



HAL
open science

Caractérisation de nouveaux dérivés et analogues de la nétropsine et identification de leurs intermédiaires de synthèse par spectrométrie de masse FAB

Jean-Louis Aubagnac, Françoise Debart, Driss Mrani, Gilles Gosselin, Bernard
Rayner, Jean-Louis Imbach

► **To cite this version:**

Jean-Louis Aubagnac, Françoise Debart, Driss Mrani, Gilles Gosselin, Bernard Rayner, et al.. Caractérisation de nouveaux dérivés et analogues de la nétropsine et identification de leurs intermédiaires de synthèse par spectrométrie de masse FAB. *Journal of Heterocyclic Chemistry*, 1991, 28 (1), pp.145-151. 10.1002/jhet.5570280126 . hal-04600793

HAL Id: hal-04600793

<https://hal.science/hal-04600793v1>

Submitted on 4 Jun 2024

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Caractérisation de nouveaux dérivés et analogues de la nétropsine et identification de leurs intermédiaires de synthèse par spectrométrie de masse FAB [1]

Jean-Louis Aubagnac*

Laboratoire de Synthèse et d'Etudes Physicochimiques, URA 468 du CNRS, case courrier 019,
Université de Montpellier II, Sciences et Techniques du Languedoc, Place Eugène Bataillon,
34095 Montpellier-Cédex-5, France

Françoise Debart, Driss Mrani, Gilles Gosselin,

Bernard Rayner et Jean-Louis Imbach*

Laboratoire de Chimie Bio-organique, URA 488 du CNRS, case courrier 008,
Université de Montpellier II, Sciences et Techniques du Languedoc, Place Eugène Bataillon,
34095 Montpellier-Cédex-5, France

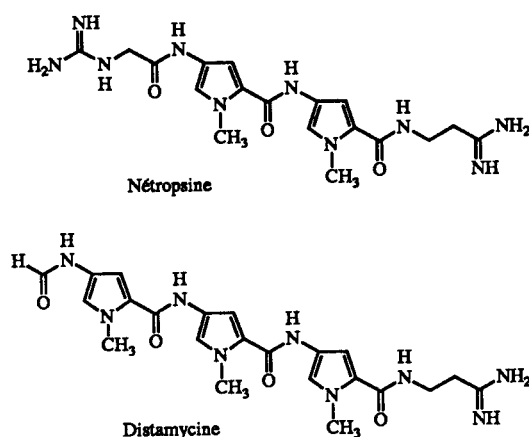
The fast-atom bombardment (FAB) mass spectra of a series of netropsin derivatives and analogues were examined in positive-ion and when necessary negative-ion modes. Behaviour of these derivatives was related to that of oligopeptides. Some compounds protected by *t*-butoxycarbonyl groups were also investigated using this technique and showed characteristic fragmentations.

Introduction.

La nétropsine (synonyme congocidine) [2] et la distamycine [3] (Figure I) sont des pseudooligopeptides naturels contenant respectivement deux et trois résidus 4-amino-1-méthylpyrrole-2-carboxylate. A ce jour, ces deux substances ont suscité un important intérêt en raison d'une part de leurs activités antivirales et antiprolifératives notables [4], d'autre part de leur aptitude à se fixer sélectivement au niveau de séquences (adenine-thymine)_n dans le petit sillon de l'ADN en conformation B, et ce de façon non covalente et non intercalante [5]. Leurs propriétés biologiques remarquables ont ainsi conduit diverses équipes de recherches à entreprendre la synthèse et l'évaluation biologique de nombreux analogues de la nétropsine et de la distamycine. Bien que la spectrométrie de masse en impact électronique ait été parfois utilisée lors de la caractérisation de certains de ces analogues et de leurs intermédiaires de synthèse [6-10], cette technique s'est révélée dans la plupart des cas inefficace en raison principalement de leur instabilité thermique et de leur faible volatilité. Par contre il a été récemment montré que des techniques d'ionisation plus douces [désorption par champ, bombardement par des atomes lourds (FAB) et désorption dans un plasma d'ionisation chimique] permettent d'obtenir des informations fondamentales sur la structure de la distamycine et de certains de ses analogues [11,12].

Dans ce travail nous présentons nos résultats en spectrométrie de masse FAB, technique particulièrement adaptée à l'étude de composé polaires [13,14] et notamment de peptides [15,16], sur un certain nombre d'analogues et de dérivés de la nétropsine synthétisés dans notre laboratoire.

Figure I



Resultats et discussion.

Composés étudiés.

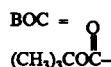
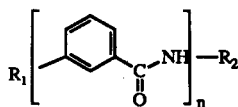
Les structures des analogues et dérivés de la nétropsine qui font l'objet de ce travail sont présentées dans les Figures II à V. La synthèse des composés 1-14 [17] et 15-18 [18] a été précédemment rapportée, celle des composés 19-22 [19] est en cours de rédaction.

Spectres de masse.

