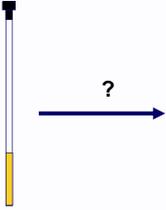






Utilización combinada de experimentos 2D



Estrategias para la elucidación estructural





Spectral Interpretation

General Process for Structure Elucidation of an Unknown

- Normally the molecular formula is derived from a combination of ^{13}C NMR, DEPT and MS data.
- Using IR, UV and ^{13}C NMR the functional groups can be proposed
- ^1H NMR coupling data or 2D NMR correlations are used to assemble substructures
- The substructures are then combined into 'working structures' using all possible combinations of the substructures
- Check structures for consistency with the 2D-NMR data and MS fragmentations *etc.*
- ^{13}C chemical shifts of the surviving structure(s) are then compared with literature, database or predicted values to confirm the 2D structure of the molecule.
- To determine the relative stereochemistry of the molecule, ^1H coupling constant (J) and Nuclear Overhauser (NOE) data is used

Need to Verify as early as possible if the structure has already been identified

- Don't want to waste time and effort re-discovering a compound
- Done by using a combination of molecular formula, substructure and chemical structure databases

Nat. Prod. Rep., 1999, 16, 241-248

Unitat de RMN Centres Científics i Tecnològics





Experimentos básicos

- Experimentos 1D
 - Protón
 - Carbono 13 –DEPT
- Experimentos 2D
 - gHSQC Correlación 1H-13C, identificación protones geminales
 - Identificación de sistemas de spin
 - COSY
 - TOCSY
 - HSQC-TOCSY
 - Unión de subestructuras, asignación C cuaternarios
 - HMBC
 - H2BC
 - Inadecuate
 - Determinación estereoquímica
 - NOESY/ROESY
 - Análisis de los acoplamientos 1H-1H

Unitat de RMN Centres Científics i Tecnològics

Estrategia/s

En el Cosy las correlaciones a 2,3 o 4 enlaces pueden originar confusión
 En el Tocsy no se pueden diferenciar las correlaciones a 2,3,4 o mas enlaces
 En los exp de HMBC es difícil diferenciar las correlaciones a 2 y 3 enlaces (se requieren varios exp)
 En los experimentos de Cosy y HMBC pueden faltar algunas señales de correlación ($^3J_{HH}$ y $^3J_{CH}$ pequeñas)

Comprobar la consistencia de los estructuras propuestas con todos los datos de los experimentos 2D

Unitat de RMN Centres Científics i Tecnològics

Condiciones de adquisición I

- gCOSY y COSY 45 (muy sensibles)**
 Exp con gradientes
 Las señales fuera de la diagonal indican acoplamiento entre protones.
 Exp previo:
 at=0.3s d1=0.8s ni=128 nt=2 tiempo: 10 minutos
 Exp con más resolución y/o muestras diluidas
 at=0.3s d1=1s ni=256 nt=2-4 tiempo: 30 minutos.
 Procesado en valor absoluto, función de procesado sine-bell squared, predicción lineal 2^*ni en F1
- gDQFCOSY (sensible)**
 Filtro de doble cuanto (disminución intensidad de los singuletes)
 Las señales fuera de la diagonal indican acoplamiento entre protones.
 at=0.3s d1=1s ni=256-512 nt=2-4 tiempo: 30-60 minutos
 Experimento sensible a la fase, función de procesado gaussian o seno-cuadrado, predicción lineal 2^*ni en F1

Unitat de RMN Centres Científics i Tecnològics

HSQC, HSQCAD, gHSQC, gHSQCAD, HMQC y gHMQC

Correlaciones $^1H-^{13}C$ a un enlace $J_{^1H-^{13}C}=110-146$ Hz

- g:** Uso de gradientes para la selección de la transferencia de coherencia (reducción de sensibilidad $\sqrt{2}$)
- AD:** Utilización de pulsos adiabáticos, compensan la dispersión de valores de $J_{^1H-^{13}C}$ y mejoran los pulsos de 180°

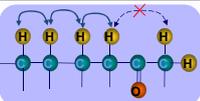
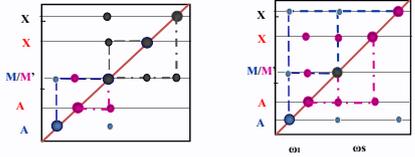
- gHSQC y gHSQCAD óptimos cuando se dispone de suficiente muestra como para que $nt=1$. El gHSQCAD con $nt=2$ es preferible cuando el exp es editado
- En el HSQC y sus variantes las señales en F1 son más "agudas" ya que se elimina el acoplamiento $^1H-^1H$ (en el HMQC no)
- EL HSQC es más sensible a los errores de los pulsos que el HMQC (tiene más pulsos de 180°). HMQC preferible en los equipos antiguos sin amplificadores lineales.
- Para compuestos de elevado peso molecular el HSQC es mejor que el HMQC ya que los tiempos internos de la secuencia son más pequeños

Unitat de RMN Centres Científics i Tecnològics

Tocsy/zTocsy

U Institut
B Universitat de Barcelona

- Determinar sistemas de acoplamiento
- Peptidos, polisacáridos
- Resolver ambigüedades del COSY

