

(19) 日本国特許庁(JP)

## (12) 特許公報(B2)

(11) 特許番号

特許第3884087号  
(P3884087)

(45) 発行日 平成19年2月21日(2007.2.21)

(24) 登録日 平成18年11月24日(2006.11.24)

(51) Int.C1.

F 1

C 12 N 15/09	(2006.01)	C 12 N 15/00	A
C 12 Q 1/68	(2006.01)	C 12 Q 1/68	A
G O 1 N 27/62	(2006.01)	G O 1 N 27/62	V

請求項の数 34 (全 39 頁)

(21) 出願番号	特願平10-533942
(86) (22) 出願日	平成10年1月15日(1998.1.15)
(65) 公表番号	特表2001-508307(P2001-508307A)
(43) 公表日	平成13年6月26日(2001.6.26)
(86) 國際出願番号	PCT/GB1998/000127
(87) 國際公開番号	W01998/031830
(87) 國際公開日	平成10年7月23日(1998.7.23)
審査請求日	平成14年6月27日(2002.6.27)
(31) 優先権主張番号	9700746.2
(32) 優先日	平成9年1月15日(1997.1.15)
(33) 優先権主張国	英國(GB)
(31) 優先権主張番号	9718255.4
(32) 優先日	平成9年8月28日(1997.8.28)
(33) 優先権主張国	英國(GB)

(73) 特許権者	イクスツィリオン ゲゼルシャフト ミット ベシュレンクテル ハフツング ウント コンパニー コマンディトゲゼルシャフト
	ドイツ連邦共和国 65926 フランクフルト アム マイン (番地なし)
(74) 代理人	弁理士 中島 淳
(74) 代理人	弁理士 加藤 和詳
(74) 代理人	弁理士 西元 勝一

最終頁に続く

(54) 【発明の名称】 質量標識結合ハイブリダイゼーションプローブ

## (57) 【特許請求の範囲】

## 【請求項 1】

質量標識の質量分析法によりプローブのハイブリダイゼーションを測定する方法における、所定の鎖長の既知の塩基配列に結合された質量標識を有するハイブリダイゼーションプローブを用いる方法であって、質量標識が開裂可能であるように塩基配列に結合され、エレクトロスプレーイオン化によりプローブから切り離されることを特徴とする方法。

## 【請求項 2】

質量分析法によりプローブのハイブリダイゼーションを測定する方法における、各々所定の鎖長の既知の塩基配列に結合された質量標識を有するハイブリダイゼーションプローブアレイを用いる方法であって、質量標識は各々開裂可能にそのそれぞれの既知塩基配列に結合され、質量標識はエレクトロスプレーイオン化によりハイブリダイゼーションしたプローブから切り離されることを特徴とする方法。

## 【請求項 3】

各々の質量標識が、アレイ中のその他の質量標識それぞれに対し、一義的に同定可能である、請求項 2 に記載の方法。

## 【請求項 4】

前記塩基配列の所定の鎖長が、2 乃至 25 である請求項 1 乃至 3 のいずれか 1 項に記載の方法。

## 【請求項 5】

質量標識が衝突開裂可能な結合、光開裂可能な結合、化学的に開裂可能な結合または熱的

10

20

に開裂可能な結合によって既知の塩基配列に開裂可能であるように結合されている、請求項 1 乃至 4 のいずれか 1 項に記載の方法。

【請求項 6】

結合が質量分析計のイオン化室内で開裂する、請求項 1 乃至 5 のいずれか 1 項に記載の方法。

【請求項 7】

質量標識が、エレクトロスプレーイオン化に対して質量標識より安定性が小さい結合により既知の塩基配列に開裂可能であるように結合されている、請求項 1 乃至 6 のいずれか 1 項に記載の方法。

【請求項 8】

質量標識がイオン化条件下において負に荷電される、請求項 1 乃至 7 のいずれか 1 項に記載の方法。

【請求項 9】

質量標識が質量分析計内において既知の塩基配列から分離可能である、請求項 1 乃至 8 のいずれか 1 項に記載の方法。

【請求項 10】

質量標識が 50 V のエレクトロスプレーイオン化に対して安定である、請求項 1 乃至 9 のいずれか 1 項に記載の方法。

【請求項 11】

既知の塩基配列が、認識部位から所定分離された位置を切断する制限エンドヌクレアーゼの認識部位を有するアダプターオリゴヌクレオチドの突出末端を有する、請求項 1 乃至 10 のいずれか 1 項に記載の方法。

【請求項 12】

既知の塩基配列が複数の同一の質量標識に結合される、請求項 1 乃至 11 のいずれか 1 項に記載の方法。

【請求項 13】

ポリメラーゼ連鎖反応またはリガーゼ連鎖反応中にプローブのハイブリダイゼーションを測定するための、請求項 1 乃至 12 のいずれか 1 項に記載の方法。

【請求項 14】

方法がオンラインで実施される、請求項 1 乃至 13 のいずれか 1 項に記載の方法。

30

【請求項 15】

プローブアレイと標的核酸とのハイブリダイゼーションを測定するための方法であって、(a) プローブを標的核酸にハイブリダイゼーションさせる条件下において、標的核酸とアレイ中の各々のハイブリダイゼーションプローブとを接触させるステップであって、各々のプローブは所定の鎖長の既知の塩基配列に結合された質量標識を有し、アレイの各々の質量標識はそのそれぞれの既知塩基配列に開裂可能に結合されているステップと

(b) ハイブリダイゼーションしたプローブからエレクトロスプレーイオン化により質量標識を切り離して質量標識を放出させるステップと

(c) 質量分析法を用いて放出された質量標識を同定することによりハイブリダイゼーションしたプローブを同定するステップと、

40

を含む方法。

【請求項 16】

各々の質量標識が、アレイ中のその他の質量標識それぞれに対し、一義的に同定可能である、請求項 15 に記載の方法。

【請求項 17】

プローブと標的核酸とのハイブリダイゼーションを測定するための方法であって、(a) プローブを標的核酸にハイブリダイゼーションさせる条件下において標的核酸と所定の鎖長の既知の塩基配列に結合された質量標識を有するハイブリダイゼーションプローブを接触させるステップであって、質量標識はそのそれぞれの既知塩基配列に開裂可能に結合しているステップと、

50

(b) ハイブリダイゼーションしたプローブからエレクトロスプレーイオン化によって質量標識を切り離して質量標識を放出するステップと  
(c) 質量分析法を用いて放出された質量標識を同定することによりハイブリダイゼーションしたプローブを同定するステップと、  
を含む方法。

【請求項 18】

塩基配列の所定の鎖長が 2 ~ 25 である、請求項 15 乃至 17 のいずれか 1 項に記載の方法。

【請求項 19】

質量標識が、衝突開裂可能な結合、光開裂可能な結合、化学的に開裂可能な結合または熱的に開裂可能な結合によって既知の塩基配列に開裂可能に結合されている、請求項 15 乃至 18 のいずれか 1 項に記載の方法。 10

【請求項 20】

結合が質量分析計のイオン化室内で開裂される請求項 15 乃至 19 のいずれか一項に記載の方法。

【請求項 21】

各質量標識が、エレクトロスプレーイオン化に対して質量標識より安定性が小さい結合によりそのそれぞれの既知の塩基配列に開裂可能に結合されている、請求項 15 乃至 20 のいずれか 1 項に記載の方法。 20

【請求項 22】

各質量標識がイオン化条件下において負に荷電される、請求項 15 乃至 21 のいずれか 1 項に記載の方法。

【請求項 23】

質量標識および既知の塩基配列が、質量分析計内に導入される前に分離しない、請求項 15 乃至 22 のいずれか 1 項に記載の方法。

【請求項 24】

質量標識が 50V のエレクトロスプレーイオン化に対して安定である、請求項 15 乃至 23 のいずれか 1 項に記載の方法。

【請求項 25】

既知の塩基配列が、認識部位から所定分離された位置を切断する制限エンドヌクレアーゼの認識部位を有するアダプターオリゴヌクレオチドの突出末端を有する、請求項 15 乃至 24 のいずれか 1 項に記載の方法。 30

【請求項 26】

既知の塩基配列が複数の同一の質量標識に結合される、請求項 15 乃至 25 のいずれか 1 項に記載の方法。

【請求項 27】

インラインで実施される、請求項 15 乃至 26 のいずれか 1 項に記載の方法。

【請求項 28】

オリゴヌクレオチドチップを読みとるための、請求項 2 乃至 12 のいずれか 1 項に記載のハイブリダイゼーションプローブアレイを用いる方法であって、質量標識がエレクトロスプレーイオン化により開裂される方法。 40

【請求項 29】

オリゴヌクレオチド結合試薬を同定するための競合的結合アッセイにおける、請求項 2 乃至 12 のいずれか 1 項に記載のハイブリダイゼーションプローブアレイを用いる方法であって、質量標識がプローブからエレクトロスプレーイオン化によって切り離される方法。

【請求項 30】

ポリメラーゼ連鎖反応またはリガーゼ連鎖反応において、所定の配列に対するプローブとして請求項 2 乃至 12 のいずれか 1 項に記載のハイブリダイゼーションプローブアレイを用いる方法であって、質量標識がプローブからエレクトロスプレーイオン化によって切り離される方法。 50

## 【請求項 3 1】

c D N A を特徴づけるための方法であって、

( a ) 1 種以上の c D N A 集団を有する試料を制限エンドヌクレアーゼで切断し、c D N A の一方の末端を形成する断片であってその制限部位が c D N A の末端に近接する基準部位にある断片を単離するステップと、

( b ) 単離された断片を第 1 の試料作成エンドヌクレアーゼで基準部位から既知の距離ずれた位置にある第 1 の試料作成部位で切断して、第 1 および第 2 の小断片を形成するステップであって、第 1 および第 2 の小断片の各々が所定の鎖長の突出末端配列と未知の配列とを有し、第 1 の小断片が c D N A の末端を有するステップと、

( c ) 第 1 または第 2 の小断片のどちらかをそれらの突出末端配列により小集団に分類し 10 、各小集団の突出末端配列を第 1 の突出末端として記録するステップと、

( d ) 各小集団の小断片を、第 1 の試料作成エンドヌクレアーゼと同じまたは異なる第 2 の試料作成エンドヌクレアーゼで第 1 の試料作成部位から既知の距離ずれた位置にある第 2 の試料作成部位で切断して、所定の鎖長の第 2 の突出末端配列と未知の配列とを有するさらなる小断片を各小断片から形成するステップと、

( e ) 第 2 の突出末端配列のそれぞれを決定するステップと、

を含み、

各小断片の第 1 および第 2 の突出末端配列を合わせた鎖長が 6 ~ 10 であり、基準部位ならびに第 1 および第 2 の突出末端の配列および相対位置が c D N A を特徴づけ、第 1 の試料作成エンドヌクレアーゼが第 1 の認識部位に結合して制限エンドヌクレアーゼの制限部位から所定分ずれた位置にある第 1 の試料作成部位で切断し、第 1 および / または第 2 の認識部位は請求項 1 1 に記載のハイブリダイゼーションアレイからの第 1 および / または第 2 のアダプターオリゴヌクレオチド中にあって、単離された断片の制限部位にハイブリダイゼーションされる方法であって、質量標識がプローブからエレクトロスプレーイオン化によって切り離される方法。

## 【請求項 3 2】

核酸を配列決定するための方法であって、

( a ) 各断片が独自の量で存在し、一方の末端に所定の鎖長の突出末端配列と未知の配列とを形成する核酸断片を含む標的核酸集団を入手するステップと、

( b ) 各断片の他方の末端を保護するステップと、

( c ) (i) リガーゼが存在するハイブリダイゼーション条件下において、断片と、突出末端配列と同じ所定の鎖長を有する塩基配列を有し、その所定の鎖長の全ての可能な塩基配列を有する請求項 1 1 に記載のハイブリダイゼーションプローブアレイとを接触させ、任意のライゲーションしたアダプターオリゴヌクレオチドを取り出し、質量標識を放出させて質量分析計により放出された質量標識を同定することによって任意のライゲーションしたアダプターオリゴヌクレオチド各々の量を記録するステップであって、質量標識がプローブからエレクトロスプレーイオン化によって切り離されるステップと、

( i i ) ライゲーションされたアダプターオリゴヌクレオチドと、認識部位に結合し、断片を切断して、以前の突出末端配列と隣接または重複する新たな突出末端配列を露出させる塩基配列決定酵素とを接触させるステップと、

( i i i ) 十分な回数ステップ ( i ) および ( i i ) を繰り返し、各突出末端配列について記録された量を比較することにより断片の配列を決定するステップと  
により断片の各々を塩基配列決定するステップと  
を含む方法。

## 【請求項 3 3】

プローブアレイと標的核酸とのハイブリダイゼーションを測定するための方法であって、

( a ) プローブを標的核酸にハイブリダイゼーションさせる条件下において、標的核酸とアレイ中の各々のハイブリダイゼーションプローブとを接触させ、ハイブリダイゼーションしていない材料を除去するステップであって、各々のプローブは所定の鎖長の既知の塩基配列に結合された質量標識を有し、アレイの各々の質量標識はそのそれぞれの既知塩基

10

20

30

40

50

配列に開裂可能にされているステップと

(b) ハイブリダイゼーションしたプローブからエレクトロスプレーイオン化により質量標識を切り離して質量標識を放出させるステップと

(c) 質量分析法を用いて放出された質量標識を同定することによりハイブリダイゼーションしたプローブを同定するステップと、

を含む方法。

【請求項 3 4】

プローブと標的核酸とのハイブリダイゼーションを測定するための方法であって、

(a) プローブを標的核酸にハイブリダイゼーションさせる条件下において標的核酸と所定の鎖長の既知の塩基配列に結合された質量標識を有するハイブリダイゼーションプローブを接触させ、ハイブリダイゼーションしていない材料を除去するステップであって、質量標識はそのそれぞれの既知塩基配列に開裂可能に結合しているステップと、

10

(b) ハイブリダイゼーションしたプローブからエレクトロスプレーイオン化によって質量標識を切り離して質量標識を放出するステップと

(c) 質量分析法を用いて放出された質量標識を同定することによりハイブリダイゼーションしたプローブを同定するステップと、

を含む方法。

【発明の詳細な説明】

技術分野

本発明はハイブリダイゼーションプローブアレイと、ハイブリダイゼーションプローブの使用と、このようなプローブアレイのハイブリダイゼーションを検知する方法と、cDNAを特徴づける方法と、核酸の塩基配列を決定する方法と、に関する。

20

背景技術

質量分析法は、分子の質量を測定するための感度の高い方法であり、非常に感度が高いので、詳細な構造情報を得るためにも使用することができる。本質的に、被分析分子は真空中で気化され、イオン化される。気化相のイオンは電磁場により加速され、電磁場における分子の挙動を分析することによりそれらの質量／電荷比が測定される。系の主要な標的により測定される種々の質量分析法またはそれらが使用する種々のイオン化法に基づいた種々の質量分析法が存在する。概して、質量分析法は、分子の質量を測定する、分子を同定する、または構造情報を獲得することを目的として、分子を直接的に分析するために使用される。（質量分析法のテキストブックは文献 1 参照）

30

組み合わせ化学（この分野の文献 2 参照）により、分子を間接的に分析する必要性が多くなっている。現在、固相合成法を使用して、組み合わせ的にかなり多数の関連分子を生成する種々の方法が存在する。ほとんどの系はビーズ上に個々の分子を生成するので、望ましい特性についてこれらをスクリーニングすることができる。しかし、被スクリーニング分子が直接回収不可能である、または他の理由のために直接分析することが困難であるので、ビーズを間接的に標識することがしばしばあり、そのようなビーズ上の間接標識分子が 1 つの解決法として提案されている。組み合わせライブラリーを「コードする」（文献 3 参照）ほとんどの方法は、ある意味で「配列決定」することが可能である標識を使用することを含むと思われ（文献 4 参照）、例えば、アミノ酸および核酸分子を配列決定する方法は日常的に実施されており、今日では質量分析計でも実施される分析法であるように、短鎖ペプチドおよびオリゴヌクレオチドでは比較的短時間であるので、アミノ酸および核酸分子を使用してライブラリーをコードすることが多い。ハロゲン化ベンゼンおよび第 2 級アミドなどの他の有機物質が配列決定可能であり、このような目的に使用することができる（文献 5 および 6 参照）。

40

別の方法（文献 7 参照）は、特定の同位体中で濃縮して、質量スペクトルで独自の同位体信号を与える標識体を作成することができる種々の組み合わせモノマーを使用している。この方法により、質量スペクトルの限定領域に別個の同位体ピークパターンを有する大多数の標識体を作成することができる。この方法は、例えばビーズが大規模な組み合わせライブラリーから単離された 1 つの化合物を一義的に同定するのに理想的であるが、大

50

多数の分子を同時に分離する問題もほぼ間違ひなく有している。

文献 15 乃至 17 は、種々のリガンドの結合を検出する質量分析計の用途について開示している。

#### 発明の開示

本発明は、ハイブリダイゼーションプローブアレイであって、その各々が所定の鎖長の既知の塩基配列に結合された質量標識を有し、アレイの各々の質量標識を、必要に応じて既知の配列と共に、質量分析法によりその塩基配列と関連づけることが可能である、ハイブリダイゼーションプローブアレイを提供する。好ましくは、ハイブリダイゼーションプローブの各々は所定の鎖長の既知の塩基配列に開裂可能であるように結合された質量標識を有し、アレイの各質量標識は、そのそれぞれの塩基配列から放出されたとき、質量分析法により、一般に、アレイ中の全ての他の質量標識に対して好ましくは一義的に識別可能である質量／電荷比によりその塩基配列と関連づけることが可能である。

本発明は、さらに、質量標識を、必要に応じて既知の塩基配列と共に、質量分析することによりプローブのハイブリダイゼーションを測定する方法における、所定の鎖長の既知の塩基配列に結合された質量標識を有するハイブリダイゼーションプローブの使用を提供する。好ましくは、ハイブリダイゼーションプローブは、所定の鎖長の既知の塩基配列に開裂可能であるように結合された質量標識を有する。

本発明は、さらに、プローブアレイと標的核酸とのハイブリダイゼーションを検知するための方法であって、

(a) プローブを標的核酸にハイブリダイゼーションさせる条件下において、標的核酸と、所定の鎖長の既知の塩基配列に結合された質量標識を有するハイブリダイゼーションプローブアレイとを接触させるステップと、必要に応じてハイブリダイゼーションしていない材料を除去するステップと、

(b) ハイブリダイゼーションしたプローブを質量分析法により同定するステップと、を含む方法を提供する。

本発明は、さらに、プローブアレイと標的核酸とのハイブリダイゼーションを検知するための方法であって、

(a) プローブを標的核酸にハイブリダイゼーションさせる条件下において、標的核酸と、アレイの各々のハイブリダイゼーションプローブとを接触させるステップであって各プローブが所定の鎖長の既知の塩基配列に結合された質量標識を有するステップと、必要に応じてハイブリダイゼーションしていない材料を除去するステップと、

(b) ハイブリダイゼーションしたプローブを質量分析法により同定するステップと、を含む方法を提供する。

好ましくは、1または複数の質量標識は、既知の塩基配列に開裂可能であるように結合され、ハイブリダイゼーションした各プローブは、開裂されて質量標識を放出し、放出された標識が質量分析法により同定される。

塩基配列の所定の鎖長は、通常 2 ~ 25 である。

各質量標識は、光開裂可能な結合、化学的に開裂可能な結合、または熱的に開裂可能な結合によって既知の塩基配列に開裂可能に結合され得る。一実施態様によると、結合は、質量分析計内にあるとき、例えば質量分析計のイオン化室内にあるときを開裂する。これは、質量分析計に導入されていないときには、結合の開裂が生じる必要がないという利点がある。結合を適宜選択することにより、質量標識から既知の塩基配列が速やかに分離して質量標識が容易に同定され得るように、質量分析計内で開裂を生じさせる。結合は、好ましくは電子衝撃イオン化に対して質量標識より安定性が小さい。これにより、質量分析計内で、質量標識のどの部分もフラグメント化することなく、結合が開裂され得る。

好ましい実施態様において、質量標識は、50 ボルト、好ましくは 100 ボルトの電子衝撃イオン化に対して安定である。質量分析計内で生じる電子衝撃イオン化の条件により、分子をフラグメント化させることができるので、特定の電圧の電子衝撃イオン化に対して耐え得るか否かについて、質量標識の安定性を測定するのに便利である。電子衝撃イオン化に対する安定性は、質量分析計内で経験する衝突が誘発する解離条件下における、分子

