## 14 **Термол**

# Термодинамический анализ стабильности структуры однодоменного терапевтического антитела

© И.Е. Елисеев<sup>1</sup>, А.Н. Юденко<sup>1</sup>, Н.А. Беседина<sup>1</sup>, А.Б. Улитин<sup>2</sup>, В.М. Екимова<sup>2</sup>, С.Р. Евдокимов<sup>2</sup>, Ю.В. Путинцева<sup>2</sup>, П.А. Яковлев<sup>2</sup>, М.И. Ломовская<sup>2</sup>, И.Н. Тертеров<sup>1</sup>, А.А. Богданов<sup>1</sup>, М.В. Дубина<sup>3</sup>

 <sup>1</sup> Санкт-Петербургский национальный исследовательский академический университет РАН,
 <sup>2</sup> ЗАО "Биокад", Санкт-Петербург
 <sup>3</sup> Первый Санкт-Петербургский государственный медицинский университет им. акад. И.П. Павлова

E-mail: eliseev@spbau.ru

#### Поступило в Редакцию 1 сентября 2017 г.

Стабильность нового однодоменного терапевтического антитела к рецептору ErbB3 исследована методом спектроскопии флуоресценции при различных концентрациях денатурирующего вещества и температуре. Анализ экспериментальных кривых денатурации позволил построить полную термодинамическую модель процесса денатурации и определить все параметры перехода:  $\Delta G = 8.5 \text{ kcal} \cdot \text{mol}^{-1}$ ,  $T_m = 76^{\circ}\text{C}$ ,  $\Delta H_m == 107 \text{ kcal} \cdot \text{mol}^{-1}$ ,  $\Delta C_p = 1.8 \text{ kcal} \cdot \text{K}^{-1} \cdot \text{mol}^{-1}$ . Полученные данные свидетельствуют о высокой стабильности антитела в широком диапазоне условий, что чрезвычайно важно для дальнейших структурно-функциональных исследований и возможного терапевтического применения.

### DOI: 10.21883/PJTF.2017.23.45280.17022

Важными мишенями при терапии онкологических заболеваний являются рецепторные тирозинкиназы ErbB1-4 [1]. Моноклональные антитела, блокирующие рецепторы ErbB1 и ErbB2, успешно используются в терапии уже два десятка лет. Однако в последнее время появились экспериментальные свидетельства того, что третий член семейства, рецептор ErbB3, ответствен за развитие резистентности при терапии ингибиторами ErbB1-2 [2]. Вследствие этого существует необходимость разработки новых терапевтических антител к рецептору ErbB3, которые

86

позволят преодолеть проблему резистентности за счет одновременного блокирования ErbB1/2 и ErbB3.

В настоящее время уже более десятка антител к ErbB3 находятся на разных стадиях клинических испытаний [3]. В России разработкой антител к ErbB3 занимается компания "Биокад", при этом используются особые неканонические одноцепочечные тела, встречающиеся у представителей семейства верблюдовых (*Camelidae*) [4]. Преимуществами таких одноцепочечных антител являются высокая аффинность, повышенная стабильность и простота биотехнологического производства. Путем иммунизации лам и последующего отбора при помощи фагового дисплея компанией "Биокад" был получен ряд одноцепочечных антител к ErbB3.

Стабильность структуры является важнейшей характеристикой белкового терапевтического препарата. Термическая стабильность и стабильность к химической денатурации тесно связаны с агрегационной способностью и адсорбцией на различных поверхностях и критически важны при получении, очистке и хранении препарата, а также его терапевтическом применении [5]. В настоящей работе нами проведен полный термодинамический анализ вариабельного фрагмента одноцепочечного антитела (VHH-1) к III внеклеточному домену рецептора ErbB3, ранее отобранного в компании "Биокад" для дальнейшей разработки.

С физической точки зрения термодинамика денатурации глобулярного белка может быть описана моделью двух состояний

$$F \stackrel{\Delta G(T)}{\longleftrightarrow} U, \quad F + U = 1, \quad U = F \exp\left(\frac{-\Delta G(T)}{RT}\right),$$
 (1)

где *F* обозначает долю молекул белка в нативном состоянии, U — в денатурированном состоянии,  $\Delta G(T)$  — свободная энергия денатурации. Используя уравнение Гиббса-Гельмгольца и соотношение  $\Delta H(T) = \int_{T_m}^{T} \Delta C_p dT = \Delta H_m + \Delta C_p (T - T_m)$ , можно получить следующее

уравнение для зависимости свободной энергии от температуры:

$$\Delta G(T) = \Delta H_m \left( 1 - \frac{T}{T_m} \right) + \Delta C_p \left( T - T_m - T \ln \frac{T}{T_m} \right), \tag{2}$$

параметрами перехода являются температура плавления  $T_m(\Delta G(T_m) = 0)$ , энтальпия перехода  $\Delta H_m$  и изменение теплоемкости  $\Delta C_p$ , которое считается не зависящим от температуры.

