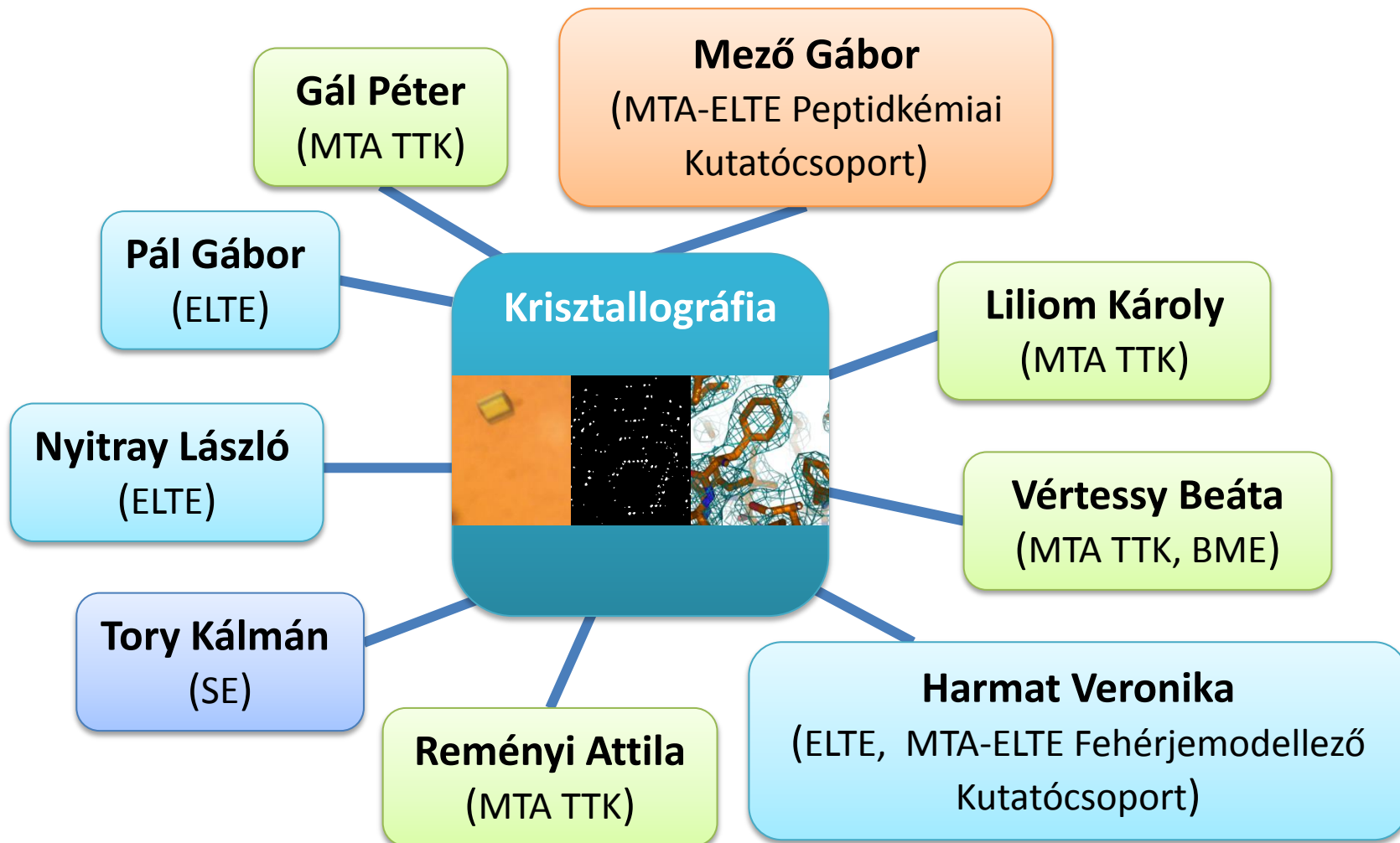


Fehérjekristallográfiai együttműködés az ELTE Kémiai Intézet kristályosító labor és röntgendiffraktométer felhasználásával



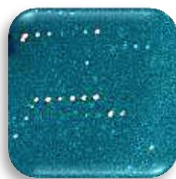
Az együttműködés céljai



Fehérjék kristályosítása

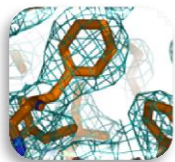


Kristályosító labor



Röntgendiffrakciós vizsgálatok

- A kristályok tesztelése, a kristályosítási körülmények optimalizálása
- Röntgendiffrakciós adatgyűjtés, szerkezetmeghatározás