10

20

30

40

50

の安定性の有用な指標ともなる。

好ましくは、質量標識は、質量分析計内で既知の塩基配列から分離可能である。それぞれの塩基配列から各質量標識を分離または精製する必要性がないので、このことは有利である。従って、好ましい実施態様において、質量標識および既知の塩基配列は、質量分析計内に導入される前は分離されない。

さらに好ましい実施態様では、本発明の方法は、専らオンラインで実施される。オンラインは、本発明の方法のどの段階においてもオフラインで実施される段階がないことを意味する。本発明の方法が連続的な方法として実施できることおよび容易に自動化できることにより、このことは有利である。

一実施態様において、各質量標識は、イオン化条件下において負に荷電されるように設計される。これは、緩衝条件を置くことにより、質量標識に結合する核酸を正に荷電することができるという利点がある。こうすることにより、質量分析計内にあるとき、質量標識は、DNAから容易に分離し、質量スペクトルはバックグラウンドのノイズが少なくなる。好ましくは、既知の塩基配列は、複数の同一の質量標識に結合されている。複数の同一の質量標識を使用することは、複数の質量標識が同時に開裂することにより、高濃度の質量標識を検知することができ、より大きいシグナルを生じさせることができるという利点がある。

一実施態様において、既知の塩基配列は、認識部位から所定分離された位置を切断する制限エンドヌクレアーゼの認識部位を有するアダプターオリゴヌクレオチドの突出末端を有する。

本発明は、1つのマススペクトル上で比較的大多数の分子を同定することを可能にするための、挙動性の良い質量スペクトル特性を有する標識の使用を提供する。挙動性が良いとは、多数のイオン化状態が生じないようにし、また特に不安定な基を使用しないことにより、分子がスペクトル上に形成するピークの数を最小にすることを意味する。有機化学において数十年の歴史を有する質量分析法は、このような使用のために望ましい所与の分子特徴および回避すべき所与の特徴を確認している。

#### 標識分子を分析するための質量分析法

分子、特に生物分子を、分子同定指標としての「質量」で標識することが可能である。分子の質量を分子の同定と関連づけるコードは、作成が容易であり、例えば同定することが望ましい1組の分子を考えると、別個の各被同定分子に対して漸増する質量を選択するだけでよい。明らかに、多数の分子は質量だけに基づいて同定することができ、標識は不要であると思われるかもしれない。所与の組の分子は独特ではあっても、質量は非常に近接しており、多様にイオン化があるので、質量分析計内の分離が困難になることにより、質量標識が使用されるということができる。同重体であることが多いが、依然別個である核酸では特にこのことがいえ、例えば配列T A T AはT T A A、T A A T等とは別個であるが、質量分析計では分離が困難であると思われる。さらに、分子は検出可能であるとともに所与の機能を果たすと同定されることが望ましいと思われ、これは直接的な検出が不可能であるかもしれないことを意味する。従って、独立に検出することができる脱離可能な標識は、有用性が高い。このことにより、非常に類似していてもよい大多数の分子を大規模なスクリーニングで同時に分析することが可能になる。

本発明は、共有結合した核酸プローブの配列を同定する質量標識ライブラリーの使用について記載している。質量標識の構造は、経験を積んだ有機化学者には比較的簡単なものである。これにより、それぞれのプローブからの脱離を制御することができ、質量分析計内でのイオン化を助け、複数の標識をそれらの標識の相対量の広範囲において検出および分離することを助ける有用な物理特性を有する標識を作成することが容易になる。

本発明は、添付図面を参照してさらに詳細に説明される。

図1は、遺伝子発現プロファイリング方法における、本発明による質量標識ハイブリダイゼーションプローブの使用を示す。

図2aおよび図2bは、さらに別の遺伝子発現プロファイリング方法における、本発明による質量標識ハイブリダイゼーションプローブの使用を示す。

10

20

30

40

50

図 3 a および 3 b は、さらに別の遺伝子発現プロファイリング方法における、本発明による質量標識ハイブリダイゼーションプローブの使用を示す。

図 4 は、本発明に使用するために好適な直交型飛行時間型質量分析計の略図を示す。

図 5 は、本発明に使用するために好適な光開裂可能なリンカーを示す。

図 6 は、本発明に使用するための質量標識塩基を生成するための反応略図を示す。

図 7 は、本発明に使用するのに好適なフラグメント化可能なリンカーを示す。

図 8 は、本発明に使用するための質量標識の構造を示す。

図 9 は、本発明に使用するための可変基および質量シリーズ修飾基を示す。

図 10 は、本発明に使用するために好適な、可溶化し、電荷を有する基を示す。

図 11 は、陰イオンモードにおけるモデル化合物 A G / 1 / 7 5 の質量スペクトルを示す 10

。

図 12 は、陽イオンモードにおけるモデル化合物 A G / 1 / 7 5 の質量スペクトルを示す

。

図 13 は、陽イオンモードにおけるモデル化合物 A G / 1 / 7 5 の質量スペクトルを示す

。

図 14 および図 15 は、陽イオンモードおよび陰イオンモードにおける種々の緩衝液中の P C R 産物の質量スペクトルを示す。

図 16 および図 17 は、陰イオンモードおよび陽イオンモードにおける A G / 1 / 7 5 を有する P C R 産物の質量スペクトルを示す。

図 18 および図 19 は、シグナル処理後の A G / 1 / 7 5 を有する P C R 産物の質量スペクトルを示す。 20

図 20 および図 21 は、陰イオンモードおよび陽イオンモードにおける質量標識塩基 F T 2 3 の質量スペクトルを示す。

図 22 および図 23 は、陰イオンモードおよび陽イオンモードにおける F T 2 3 の質量スペクトルとオリゴヌクレオチドバックグラウンドを示す。

図 24 は、本発明による質量標識塩基 F T 9 および F T 1 7 を示す。

図 25 は、本発明による質量標識塩基 F T 1 8 および F T 2 3 を示す。

#### 質量標識法の適用

生物学的な分析に日常的に使用される 2 種類の主要な質量分析法のイオン化法が存在する。これらは、エレクトロスプレー質量分析法 ( E S M S ) および M A L D I T O F 質量分析法である。 E S M S は、本質的に液相から気相にイオン化することが可能な方法であり、 M A L D I 法は、固相から気相にイオン化することが可能な方法である。分子生物学の多くは、液相中で実施されるか、またはそれを通じて試薬を添加し固相支持体に固定した分子から試薬を除去することができる液体媒体中の固相化学を使用している。ある意味では、これら 2 つの方法は、相補的であり、固相成分および液相成分の両方を分析することができる。

#### 遺伝子プロファイリングのための質量標識アダプター分子の使用

文献 8 に記載されている遺伝子プロファイリング技術は、その細胞の集団内から各 c D N A を採取することにより、細胞内での遺伝子発現パターンを分析するための方法を提供している。この特許出願によると、 c D N A を特徴づけるための方法が提供されている。その方法は、 ( a ) 1 種以上の c D N A 集団または単離されたその断片を有し、その各々がポリ A 鎖などの c D N A の一方の末端を有する試料を第 1 の試料作成用エンドヌクレアーゼで c D N A の末端に近接する基準部位から既知の距離ずれた位置にある第 1 の試料作成部位で切断して、各 c D N A または単離されたその断片から第 1 および第 2 の小断片を作成するステップであって、第 1 および第 2 の小断片の各々が所定の鎖長の突出末端配列と未知の配列とを有し、第 1 の小断片が c D N A の末端を有するステップと、

( b ) 第 1 または第 2 の小断片のどちらかをそれらの突出末端配列により小集団に分類し、各小集団の突出末端配列を第 1 の突出末端と記録するステップと、

( c ) 各小集団の小断片を、第 1 の試料作成エンドヌクレアーゼと同じまたは異なる第 2 の試料作成エンドヌクレアーゼで第 1 の試料作成部位から既知の距離ずれた位置にある第

40

50

2の試料作成部位で切斷して、所定の鎖長の第2の突出末端配列と未知の配列とを有するさらに小断片を各小断片から形成するステップと、  
(d) 第2の各突出末端配列を決定するステップと  
を含み、

各小断片の第1および第2の突出末端配列を合わせた鎖長が6～10であり、基準部位ならびに第1および第2の突出末端の配列および相対位置が1つまたは各cDNAを特徴づける。

第1の試料作成エンドヌクレアーゼで切斷された試料は、好ましくは1つ以上のcDNA集団を含む試料を制限エンドヌクレアーゼで切斷し、制限部位が基準部位に存在する断片を単離することにより產生された単離cDNA断片を含む。

第1の試料作成エンドヌクレアーゼは、好ましくは、第1の認識部位に結合し、制限エンドヌクレアーゼの制限部位から所定分ずれた位置にある第1の試料作成部位で切斷する。本発明の態様によると、第1の認識部位が上記のように、第1の質量標識アダプターオリゴヌクレオチドに提供され、単離された断片の制限部位にハイブリダイゼーションされる。本発明の方法によると、各小断片の第1および第2の突出末端配列を合わせた鎖長は好ましくは8である。

一実施態様において、本発明の試料作成系は集団の各cDNAから4bpの2つの試料を採取し、規定の基準点からそれらの配列を決定する。これを実施するためには、集団の各cDNAを固定し、制限エンドヌクレアーゼで開裂させてもよい。アダプターは得られた既知の突出末端にライゲーションされる。アダプターはII型制限エンドヌクレアーゼの結合部位を有するように設計される。II<sub>s</sub>型制限エンドヌクレアーゼを使用して集団の各cDNAのアダプター結合末端に不明瞭な4bp突出末端を露出させる。アダプター分子ファミリーを使用して、露出させた4塩基をプローブ付けする。参照文献8に考察されているように、蛍光に基づいた系を用いると、可能性のある256分子のうちわずか4つのプローブ分子だけがcDNAプールをプローブ付けするときに添加することができる。これではあきらかに4塩基対の配列を決定するための速度の遅い方法となってしまう。質量標識アダプターを用いると、可能性のある256の4bpアダプターの全てを同時に露出させたcDNAプールに添加することができ、遺伝子プロファイリングの発明の速度を早めることができる。これは、商業的に生き残る技術に必須である。

このような系はESMS適合性にできると思われる。遺伝子プロファイリングの発明では、II<sub>s</sub>型制限エンドヌクレアーゼにより露出させた配列に基づいてcDNA集団を256のサブセットに分類する。この分類により、256のウェルに256のcDNA集団が形成される。II<sub>s</sub>型制限エンドヌクレアーゼを用いた第2の開裂により、各cDNAについて第2の4bp配列を露出させることができ、次いでこれらの4塩基を質量標識アダプターをライゲーションすることにより決定することができる。

質量分析計に基づいたオリゴヌクレオチドチップ読み取り装置(MALDI)オリゴヌクレオチドアレイ

スライドガラスのような平坦な固相基材上に合成されたオリゴヌクレオチドアレイを使用して、種々の核酸アッセイを実施することができる。このようなアレイは、一般に、スライドを別個のゾーンまたは領域に分割し、各領域が1種だけのオリゴヌクレオチドを有するように、構築される。各領域のアレイの標識核酸シグナルを測定することにより、アレイに対する標識核酸のハイブリダイゼーションを測定する。mRNA濃度の測定は数多くの方法で実施することができる。逆転写を使用して、容易にポリA産生mRNAをcDNAに変換することができる。逆転写酵素PCR(RT PCR)法により、1本鎖RNAの量を測定することができるが、精度は比較的低い。オリゴヌクレオチドアレイは核酸分析の比較的新規な方法であり、変異分析、ハイブリダイゼーションによる配列決定およびmRNA発現分析を可能にする。このようなアレイを構築する方法が開発されており(例えば、参照文献9、10、11)、さらに別の方法が考えられている。

上記分類のオリゴヌクレオチドアレイに対する標識核酸のハイブリダイゼーションは、一般に蛍光標識を使用して検出される。蛍光マーカーで標識した核酸を用いてオリゴヌクレ

オチドアレイまたはcDNAをプローブ付けすることができる。オリゴヌクレオチドチップでは、標識核酸がハイブリダイゼーションするオリゴヌクレオチドを含むアレイの領域に蛍光が存在することにより、これは標識核酸が相補性を示すオリゴヌクレオチドを明らかにするとと思われる。オリゴヌクレオチドアレイにハイブリダイゼーションする核酸が質量標識で標識されれば、MALDI質量分析計を使用してこのようなオリゴヌクレオチドアレイを読みとることができるものだ。質量標識は、好ましくは、光開裂可能なリンカーを使用して対応する核酸に結合される。これらの質量標識はレーザー励起可能な薬剤を構造に導入することができ、またはオリゴヌクレオチドアレイを、ハイブリダイゼーション反応を実施した後に3-ヒドロキシピコリン酸などの適当な脱離剤で処理することができる。質量標識標識核酸がチップにハイブリダイゼーションすると、適当な周波数のレーザー光線を適用することにより、質量標識と核酸との間の結合を開裂させることができる。次いで、適当な周波数のレーザー光線でその領域を走査することにより、標識をオリゴヌクレオチドアレイの特定領域から脱離させることができる。オリゴヌクレオチドアレイの特定領域においてハイブリダイゼーションした核酸の同定は、アレイのその領域から脱離した標識の質量から決定することができる。

蛍光に基づいた系を使用することを上回るこの利点は、単純に、利用可能な標識の数にある。それにより蛍光染料に基づいた方法は、スペクトルの重なりという問題により大きく限定され、蛍光に基づいた読み取り装置と共に使用するために作成することができる染料の数が制限される。標識検出系として質量分析計を使用すると、非常に大多数の質量標識を作成することができる。

文献12に開示されている遺伝子プロファイリング技術に使用するために、オリゴヌクレオチドアレイを直接適合させることができる。表面上の所定の位置に可能な全256の4塩基オリゴヌクレオチドを有するアレイを使用して上記に考察したその発明に必要な工程を実施することができる。プロファイリング系のこのチップに基づいた実施態様が質量分析適合性であるようにするために、オリゴヌクレオチドチップをMALDI分析計の紫外線レーザーによって走査することができるよう、第2の4塩基配列試料を決定するためのアダプターに使用した標識がMALDI適合性であることが必要である。これにより、1つの固定原料から採取し、1シリーズのレーザー操作で分析される1つのDNA試料集団の各cDNAについて8塩基シグネチャを測定することができる。1組の標識が脱離するチップ領域は、シグネチャの第1の4bpを同定するが、標識の組成は、シグネチャの第2の4塩基および各cDNAの相対量を同定する。

#### 液体クロマトグラフィー質量分析法を使用した遺伝子プロファイリング

遺伝子プロファイリング過程は、シグネチャの分子分類、次いで分類したシグネチャにライゲーションされたプローブ分子の分析の2つの段階過程で実施される。MALDI方法は、オリゴヌクレオチドアレイを使用してシグネチャの分類を実施する。アレイ使用に代わる方法は、アフィニティーコロマトグラフィーである。シグネチャを分類するためのアフィニティーカラムは、所定の鎖長の不明瞭な突出末端に基づいている。不明瞭な突出末端の4bpを用いてシグネチャを分類するためには、HPLCフォーマットに使用するために適当なビーズを突出末端の256の可能なテトラマーで誘導することができる。このようなカラムに、誘導体化したビーズ上のテトラマーにハイブリダイゼーションしやすいように、緩衝液に溶解したシグネチャを添加することができる。こうすることにより、ハイブリダイゼーション平衡をハイブリダイゼーションが生じやすいように向けられる。次いで、ハイブリダイゼーションを阻害する漸増濃度の緩衝液で洗浄することができる。AAAまたはTTTT突出末端で停止するシグネチャが最初に放出されるが、GGGGおよびCCCCシグネチャは、最後に放出される。互いに相補的であるシグネチャの分離を確実にするためには、シグネチャのグアニンのビーズ上のシトシンに対するハイブリダイゼーション親和性がビーズ上のグアノシンに対するシグネチャ突出末端のシトシンのハイブリダイゼーションと異なるようにビーズを塩基類似物で誘導体化することができる。さらに、各テトラマーがどの他のテトラマーに対しても異なる相対濃度でビーズ上に確実に存在させることができる。

10

20

30

40

50

このようなアフィニティーカラムにより、シグネチャの集団はその突出末端と思われる配列により 256 の分画に分類することができるはずである。次いで、このような分画を、分析のためにエレクトロスプレー質量分析計に直接添加することができる。

#### DNAを配列決定するための質量標識アダプター分子の使用

スクリーニング技術が文献 13 に記載されており、

(a) 各断片が独自の量で存在し、一方の末端に所定の鎖長の突出末端配列と未知の配列とを有する核酸断片を含む標的核酸集団を入手するステップと、(b) 各断片の他方の末端を保護するステップと、

(c) (i) 断片とアダプターオリゴヌクレオチドアレイとをサイクルで接触させるステップであって、各アダプターオリゴヌクレオチドが標識と配列決定酵素認識部位と、突出末端配列と同じ所定の鎖長の独自の塩基配列とを有し、アレイがその所定の鎖長の全ての可能な塩基配列を有し、サイクルが、リガーゼが存在するハイブリダイゼーション条件下においてアレイの各アダプターオリゴヌクレオチドと断片とを連続的に接触させるステップと、ライゲーションした任意のアダプターオリゴヌクレオチドを取り出すステップと、標識を検出することによってライゲーションした任意のアダプターオリゴヌクレオチドの量を記録するステップとを含み、アレイのアダプターの全てが試験されるまでサイクルを反復するステップと、

(ii) ライゲーションされたアダプターオリゴヌクレオチドと、認識部位に結合し、断片を切断して、以前の突出末端配列と隣接または重複する新たな突出末端配列とを露出させる塩基配列決定酵素とを接触させるステップと、

(iii) 十分な回数、ステップ (i) および (ii) を繰り返し実施し、各突出末端配列について記録された量を比較することにより断片の配列を決定するステップと、により断片の各々を塩基配列決定するステップと、

を含む、核酸を塩基配列するための方法が提供されている。

好ましくは、突出末端の塩基配列の所定の鎖長は 3 ~ 5 である。本発明によると、各アダプターオリゴヌクレオチドは上記のように質量標識を有する。これは、DNA 分子が固定され、反復サイクルで IIS 型制限エンドヌクレアーゼにより末端に露出された 4 塩基配列を有する、文献 5 に記載されている遺伝子プロファイリングシステムに主に類似している。遺伝子プロファイリングにおける質量標識アダプターの使用が有利であるのと同じ理由により、これらもアダプター分子を用いてプローブ付けされるが、エレクトロスプレー質量分析系に使用するためなどの、液相系と相溶性の標識がより適当であると思われる。その理由は配列決定発明は反復過程であり、遺伝子プロファイリングシステムにおけるように 1 度だけではなく、配列試料が連続的に分析されるからである。

#### ハイブリダイゼーションアッセイ

文献 14 は、RNA の四次構造において、オリゴヌクレオチドに接近しやすい部位を同定するための方法であって、オリゴヌクレオチドの増幅またはいかなる形態の電気泳動も必要としない方法を開示している。短鎖オリゴヌクレオチドプローブ、好ましくはテトラマーと mRNA との結合を検出し、結合パターンを mRNA の一次構造に相關させる。接近しやすい領域は、大きい親和性で mRNA と結合する数多くのプローブを有し、それらのプローブの配列は、その接近しやすい領域において一次配列と相補的であるはずである。プローブの配列は、重複していてもよい。上記の特許出願では、mRNA またはプローブを固相基材に固定し、標識プローブまたは mRNA をそれぞれ捕獲した核酸にハイブリダイゼーションさせる。文献 14 に開示されている好ましい標識方法は、蛍光標識であるが、質量標識核酸が代わりに使用されてもよいことは明らかである。

ハイブリダイゼーションに基づいた数多くのアッセイが当技術分野では周知であるが、試料中に特定の配列が存在するかどうかを検出するサザンプロット法および他の方法が特に重要である。質量標識ハイブリダイゼーションプローブの利点は多数の独自に質量標識した核酸ハイブリダイゼーションプローブを用いて多数の配列を同時にプローブ付けすることができるることである。