Les principaux ions observés dans les spectres de masse FAB en mode positif (et également négatif pour 5, 7, 15 et 17) sont consignés dans le Tableau I. Les spectres FAB, en mode positif, présentent certaines similitudes avec ceux des peptides [15,16,20-22] et comportent trois parties distinctes:

- l'ion quasimoléculaire (protoné), généralement abon-

Figure II



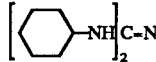
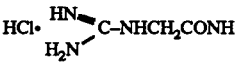
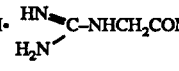

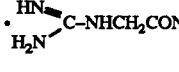


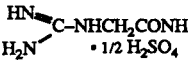

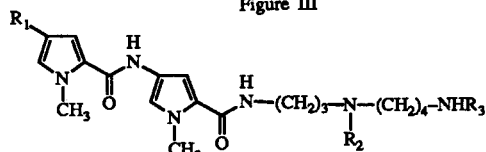
Composé	n	R ₁	R ₂
1	1	NO ₂	(CH ₂) ₃ N(CH ₂) ₄ NHBOC
2	1	NH ₂	(CH ₂) ₃ N(CH ₂) ₄ NHBOC
3	2	NO ₂	(CH ₂) ₃ N(CH ₂) ₄ NHBOC
4	2	NH ₂	(CH ₂) ₃ N(CH ₂) ₄ NHBOC
5	2	 C-N	(CH ₂) ₃ N(CH ₂) ₄ NHBOC
6	2	HCl • 	(CH ₂) ₃ N(CH ₂) ₄ NHBOC
7	2	HO ₂ C-CH ₂ -CH ₂ - (C ₂ H ₅) ₃ N	(CH ₂) ₃ N(CH ₂) ₄ NHBOC
8	2	BOC NH(CH ₂) ₃ N(CH ₂) ₃ NHCO(CH ₂) ₂	(CH ₂) ₃ N(CH ₂) ₄ NHBOC
9	2	NH ₂ (CH ₂) ₄ NH(CH ₂) ₃ NHCO(CH ₂) ₂ • 2 CF ₃ COOH	(CH ₂) ₃ NH(CH ₂) ₄ NH ₂ • 2 CF ₃ COOH
10	2	CF ₃ COOH • 	(CH ₂) ₃ NH(CH ₂) ₄ NH ₂ • 2 CF ₃ COOH
11	2	HCl • NH ₂	CH ₂ -CH ₂ -  • HCl
12	2	1/2 H ₂ SO ₄ • 	CH ₂ -CH ₂ -  • 1/2 H ₂ SO ₄
13	2	HCONH	CH ₂ -CH ₂ -  • 1/2 H ₂ SO ₄
14	2	 • 1/2 H ₂ SO ₄	CH ₂ -CH ₂ -  • 1/2 H ₂ SO ₄

Figure III



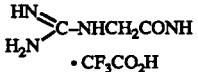
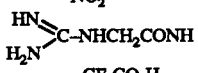
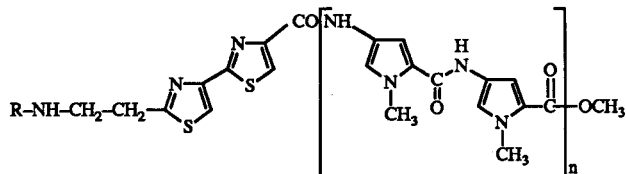
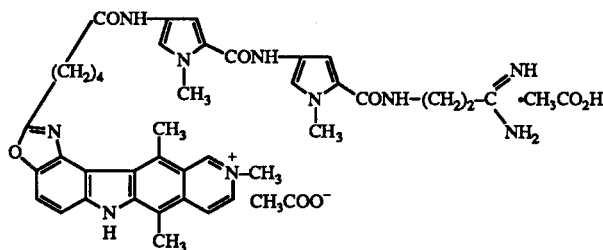
Composé	R ₁	R ₂	R ₃
15	NO ₂	BOC	BOC
16	 • CF ₃ CO ₂ H	BOC	BOC
17	NO ₂	H • CF ₃ CO ₂ H	H • CF ₃ CO ₂ H
18	 • CF ₃ CO ₂ H	H • CF ₃ CO ₂ H	H • CF ₃ CO ₂ H

Figure IV



Composé	n	R
19	0	BOC
20	1	BOC
21	1	H • CF ₃ CO ₂ H

Figure V



22

nant, dans la partie supérieure du spectre, et permettant de déduire la valeur de la masse moléculaire du composé, - quelques ions significatifs de la structure mais de plus faible abondance dans la partie intermédiaire du spectre, - enfin, aux masses peu élevées, des ions plus abondants, caractéristiques des groupements fonctionnels.

En ce qui concerne le spectre FAB en mode négatif du composé **5**, on observe, outre l'ion quasimoléculaire $[\text{M}-\text{H}]^-$ ($m/z = 788$), un autre ion ($m/z = 824$) correspondant à $[\text{M} + \text{Cl}]^-$; cette attribution a été confirmée par la distribution isotopique de cet ion imputable à l'atome de chlore [$m/z = 824-826$ (3:1)].