При нормальных условиях равновесие (1) сильно сдвинуто в сторону нативного состояния и доля денатурированного белка чрезвычайно мала, что затрудняет определение свободной энергии. Классическим биохимическим приемом для того, чтобы сдвинуть равновесие и сделать возможным количественный анализ перехода, является добавление денатурирующего вещества, например мочевины [6]. Для глобулярных белков свободная энергия денатурации линейно зависит от концентрации мочевины [7]

$$\Delta G(T, [Urea]) = m([Urea]_{1/2}(T) - [Urea]), \qquad (3)$$

где m — коэффициент зависимости от концентрации мочевины, [Urea] — концентрация мочевины,  $[Urea]_{1/2}(T)$  — концентрация мочевины в середине кривой денатурации при данной температуре. Дальнейшая экстраполяция к нулевой концентрации денатурирующего вещества позволяет получить искомое значение  $\Delta G(T)$ .

Для проведения термодинамического анализа нами был получен и очищен рекомбинантный вариабельный фрагмент одноцепочечного антитела к ErbB3, аминокислотная последовательность которого указана в таблице. Вкратце, генетическая конструкция на основе вектора pET22b (Novagen), кодирующая антитело с С-концевым гистидиновым тагом, была использована для трансформации клеток *E*.*coli BL*21(*DE*3). Белок был очищен при помощи аффинной хроматографии на Ni-NTA и ионообменной хроматографии на колонке MonoQ по стандартным протоколам, чистота белка составила не менее 95% по данным электрофореза в полиакриламидном геле (данные не приведены). Затем была приготовлена серия растворов белка (0.07 mg/ml) в 50 mM Na<sub>2</sub>HPO<sub>4</sub> (pH = 8.0) с различными концентрациями мочевины от 0 до 10 M с шагом 0.25 M.

Для определения доли денатурированного белка нами проводились измерения флуоресценции аминокислотных остатков триптофана в исследуемом антителе в диапазоне 300–500 nm при возбуждении светом с длиной волны 280 nm на спектрометре Chirascan (Applied Photophysics). Спектр триптофановой флуоресценции чувствителен к структурным изменениям в белке и сдвигается в длинноволновую область, меняет форму и интенсивность при денатурации (рис. 1), что было использовано для расчета долей нативного и денатурированного антител. Для каждого спектра флуоресценции нами был рассчитан



**Рис. 1.** Спектры флуоресценции однодоменного антитела VHH-1 в нативном и полностью денатурированном состоянии ( $T = 20^{\circ}$ C). Посредством анализа спектров флуоресценции в зависимости от концентрации мочевины были определены доли нативного и денатурированного белка и построены кривые денатурации для различных температур.

коэффициент асимметрии S распределения интенсивности. Затем кривая денатурации белка была построена как зависимость S от концентрации мочевины. Для определения коэффициента m и величины  $[Urea]_{1/2}$  кривая денатурации была аппроксимирована следующей функцией:

$$S = \frac{S_F + S_U \exp\left(\frac{-m([Urea]_{1/2} - [Urea])}{RT}\right)}{1 + \exp\left(\frac{-m([Urea]_{1/2} - [Urea])}{RT}\right)},$$
(4)

где  $S_F$  и  $S_U$  — величины S для нативного и денатурированного состояний,  $S = FS_F + US_U$ , аппроксимация проводилась нелинейным



**Рис. 2.** Кривые денатурации однодоменного антитела VHH-1 мочевиной для нескольких температур. Аппроксимация кривых уравнением (4) позволила определить коэффициент *m*, параметр  $[Urea]_{1/2}$  и получить  $\Delta G$  для каждой температуры.

методом наименыших квадратов. Таким образом были измерены спектры флуоресценции и проведен анализ для всей серии образцов с различными концентрациями мочевины в температурном диапазоне 10–65°С. Экспериментальные данные и аппроксимации функцией (4) для нескольких температур приведены на рис. 2.

После получения экспериментальных значений  $\Delta G(T)$  из кривых денатурации для разных температур мы воспользовались уравнением Гиббса-Гельмгольца (2) для определения параметров  $\Delta H_m$ ,  $\Delta C_p$  и  $T_m$  (рис. 3); найденные величины приведены в таблице. Как видно из рис. 3, экспериментальные данные хорошо описываются уравнением (2), которое позволяет предсказывать стабильность антитела в широких диапазонах температур и условий среды. Полученные вели-