文献 15 は、質量標識核酸プローブと適合性のある種々のハイブリダイゼーションアッセイ

10

20

30

40

50

イを考察している。

#### 質量標識核酸の質量分析法による分析

質量分析計の本質的な特徴は以下のようである。注入システム イオン源 質量分析装置 イオン検出装置 データ捕獲システム。この出願では、質量標識核酸プローブである生物分子を分析するためには、重要な特徴は、注入システムとイオン源である。生物学的分析のために重要な他の特徴は質量分析装置 / 検出装置の感度および分析物分子を定量する能力である。

#### イオン化法

多数の生物学的質量分析法の適用では、いわゆる「ソフトな」イオン化法が使用される。これにより、タンパク質および核酸などの大分子が本質的にフラグメント化することなく、イオン化される。液相法により、大きい生物分子を穏やかな pH および低濃度の溶液で質量分析計に注入することができる。エレクトロスプレーイオン化、高速原子衝撃およびマトリックス支援型レーザー脱離イオン化 (M A L D I) を含むがこれらに限定されない数多くの方法が本発明に使用するために理想的である。

#### エレクトロスプレーイオン化

エレクトロスプレーイオン化は、生物分子の希薄な溶液を分析計内に噴霧すること、すなわち細かいスプレーとして注入されることが必要である。例えば、乾燥窒素気流により、静電場の影響下で毛細管の先端から溶液を噴霧することができる。イオン化の機序は十分には理解されていないが、広義には以下のように考えられている。窒素気流中で溶媒が蒸発する。液滴がより小さくなると、生物分子の濃度は増加する。噴霧条件下において、ほとんどの生物分子は正味の正電荷または正味の負電荷を有し、溶解した生物分子間の静電反発を増す。溶媒の蒸発が進行すると、この反発は、液滴の表面張力より大きくなり、液滴はより小さい液滴に「破裂する」。静電場は、液滴の表面張力をさらに越える助けをし、噴霧過程の助力となる。より小さい液滴からの蒸発が進行し、全ての溶媒のように、本質的に生物分子が気相に存在するまで繰り返し破裂する。集団の内部エネルギー分布が狭い範囲に入る傾向があるように、非常に少量の余剰内部エネルギーをイオンに与えるという点において、この方法は、質量標識を使用するために特に重要である。

イオンは、電場勾配の適用下でイオン化室から加速される。この勾配の方向は、陽イオンまたは陰イオンのどちらかが質量分析装置を通過するかを決定する。電場の強さがそれらの動的エネルギーを増大させる。これにより、イオンおよび中性分子の衝突の間に多少エネルギー移行が生じ、次いでフラグメント化を生じさせることができる。質量分析計内でのイオンのフラグメント化を考慮する場合には、これは重要である。イオン集団に与えられるエネルギーが大きいほど、分析分子と、線源に存在するバスガスまたは溶媒蒸気との衝突によりフラグメント化が起こりやすくなる。イオン化室のイオンを加速するために使用する電圧を調節することにより、イオンのフラグメント化を制御することができる。この現象は、質量標識核酸から標識を開裂させる手段として、イオンのフラグメント化が使用されるべきである場合には有利である。

#### マトリックス支援型レーザー脱離イオン化 (M A L D I)

M A L D I は、生物分子が大過剰モルの光活性「マトリックス」に埋設されることが必要である。適当な周波数のレーザー光線 (ニコチン酸では 266 nm) を適用することにより、マトリックスが励起され、埋設した生物分子の励起およびイオン化が生じる。この方法は、イオンに多量の変換エネルギーを与えるが、過剰なフラグメント化は誘発しない傾向がある。この方法でも電場を使用してフラグメント化を制御することができる。M A L D I 方法は、2つの方法で使用することができる。質量標識DNAがマトリックスに埋設されると、標識自身は、レーザーによって本質的に励起されないか、またはレーザー励起を可能にする必要な基を含有するように標識を構成することができるだろう。後者の方法は、質量分析法を実施する前に標識をマトリックスに埋設する必要がないことを意味する。このような基にはニコチン酸部分、シナピン酸部分またはケイ皮酸部分が含まれる。標識のM A L D I による開裂は、M A L D I 質量分析法を実施する前に開裂ステップを生じないので、おそらく光開裂可能なリンカーには最も有効であるだろう。種々の励起可能なイ

10

20

30

40

50

オン化剤は異なる励起周波数を有するので、光切断可能なリンカーを開裂するために使用する周波数とは異なる周波数を、イオン化の誘発に選択することができる。これらの励起可能な部分は有機化学において標準的な合成技法を使用して誘導化して、ある範囲の質量を有する種々の標識を得ることができるだろう。この範囲は、組み合わせ法で構築することができるだろう。

#### 高速原子衝撃

高速原子衝突は、比較的不揮発性分子を気化およびイオン化するための種々の方法を記載するようになってきた。これらの方法の本質的な原則は、試料と、加速原子またはイオン、通常キセノン原子またはセシウムイオンとの衝突により試料が表面から脱離される。試料は、M A L D I に関しては固相表面に被覆されるが、複雑なマトリックスは必要としない。これらの方法も液相注入系に適合性があり、細管電気泳動注入口または高圧液体クロマトグラフから溶出する液体がフリットを通過し、本質的にはフリットの表面を分析溶液で被覆し、原子衝突によりフリット面からイオン化させることができる。

#### 定量および質量分析法

大抵、多数の生化学アッセイおよび分子生物学アッセイは定量的である。質量分析計は、定量には簡単な装置ではないが、適当な機器を使用することにより、高感度が得られる。質量分析計の検出器に到達するイオンの数は、イオン源での正確な分子数の直接的な測定値ではない。イオン数と最初の生物分子の濃度の関係はイオン化の挙動の複雑な関数となる。質量スペクトルを走査し、走査した各質量／電荷比でイオンを計数することにより定量を実施することができる。計数値を積分して所定の時間にわたるスペクトルの各点の総計数値を得る。これらの計数値を試料中の原料分子の元の定量値と関連させることができる。イオン計数または電流を原料分子の定量値と関連させるための方法はいろいろある。未知の試料を測定する前に試料分子の挙動を測定する外部標準は1つの方法である。使用する機器構造体に供給されるとき、試料分子の連続希釈液のイオン電流を測定することにより、各試料分子の較正曲線を測定することができる。

内部標準は、おそらく外部標準より好ましい方法である。なぜなら、内部標準は試料と同じ実験条件を実施することができるので、いかなる実験条件も内部対照および試料分子の両者に影響を与える。試料中の基質の量を測定するためには、既知量の内部標準を試料に添加する。内部標準は、測定する基質と同様のイオン化挙動を有するように選択される。

内部標準イオン計数に対する試料イオンの比を使用して試料の量を測定することができる。適当な標準を選択することがこの方法の主要な困難さである。内部標準は基質のイオン化挙動と類似しているべきであるが、同じ質量を持つ必要はない。最も好ましい方法は、同位体標識内部標準を使用することである。大多数の質量標識が必要な場合には、適当な内部標準を合成する経費のために、外部標準を使用するより望ましくないかもしれない。しかし、このような標識は、外部標準より定量性が良好であるだろう。同位体標識の別法は、質量分析計内で試料と類似しているが、同一ではない化学的挙動を有する内部標準を見つけることである。このような類似物を見つけることは困難で、大ファミリーの質量標識では大仕事となるだろう。

組み合わせ的に合成される大ファミリーの質量標識は、化学的に関連しているので、妥協的な方法が適当であるかもしれない。各個々の対照が数多くの質量標識の量を測定する場合には、少數の内部対照が使用されるかもしれない。内部標準と各質量標識との正確な関係を外部較正実験で測定して、両者のイオン化特性の差を補正してもよい。

質量分析計の構造は、実際のイオン計数を測定するのに重要である。この点に関しては、イオン化および質量分離方法が特に大きく影響を及ぼす。ある種の質量分離方法は「質量フィルター」として作用する。例えば、四重極質量分析計は常に特定の質量電荷比を有するイオンのみを通過させる。これは、かなりの割合のイオンが検出器に到達しないことを意味する。ほとんどの質量分析計は、一度に質量スペクトルの一部だけを検出する。かなりの割合の質量スペクトルが無意味で無関係であるかもしれないが、通常とにかく走査されることを考慮すると、これは、さらにかなりの割合の試料が浪費されることを意味する。これらの要因は非常に低濃度のイオンを検出する際には問題になることがあるが、これ

10

20

30

40

50

らの問題は機器の構造を修正することにより大部分は克服され得る。

確実に定量性を良好にするためには、全てのイオンが検出されるように試みるだろう。マタウフーヘルゾグ (Mattauch-Herzog) ジオメトリー セクター機器は、これを可能にしたが、数多くの限界を有している。セクター機器は、所与の機能を実施する別個の領域 (セクター) に組織される。一般に、イオンは種々のビームによりイオン源に発生し、調節可能なスリットを通過することによって狭められる。このように規定されたビームは、次いでフィールドフリー領域を通過して電気セクターに入り、集束される。スリットを通過することにより、イオンがいくぶん損失されるので、試料の感度が低下する。集束したイオンビームは第2のフィールドフリー領域を通過し、続いて磁気セクターに入る。この最後のセクターは、イオンの質量 / 電荷比に基づいてビームを収束する。イオン量およびそれらの質量 / イオン比を測定するために使用することができる写真板を質量分離ビームスプリットに配置することができる。残念なことに、写真板は飽和されるまでの感度のダイナミックレンジが非常に狭いので、扱いにくい。電子増倍管列を使用することによって、より良いダイナミックレンジを得ることができるが解像度が幾分低下する。このようなアレイを使用することによって、十分に特徴付けされた質量標識ファミリーをモニターすることができるだろう。一般に、アレイ検出器により、数多くの領域の質量スペクトルの同時且つ連続的なモニターが可能となるだろう。スペクトルの間隔が密な領域の解像度のアレイ限界は、使用する標識の数を制限することができる。「選択的イオンモニタリング」 (SIM) のために、異なる質量 / 電荷比のイオンを分離する電場が非常に速やかに変化することができて、関心のある少数のピークのサンプリング速度を非常に高速にすることができるという点において、四重極構造体は多くの構造体を上回る利点を有する。

10

20

#### 質量分析装置ジオメトリー

質量分析法は、原理が非常に多様であり、数多くの分析装置構造が存在し、種々のジオメトリーで組み合わせて複雑な有機分子の分析を可能にすることができる。一般的な1段階質量分析装置は、四重極型または飛行時間型機器で、共に本発明に適合性がある。セクター機器も適用可能である。

#### 直交型 TOF 質量分析計

生物学的に適用するためには、試料の感度および定量性が非常に重要である。感度がアレイジオメトリーに匹敵する方法は、直交型飛行時間型質量分析計である。このようなジオメトリーにより、イオンビームのサンプリングが非常に高速となり、次に全てのイオン種の瞬間的に近い検出が可能になる。線源、おそらく多くの生物学的適用のためのエレクトロスプレー線源から出るイオン電流はビームに垂直に配置された平坦な電極を通過する。この電極が本質的に電気的なゲートとなる。パルス型電位は、飛行時間型質量分析装置ではイオンビームの一部を「直角に」偏向する。イオンを TOF 分析装置に偏向するために電気的なゲートが閉じられたとき、タイマーが誘発される。偏向されたイオンの飛行時間が記録され、これは質量 / 電荷比を測定するのに十分である。ゲートは一般に短いパルスのイオンを常に TOF 分析装置に送るだけである。全てのイオンの到達が記録され、TOF 分離は極めて高速なので、質量スペクトル全体が同時に効果的に測定される。さらに、ゲート電極は極めて高い頻度でイオンビームをサンプリングすることができるので、非常に短い時間間隔のうちに多数のスペクトルを蓄積することができる。イオン源の試料濃度が低い場合、またはごく短い時間しか持続しない場合には、これは重要である。直交型の TOF ジオメトリーは、非常に感度が高い。

30

40

#### タンデム型質量分析法による質量標識核酸分析

タンデム型質量分析法は、試料のイオンが質量 / 電荷比に基づいて第1の質量分析装置により選択され、さらに選択されたイオンのフラグメント化の誘発により分析される数多くの方法を記載している。フラグメント化生成物は、第2の質量分析装置によって分析される。タンデム型機器の第1の質量分析装置は、被調査イオンを選択する際のフィルターとして作用する。選択されたイオンは、第1の質量分析装置を出ると、中性ガスを含む衝突室を通過し、一部がフラグメント化する。

50

イオン源 M S 1 衝突セル M S 2 イオン検出装置

質量標識の開裂の誘発

構造研究に使用するためのイオンのフラグメント化を促進するため、およびフラグメント化の「指紋」に基づいて分子を確定的に同定するために、種々の分析法が数年にわたって開発されている。ほとんどのイオン化法は、いくぶんかのフラグメント化を生ずるが、ソフトなイオン化方法は、フラグメントトイオンをあまり形成しない。しかし、例えば、化学的イオン化法の変法を使用してフラグメント化を助けることができる。同様に、より多くの試料分子をイオン化するように、または分子イオンのフラグメント化を増加するために、コロナ放電電極を含むフラグメント化を促進するように、エレクトロスプレーイオン化をわずかに改良することができる。

10

より活発なフラグメント化方法は、例えば、衝突誘発型分解 (C I D) によるように、分子イオンの分解を誘発することを必要とする。C I Dは選択されたイオンを分離し、次いで中性ガスとの衝突によってフラグメント化を誘発するための質量分析計構成を使用する。得られたフラグメントトイオンは、第2の質量分析系によって分析される。

他の誘発型開裂技法は、質量標識方法に適合する。先に考察したような一つの好ましい方法は、光子誘発型分解で、光開裂可能な質量標識の使用を含む。一般的なジオメトリーは C I D に使用するものと同様のタンデム型質量分析装置を使用するが、衝突セルが、光励起室と交換され、光励起室において第1の質量分析装置を出たイオン流がレーザー光線で照射される。大きい割合の高速イオン流が適当に光子と相互作用して確実に開裂を誘発するには、高強度レーザーが必要である。かなりの時間の間イオン流を確実に露光するためには、レーザーの位置決めが極めて重要である。レーザーを特定の周波数に設定することにより、開裂を誘発する正確な制御を結合に与えることができる。従って、適当な光開裂可能なリンカーでプローブに結合された質量標識は、質量分析計内で開裂することができる。光開裂段階はタンデム型ジオメトリーを必要とせず、光開裂室はイオン源内にあっても、または直後にあってもよい。

20

分子イオンをフラグメント化するためのさらに可能な方法は、表面誘発型分解である。表面誘発型分解は、選択された  $m/z$  比で第1の分析装置内で分離されるイオンビームの形成を含むタンデム型分析技法である。選択されたイオンは全て視射角固相面と衝突する。得られた衝突フラグメントを次いで第2の質量分析計で分析することができる。

1つの型のタンデム型質量分析計は、3つの四重極構造体を使用して、3つの質量分析装置を有し、そのうちの1つが衝突室として作用する。衝突室の四重極は、衝突室としておよび他の2つの質量分析装置の四重極間のイオンガイドとして作用する。ガスは、真ん中の四重極に導入されて、分子が第1の質量分析装置から入ってくるイオンと衝突することを可能にする。フラグメントトイオンは、第3の四重極内で分離される。タンデムセクターまたは四重極分析装置を使用するものではないジオメトリーでは、誘発型の開裂が実施される。イオントラップ質量分析計を使用して、トラップに緩衝すなわち「バス」ガスを導入することによってフラグメント化を促進させることができる。トラップされたイオンは、全て緩衝ガス分子と衝突し、得られたエネルギー移行により衝突が生じる。トラップされたイオンを加速することによって衝突エネルギーを増すことができる。ヘリウムまたはネオンをイオントラップのバスガスとして使用することができる。同様に、光子誘発型フラグメント化をトラップされたイオンに適用してもよい。別の好ましいジオメトリーは、四重極 / 直交型飛行時間型機器であり、四重極の高速走査速度を T O F 質量分析装置の高感度と組み合わせてフラグメント化生成物を同定している。

30

従来の「セクター」機器は、タンデム型質量分析計に使用される別の共通のジオメトリーである。セクター型質量分析装置は2つの分離した「セクター」を有し、電気的セクターは電場を使用した同じ動的エネルギーを用いて線源から出たイオンビームをイオン流に収束する。磁気的セクターは、質量に基づいてイオンを分離し検出装置においてスペクトルを形成する。タンデム型質量分析法では、この種の2つのセクター質量分析装置を使用することができ、電気的セクターが第1の質量分析段階を提供し、磁気的セクターが第2の質量分析装置を提供し、2つのセクターの間に衝突セルが配置される。このジオメトリー

40

50

は質量標識核酸から核酸を開裂させるためには極めて有効であると思われる。衝突セルによって分離された2つの完全セクター型質量分析装置を質量標識核酸を分析するために使用することもできる。

#### イオントラップ

イオントラップ型質量分析計は、四重極型分析計と同系統である。イオントラップは一般に「ドーナツ型」電極と腔（イオントラップ）を形成する両側の「キャップ型」電極の3つの電極構成物を有する。正弦波無線周波数電位を円筒電極に適用し、同時にキャップ型電極をDCまたはAC電位で偏向する。円筒電極の電場を振動することにより、腔に注入されるイオンを安定な円形軌道に収束させる。しかし、所定の振幅の発振電位では、所与のイオンは不安定な軌道を有し、トラップから排出される。トラップに注入されるイオン試料は、発振無線周波数電位を変更することにより、質量／電荷比により連続的にトラップから排出される。排出されたイオンは、次いで検出され、質量スペクトルの形成を可能にする。

イオントラップは、イオントラップ腔に存在するヘリウムなどの少量の「バスガス」を用いて作動される。トラップに注入されるイオンは、バスガス分子との衝突によりバスガスの周囲温度まで本質的に冷却されるので、こうすることにより装置の分解能と感度を増加する。衝突はイオン軌道の振幅および速度を低下させ、トラップの中心付近にイオン軌道を保つ。これは、発振電位が変化したとき、軌道が不安定であるイオンは低下された円形軌道のイオンより迅速にエネルギーを獲得し、よりしっかり収束してトラップを出していくので、分解能がより高くなることを意味する。

イオントラップは、タンデム型質量分析計ジオメトリーに類似していてもよい。実際、それらは多数の質量分析計ジオメトリーに類似していてもよく、それによってトラップしたイオンの複雑な分析が可能になる。試料の1つの質量種をトラップに保持することができる、すなわち他の全ての種を排出することができる。次いで、保持された種を、第2の発振周波数を第1に重ねることにより注意深く励起する。動力学的に励起されたイオンは、バスガス分子と衝突し、十分に励起されている場合にはフラグメント化する。フラグメントは、さらに分析することができる。これはMS/MSすなわちMS<sup>2</sup>である。バスガス分子との衝突後にフラグメント化するように、全ての他のイオンを排出し、次いでフラグメントを動力学的に励起することによって、フラグメントイオンをさらに分析することができる(MS/MS/MSすなわちMS<sup>3</sup>)。十分な試料が存在して、さらに分析することができる限り、この過程を反復することができる(MS<sup>n</sup>)。フラグメント化が誘発された後、イオントラップは一般に高い割合のフラグメントを保持することに注意するべきである。これらの機器およびFTICR質量分析計(下記に考察する)は、線状質量分析計に見られる空間的に分離されるタンデム型質量分析法ではなく時間的に分離されるタンデム型質量分析法の形態を示す。

#### フーリエ変換イオンサイクロトロン共鳴質量分析法(FTICR MS)

イオン試料が腔内に保持されるという点において、FTICR質量分析法はイオントラップと同様の特徴を有するが、FTICR MSでは交差電磁場によりイオンが高真空中(IICRセル)にトラップされる。箱の2つの面を形成する1対の平板電極によって電場が形成される。箱は、磁場内に配置され、2枚の平板(トラップ用平板)と合わせて、入射されたイオンに円形軌道をとらせる。無線周波数パルスを2枚の「送信平板(transmitter plate)」に適用することにより、イオンを動力学的に励起してより大きい円軌道をとらせることができる。「受信平板(receiver plate)」を含む、箱の残りの2つの対向面(平板)の電場に対応してイオンの円形の動きが生じる。励起パルスは動力学的にイオンを励起してより大きい軌道をとらせるが、これは中性ガス分子との衝突によりイオンのコヒーレント運動がなくなると衰える。受信平板によって検出される対応シグナルは、フーリエ変換解析により質量スペクトルに変換される。

誘発型フラグメント化実験では、これらの機器は、イオントラップと同様の方法で作動することができ、関心のある1つの種以外の全てのイオンをICRセルから排出することができる。衝突ガスをトラップに導入して、フラグメント化を誘導することができる。その