Pour les composés **6**, **7**, **9-14**, **16-18** et **21-22** qui avaient été isolés sous forme de sel, leur nature (cationique ou anionique) conditionne le choix du mode d'ionisation et les résultats obtenus sont en accord avec ceux relatifs à divers sels organiques que nous avons précédemment publiés [23-25].

Ainsi pour les composés **12** et **14** qui présentent une structure cationique du type C^+ , HSO_4^- , l'ion C^+ (m/z respectivement égal à 451 et 425) est observé avec une abondance notable dans les spectre FAB en mode positif. De plus la présence dans le spectre de l'ion adduit $[\text{C} + \text{H}_2\text{SO}_4]^+$ (m/z respectivement égal à 549 et 523) permet de confirmer que l'anion sulfate fait bien partie de la molécule.

Dans le cas du composé **7**, qui présente une structure anionique du type A^- , $(\text{C}_2\text{H}_5)_3\text{NH}^+$, l'anion A^- ($m/z = 682$) est l'ion le plus abondant dans le spectre FAB en mode

Table I
Spectres de masse FAB des composés I-22

Composé	Formule brute	Masse moléculaire	Mode d'ionisation + = mode positif - = mode négatif	Ion(s) caractéristique(s) de la structure moléculaire	m/z (intensité relative, %)			Autres ions caractéristiques
					Ions résultants de la fragmentation des groupements BOC	Ions résultants de la fragmentation des liaisons peptiques. B	Y"	
1	C ₂₄ H ₃₈ N ₄ O ₇	494	+	[M+H] ⁺ 495 (17)	395 (31), 339 (100), 295 (9)	150 (29)	-	-
2	C ₂₄ H ₄₀ N ₄ O ₅	464	+	[M+H] ⁺ 465 (35)	395 (35), 309 (28), 265 (15),	120 (100)	346 (47)	-
3	C ₃₁ H ₄₃ N ₅ O ₈	613	+	[M+H] ⁺ 614 (100)	514 (86)	-	-	-
4	C ₃₁ H ₄₅ N ₅ O ₆	583	+	[M+H] ⁺ 584 (4)	484 (24), 428 (20), 384 (13)	239 (48) 120 (100)	346 (12)	-
5	C ₄₄ H ₆₇ N ₇ O ₆	789	+	[M+H] ⁺ 790 (100)	-	-	-	-
5	C ₄₄ H ₆₇ N ₇ O ₆	789	-	[M-H] ⁻ 788 (20)	-	-	-	824 (100)
6	C ₃₄ H ₅₀ N ₈ O ₇	682 + 36 =	+	[M+H-HCl] ⁺ 683 (32)	583 (1), 483 (11)	239 (72) 120 (100) 100 (100)	-	-
	•HCl	718						
7	C ₃₅ H ₄₉ N ₅ O ₉	683 + 101 =	-	[M-H-(C ₂ H ₅) ₃ N] ⁻ 682 (100)	-	-	-	-
	•(C ₂ H ₅) ₃ N	784						
8	C ₅₂ H ₈₂ N ₈ O ₁₂	1010	+	[M+H] ⁺ 1011 (4)	911 (31), 855 (2), 811 (5), 711 (7), 611 (22)	239 (26) 120 (100)	346 (25)	-
9	C ₃₂ H ₅₀ N ₈ O ₄	610 + 456 =	+	[M+H-4CF ₃ COOH] ⁺ 611 (18)	-	239 (19) 120 (100)	-	-
	• 4 CF ₃ COOH	1066						
10	C ₂₄ H ₃₄ N ₈ O ₃	482 + 342 =	+	[M+H-3CF ₃ COOH] ⁺ 483 (100)	-	-	-	-
	• 3 CF ₃ COOH	824		[M+H-2CF ₃ COOH] ⁺ 597 (10)				
11	C ₁₉ H ₂₁ N ₅ O ₂	351 + 72 =	+	[M+H-2HCl] ⁺ 352 (36)	-	239 (12) 120 (17)	-	97 (100) 44 (28)
	• 2 HCl	423		[2M+H-2HCl] ⁺ 703 (1)				
12	C ₂₂ H ₂₆ N ₈ O ₃	450 + 98 =	+	[M+H-H ₂ SO ₄] ⁺ 451 (23)	-	239 (9) 120 (17)	-	355 (4) 97 (100)
	• H ₂ SO ₄	548		[M+H] ⁺ 549 (8)				
13	C ₁₈ H ₁₉ N ₅ O ₃	353 + 49 =	+	[M+H- 1/2 H ₂ SO ₄] ⁺ 354 (100)	-	-	-	-
	• 1/2 H ₂ SO ₄	402						
14	C ₂₀ H ₂₄ N ₈ O ₃	424 + 98 =	+	[M+H-H ₂ SO ₄] ⁺ 425 (100)	-	239 (32) 120 (50)	-	355 (30)
	• H ₂ SO ₄	522		[M+H] ⁺ 523 (45)				
15	C ₂₉ H ₄₅ N ₇ O ₈	619	+	[M+H] ⁺ 620 (35)	520 (45), 464 (39), 420 (19)	275 (100) 123 (95)	-	-
15	C ₂₉ H ₄₅ N ₇ O ₈	619	-	[M-H] ⁻ 618 (100)	518 (10) 418 (5)	-	-	-
16	C ₃₂ H ₅₂ N ₁₀ O ₇	688 + 60 =	+	[M+H-CH ₃ COOH] ⁺ 689 (38)	-	123 (100)	-	781 (3) [M+Gly- cérol+H -CH ₃ COOH] ⁺
	• CH ₃ COOH	748						

