 62, 415–422.
- ZOŃ J., SZEFCZYK B., SAWKA-DOBROWOLSKA W., GANCARZ R., KUCHARSKA-ZOŃ M., LATAJKA R., AMRHEIN N., MIZIAK P., SZCZEPANIK W., Experimental and ab initio calculated structures of 2aminoindane-2-phosphonic acid, a potent inhibitor of phenylalanine ammonia-lyase, and theoretical studies of its binding to the model enzyme structure, New J. Chem., 2004, 28, 1048–1055.
- KLUCZYK A., SZEFCZYK B., AMRHEIN N., ZON J., (E)-Cinnamic acid analogues as inhibitors of phenylalanine ammonia-lyase and of anthocyanin biosynthesis, Pol. J. Chem., 2005, 79, 583–592.
- ZOŃ J., MIZIAK P., RYCHLEWSKI T., GANCARZ R., Unexpected non-stability of α-aminoalkylphosphonates: Limitation of their synthesis using diphenylmethylamine procedure, praca nieopublikowana.

Research on the syntheses and properties of inhibitors and substrates of phenylalanine ammonia-lyase

Abstract

Studies on the design and syntheses of new inhibitors and substrates for an important plant enzyme – phenylalanine ammonia-lyase (PAL) – have been reported. In the introduction, the papers on the structure of PAL, mechanism of action and known inhibitors are reviewed. Own results concerning the methods of syntheses of new inhibitors and substrates for PAL are a crucial part of the monograph. Seventy three analogues of phenylalanine, phenylglycine and (*E*)-cinnamic acid were obtained and examined. These compounds differ in the structure of carbon skeletons as well as in their functional groups. Among them, the largest library is represented by phosphonic acids. All the compounds obtained were evaluated as inhibitors or substrates of PAL and, additionally, as inhibitors of anthocyanin biosynthesis. Two of them, namely, 2-aminoindane

-2-phosphonic acid and (+)-1-amino-3',4'-dichlorobenzyl-phosphonic acid were found to be strong inhibitors for both studied pathways. Thus introduced, 2-aminoindane-2-phosphonic acid (AIP) is now commonly used in many laboratories around the world as the preferred *in vivo* inhibitor of PAL.

1-Aminobenzylphosphonic acid derivatives possessing different substitutents at the aromatic ring were obtained in amidoalkylation reaction of trivalent phosphoric acid derivatives or hydrophosphonylation of *N*-benzylidenediphenylmethylamine derivatives. The method of hydrophosphonylation is considered as the preferred one. However, in some cases, hindered diethyl 1-diphenylmethylamino-alkylphosphonates in the next acidic hydrolysis underwent decomposition to products of the retro Kabachnik–Fields reaction instead of yielding the corresponding 1-aminoalkylphosphonic acids. The values of enzyme inhibition constants (K_i) for all studied 1-aminobenzylphosphonic acid derivatives suggest that size of a hydrophobic pocket of PAL is narrow.

Studies of (\pm) -2-aminooxy-3-phenylpropionic acid analogues suggest that the strong inhibition of PAL by these compounds is due to the additional hydrogen bonding between the enzyme and the inhibitor.

The synthesis of analogues of (E)-cinnamic acid with phosphonous group from alkenes and pentachlorophosphorous, described in literature, is shortened by one step. The product formed in hydrolysis of diethyl 2-phenylethynylphosphonate is 2-oxo-2-phenylethylphosphonic acid, not as reported in the literature, 2-phenylethynylphosphonic acid. The modified synthetic procedure gives the proper product. None of twenty nine evaluated compounds with the structure related to the structure of (E)-cinnamic acid is a strong inhibitor of PAL. On the other hand, many substituted (E)-cinnamic acid derivatives were found to be substrates for *in vitro* biosynthesis of (S)-phenylalanine derivatives.

Theoretical studies of the mode of 2-aminoindane-2-phosphonic acid bonding to the PAL model suggest that the conformer of the inhibitor with the pseudoaxial phosphonic group is the most preferred one. All structural studies of 2-aminoindane-2-phosphonic acid (X-ray, NMR and theoretical calculation) indicate that the preferred conformation is that with the pseudoequatorial phosphonic acid group. This means that the inhibitor in the process of bonding has to change its pseudoequatorial conformation to a pseudoaxial one. This finding is offered as an explanation for the fact that 2-aminoindane-2-phosphonic acid is a slow binding inhibitor.

62