10

20

30

40

50

後フラグメントイオンを分析することができる。一般に、「受信平板」によって検出されたシグナルをFTにより解析する場合には、フラグメント化生成物とバスガスが組み合わざって解像度が低くなる。しかし、フラグメントイオンは、セルから排出することができ、次いで、例えば四重極を有するタンデム構造物で分析することができる。

#### 質量標識ハイブリダイゼーションプローブ

質量標識の必要な挙動を得るためにには、所与の化学的特性が望ましい。これらは、数多くの方法で質量標識に導入することができる特定の分子基または部分で表される。

#### 質量標識ハイブリダイゼーションプローブの構造

質量標識ハイブリダイゼーションプローブは、以下の基本構造を有してもよい。

N u - M

10

N u - L - M

ここで、Nuは、核酸プローブを表し、Lは、核酸プローブを質量標識Mに結合するリンカーを表す。リンカー(L)は、必要に応じたものであり、質量標識は、それに導入される必要なリンカー特徴を有してもよい。開裂可能な質量標識ハイブリダイゼーションプローブが必要でない場合には、リンカーは必要でない。核酸は、ヌクレオチドの直鎖ポリマーであり、中には比較的少数の天然に存在する種もあるが、化学的に合成された類似体の数が増えており、数多くの位置でリンカーと結合することができる。

#### リンカー

リンカーは、以下の構造的な特徴を有してもよい。

ハンドル1 - [開裂可能な基] - ハンドル2

20

ハンドル1および2は、化学基を表し、リンカーの一方の端を核酸に結合させ、他方の端を質量標識に結合させる。質量標識を結合した核酸プローブから制御して脱離させるためには、ハンドルの間に、またはハンドルの一部として少なくとも1つの開裂可能な基が必要である。

#### 質量標識

質量標識は以下の構造を有してもよい。

#### ハンドル-質量標識

ここで、ハンドルは質量標識を対応する核酸プローブまたは質量標識と核酸プローブの間のリンカーに結合させる基である。

#### 質量標識の特性

30

本発明の質量分析技法を使用して最高の性能を得るためにには。2000~3000単位までの質量/電荷比がこのような質量標識には好適である。なぜなら、一方に荷電したイオンを最も高い感度で信頼して検出できる範囲にこれは対応するからである。しかし、どのような質量スペクトルでも質量が低い方の端は溶媒分子、小分子不純物、多重イオン化ピークおよびフラグメント化ピークによって占められる傾向があるので、200~300ダルトンより小さい質量標識は理想的ではない。さらに、各標識は、炭素、窒素および酸素の同位体ピークと重ならないようにするために隣りから最低約4ダルトン離れているべきである。

質量標識は、主に1つの種を形成するように(フラグメント化なしに)イオン化し、分離すべきである。

40

質量標識は、できるだけ多くの開裂した質量標識が検出されることを確実にするように、容易にイオン化すべきである。

検出を可能にするために、標識は正味電荷を有する必要があるが、好ましくは多数にイオン化するべきではなく、すなわち標識は、1つの電荷を有すべきである。さらに、質量スペクトル走査上の各ピークが1つの標識だけに対応するように、標識は、フラグメント化に耐えなければならない。これによりデータの解析が単純になり、標識を定量する際のどのようなあいまいさも少なくすることができる。これは、本発明が開発された用途のいくつかにとて非常に重要な基準である。

陽イオン質量分析計のための陽電荷を保有する、または保有してもよい種々の化学的な官能基が存在する。これらには、アミン(特に第3級アミンおよび第4級アミン)、ホスフィ

50

ンおよびスルフィドが含まれるがこれらに限定されない。第4級アンモニウム基は、1つの陽電荷を有し、さらにイオン化する必要がない。陽イオン質量分析計では、このような事前イオン化種により感度を増すことができる。このように、好ましい陽イオン質量標識は、少なくとも1つのこの基を有るべきである。クラウンエーテルは、陽電荷を有するために使用することができると思われる別の部類の化合物を形成する。

陰イオン質量標識のための陰電荷を有する種々の化学的官能基が利用可能であり、カルボン酸、ホスホン酸、リン酸およびスルホン酸、フェノール、ヒドロキシル、スルホニアミド、スルホニルウレア、テトラゾールおよびパーカルオロアルコールが含まれるがこれらには限定されない。

#### 核酸プローブからの質量標識のイオン化および分離

10

DNAおよび他の核酸は、質量分析計内で広範にフラグメント化する傾向がある。得られた質量スペクトル上のDNAフラグメントピークが質量標識から生じるピークを不明瞭にしないことが望ましい。開裂後に核酸プローブフラグメントが質量標識から分離されることが望ましい。この目的のためには、イオン化の結果陰イオンを形成し、陰イオン分析計で分離することができる質量標識を使用することができる。核酸は、陰荷電骨格を持っていても、イオン化の結果、特にエレクトロスプレーおよび関連する液-気相イオン化技法によってプロトン化する傾向を有する。これは、質量分析計が陰イオン分析法のために構成される場合には、陰電荷質量標識だけが質量スペクトル上に出現するはずであることを意味する。ほとんどの核酸フラグメントは、検出器まで到達しない。

このような方法をとる場合には、適当な緩衝溶液を使用することによって核酸プローブのプロトン化を促進することができ、それにより事前に存在する陽電荷を有する核酸が広範に存在することを確実にする。

20

#### 質量分析計内でのフラグメント化

フラグメント化は、質量分析計の非常に重要な特徴である。本発明に関しては、質量標識がどのように同定される予定であるかどうかを考慮することが重要である。1つの例では、フラグメント化に対する抵抗性が大きく、質量スペクトル上に標識の分子イオンが出現することにより標識が同定されるように、質量標識を設計することができる。このような場合には、独自の分子イオンを有する標識ファミリーを設計する必要があるだろう。別の例では、特徴の大きいフラグメント化パターンを有する質量標識を、このパターンが質量標識を同定するように設計してもよい。この場合には、重ならないパターンを有する標識ファミリーまたは各標識について少なくとも1つの独自のフラグメント化種を有する標識ファミリーを設計しなければならない。フラグメント化は、最初の分子およびそれからイオンを形成するために使用されるイオン化法の特性である。異なる方法は最初に形成されたイオンに異なる量のエネルギーを与え、イオンの化学的環境はかなり異なる。従って、1つの質量分析法に適当な標識が別の方法では不適当であることがある。好ましい方法は、フラグメント化に抵抗する分子を設計することであるが、フラグメントが必須であるものもある。これは、分子イオンまたは容易に形成される1つのフラグメントイオンのどちらであってもよい1つの主要な種を用いて分子を同定する助けをすることを意味する。

30

#### 質量分析計内での結合の安定性の測定

中性分子では、結合の強さを考慮することによって、分子がフラグメント化に抵抗性であるかどうかを測定することが簡単である。しかし、分子をイオンかする場合、結合強さは予測することが困難である方法で増加または減少する。例えば、非イオン化形態の所定の結合X-Yは

40

X-Y X<sup>0</sup>+Y<sup>0</sup>および、

$$D(X-Y) = H(X^0) + H(Y^0) - H(X-Y)$$

(式中、Dは好適な単位の結合解離エネルギーを示す)。

しかし、イオン化種(この場合は陽イオン)は、

$$D(X-Y)^+ = H(X^+)^+ + H(Y^0) - H(X-Y^+)$$

$$D(X-Y) - D(X-Y)^+ = H(X^0) - H(X^+) - H(X-Y) - H(X-Y^+)$$

なぜなら、I(X<sup>0</sup>) = H(X<sup>+</sup>) - H(X<sup>0</sup>)(式中、Iは、イオン化エネルギーである)、

50

$$I(X - Y) = H(X - Y^+) - H(X - Y)$$

$$\text{および, } D(X - Y) - D(X - Y)^+ = I(X - Y) - I(X^0)$$

これは、 $I(X - Y) > I(X^0)$ である場合には、 $D(X - Y) - D(X - Y)^+ > 0$ であるが、同様に、 $I(X - Y) < I(X^0)$ である場合には、 $D(X - Y) - D(X - Y)^+ < 0$ である。

なぜなら、 $I(X - Y)$ および $I(X^0)$ は共に正であり、 $I(X - Y) < I(X^0)$ である場合には、より強い結合が生じ、 $I(X - Y) > I(X^0)$ のイオンではより弱い結合が生じる。

上記の等式中、 $D(A - B)$ は、括弧内の種の結合解離エネルギーをいい、 $I(N)$ は、括弧内の種のイオン化工エネルギーをいい、 $H$ は、括弧内の種の形成エンタルピーである。本発明の目的のためには、 $S=0$ であるので、 $G = H$ である。上記等式の結論は、所定のイオン化条件化で結合が安定のままでいるかどうかを予測するためには、分子のイオン化工エネルギーおよび問題の結合のフラグメント化から生じる中性フラグメントのイオン化工エネルギーを知る必要がある。10

例えば、アニリンのC-N結合を考えると、

$$I(NH_2^+) = 11.14 \text{ 電子ボルト (eV)} \text{ で、 } I(C_6H_5NH_2) = 7.7 \text{ eV} \text{ である。}$$

$$I(C_6H_5NH_2) < I(NH_2^+) 3.44 \text{ eV} \text{ だけ。}$$

この結合の別の開裂は、

$$I(C_6H_5^0) = 9.35 \text{ eV} \text{ で、 } I(C_6H_5NH_2) = 7.7 \text{ eV}$$

$$I(C_6H_5NH_2) < I(C_6H_5) 1.65 \text{ eV} \text{ だけ。}$$

従って、この結合は容易にはイオンに分解しない。アニリンは、フラグメント化するのに十分なエネルギーを有する場合には、一般にC-N結合の開裂ではなく、HCNを放出することによって開裂することが観察されている。同様に、考えをフェノールに適用すると、20

$$I(OH^0) = 13 \text{ eV} \text{ で、 } I(C_6H_5OH) = 8.47 \text{ eV} \text{ であり、}$$

$$I(C_6H_5OH) < I(OH^0) 4.53 \text{ eV} \text{ だけ。}$$

$$\text{この結合の別の開裂は } I(C_6H_5^0) = 9.35 \text{ eV} \text{ で、 } I(C_6H_5OH) = 8.47 \text{ eV} \text{ であり、}$$

$$I(C_6H_5OH) < I(C_6H_5^0) 0.88 \text{ eV} \text{ だけ。}$$

C-O結合の開裂はフェノールの正の分子イオンでは観察されていない。

分子および中性フラグメントのイオン化工エネルギーの差を測定することは一般的な作動原理であり、イオン結合と思われる結合の強さを予測するために使用することができる。イオン化中に加えられるエネルギーがイオン結合強度より小さい場合には、フラグメント化は観察されない。十分な強度を有する一般的なイオン結合には、電子の非局在化により安定化されている、アリール-O、アリール-N、アリール-S結合が含まれる。一般に、脂肪族型の結合はイオン形態では安定性が低い。従って、C-C単結合はイオンが弱いが、C=Cは比較的強い。アリールC=Cは、アリール-O等と同じ理由のために強すぎる傾向がある。アリールまたはアリール-F結合もイオンが強すぎるが、フルオロカーボンは製造が安価で、化学的に不活性で、炭化水素に関して検出可能な質量欠損があり、フッ素は1つだけ天然に存在する同位体<sup>19</sup>Fを有するので、質量標識には魅力的である。30

電子の親和性を上記の等式に使用する必要があることを除いて、同様の考えを陰イオンに適用する。

#### リンカーの特性

結合した核酸プローブからの核酸標識の制御可能な放出は、種々の方法で実施することができる。40

・光開裂

・化学的開裂

・熱開裂

・質量分析計内でのフラグメント化の誘発

光開裂可能なリンカーおよび化学的に開裂可能なリンカーは、記載した用途のために容易に開発することができる。図5は、一連の例示的な光開裂可能なリンカーを示す。

オルト-ニトロベンジル基は光開裂可能なリンカーとして当技術分野上周知であり、ベンジルアミン結合が開裂する。開裂可能なリンカーの概説は、種々の光開裂可能なリンカーおよび化学的に開裂可能なリンカーについて考察している参考文献18を参照のこと。50

熱開裂は、熱的に誘発される転移によって作動する。図6は、熱的に開裂可能なリンカーを介してチミジン残基の3'-OH位置に結合された質量標識の一例の合成を示す。図6は、また、結合ヌクレオチドから標識を開裂させる、熱的に誘発された転移を示す。明らかに、この例の基Xは、後で考察するように、アリールエーテルポリマーであってもよい。有利なことに、この熱的に開裂可能な基は、陰イオン質量分析計に好適な豊富な陰イオンを形成する。この分子の加熱分解はリンカーにS=O基を必要とする。ここでは、SはNまたはCと置換可能で、OはSと置換されてもよい。さらに別の例は文献28参照。

#### 質量分析計内での質量標識の開裂

好みの開裂方法は、イオン化過程を使用して標識のフラグメント化を誘発する。結合する分子が質量分析計内でイオン化されるとリンカーが開裂するように、リンカーはイオン化過程においてかなり不安定であるように設計することができる。この方法を使用して開裂を制御する際には、考慮すべき2つの要因が存在する。(1)イオン化過程中にどれくらい過剰のエネルギーがイオンに与えられるか、および(2)この過剰量は、イオン中の結合エネルギーのいずれかに勝るほど十分であるかどうか、である。与えられるエネルギーの過剰さは、使用するイオン化法によって主に決定される。与えられたエネルギーが結合の開裂を実施するためには、エネルギーは振動/回転モードで、結合の解離エネルギーに勝るほど十分でなければならない。結合エネルギーは、分析する分子の化学構造によって明らかに決定される。結合エネルギーについては、後に考察する。概略すると、エネルギーは、イオン化過程中に電子エネルギー、振動エネルギー、回転エネルギーおよび変換エネルギーとして与えられる。非常に短時間のイオン化では、この過剰の内部エネルギーのほとんどは、系間および状態間交雑により、振動および回転エネルギーに変換される。内部の振動エネルギーの過剰は、結合を切断してもしなくてよい。より多くの内部振動エネルギーを移動中のイオンに与えるためには、イオンをバスガスと衝突させてイオンをフラグメント化させることができる。エレクトロスプレー源では、バスガスと気化した溶媒とが存在する。イオンは、電場により加速されて、バスガスとの衝突エネルギーを増す。加速は、イオンに動力学的なエネルギーを与える。十分な動力学エネルギーがイオンに与えられると、バスガスとの衝突によりイオンがフラグメント化するだろう。必要な動力学的エネルギーの量は、イオンの結合の強さに依存するが、与えられるエネルギーの量は、加速電位を調節することにより制御可能である。

イオン化中に所定の結合において開裂する質量標識のリンカーを作成する目的のためには、リンカー中に一つの弱い結合があり、残りは強力な結合であることが必要である。所与の基は、特にフラグメント化に抵抗性であるが、脂肪族型の結合などの他の結合はほどほどに開裂されやすい。特定の位置で開裂するリンカーを設計するためには、フラグメント化には広範には抵抗性であるが、「弱い結合」を有する分子が設計されてもよい。所与の構造特徴は、イオンの所与の結合において開裂が生じる場合に、フラグメントイオンを安定化することが見出されている。直鎖アルカンは、比較的無作為にフラグメント化するが、第2級および第3級アルキル基を有する分子は、最も普通には、第2級および第3級炭素陽イオンの安定性の増加により、分子の分岐点において開裂する。同様に、二重結合は、共鳴または非局在性影響により隣接する陽電荷または陰電荷を安定化する。同様の影響は、アリール基に隣接する結合で見られる。衝突等によりフラグメント化を誘発することができるいくつかの開裂可能なリンカーを図7に示す。不安定性が増す順番に番号がついている。開裂可能な結合の左の基は、良好な脱離基として周知であり、分子の反応位置を保護するために使用される。そしてそれらは、所与の条件下において化学的な開裂を受けやすい。選択されてもよい正確な構造は用途およびプローブの化学的な環境に依存する。図7のリンカー(4)は、プロトンの化学的攻撃を極めて受けやすいので、プローブ反応が酸性でない場合にフラグメント化可能なリンカーとして使用することができるだろう。リンカー(1)は、光分解による開裂性がかなり小さい。明らかに、これらの基は、必要に応じて化学的に切断するために意図的に選択されるだろう。これらのリンカーは、また非局在化アリールエーテルポリマー系の一部を形成することは、図7から容易にわかる。開裂可能な結合の右の基は、本質的に陰電荷を安定化し、この部位における結合の切

10

20

30

40

50

断を促進し、検出可能な陰イオンを提供することができるという点において有利である。他の電荷安定化基をこの位置に使用してもよい。この図や他の図の「ハンドル」は、一般に質量標識した塩基配列の合成に有用な反応基を示し、合成された質量標識された分子中には存在しなくてもよい。

#### 核酸プローブ

##### 核酸とのリンカー

質量標識およびそれらのリンカーは数多くの位置において核酸に結合することができる。従来の固相合成では、リボース糖の5'ヒドロキシルは最も容易に誘導体化される。修飾するための他の好ましい位置は、ピリミジンの5'位並びにプリンの7'および8'の塩基である。これらは、開裂可能な質量標識および開裂不可能な質量標識を結合するための好ましい位置であるだろう。

糖の2'位は、質量修飾のために利用しやすいが、脱離されない予定の小さい質量修飾により適当である。

天然の核酸のリン酸結合を同様に、質量標識による誘導体化を含む、かなりの修飾をすることができる。

#### ハイブリダイゼーションプローブ

用途に応じて、ハイブリダイゼーション挙動が変更された数多くの異なる類似物を有する、修飾核酸を使用することが望まれている。ハイブリダイゼーションプローブの基を同時に使用する場合には、これは特に重要である。正しくハイブリダイゼーションしたプローブの融点が閾値に非常に近いまたは少なくとも閾値を上回るように、プローブの基のハイブリダイゼーション挙動を変更することが望ましいこともある。好ましくは、正しくなくハイブリダイゼーションしたプローブの融点は、この閾値より低い。これにより、ハイブリダイゼーション反応のストリングエンシーを確実にしながら、プローブ群を同時に使用することが可能になる。

全てのワトソン-クリック塩基対を有するオリゴヌクレオチド2重らせんの安定性には大きな差がある。例えば、アデニンおよびチミンだけを有する2重らせんは、グアニンおよびシトシンだけを含有する2重らせんと比較して不安定である。安定性のこの差は、短いオリゴヌクレオチドの混合物を標的RNAにハイブリダイゼーションしようとするときに、問題を生ずることがある。A-Tが豊富な配列をハイブリダイゼーションするためには低温であることが必要であるが、このような温度では、G-Cが豊富な配列は、十分に相補的でない配列とハイブリダイゼーションする。これは、いくつかのミスマッチが起こり、G-Cが豊富な配列では、特異性が消失した可能性があることを意味する。高温では、G-Cが豊富な配列は特異的にハイブリダイゼーションするが、A-Tが豊富な配列はハイブリダイゼーションしない。

このような影響を正常にするためには、核酸の修飾を行うことができる。このような修飾は、3つの広義なカテゴリー、塩基修飾、骨格修飾および糖修飾に分けられる。

#### 塩基修飾

標準的なワトソン-クリック塩基に数多くの修飾を実施することができる。以下は塩基対形成エネルギーをある程度正常化することができる修飾の例であるが、それらは限定的なものではない。

- ・アデニン類似物(アナログ)、2',6'-ジアミノプリン2つではなく3つの水素結合をチミンと形成するので、より安定な塩基対を形成する。
- ・チミン類似物(アナログ)、5'-プロピニルデオキシウリジンはアデニンとより安定な塩基対を形成する。
- ・グアニン類似物(アナログ)、ハイポキサインチンはシトシンと3つではなく2つの水素結合を形成するので、安定性の低い塩基対を形成する。

これらの修飾および他の可能な修飾により、短いオリゴヌクレオチドが相補的な配列と特異的にハイブリダイゼーションすることができる温度範囲を狭くすることができるはずである。

#### 骨格修飾

10

20

30

40

50

ヌクレオチドは、リン酸塩部分が容易に修飾される。低塩濃度などの所与の条件下において、メチルホスホネット、トリエステルおよびホスホルアミデートなどの類似物は2重らせんの安定性を増すことが示されている。このような修飾もヌクレアーゼ抵抗性を増している。さらに、リン酸塩修飾には、ホスホジチレートおよびボラノホスフェートが含まれるが、その各々は、エキソヌクレアーゼに対するオリゴヌクレオチドの安定性を増す。リンと硫黄との同配体置換はヌクレアーゼ抵抗性オリゴヌクレオチドを生じる(文献19参照)。リン酸または結合酸素のどちらかの炭素による置換もさらに可能である。