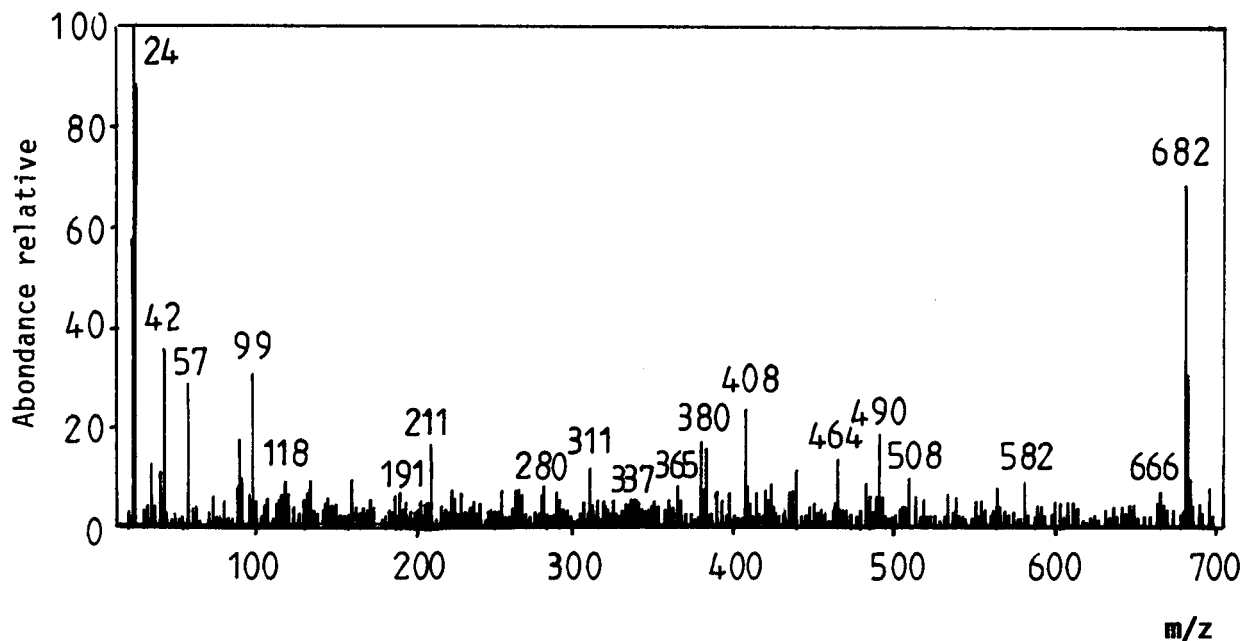
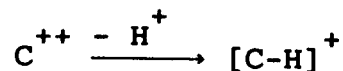
Table I (continued)

Composé	Formule brute	Masse moléculaire	Mode d'ionisation + = mode positif - = mode négatif	Ion(s) caractéristique(s) de la structure moléculaire	m/z (intensité relative, %)			Autres ions caractéristiques
					Ions résultants de la fragmentation des groupements BOC	Ions résultants de la fragmentation des liaisons peptiques. B Y''		
17	C ₁₉ H ₂₉ N ₇ O ₄ = 2 CF ₃ COOH	419 + 228 = 647	+	[M+H-2CF ₃ COOH] ⁺ 420 (100)	-	275 (42) 123 (26)	-	-
17	C ₁₉ H ₂₉ N ₇ O ₄ = 2 CF ₃ COOH	419 + 228 = 647	-	[M-H-2CF ₃ COOH] ⁻ 418 (2) [M-H-CF ₃ COOH] ⁻ 532 (5)	-	-	-	227 (9) 113 (100)
18	C ₂₂ H ₃₆ N ₁₀ O ₃ = 3 CF ₃ COOH	488 + 342 = 830	+	[M+H-3CF ₃ COOH] ⁺ 489 (57)	-	245 (21) 123 (100)	-	-
19	C ₁₅ H ₁₉ N ₃ S ₂ O ₄	369	+	[M+H] ⁺ 370 (100)	270 (50)	-	-	-
20	C ₂₇ H ₃₁ N ₇ S ₂ O ₆	613	+	[M+H] ⁺ 614 (100)	514 (90)	-	-	-
21	C ₂₂ H ₂₃ N ₇ S ₂ O ₄ = CF ₃ COOH	513 + 114 = 627	+	[M+H-CF ₃ COOH] ⁺ 514 (100)	-	-	-	-
22	C ₃₉ H ₄₃ N ₁₀ O ₄ = CH ₃ COOH, CH ₃ COO ⁻	715 + 119 = 834	+	[M-CH ₃ COOH-CH ₃ COO] ⁺ 715 (100)	-	-	-	-

négatif (Figure VI) [le spectre FAB en mode positif de **7** ne comporte comme principal ion que le cation triéthylammonium (C₂H₅)₃NH⁺, m/z = 102].