Письма в ЖТФ, 2017, том 43, вып. 23

Белок	Аминокислотная последовательность	$\langle m \rangle$ , kcal·mol <sup>-1</sup> ·M <sup>-1</sup>	[Urea] <sub>1/2</sub> , M (20°C)	$\Delta G,$ kcal·mol <sup>-1</sup> (20° C)	$\Delta H_m$ , kcal · mol <sup>-1</sup>	$\Delta C_p$ , kcal·K <sup>-1</sup> ·mol <sup>-1</sup>	$T_m, ^{\circ}C$
VHH- 1-His <sub>6</sub>	EVQLVQSGGGLVQPGGSLRLS CAASGRTSSKYAMGWFRQAP GKGTEFVATISWSDGSTYYAD SVEGRFTISRDNAKNTVYLQM NSLKPEDTAVYYCAAAVDVLA GTFEYEYDYWGQGTLVTVSSH HHHHH	$1.04 \pm 0.09$	8.12 ± 0.05	8.5±0.6	107 ± 9	$1.8\pm0.5$	$76 \pm 2$ $75 \pm 1$ (DSC)

Значения термодинамических величин, полученные в результате анализа кривых денатурации и температурной зависимости свободной энергии денатурации

91



**Рис. 3.** Экспериментальная зависимость свободной энергии денатурации от температуры и ее аппроксимация уравнением Гиббса–Гельмгольца (2). В результате аппроксимации получены термодинамические параметры перехода  $\Delta H_m$ ,  $\Delta C_p$  и  $T_m$ .

чины  $\Delta G = 8.5 \text{ kcal} \cdot \text{mol}^{-1}(20^{\circ}\text{C})$  и  $T_m = 76^{\circ}\text{C}$  свидетельствуют о чрезвычайно высокой стабильности исследуемого антитела (в сравнении со средними значениями для белков подобного размера у различных живых организмов [8]).

Для проверки предсказаний модели нами было проведено независимое измерение температуры плавления антитела методом дифференциальной сканирующей калориметрии на приборе nanoDSC (TA Instruments). Значение температуры плавления  $T_m^{\rm DSC} = 75 \pm 1^{\circ}$ С было получено по положению пика теплоемкости (график не приведен) и замечательно согласуется со значением, установленным на основе спектрометрических экспериментов. Как видно из уравнения (2) и

рис. 3, свободная энергия денатурации является выпуклой функцией температуры и существует два значения температуры, при которых свободная энергия денатурации равна нулю. Холодовая денатурация, когда структура нарушается не при нагревании, что вполне ожидаемо, а при охлаждении, является общей закономерностью для глобулярных белков [9]. В данном случае температура перехода, полученная решением уравнения (2) с найденными параметрами, равна  $-30^{\circ}$ С. Таким образом, исследуемый белок также стабилен при охлаждении в широкой области температур, типичных для биохимических экспериментов.

В заключение отметим, что в настоящей работе нами была исследована стабильность нового однодоменного антитела к рецептору ErbB3. Анализ кривых денатурации позволил найти зависимость свободной энергии денатурации от температуры и определить все термодинамические параметры перехода: энтальпию плавления, изменение теплоемкости, температуру плавления, а также предсказать температуру холодовой денатурации. Полученные данные свидетельствуют о высокой термодинамической стабильности белка в широком диапазоне условий, что чрезвычайно важно для дальнейших структурных и функциональных исследований, а в перспективе и для возможного терапевтического применения.

Работа выполнена при поддержке Министерства образования и науки РФ (уникальный идентификатор RFMEFI57716X0217, соглашение № 14.577.21.0217).

## Список литературы

- Поляновский О.Л., Лебеденко Е.Н., Деев С.М. // Биохимия. 2012. Т. 77. В. 3. С. 289–311.
- [2] Kol A., van Scheltinga A.G.T., Timmer-Bosscha H., Lamberts L.E., Bensch F., de Vries E.G.E., Schröder C.P. // Pharmacol. Ther. 2014. V. 143. P 1–11.
- [3] Zhang N., Chang Y., Rios A., An Z. // Acta Biochim. Biophys. Sinica. 2015. V. 48.
  P. 39–48.
- [4] Hamers-Casterman C.T.S.G., Atarhouch T., Muyldermans S., Robinson G., Hammers C., Songa E.B., Bendahman N., Hammers R. // Nature. 1993. V. 363. P. 446–448.

- [5] Manning M.C., Chou D.K., Murphy B.M., Payne R.W., Katayama D.S. // Pharm. Res. 2010. V. 27. P. 544–575.
- [6] Shaw K.L., Scholtz J.M., Pace C.N., Grimsley R.G. // Protein structure, stability, and interactions / Ed. J. Shriver. Methods in molecular biology. V. 490. Humana Press, 2009. P. 41–55.
- [7] Myers J.K., Pace C.N., Scholtz J.M. // Protein Sci. 1995. V. 4. P. 2138-2148.
- [8] Ghosh K., Dill K. // Biophys. J. 2010. V. 99. P. 3996-4002.
- [9] Privalov P.L. // Crit. Rev. Biochem. Mol. Biol. 1990. V. 25. P. 281-306.