#### 糖修飾

糖部分の2'位の種々の修飾を実施することができる(参照文献20および21を参照のこと)。糖は、ヘキソースなどの異なる糖で置換することができるし、または糖リン酸骨格全体をペプチド核酸(PNA)におけるものなどの新規な構造で全体を置換することができる。考察は、文献22を参照のこと。PNAは、これまでに発見された類似体の中で熱安定性の最も大きい任意の2重らせんを形成する。

10

#### 疎水性修飾

オリゴヌクレオチドの3'および5'末端に疎水性基を導入することも、塩基から水を排除することにより、複合物の「相互作用」を低下することによって2重らせんの安定性を増す。すなわち、疎水性基は、末端塩基の溶媒和を減少する。

#### 人工的なミスマッチ

ハイブリダイゼーション反応の誤りの1つの主要な原因是、標的配列および未知の塩基とのプライマーのハイブリダイゼーションのストリンジエンサーである。標的のために設計されたプライマーが1つの人工的に導入されたミスマッチを有する場合、系の識別はずつと高くなる(文献23参照)。完全に相補的なプライマーが使用される場合、追加のミスマッチは、1つのミスマッチと同じ程度には許容できない。一般に、1つのミスマッチを有する2重らせんと、2つのミスマッチを有する2重らせんとの融点の差は、正しくハイブリダイゼーションした2重らせんと、1つのミスマッチを有する2重らせんとの差よりも大きいことが見出されている。従って、これは本願に開示されるハイブリダイゼーションプローブの重要な特徴であると期待されるだろう。核酸プローブが重要な塩基を有する場合には、すなわち1ヌクレオチド多形を検出するためには、プローブ部位に第2のミスマッチが存在する場合には、重要な塩基から1らせん回転離れて導入された人工的なミスマッチは2重らせんをかなり不安定にする。

20

#### ハイブリダイゼーションプロトコール

ハイブリダイゼーション条件に対する影響の詳細、特に核酸プローブに対する緩衝液および温度の影響は、文献24~26に見出すことができる。

#### オリゴヌクレオチドの合成

オリゴヌクレオチドを合成する方法は、当技術分野上周知である(文献27および28参照)。

#### 質量標識の合成

実際上または商業上有用な系では、できるだけ少量の試薬およびできるだけ少ない処理段階を使用して、標識の構築ができるだけ簡単であることが重要である。一連のモノマー分子単位を利用して互いに多数の組み合わせに使用する組み合わせ方法が、理想的であると思われる。

30

有機化学法を使用して質量標識を合成することができる。このような標識は1電荷を有する基を有してもよく、使用する質量分析法においてフラグメント化に耐えられなければならない。陽イオン質量分析計を使用する場合には、アミン誘導体、4級アンモニウムイオンまたは正の硫黄中心が良好な電荷担体である。これらは、クリーンで鋭いシグナルを形成する極めて良好な検出特性を有する。同様に、陰電荷イオンを使用することができるのと、カルボン酸、スルホン酸および他の部分を有する分子が、陰イオン分析法に適当である。UV可視レーザー光線によって励起可能な、シナピン酸またはケイ皮酸などの既知の分子を誘導体化することによって、MALDI質量分析計の標識を形成することができ、そのうち多数の誘導体がすでに購入できる。フラグメント化耐性基は上記に考察してある

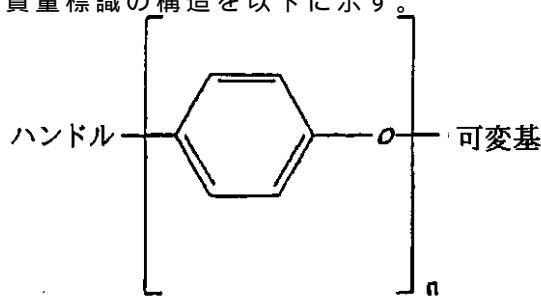
40

50

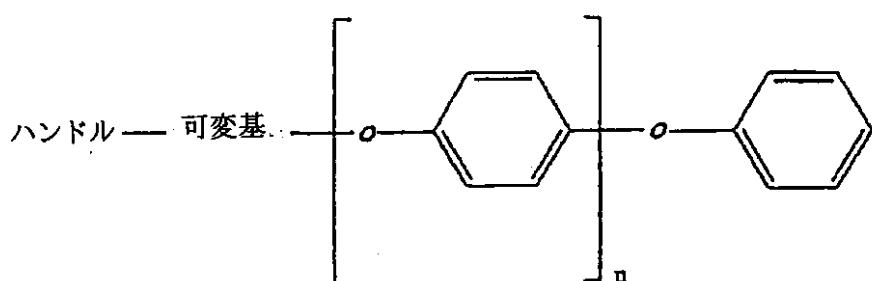
。

有機化学のテキストは文献 29 または 30 を参照のこと。

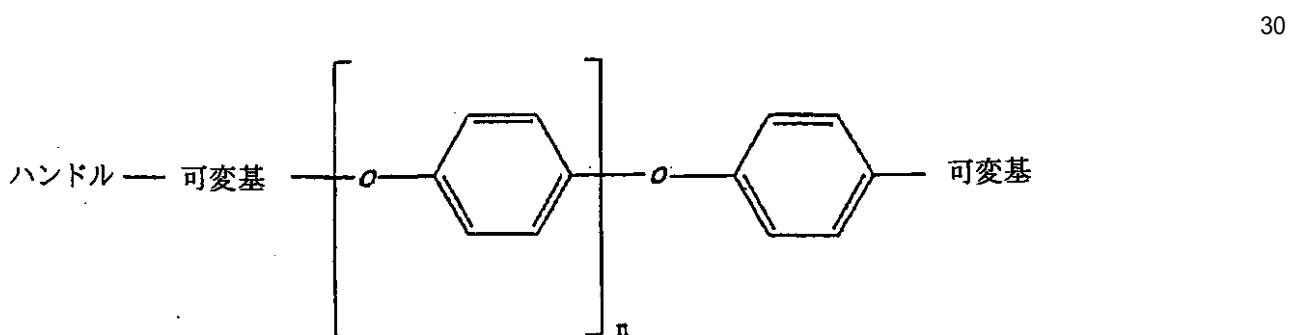
このような標識の組み合わせ合成は比較的簡単な方法で実施することができる。好ましい質量標識の構造を以下に示す。



10



20



30

分子の電子の非局在化が陰電荷を効果的に安定化することができるので、これらのポリアリールエーテル構造はフラグメント化に非常に耐性が強く、良好な陰イオンを形成する。これらの分子は、また熱安定性であるので、熱開裂型リンカーおよび質量分析計内での衝突過程によって開裂するリンカーと特に適合性がある。ポリアリールエーテルのどちらかの端に存在する「可変基」は、好ましくは、質量標識の特性を改良する置換アリールエーテルである(図 9)。このような修飾基には、「質量シリーズ修飾」基(図 9 参照)、可溶化基、電荷保有基(図 10 参照)および質量欠損基(図 8 参照)が含まれる。ポリアリールエーテルのポリマーは、分子の各追加の「フェノキシ」残基あたり 92 質量単位ずつ質量が増加する。

40

質量スペクトルを十分に調べるために、質量標識は約 4 ダルトンだけ離れていることが必要である。質量マーカーを 4 ダルトン離すためには、各質量標識は、好ましくは、各シリーズのアリールエーテルの質量を移行させる基を有する。この質量シリーズ修飾基( M

50

S M ) (図 9 参照)は、各シリーズのアリールエーテルポリマーを他から分ける作用をする。アリールエーテルの直鎖ポリマーの場合、その各々のモノマーは 9 2 ダルトンを追加し、各シリーズの質量マーカーが 4 質量単位離れている場合には、最大 2 3 シリーズについて質量が一致しない。2 5 6 の質量標識を作成するためには、例えば 2 3 の M S M 基を作成し、1 2 までのフェノキシ反復部を有するアリールエーテルのポリマーに結合することが必要である。こうすることによって、合計 2 7 6 の質量標識が得られる。

明らかに、数多くの異なるサブユニットを有するポリマーは、異なる配列のサブユニットを用いて作成することができる。さらに、分岐構造も可能であるが、例示するために簡便であるので直鎖ポリマーだけを示している。合成を簡便にするために示した好ましい構造を選択する。同じサブユニットの異なる配列は、作成するのがあまり困難ではないが、できるだけ少ない合成ステップでできるだけ多数の標識を作成することが好ましい。好ましい合成方法は、1 2 までの反復のポリアリールエーテルを作成し、次いで、同位体ピークが重ならないように、理想的には質量が約 4 ダルトンずつ異なる数多くの異なる M S M 基でそれらを誘導体化することである。M S M 基の変化は同位体置換を使用することによって微調整することができる。例えば、分子の 4 つの水素を 4 つの重水素で置換すると、質量差は 4 ダルトンになる。

本発明による質量標識のさらに別の例には、芳香族化合物、フェノール、アニリンおよびそれらの複素同類体(アナログ)のモノマー、オリゴマーまたはポリマー形態、並びに C=C もしくは C-C を含有する他の部分またはそれらの複素同類体、並びにそれらのオリゴマーまたはポリマー相対物が含まれる。C-H または C-hal (F 以外) 結合を有する分子またはその部分は避けるべきである。上記で考察したポリエーテルに加えて、質量標識同類体(アナログ)として、チオエーテル、アミン、ホスフェート、ホスホネート、ホスホロチオエート、シラン、シロキサン、スルホネート、スルホンアミドおよび C=C、C-C および C=N を導入した同類体を使用することができる。

芳香族化合物または複素芳香族化合物を使用する場合には、それらは置換または未置換であってもよい。置換されている場合には、置換基もフラグメント化に抵抗性でなければならず、上記のカテゴリーのいずれかから選択することができる。

上記に考察したように、いかなる質量標識もフラグメント化に対して抵抗性でなければならず、好ましくは 5 0 ボルトの電子衝撃イオン化に対する安定性を持つべきであることが好ましい。

本発明の技術の有利な実施態様は、核酸からの開裂後に高分解能質量分析を使用する場合のフッ素化質量標識の使用である。全体質量が 1 0 0 である炭化水素分子は、分画上高い正確な質量を有する。一方、全体質量が 1 0 0 であるフッ素化分子は、分画上低い正確な質量を有する。このような質量の差は、高解像度質量分析では識別可能であり、同じ積分質量を有するが、組成が異なる 2 つの分子は、それらが炭化水素およびフルオロカーボンの割合が異なる場合には、質量スペクトル上で別個のピークを形成する。フッ素化分子は、「質量欠損」を有すると言われる。フッ素化分子は、生体系では一般的ではないので、これは、使用した核酸および試薬自体がフッ素化されていない限り、核酸のフラグメント化によるまたは緩衝液由来の不純ピークが存在しても、フッ素化質量標識は、識別可能であることを意味する。数多くの単位のフッ素化アリールエーテルの導入は、質量欠損を質量標識に導入する簡単な手段である(図 8 を参照のこと)。別のシリーズの質量欠損基を使用することの別法は、通常のアリールエーテルのポリマーをそれらのフッ素化同類体と置換することである。

### アミノ酸

グリシン、アラニンおよびロイシンなどの少数のアミノ酸を用いて、当技術分野上周知の標準的なペプチド合成法を使用して、質量が異なる小ペプチドを多数合成することができる。より多くのアミノ酸を用いればより多くの標識を合成できる。天然のアミノ酸に限定する必要はない。どちらのキラル体も許容可能であり、天然ではない異なる側鎖も許容可能である。(文献 3 1 参照)

陰イオン形成種の合成材料

B S A (2-スルホ安息香酸環状酸無水物) - 100 mg、0.54 mmol ベンジルアルコール - 2 mL 炭酸ナトリウム - 1.1 当量、63 mg。

方法

炭酸塩と B S A とを一緒に溶解し、ベンジルアルコールを添加する。加温して反応を開始する ( $\text{CO}_2$  放出)。発泡が止むまで攪拌する。ろ過し、ジエチルエーテルを添加して生成物を沈殿させる。10分間攪拌して、生成物をろ別する。生成物は白色固体である。この分子は AG / 1 / 75 と呼ぶ。(図 11 参照)。

質量分析法：陰イオンモード

10

以前に合成した分子 AG / 1 / 75 の陰イオン質量スペクトルを図 11 に示す。このスペクトルは 10 ng /  $\mu\text{l}$  の濃度で存在する分子により形成された。溶媒はメタノールと水(比 1 : 1) であった。スペクトルは走査型四重極質量分析計にエレクトロスプレー導入システムを連結したものを用いて作成した。挿入図は  $m/z$  291 ダルトンの 1 電荷陰イオンである、AG / 1 / 75 分子のアニオン  $[\text{M}-\text{Na}]^-$  に相当する質量ピークを示す。疑分子イオンピークから約 3 ダルトン大きい側の同位体ピークが重要であることに注意すること。

図 12 は、AG / 1 / 75 の陽イオンスペクトルを示す。このスペクトルでは検出可能な分子イオンは見られないので、この分子は陰イオンモードのマーカーとして使用することが最良である。上記スペクトルは共に 45 V のエレクトロスプレー線源のコーン電圧を用いて作成した。

20

図 13 は、以前のスペクトルと同じ溶液の AG / 1 / 75 の陰イオンスペクトルであるが、コーン電圧が 75 V である陰イオンスペクトルを示す。この電圧は、分子がかなりフラグメント化して、図 13 の挿入構造に示す位置の開裂に相当する、 $m/z$  156 ダルトンの主要な陰イオンフラグメントイオンピークを形成するのに十分である。

図 14 および図 15 は、種々の緩衝液中の「条件化されない」PCR 産物の、陽イオンモードおよび陰イオンモードの質量スペクトルを示す。緩衝液および反応材料から DNA を分離するために、ゲル電気泳動に通常実施されている以上のことを実施しなかったという点において、PCR 産物は「条件化されなかった」。金属イオン添加物をアンモニウムイオンと交換すること、および質量分析目的のために通常実施される精製 DNA を作成することは全く行わなかった。図 16 および図 17 は、同じ PCR 産物と陰イオンモードでははっきりと検出できるが、陽イオンモードでは検出できない AG / 1 / 75 を示す。図 18 および図 19 は、バックグラウンドノイズを差し引いたシグナル処理後の同じスペクトルを示す。AG / 1 / 75 は、陰イオンモードでは容易に検出できることが明らかである。

30

実施例 2塩基の合成とアリールエーテルを用いた質量標識化

以下は、一連のチミジンヌクレオチドのアリールエーテルのプロトコールである。これらの化合物の構造を図 24 および図 25 に示す。

F T 9 (図 24 参照)

40

5' - O - (4, 4' - ジメトキシトリチル) - 3' - スクシノイルチミジン (161 mg、0.25 mmol) のジクロロメタン (4 mL) 溶液を N-メチルモルホリン ( $27 \mu\text{L}$ 、0.25 mmol) および 2-クロロ-4, 6-ジメトキシトリアジン (44 mg、0.25 mmol) で処理し、全体を室温で 1 時間攪拌した。次いで、4-フェノキシフェノール (51 mg、0.27 mmol) を添加して、5 日間攪拌した。反応混合物をジクロロメタンで希釈して、クエン酸水溶液 (10% w/v) で洗浄し、水で 2 回洗浄した。有機相を乾燥し ( $\text{Na}_2\text{SO}_4$ )、溶媒を減圧下で除去した。溶出液として 1% トリエチルアミンを含有する酢酸エチル / n-ヘキサン (2 : 1) を使用したフラッシュクロマトグラフィーで残渣を精製し、86 mg (収率 42%) の F T 9 を無色の泡状物として得た。 $^1\text{H NMR}$  ( $\text{CDCl}_3$ ) : 1.39 (3H, m); 2.46 (2H, m); 2.75

50

( 2 H , m ) ; 2 . 8 6 ( 2 H , m ) ; 3 . 4 8 ( 2 H , m ) ; 3 , 7 8 ( 6 H , s ) ; 4 . 1 4 ( 1 H , m ) ; 5 . 5 2 ( 1 H , m ) ; 6 . 4 4 ( 1 H , m ) ; 6 . 7 5 - 7 . 4 5 ( 2 2 H , m ) ; 7 . 6 0 ( 1 H , d ) - M S ( F A B ) , m / z 8 1 2 ( M<sup>+</sup> ) . C<sub>47</sub>H<sub>44</sub>N<sub>2</sub>O<sub>11</sub>の計算値 : C 6 9 . 4 4 ; H 5 . 4 6 ; N 3 . 4 6 % 測定値 : C 6 9 . 6 6 ; H 5 . 5 3 ; N 3 . 2 4 % .

#### F T 1 7 ( 図 2 4 参照 )

5 ' - O - ( t e r t - プチルジメチルシリル ) - 3 ' - スクシノイルチミジン ( 2 8 8 mg 、 0 . 5 mmol ) のジクロロメタン ( 3 mL ) 溶液を 3 滴のピリジンで処理し、次いで塩化オキサリル ( 2 M ; 0 . 3 mL 、 0 . 6 mmol ) のジクロロメタン溶液を滴下した。反応混合物を室温で 9 0 分間攪拌した。このように形成した酸塩化物の溶液を 4 - フェノキシフェノール ( 1 1 0 mg 、 0 . 5 9 mmol ) とピリジン ( 0 . 3 mL ) のジクロロメタン ( 3 mL ) 溶液の氷冷液に滴下した。3 0 分後、4 - フェノキシフェノール ( 3 5 mg 、 0 . 1 9 mmol ) のジクロロメタン ( 0 . 7 mL ) 溶液の一部をさらに添加し、4 時間攪拌した。反応混合物をジクロロメタンで希釈して、NaHCO<sub>3</sub> ( 5 % w / v ) 水溶液で洗浄し、水で 2 回洗浄した。有機相を乾燥し ( Na<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> ) 、溶媒を減圧下で除去した。溶出液として酢酸エチル / n - ヘキサン ( 1 : 1 ) を使用したフラッシュクロマトグラフィーで残渣を精製し、1 4 5 mg ( 収率 4 7 % ) の F T 1 7 を無色の泡状物として得た。<sup>1</sup>H N M R ( C D C l<sub>3</sub> ) : 0 . 1 2 ( 6 H ) ; 0 . 9 2 ( 9 H ) ; 1 . 9 2 ( 3 H , s ) ; 2 . 1 2 ( 1 H , m ) ; 2 . 4 0 ( 1 H , m ) ; 2 . 7 7 ( 2 H , m ) ; 2 . 8 9 ( 2 H ) ; 3 . 9 0 ( 2 H , d ) ; 4 . 1 1 ( 1 H , d ) ; 5 . 3 0 ( 1 H , d ) ; 6 . 3 6 ( 1 H , dd ) 7 . 0 0 - 7 . 2 7 ( 9 H , m ) ; 7 . 5 4 ( 1 H , d ) ; 8 . 2 8 ( 1 H , b r s ) . M S ( F A B ) m / z 6 2 5 [ M + H ]<sup>+</sup> . C<sub>32</sub>H<sub>40</sub>N<sub>2</sub>O<sub>9</sub>S i の計算値 : C 6 1 . 5 2 ; H 6 . 4 5 ; N 4 . 4 8 % , 測定値 : C 6 1 . 6 0 ; H 6 . 4 5 ; N 4 . 4 5 .