Enfin le spectre FAB en mode positif du composé **22**, ce dernier étant du type C⁺⁺, 2CH₃COO⁻, montre qu'il est possible de caractériser un cation doublement chargé à partir

de l'ion simplement chargé (m/z = 715, Figure VII), correspondant à la perte d'un proton selon l'équation suivante:

Figure VI. Spectre de masse FAB en mode négatif de **7**.

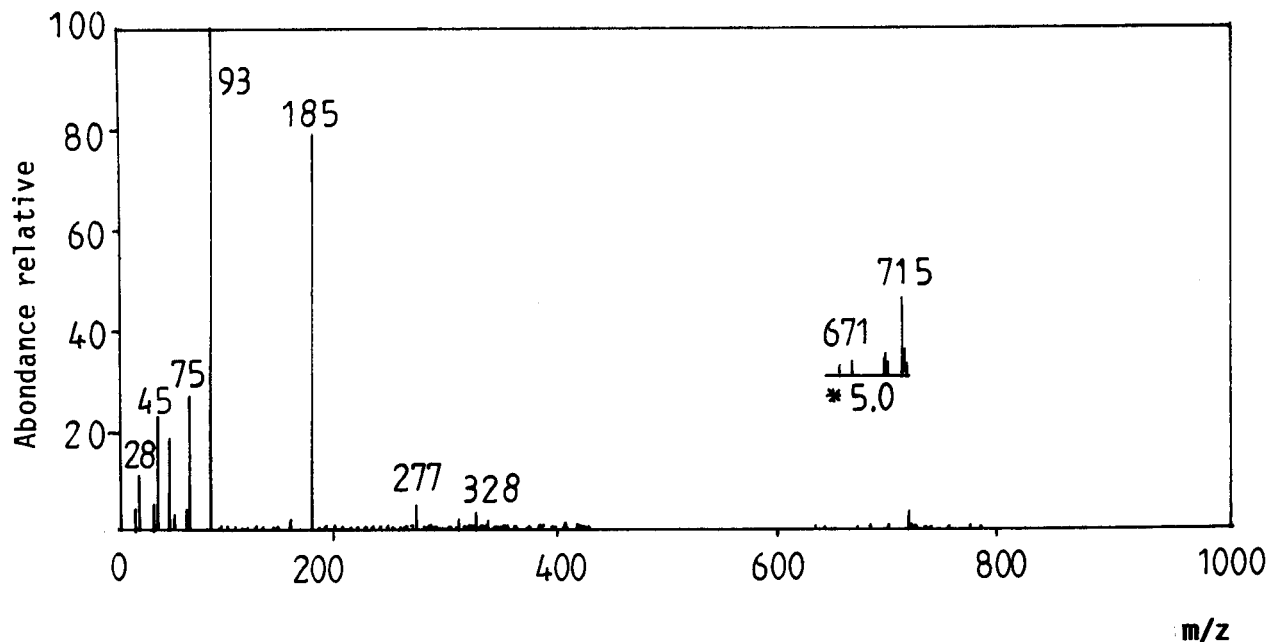
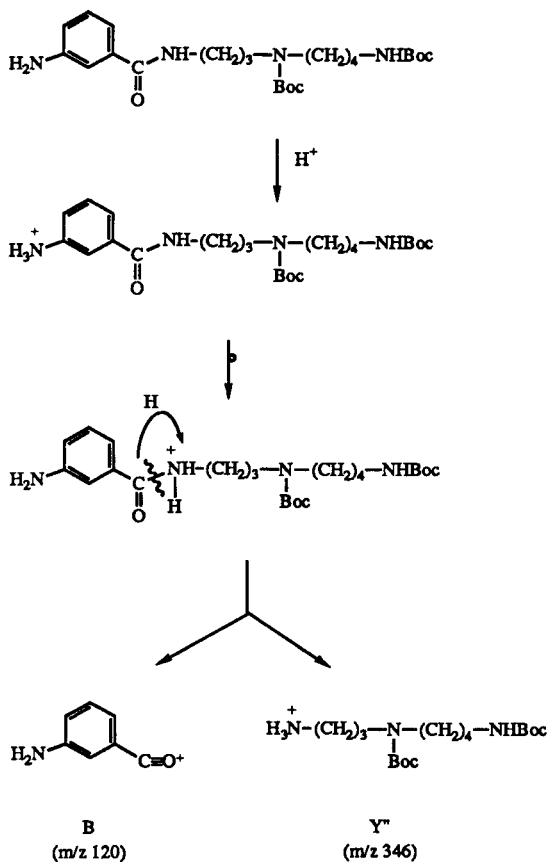


Figure VII. Spectre de masse FAB en mode positif de 22.