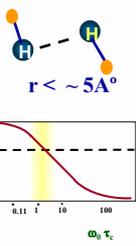
Condiciones
 at=0.100-0.200s d1=1 ni=256 nt=2 mix=0.7-0.100
 tiempo: 30-40 minutos
 Experimento en fase; función de procesado: gaussiana
 Predicción lineal ni*2

Unitat de RMN Centres Científics i Tecnològics

NOESY / ROESY

U Institut
B Universitat de Barcelona

- Determinar relaciones espaciales
- Protones próximos en el espacio (acoplamiento dipolar)
- NOESY
- Moléculas pequeñas: SC signo contrario que SD (NOE +)
- Moléculas grandes: SC y SD de igual signo (NOE -)
- Moléculas medianas (aprox 800-1600 Da) NOE=0
- ROESY
- SC signo contrario que SD. Independiente del tamaño



Condiciones
 at=0.100-0.200s d1=1 ni=256 nt=4-8 tiempo: 3-4 horas
 Noesy mix=0.100-1.0 s
 Roesy (mix=0.100- 0.300s) → **Depende del tamaño del compuesto**
 Experimento en fase; función de procesado: gaussiana
 Predicción lineal ni*2- 4

Unitat de RMN Centres Científics i Tecnològics

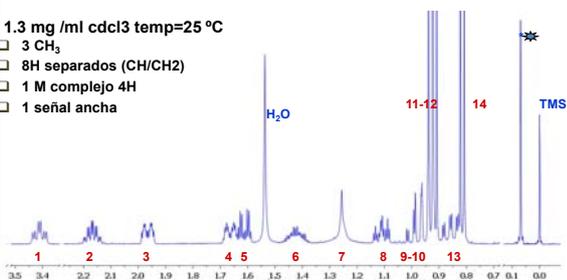
Pasos previos: Espectro de 1H

U Institut
B Universitat de Barcelona

Determinación del número de 1H y de su desplazamiento

1.3 mg /ml cdcl3 temp=25 °C

- 3 CH₃
- 8H separados (CH/CH₂)
- 1 M complejo 4H
- 1 señal ancha



Análisis elemental/masas/espectro de 13C
 $U = C + 1 - 1/2(H + X - N)$
 $C_{10}H_{20}O$ → 1 insaturación/ciclo

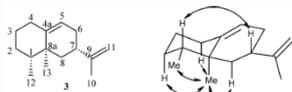
Unitat de RMN Centres Científics i Tecnològics

NMR Spectroscopy



Numerous Examples of Incorrect Structures in the Literature

- coupling correlation not always sufficient to properly determine a structure
- NOEs can provide critical correlations that are not evident simply from coupling

Table 1. NMR Data for Compound 3^a

position	proton ^b	δ /H	COSSY	NOESY	J /Hz	HMBC
1	H-1	1.64 (m)	H-2, H-2', H-12	H-7, H-8	28.71	H-2, H-2', H-6, H-13
2	H-2	1.49 (m)	H-1, H-2', H-2"	H-13	31.60	H-12
3	H-3'	1.20 (m)	H-1, H-2, H-3, H-4"	H-13	29.26	H-2', H-4'
4	H-3	1.20 (m)	H-2', H-3"	H-8	32.30	H-3, H-5
4	H-4'	1.90 (m)	H-2', H-4"	H-13	146.30	H-13, H-1, H-3, H-2', H-4, H-4', H-6, H-6', H-7', H-8'
4	H-4	2.17 (m)	H-3, H-3', H-4	H-13	31.50	H-4, H-4', H-6, H-6', H-8'
5	H-5	5.33 (brd, 6.0)	H-6, H-6'	H-4	117.90	H-4, H-4', H-6, H-6', H-8'
6	H-6	1.80 (m)	H-5, H-6', H-7	H-4	37.71	H-5, H-6', H-10
6	H-6'	1.84 (m)	H-5, H-6, H-7	H-4	39.65	H-7, H-13
7	H-7	2.12 (brd, 13.0)	H-6, H-6', H-8'	H-4	39.65	H-7, H-13
8	H-8	1.90 (brd, 13.0)	H-7, H-8	H-12	39.65	H-7, H-13
8	H-8'	1.13 (brd, 13.0, 13.0)	H-7, H-8	H-12	39.65	H-7, H-13
9a					39.65	H-1, H-5, H-13
9b					100.28	H-7, H-8, H-6', H-10, H-11
10	H-10	1.72 (s)	H-11	H-10	2.006	H-7, H-13
11	H-11	4.70 (br)	H-10	H-10	108.26	H-7, H-10
12	H-12	0.71 (s)	H-10	H-10	2.006	H-7, H-13
12	H-12	0.78 (s, T 0)	H-1	H-11, H-8	20.72	H-1, H-2, H-2'
13	H-13	0.91 (s)	H-1	H-2, H-2', H-4', H-8	15.26	H-1, H-8'

^a All spectra were recorded on a Bruker AMX 500, in CDCl₃. Chemical shifts are expressed in ppm, and J values in parentheses are in Hz. ^b In proton numbering, protons at pseudoaxial positions are denoted with prime symbol (').

J. Nat. Prod. 2004, 67, 1996-2001

Unitat de RMN, Centres Científics i Tecnològics