#### F T 1 8 / 1 ( 図 2 5 参照 )

4 - フェノキシフェニルグルタレート ( 1 8 0 mg 、 0 . 6 mmol ) のジクロロメタン ( 3 mL ) 溶液を 3 滴のピリジンで処理し、次いで塩化オキサリル ( 2 M ; 0 . 3 5 mL 、 0 . 7 mmol ) のジクロロメタン溶液を滴下した。反応混合物を室温で 9 0 分間攪拌した。このように形成した酸塩化物の溶液を 5 ' - O - ( t e r t - プチルジメチルシリル ) - 3 ' - スクシノイルチミジン ( 2 8 8 mg 、 0 . 5 mmol ) とピリジン ( 0 . 3 mL ) のジクロロメタン ( 3 mL ) 溶液の氷冷液に滴下した。室温で 5 時間攪拌した。反応混合物をジクロロメタンで希釈して、NaHCO<sub>3</sub> ( 5 % w / v ) 水溶液で洗浄し、水で 2 回洗浄した。有機相を乾燥し ( Na<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> ) 、溶媒を減圧下で除去した。溶出液として酢酸エチル / n - ヘキサン ( 1 : 1 ) を使用したフラッシュクロマトグラフィーで残渣を精製し、1 1 1 mg ( 収率 3 5 % ) の F T 1 8 / 1 を無色の油状物として得た。<sup>1</sup>H N M R ( C D C l<sub>3</sub> ) : 0 . 1 2 ( 6 H ) ; 0 . 9 2 ( 9 H , s ) ; 1 . 9 2 ( 3 H , s ) ; 2 . 0 2 - 2 . 3 0 ( 3 H , m ) ; 2 . 3 5 - 2 . 7 5 ( 5 H , m ) ; 3 . 9 2 ( 2 H , d ) ; 4 . 1 0 ( 1 H , d ) ; 5 . 2 9 ( 1 H , d ) ; 6 . 3 6 ( 1 H , dd ) ; 6 . 9 7 - 7 . 3 7 ( 9 H , m ) ; 7 . 5 4 ( 1 H , d ) ; 8 . 6 5 ( 1 H , b r s ) . M S ( F A B ) , M / z 6 3 9 [ M + H ]<sup>+</sup> . C<sub>33</sub>H<sub>42</sub>N<sub>2</sub>O<sub>9</sub>S i の計算値 ( H<sub>2</sub>O : C 6 0 . 3 5 ; H 6 . 7 5 ; N 4 . 2 6 % ; , 測定値 : C 6 0 . 5 7 ; H 6 . 6 0 ; N 4 . 1 8 % .

#### F 2 3 ( 図 2 5 参照 )

5 ' - O - ( t e r t - プチルジメチルシリル ) - 3 ' - スクシノイルチミジン ( 2 8 8 mg 、 0 . 5 mmol ) のジクロロメタン ( 3 mL ) 溶液を 3 滴のピリジンで処理し、次いで塩化オキサリル ( 2 M ; 0 . 3 mL 、 0 . 6 mmol ) のジクロロメタン溶液を滴下した。反応混合物を室温で 9 0 分間攪拌した。このように形成した酸塩化物の溶液を ( 4 ' - フェノキシ ) - 4 - フェノキシベンジルアルコール ( 1 4 6 mg 、 0 . 5 mmol ) とピリジン ( 0 . 3 mL ) のジクロロメタン ( 3 mL ) 溶液の氷冷液に滴下した。室温で 4 時間攪拌した。反応混合物を酢酸エチルで希釈して、NaHCO<sub>3</sub> ( 5 % w / v ) 水溶

液で洗浄し、水で2回洗浄した。有機相を乾燥し( $\text{Na}_2\text{SO}_4$ )、溶媒を減圧下で除去した。溶出液として酢酸エチル/n-ヘキサン(1:1)を使用したフラッシュクロマトグラフィーで残渣を精製し、73mg(収率20%)のFT23を得た。 $^1\text{H NMR}$ (CDCl<sub>3</sub>) : 0.13(6H, s); 0.92(9H, s); 1.92(3H, s); 2.11(1H, m); 2.39(1H, m); 2.68(4H, s); 3.90(2H, d); 4.06(1H, d); 5.11(2H, s); 5.27(1H, d); 6.34(1H, m); 6.95-7.37(13H, m); 7.35(1H, d); 8.27(1H, br s). MS(FAB), M/z 713 [M+H]<sup>+</sup>.  $\text{C}_{39}\text{H}_{49}\text{N}_2\text{O}_{10}\text{S}$  iの計算値:

C 64.08; H 6.34; N 3.85%-, 測定値: C 64.32; H 6.38; N 3.79%. 10

#### 質量標識塩基FT23の質量分析法

オリゴヌクレオチドバックグラウンドの存在下および非存在下において質量標識塩基の挙動モデルとしてFT23について質量分析法による検討を実施した。これらの検討の結果を図20~23に示す。各図は、プラットホーム-LC四重極走査型質量分析計(マイクロマス(Micromass)、英国)にエレクトロスプレーイオン源と45Vのコーン電圧を使用することによって作成した質量スペクトルを示す。各場合において、FT23は4pmol/ $\mu\text{l}$ の濃度で存在した。図20は、陰イオンモードの質量スペクトルを示し、729.3の突出ピークは[M-H]<sup>-</sup>に相当する。図21は、陽イオンモードの対応する質量スペクトルを示す。数多くの突出ピークが見られる。 20

図22および図23は、適当な分子量3000のオリゴヌクレオチド試料が4pmol/ $\mu\text{l}$ の各場合にさらに存在する以外は、図20および図21と同じ条件下で作成した、それぞれ陰イオンモードおよび陽イオンモードの質量スペクトルを示す。ここでも、陰イオンモード(図22)では、729.3にはっきりしたピークが識別される。陽イオンモード(図23)では、数多くのピークが検出されている。

これらの結果は、質量標識塩基FT23は、等モルの(不純物の)オリゴヌクレオチドが存在する場合でも陰イオンモードで容易に検出可能であることを示す。

#### 参照文献

1. R.A.W. Johnstone and M.E. Rose, *Mass Spectrometry for chemists and biochemists* 2nd edition, Cambridge University Press, 1996 30
2. G. Jung and A.G. Beck-Sickinger, *Angew. Chem. Int. Ed. Engl.* 31, 367-383
3. S. Brenner and R.A. Lerner, *Encoded combinatorial chemistry*, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 89, 5381 - 5383
4. M.J. Bishop and C.J. Rawlings, editors, 'Nucleic Acid and Protein Sequence Analysis: A Practical Approach', IRL Press, Oxford, 1991
5. P.H. Nestler, P.A. Bartlett and W.C. Still, *A general method for molecular tagging of encoded combinatorial chemistry libraries*, *J. Org. Chem.* 59, 4723 - 4724, 1994
6. Z-J. Ni et al, *Versatile approach to encoding combinatorial organic syntheses using chemically robust secondary amine tags*, *J. Med. Chem.* 39, 1601 - 1608, 1996 40
7. H.M. Geysen et al, *Isotope or mass encoding of combinatorial libraries*, *Chemistry and Biology* 3, 679 - 688, August 1996
8. British Patent Application No. 9618544.2
9. A.C. Pease et al. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 91, 5022-5026, 1994
10. U. Maskos and E.M. Southern, *Nucleic Acids Research* 21, 2269 - 2270, 1993
11. E.M. Southern et al, *Nucleic Acids Research* 22, 1368 1373, 1994
12. PCT/GB97/02403
13. British Patent Application No. 9620769.1
14. PCT/GB97/02722 50

15. W097/27325  
 16. W097/27327  
 17. W097/27331  
 18. Lloyd-Williams et al., *Tetrahedron* 49: 11065 - 11133, 1993  
 19. J.F. Milligan, M.D. Matteucci, J.C. Martin, *J. Med. Chem.* 36(14), 1923 - 193  
 7, 1993  
 20. C.J. Guinossio, G.D. Hoke, S.M. Freier, J.F. Martin, D.J. Ecker, C.K. Mirabel  
 le, S.T. Crooke, P.D. Cook, *Nucleosides Nucleotides* 10, 259 - 262, 1991  
 21. M. Carmo-Fonseca, R. Pepperkok, B.S. Sproat, W. Ansorge, M.S. Swanson, A.I.  
 Lamond, *EMBO J.* 7, 1863 - 1873, 1991 10  
 22. (8) P.E. Nielsen, *Annu. Rev. Biophys. Biomol. Struct.* 24, 167 - 183, 1995  
 23. Zhen Guo et al., *Nature Biotechnology* 15, 331 - 335, April 1997  
 24. Wetmur, *Critical Reviews in Biochemistry and Molecular Biology*, 26, 227-259,  
 1991  
 25. Sambrook et al, 'Molecular Cloning: A Laboratory Manual', 2nd Edition', Cold  
 Spring Harbour Laboratory, New York, 1989  
 26. Hames, B.D., Higgins, S.J., 'Nucleic Acid Hybridisation: A Practical Approach', IRL Press, Oxford, 1988  
 27. Gait, M.J. editor, 'Oligonucleotide Synthesis: A Practical Approach', IRL Press, Oxford, 1990 20  
 28. Eckstein, editor, 'Oligonucleotides and Analogues: A Practical Approach', IRL Press, Oxford, 1991  
 29. Vogel's Textbook of Organic Chemistry 4th Edition, Revised by B.S. Furniss, A.J. Hannaford, V. Rogers, P.W.G. Smith & A.R. Tatchell, Longman, 1978  
 30. Advanced Organic Chemistry by J. March  
 31. E. Atherton and R.C. Sheppard, editors, 'Solid Phase Peptide Synthesis: A Practical Approach', IRL Press, Oxford

## 図の要点

## 図1の要点

ステップ1：例えば、ビオチン化ポリ-Tプライマーを使用して、固相支持体に固定したcDNAを形成する。 30

ステップ2：保持されたポリ-Aを保有するcDNAを「基準(reference)酵素」で処理して、ゆるんだ断片を洗い流す。

ステップ3：「基準(reference)酵素」の突出末端に相補的な突出末端と「試料作成酵素」の結合部位を有するアダプターを添加する。アダプターは鋳型の線状増幅を可能にするプライマー配列を有してもよい。

ステップ4：アダプター結合cDNAを「試料作成エンドヌクレアーゼ」で処理し、ゆるんだ断片を洗い流す。

ステップ5：「基準(reference)酵素」の突出末端に相補的な突出末端と「試料作成酵素」の結合部位を有するアダプターを添加する。アダプターは光開裂可能な結合を有する質量標識を有さなければならない。 40

ステップ6：「試料作成酵素」を添加する。

ステップ7：シグナチャー断片が放出された液相を取り出し、ガラスチップ上の別個の位置の可能な256のテトラマーの全てを有するオリゴヌクレオチドに連結する。

ステップ8：連結シグナチャーをMALDIマトリックスに埋設する。連結シグナチャーを有するチップをMALDI質量分析計に移す。

ステップ9：レーザーでチップを走査してチップの一領域のシグナチャーから質量標識を開裂する。第2の周波数のUVレーザーで同じ領域を走査して、質量分析法により分析するため開裂させておいた質量標識をイオン化する。

## 図2aの要点

ステップ1：アビジン標識ビーズに結合したビオチン標識ポリ-Tを有するマトリックスを通過させる。

ステップ2：保持されたポリ-Aを保有するcDNAを「基準(reference)酵素」で処理して、ゆるんだ断片を洗い流す。

ステップ3：「基準(reference)酵素」の突出末端に相補的な突出末端と「試料作成酵素」の結合部位を有するアダプターを添加する。

ステップ4：「試料作成酵素」を添加する。

ステップ5：全ての可能な4塩基突出末端に相補的な突出末端と「試料作成エンドヌクレアーゼ」の結合部位を有するアダプターを添加する。これらのアダプターは、アダプターが同定する突出末端と思われる配列を同定するための「質量標識」を有する。

10

図2bの要点

ステップ6：「試料作成酵素」を添加する。

ステップ7：シグネチャー断片が放出された液相を取り出し、256のウェルに分割する。

ステップ8：ウェルのビーズにシグネチャーを連結する。各ウェルは1つの突出末端に相当すると思われるビーズを有する。各ウェルの連結しなかったシグネチャーを洗い流す。

ステップ9：固定したシグナチャー断片から質量標識を開裂させることにより、液相に放出させ、エレクトロスプレー質量分析法で分析する。

図3aの要点

ステップ1：アビジン標識ビーズに結合したビオチン標識ポリ-Tを有するマトリックスを通過させる。

20

ステップ2：保持されたポリ-Aを保有するcDNAを「基準酵素」で処理して、ゆるんだ断片を洗い流す。

ステップ3：「基準(reference)酵素」の突出末端に相補的な突出末端と「試料作成酵素」の結合部位を有するアダプターを添加する。

ステップ4：「試料作成酵素」を添加する。

ステップ5：全ての可能な4塩基突出末端に相補的な突出末端と「試料作成エンドヌクレアーゼ」の結合部位を有するアダプターを添加する。これらのアダプターは、アダプターが同定する突出末端と思われる配列を同定するための「質量標識」を有する。

図3bの要点

30

ステップ6：「試料作成酵素」を添加する。

ステップ7：シグネチャー断片が放出された液相を取り出し、HPLCアフィニティカラムに適用し、突出末端に基づいて断片を256のサブセットに分類する。

ステップ8：カラムは同じ突出末端を有する分画にシグネチャーを分類する必要がある。次いで、これらの分画をレーザーに露光させ、質量標識を開裂させなければならない。

ステップ9：次いで、開裂した質量標識およびシグナチャー断片をエレクトロスプレー質量分析計に直接注入し、分析する。標識の電荷はオリゴヌクレオチドシグナチャーの反対であるように設計することができる。このように、それが負である場合には、標識は陰イオン質量分析法で分析することができる。

図4の要点

40

A イオン源

B イオン電流

C 電気的ゲート

D 反射物

E 検出器

(1)、(2)好ましい光開裂可能なリンク

図8の要点

(1)～(3)好ましい質量標識構造であり、ここでn=0である。

(4)質量標識を有する質量欠損であり、ここでn=0およびm=0であり、×は、好ましくはFまたはHである。

50

## 図 9 の要点

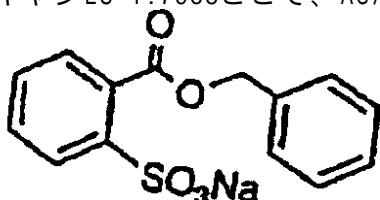
(1) 好ましい末端の変化すなわち質量シリーズ修飾基。  
 (2) 好ましい内部の変化すなわち質量シリーズ修飾基であり、ここで  $n = 0$  であり、R は、任意の基であってもよい。質量シリーズ修飾基のためには、R 基は、好ましくはイオン化またはフラグメント化すべきではない。イオン化基は別の図に示す。

## 図 10 の要点

(1) 陰イオンモード基  
 (2) 陽イオンモード基

## 図 11 の要点

説明: 試料 AG/1/75、10ng/  $\mu$  L、1 : 1 MeOH:水, CV=45V LIVER01 1(0.997)Sm(SG, 2x0.60) 10, スキャン ES-1.79e8 ここで、AG/1/75はである。

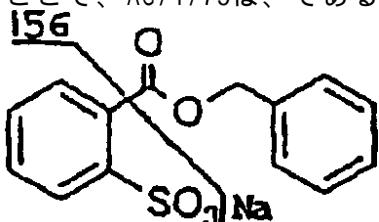
(M<sub>r</sub>314)

## 図 12 の要点

説明: AG/1/75、5x10<sup>-7</sup> M 20uL/分 MeOH/H<sub>2</sub>O 1:1 溶液で注入 LP00L3 13(0.496)Cm(9:13), 20 スキャン ES+1.89e6

## 図 13 の要点

説明: AG/1/75, 10ng/AL, 1:1 MeOH-水, CV=75V LIVER02 1(0.998)Sm(SG, 2x0.60), スキャン ES-4.37e7 ここで、AG/1/75は、である。

(M<sub>r</sub>314)

30

## 図 14 の要点

説明: DNA 1:5D MeOH:H<sub>2</sub>O+0.2% FORMIC 45V+/-SWITCHING  
 (1):LP00L5 9(0.628)Cm(2:13), 1:スキャン ES-4.56e3  
 (2):LP00L5 3(0.243)Cm(3:10), 2:スキャン ES+1.13e5

## 図 15 の要点

説明: DNA 1:5D MeOH:H<sub>2</sub>O+0.2% アンモニア 45V+/-SWITCHING  
 (1):LP00L6 11(0.761)Cm(4:12), 1:Scan ES-1.37e4  
 (2):LP00L6 10(0.726)Cm(2:11), 2:スキャン ES+8.13e4

## 図 16 の要点

40

説明: DNA+AG/1/75+0.2% FORMIC LOOPINJ+/-ES  
 (1):LP00L9 14(0.800)CM(11:18), 2:スキャン ES+1.04e6  
 (2):LP00L9 14(0.771)Cm(12:18), 1:スキャン ES-4.20e3

## 図 17 の要点

説明: DNA+AG/1/75+0.2% FORMIC LOOP INJ+/-ES  
 (1):LP00L10 13(0.747)Cm(11:17), 2:スキャン ES+1.86e6  
 (2):LP00L10 11(0.608)Cm(11:17), 1:スキャン ES-3.23e3

## 図 18 の要点

説明: DNA+AG/1/75+0.20-.FORMIC LOOP INJ+I-ES  
 (1):LP00L9 14(0.800)Cm(13:15-(22:29+4:7)), 2:スキャン ES+1.02e6, (バックグラウンド 50

を差し引く)

(2):LP00L9 16(0.881)Cm(16:19-(23:29+9:13)), 1:スキャンES-2.70e3, (バックグラウンドを差し引く)

図19の要点

説明: DNA+AG/1/75+0.2%AMMONIA LOOP INJ+/-ES

(1):LP00L10 13(0.747)Cm(13:14-(6:8+22:25)), 2:スキャンES+2.93e6, (バックグラウンドを差し引く)

(2):LP00L10 11(0.608)Cm(11:16-(8+26)), 1:スキャンES-1.03e3, (バックグラウンドを差し引く)

図20の要点

10

説明: FT23(単独)(-ve ion)4pmol/uI, LP00L2 3(0.266)Cm(2:24), 2:スキャンES-7.35e5

図21の要点

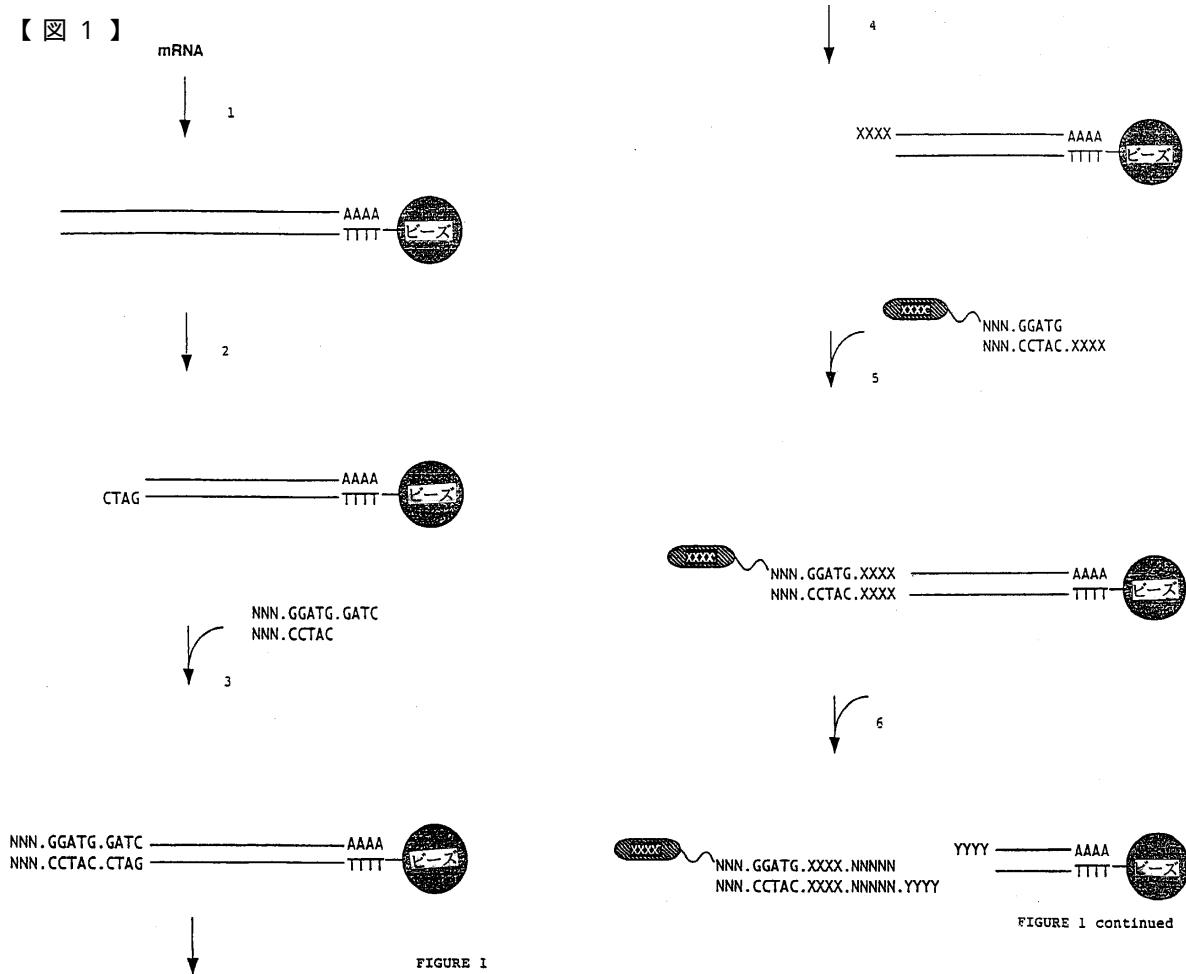
説明: FT23(単独)(+ve ion)4pmol/uI, LP00L2 5(0.381)Cm(2:24), 1:スキャンES+3.G8e6