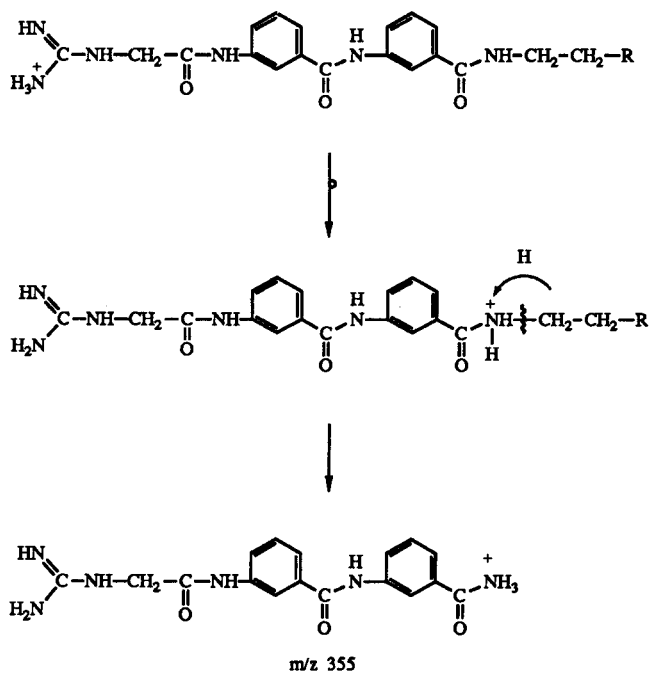
Pour tous les composés étudiés, les fragmentations observées en mode positif et impliquant les liaisons

Schéma I



amides sont en accord avec celles proposées pour les composés similaires que sont les peptides [26]. Ainsi, dans le spectre du composé 2, on observe, énumérés suivant la nomenclature de Roepstorff et Fohlmann [27], les ions B (m/z = 120) et Y'' (m/z = 346) caractéristiques respectivement des ses parties N- et C-terminales (Schéma I).

Schéma II



Une autre fragmentation caractéristique, conduisant à la formation de l'ion $m/z = 355$, a également été observée sur les spectres des composés **12** et **14**. Cette fragmentation (Schéma II) est similaire à celle préalablement observée dans les spectres FAB de certains peptides linéaires [28] et cycliques [29].

Les spectres FAB positif des analogues de la nétropsine comportant un ou plusieurs groupements protecteurs *t*-butoxycarbonyle (BOC) présentent des fragmentations spécifiques de ce groupement, déjà décrites dans le cas de BOC-aminoacides [30] et de BOC-peptides [26]. Ainsi le BOC est caractérisé par les pertes successives (56 daltons d'abord, 44 daltons ensuite) ou simultanées ($56 + 44 = 100$ daltons) de C_4H_8 et CO_2 (Schéma III). Plus généralement, lorsque le composé comporte n groupements BOC, cela se traduit par la présence aux masses élevées de $(n + 1)$ ions séparés par 100 daltons. Par exemple, dans le spectre FAB en mode positif du composé **8** ($M = 1010$), qui possède quatre groupements BOC, les ions suivants sont

observés: $m/z = 1011, 911, 811, 711$ et 611 (Tableau I et Figure VIII).