図22の要点

説明: F23/OLIGO(-ve ion)4pmol/uI, LP00L1 18(1.405)Cm(3:25), (オリゴヌクレオチド分子量=3,000), 2:スキャンES-3.21e5

図23の要点

説明: F23/OLIGO(+ve ion)4pmol/uI, LP00L1 11(0.830)Cm(4:26), (オリゴヌクレオチド分子量=3,000), 1:スキャンES+2.03e6



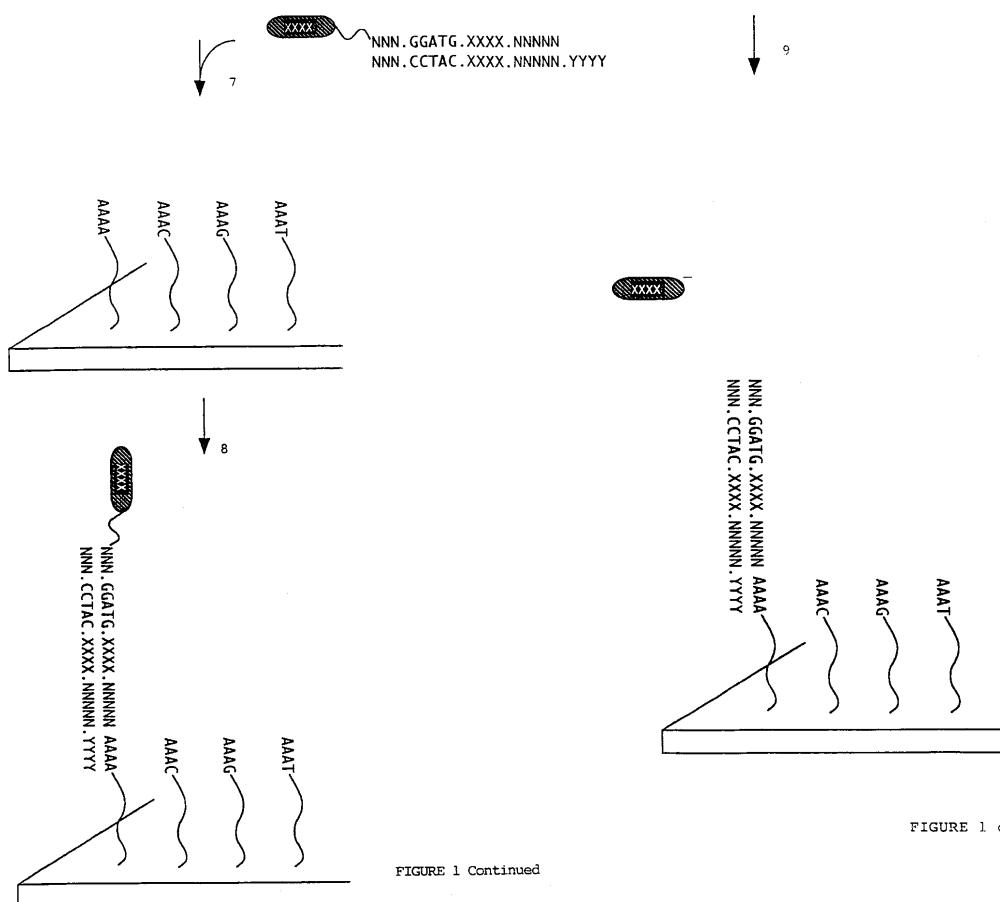


FIGURE 1. Continued

FIGURE 1 continued

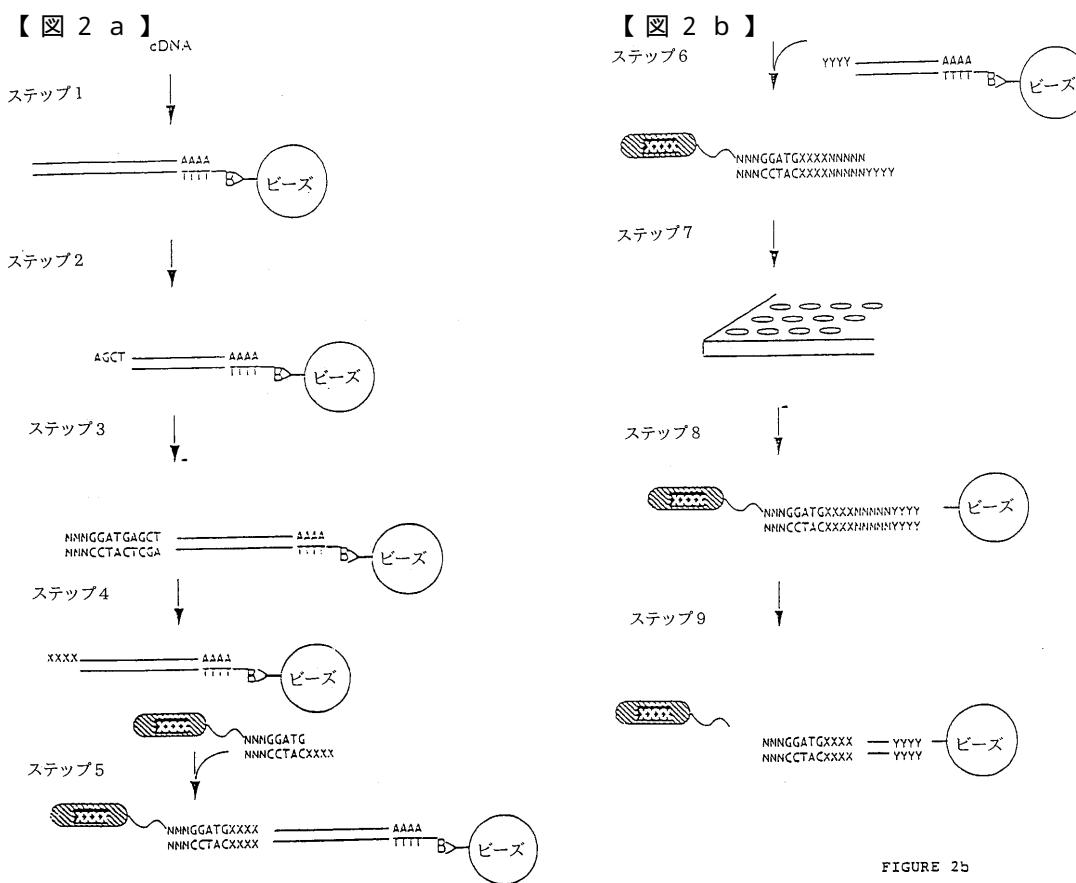


FIGURE 2a

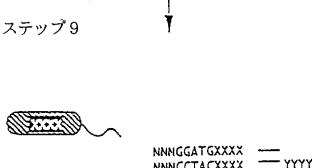
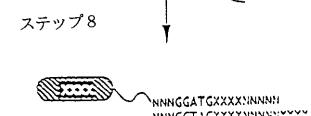
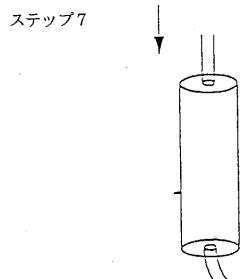
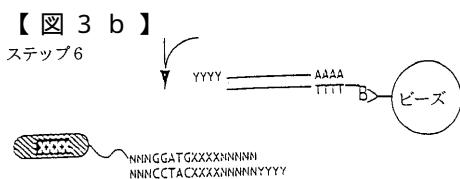
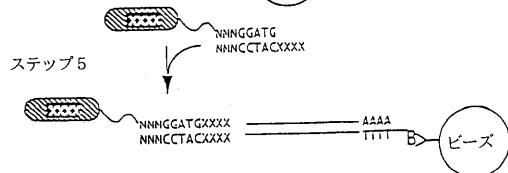
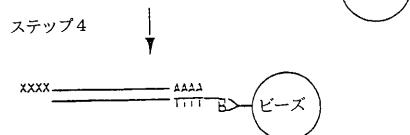
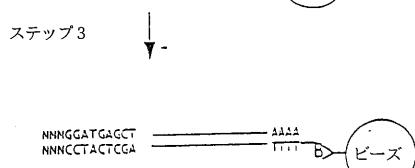
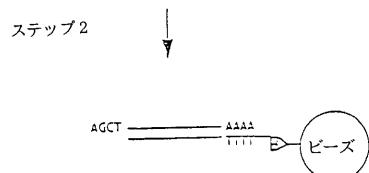
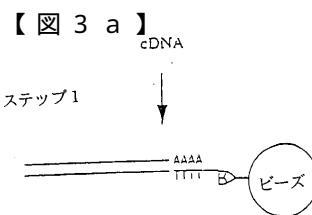


FIGURE 3a

FIGURE 3b

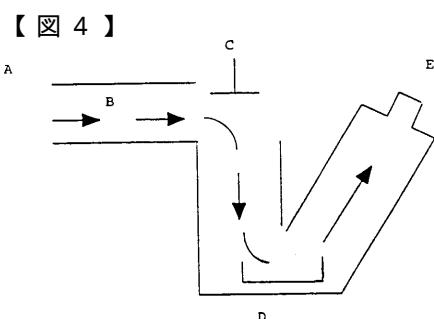


FIGURE 4

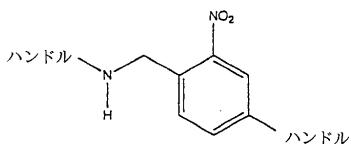
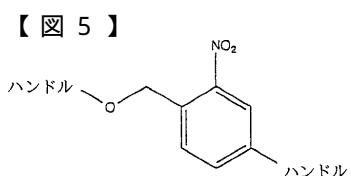


FIGURE 5

【図6】

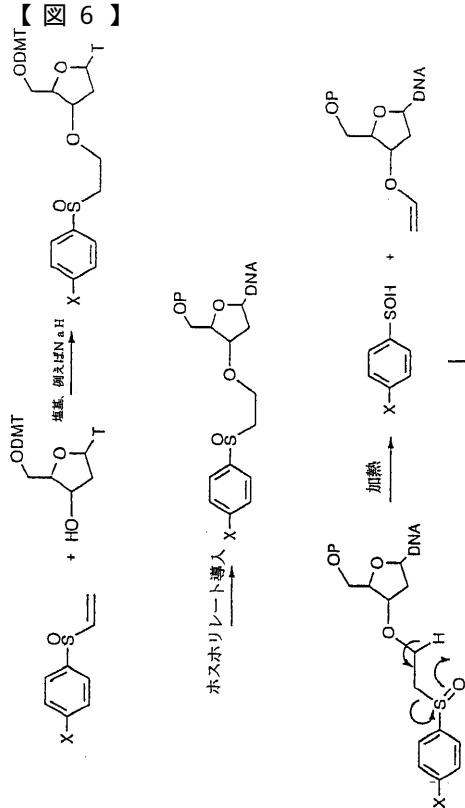


FIGURE 6

【図7】

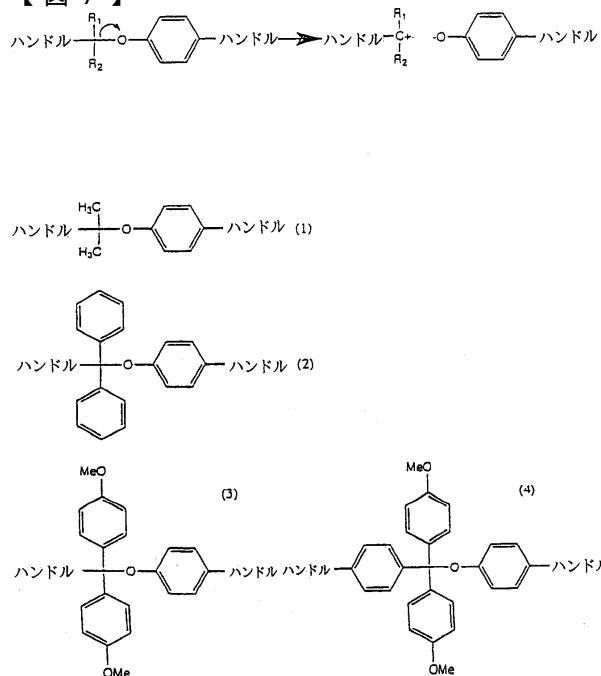


FIGURE 7

【図8】

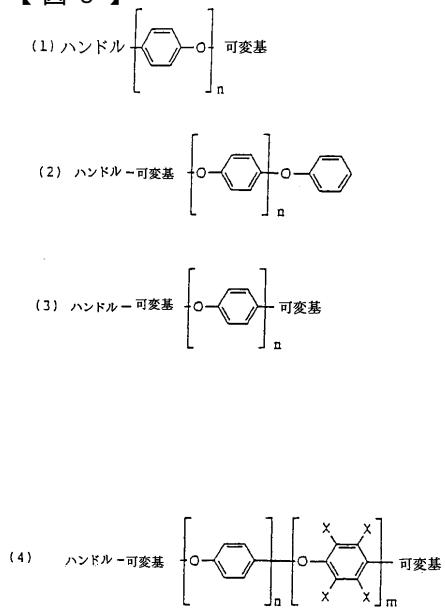


FIGURE 8

【図9】

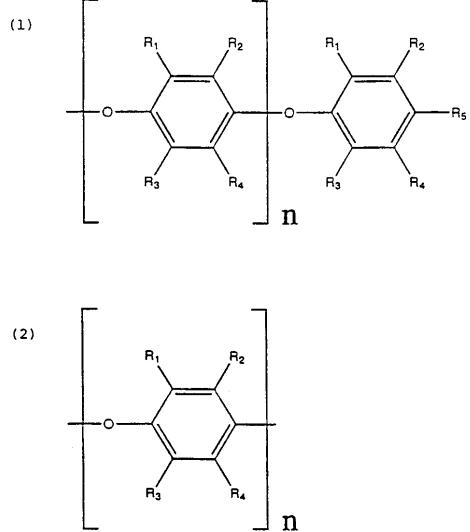


FIGURE 9

【図10】

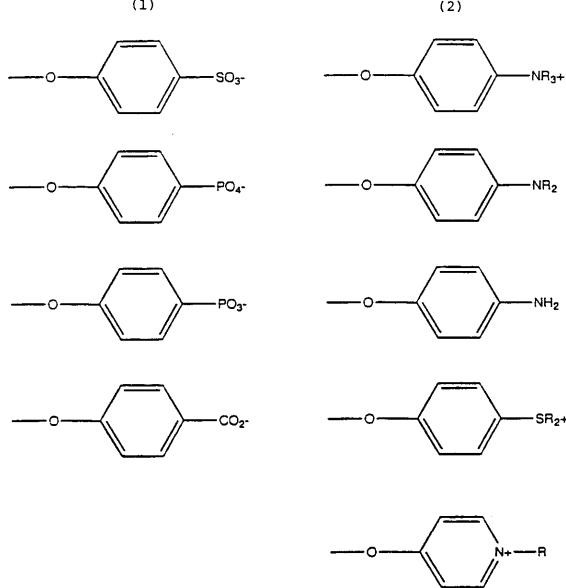


FIGURE 10

【図11】

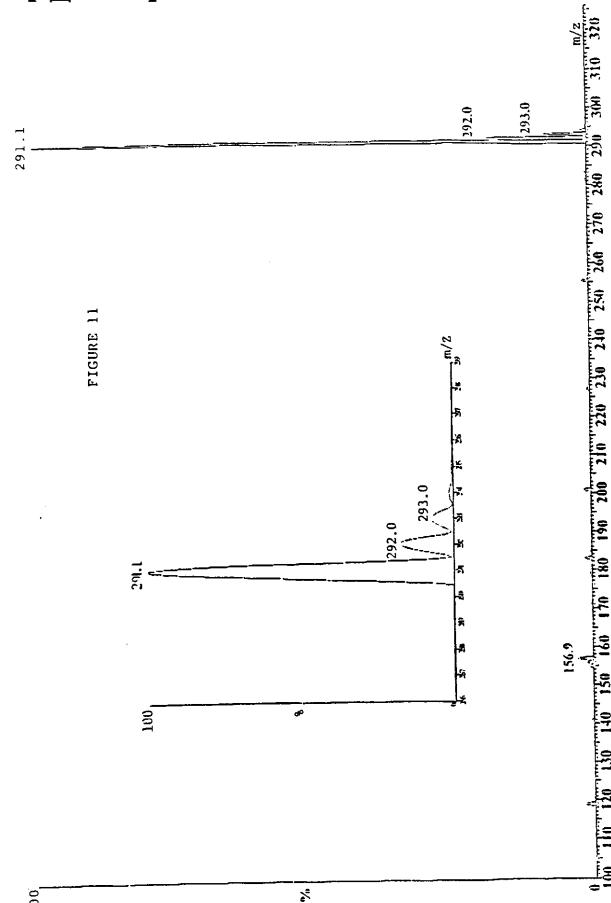


FIGURE 11

【図12】

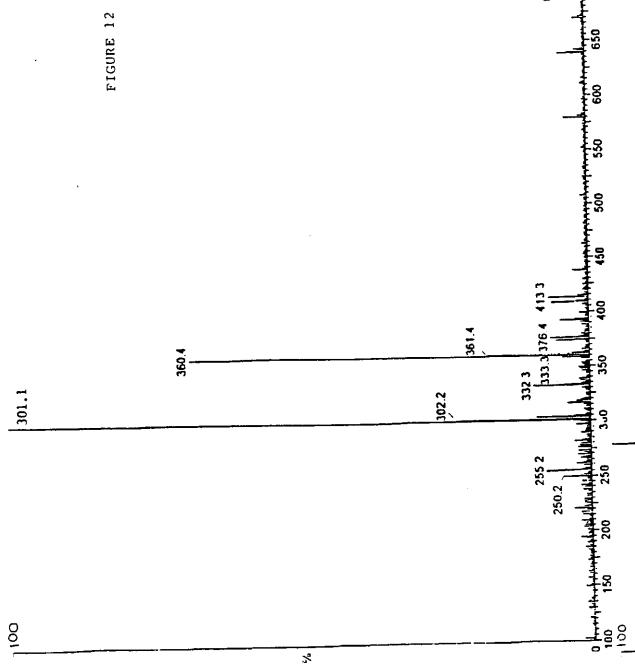


FIGURE 12

【図13】

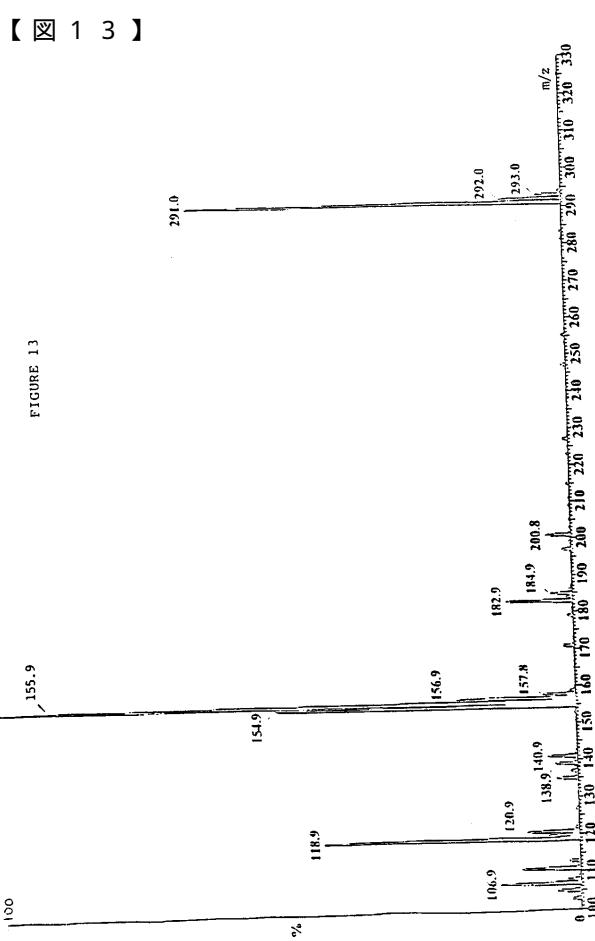
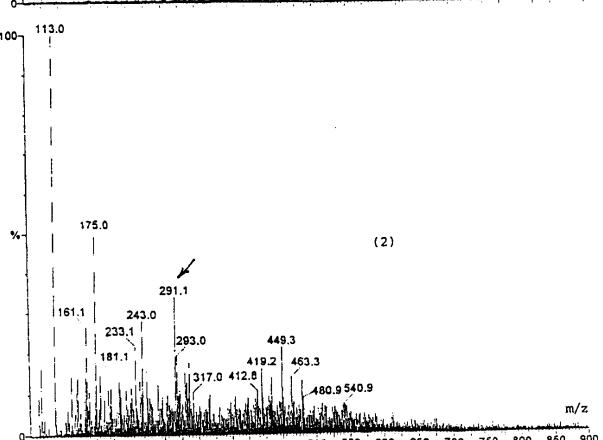
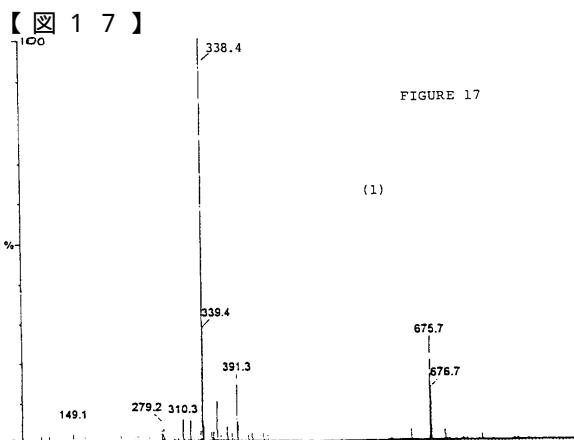
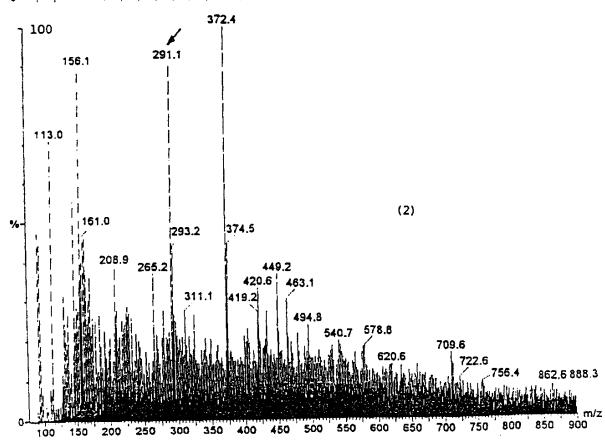
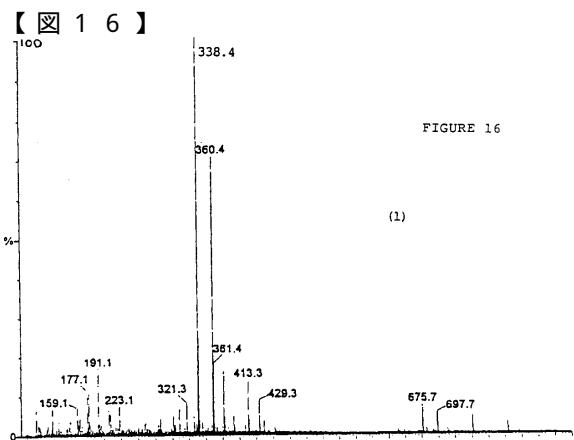
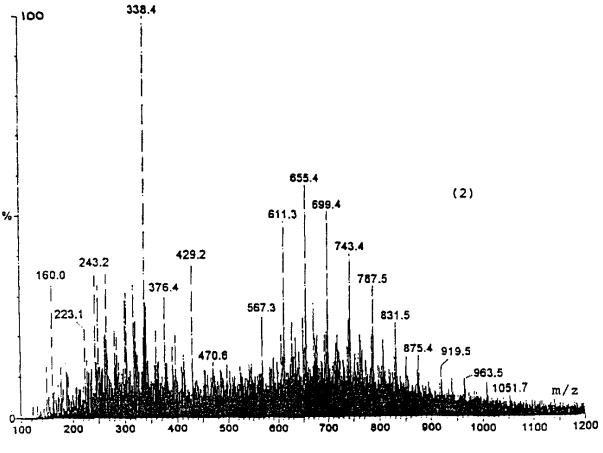
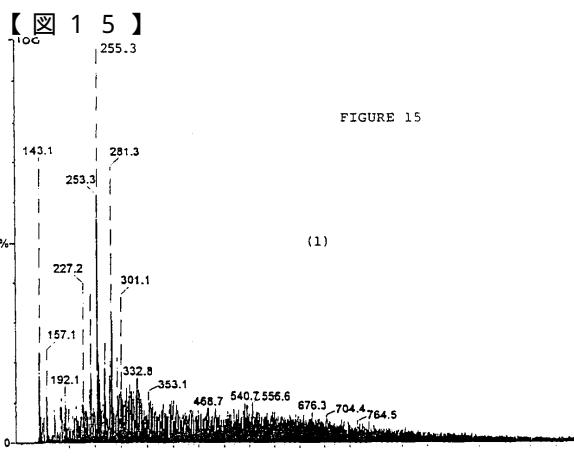
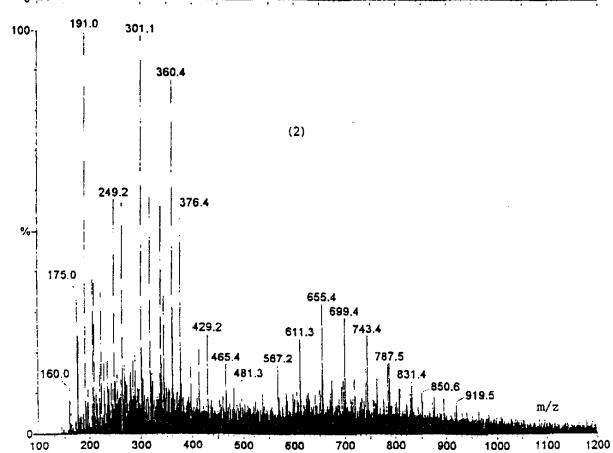
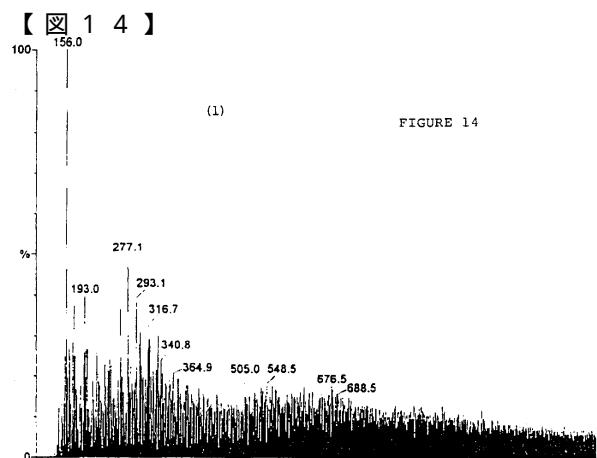
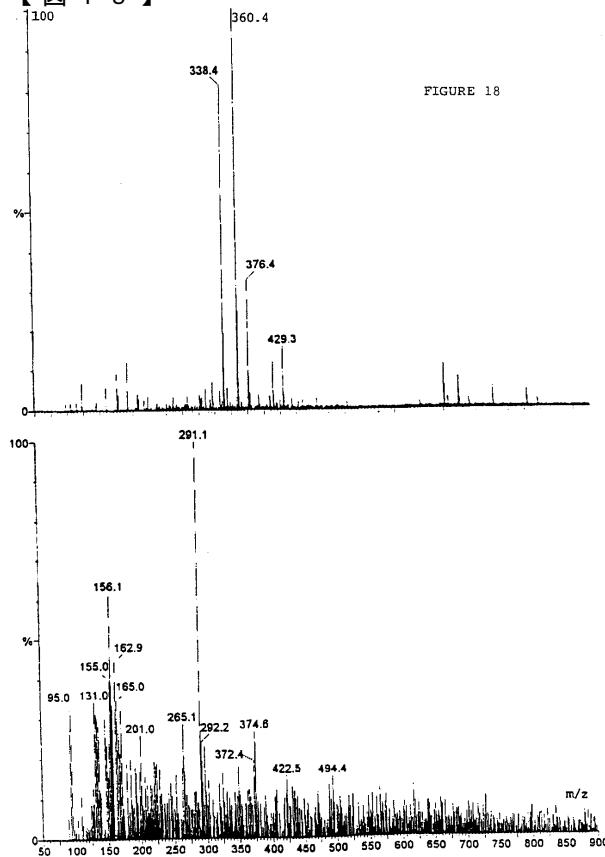


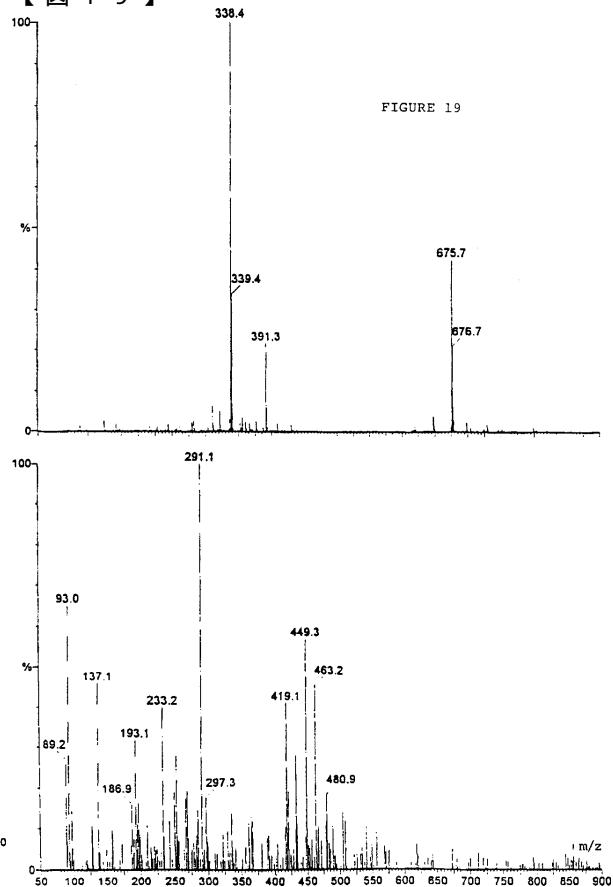
FIGURE 13



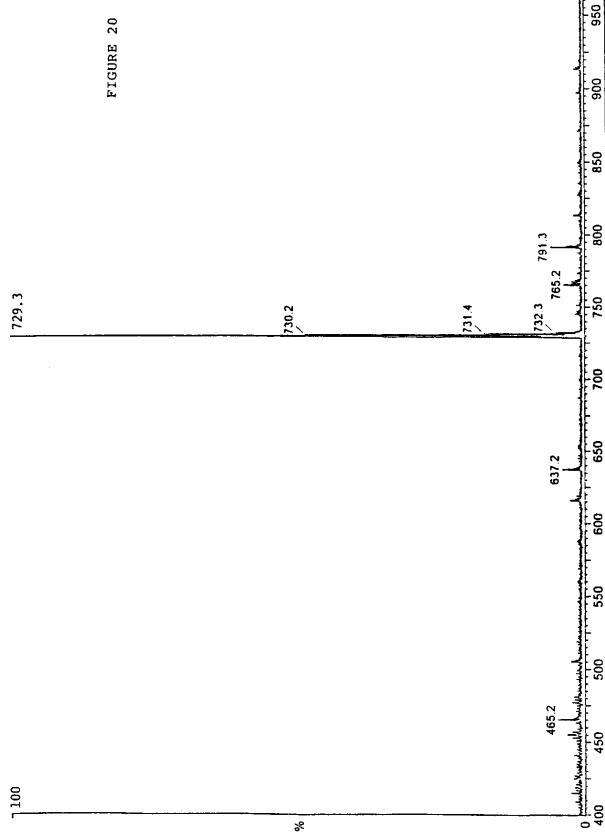
【図18】



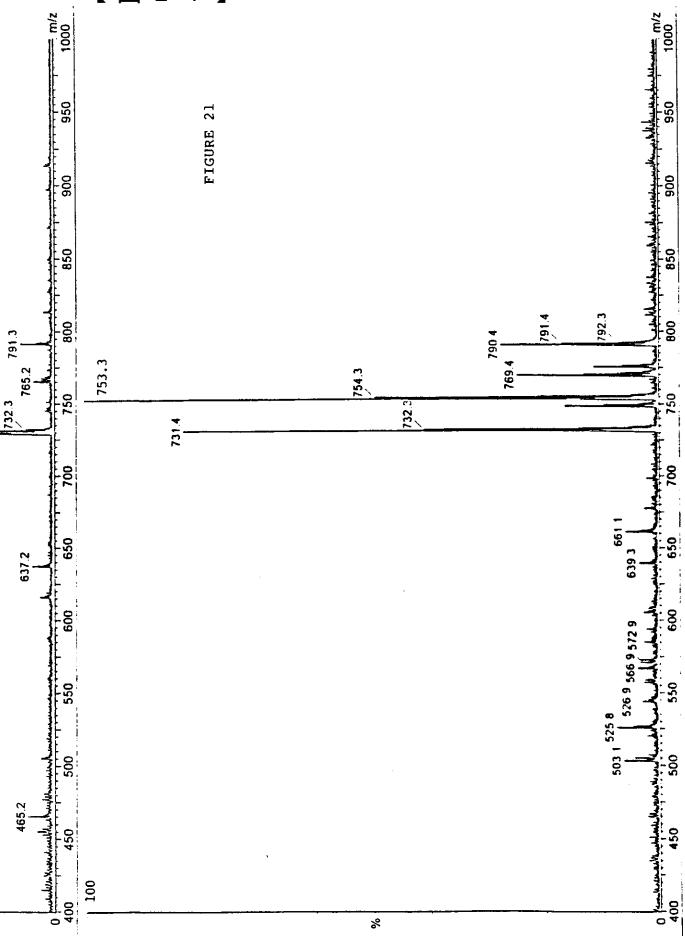
【図19】



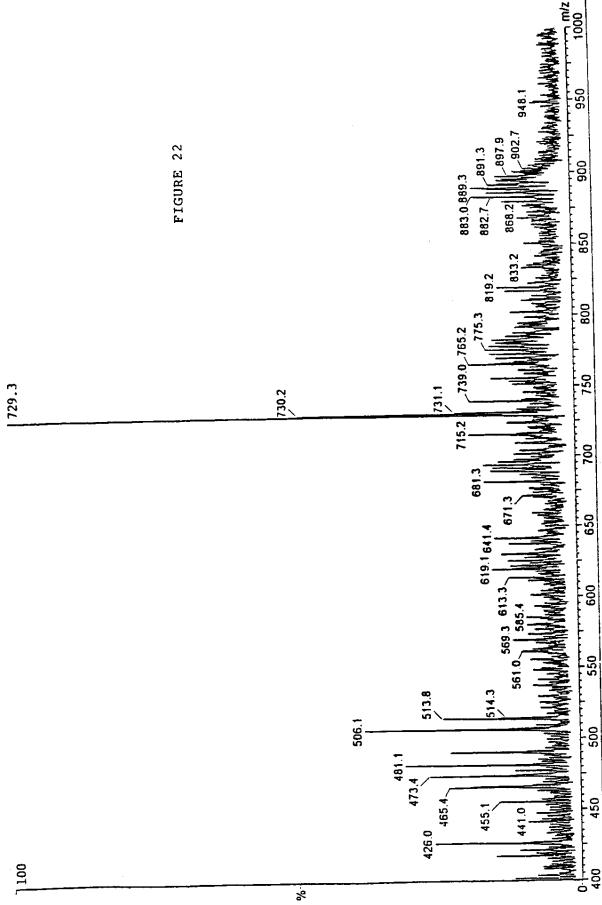
【図20】



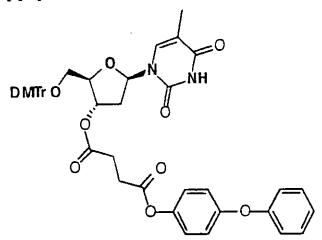
【図21】



【図22】



【 図 2 4 】



FT 17

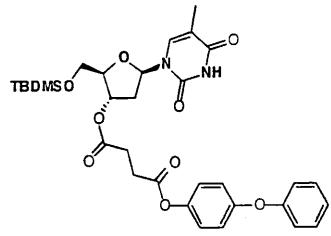
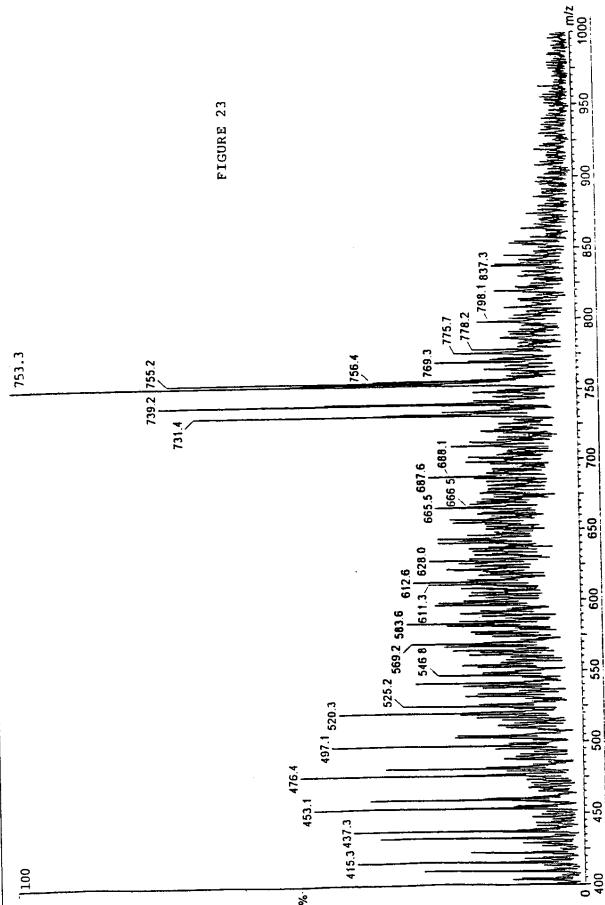
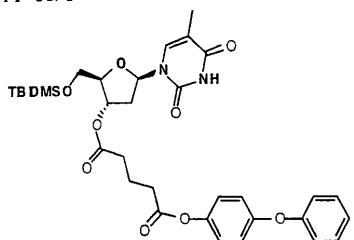


FIGURE 24

【図23】



【 25 】



FT23

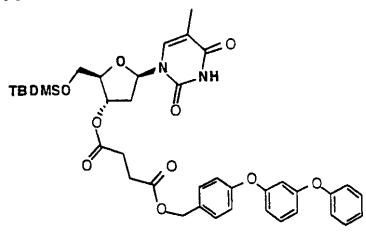


FIGURE 25

---

フロントページの続き

(31) 優先権主張番号 9726953.4

(32) 優先日 平成9年12月19日(1997.12.19)

(33) 優先権主張国 英国(GB)

(72) 発明者 シュミット、グンテル

イギリス国 ピーイー17 2ピーキュー ケンブリッジシャー ホートン ホートン マナー

(72) 発明者 トムソン、アンドリュー ヒュージン

イギリス国 ケーエー7 4アールエイチ エア アロウェイ ノール パーク 25

(72) 発明者 ジョンストン、ロバート アレクサンダー ウォーカー

イギリス国 エル63 9エルディー ベピントン ポートン ロード 39

審査官 植原 克典

(56) 参考文献 國際公開第95/004160 (WO, A1)

(58) 調査した分野(Int.Cl., DB名)

C12Q 1/68

G01N 27/62

CA/BIOSIS/WPIDS(STN)