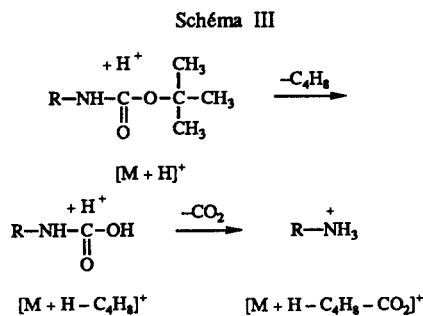


Figure IX

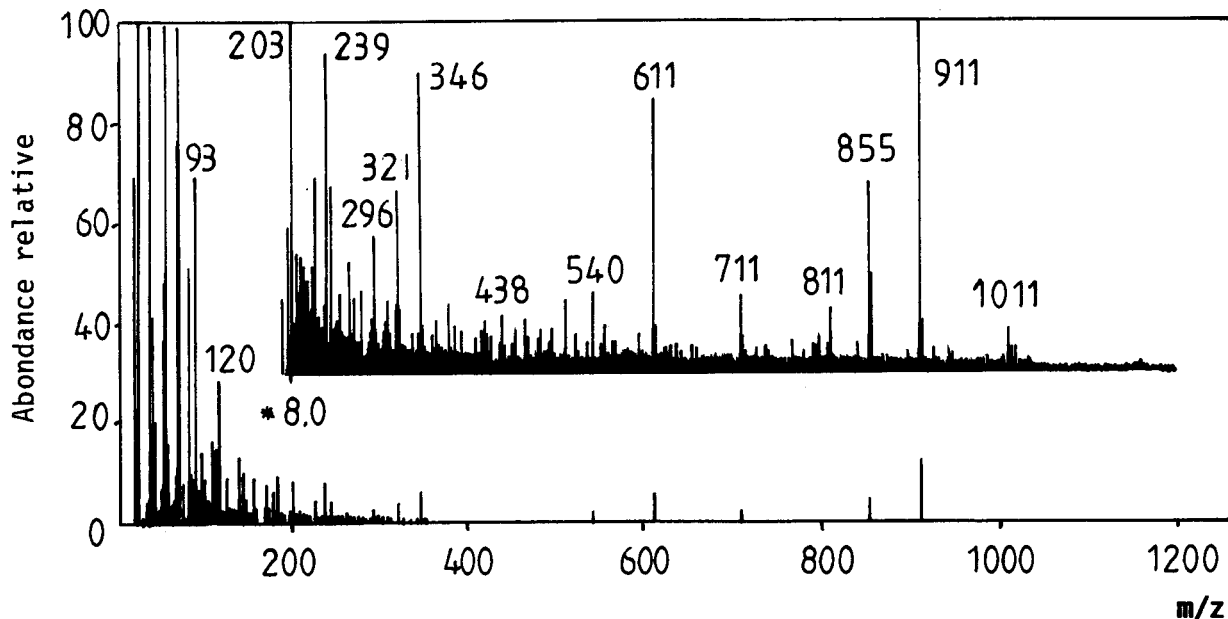
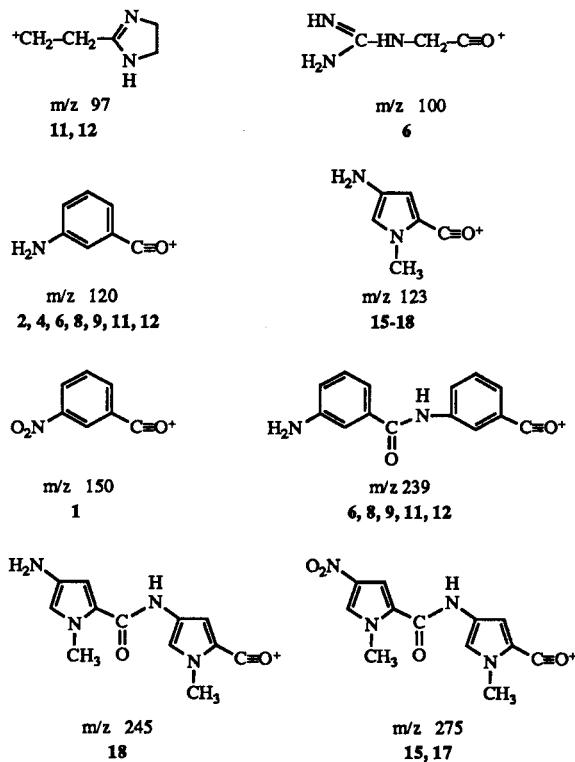


Figure VIII. Spectre de masse FAB en mode positif de **8**.

Enfin les spectres de masse de la plupart des composés étudiés comportent, dans la région correspondant aux masses peu élevées, divers ions caractéristiques de leur structure, et présentés dans la Figure IX.

Conclusion.

Les spectres FAB en mode positif (et éventuellement négatif) des analogues et dérivés de la nétropsine étudiés dans ce travail présentent d'intéressantes propriétés analytiques. D'une part ils permettent de déterminer la masse moléculaire du composé, d'autre part, lorsque le composé est un sel, la présence d'un ion adduit permet de déterminer sans ambiguïté la nature du contre-ion.

Dans le cas des composés possédant des groupements protecteurs BOC, il est en outre possible de déterminer le nombre de ces groupements, et ce à partir des fragmentations caractéristiques résultant en une perte de 100 daltons. Les autres ions fragments présents dans ces spectres sont généralement peu abondants et appartiennent aux deux catégories attendues, à savoir ions fragments des parties N- et C-terminales. Par rapport aux spectres FAB des composés apparentés que sont les peptides [21], les spectres étudiés dans ce travail présentent comme spécificité une plus grande abondance des ions acylium caractéristiques de la partie N-terminale.

En résumé, la spectrométrie de masse FAB constitue une méthode analytique de choix pour la caractérisation des dérivés de la nétropsine, et ce à partir d'une faible quantité d'échantillon et dans un temps très bref.

PARTIE EXPERIMENTALE

Les spectres FAB en modes positif et négatif ont été enregistrés sur un spectromètre de masse JEOL DX300, équipé du traitement automatique des données DA 5000. Le gaz utilisé est le xénon. L'énergie du faisceau d'atomes neutres est égale à 3 Kev et le courant d'émission à 20 mA. Les matrices utilisées sont: le glycérol, le mélange glycérol-thioglycérol (50:50, v/v) ou l'alcool *meta*-nitrobenzylrique. Pour chaque spectre, 2 μ l d'une solution de l'échantillon dissous dans 100 μ l de la matrice sont déposés sur la cible.

Remerciements.

Les auteurs remercient Mme M. Roque pour son aide technique et Mme C. Duguet pour la dactylographie du manuscrit.

REFERENCES ET NOTES

[1] Une communication préliminaire d'une partie de ce travail a été présentée à la 11th International Mass Spectrometry Conference, Bordeaux, France, 29 August-2 September 1988; J.-L. Aubagnac, F. Debart, B. Rayner, G. Gosselin et J.-L. Imbach, *Adv. Mas Spectrom.*, **11**, 1362

(1989).

- [2] M. Julia et N. Préau-Joseph, *Bull. Soc. Chim. France*, 4348 (1967).
[3] F. Arcamone, P. G. Orezzi, W. Barbieri, V. Nicoletta et S. Penco, *Gazz. Chim. Ital.*, **67**, 1097 (1967).
[4] Pour une revue, voir: F. E. Hahn, *Antibiotics III. Mechanism of Action of Antimicrobial and Antitumor Agents*, J. W. Corcoran et F. E. Hahn, eds, Springer-Verlag, New York, 1975, pp 79-100.
[5] Pour une revue, voir: C. Zimmer et U. Wahnert, *Prog. Biophys. Mol. Biol.*, **47**, 31 (1986).
[6] M. Bialer, B. Yagen, R. Mechoulam et Y. Becker, *J. Pharm. Sci.*, **69**, 1334 (1980).
[7] P. L. Gendleer et H. Rapoport, *J. Med. Chem.*, **24**, 33 (1981).
[8] F. Arcamone, E. Lazzari, M. Menozzi, C. Soranzo et M. A. Verini, *Anti-Cancer Drug Des.*, **1**, 235 (1986).
[9] M. Rajagopalan, K. E. Rao, J. Ayer et V. Sasisekharan, *Indian J. Chem.*, **26B**, 1021 (1987).
[10] K. Krowicki et J. W. Lown, *J. Org. Chem.*, **52**, 3493 (1987).
[11] E. Arlandini, L. Franzoi, B. Gioia et G. Sollazzo, *Biomed. Environ. Mass Spectrom.*, **16**, 419 (1988).
[12] B. Gioia, E. Arlandini, D. Borghi, E. Configliacchi, G. Marazzi, M. Menozzi, N. Mongelli et F. M. Arcamone, *Adv. Mass Spectrom.*, **11**, 1384 (1989).
[13] M. Barber, R. S. Bordoli, R. D. Sedgwick et A. N. Tyler, *Nature*, **293**, 270 (1981).
[14] K. L. Rinehart, *Science*, **218**, 254 (1982).
[15] D. H. Williams, C. Bradley, G. Bojesen, S. Santikarn et L. C. E. Taylor, *J. Am. Chem. Soc.*, **103**, 5700 (1981).
[16] K. Biemann et S. Martin, *Mass Spectrom. Rev.*, **6**, 1 (1987).
[17] F. Debart, Thèse de Doctorat, Université de Montpellier II, Sciences et Techniques du Languedoc, Septembre 1989.
[18] F. Debart, C. Périgaud, G. Gosselin, D. Mrani, B. Rayner, P. Le Ber, C. Auclair, J. Balzarini, E. De Clercq, C. Paoletti et J.-L. Imbach, *J. Med. Chem.*, **32**, 1074 (1989).
[19] D. Mrani, G. Gosselin et J.-L. Imbach, résultats non publiés.
[20] H. R. Morris, M. Panico, M. Barber, R. S. Bordoli, R. D. Sedgwick et A. Tyler, *Biochem. Biophys. Res. Commun.*, **101**, 623 (1981).
[21] D. H. Williams, C. V. Bradley, S. Santikarn et G. Bojesen, *Biochem. J.*, **201**, 105 (1982).
[22] K. Eckart, H. Schwarz, M. Chorev et G. Gilon, *Eur. J. Biochem.*, **157**, 209 (1986).
[23] G. Cerveau, C. Chuit, R. J. P. Corriu, L. Gerbier, C. Reye, J.-L. Aubagnac et B. El Amrani, *Int. J. Mass Spectrom., Im. Proc.*, **82**, 259 (1988).
[24] J.-L. Aubagnac, F. H. Cano, R. Claramunt, J. Elguero, R. Faure, C. Foces-Foces et P. Raj, *Bull. Soc. Chim. France*, 905 (1988).
[25] G. Cerveau, C. Chuit, R. J. P. Corriu, C. Reye et J.-L. Aubagnac, *Int. J. Mass Spectrom., Im. Proc.*, **91**, 145 (1989).
[26] E. R. Bathelt et W. Heerma, *Biomed. Environ. Mass Spectrom.*, **14**, 53 (1987).
[27] R. Roepstorff et J. Fohlmann, *Biomed. Mass Spectrom.*, **11**, 601 (1984).
[28] S. Seki, H. Kambara et M. Noaki, *Org. Mass Spectrom.*, **20**, 18 (1985).
[29] K. Eckart et H. Schwarz, *Helv. Chim. Acta*, **70**, 489 (1987).
[30] G. V. Garner, D. B. Gordon, L. W. Tetler et R. D. Sedgwick, *Org. Mass Spectrom.*, **18**, 486 (1983).