*Rigaku R-AXIS IV++
forgóanódos
röntgendiffraktométer*

Kristályosítás



A kristályosítási körülmények előzetes szűrése és az ígéretes körülmények optimalizálása

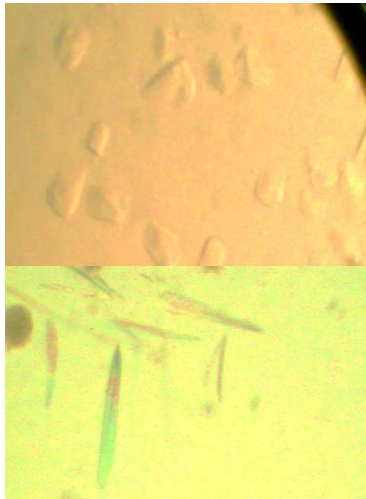


Kristályosítás

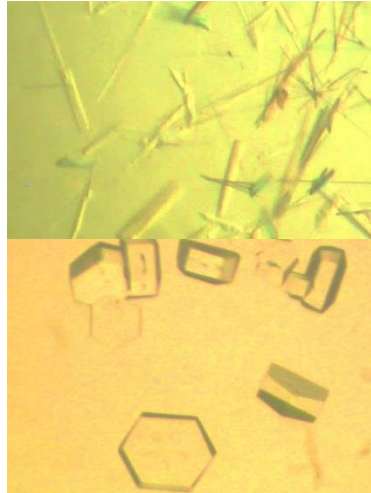


A kristályosítási körülmények előzetes szűrése és az ígéretek körülmények optimalizálása

- MASP2-peptid komplexek (Gál P., Pál G., Mező G.)
- Emberi és Plasmodium falciparum kalmodulin peptid komplexe (Liliom K.)
- Emlős (sertés) acilpeptid hidroláz komplexei (Harmat V.)
- Podocin coiled-coil fragmentumok (Tory K.)



*MASP-2 – peptid
komplex kristályok*



*Kalmodulin-peptid
komplexek kristályai*



*Acilpeptid hidroláz
kristályok*

Tesztmérések

Cél: felkészülés a szinkrotronnál történő mérésre:



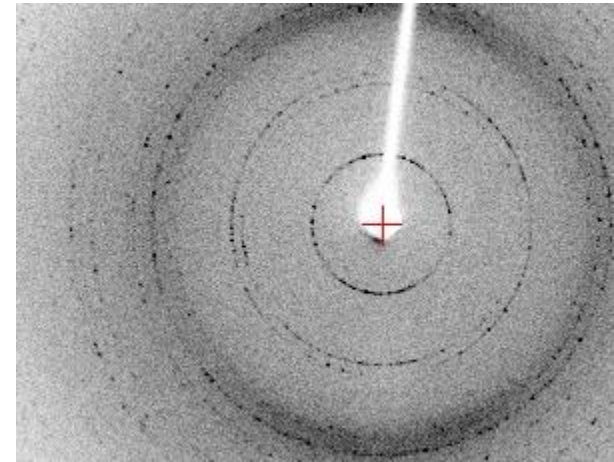
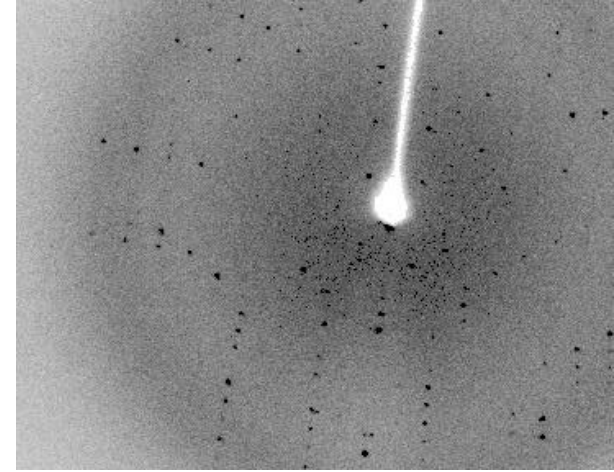
Tesztmérések



Cél: felkészülés a szinkrotronnál történő mérésre:

- Fehérjekristályok megkülönböztetése só vagy kismolekulás kristályoktól
- Elemi cella meghatározása, nemkivánt kristályformák kiszűrése
- Alacsony hőmérsékletű méréshez szükséges krio-védőoldat optimális összetételének meghatározása

- MASP2-peptid komplexek (Gál P., Pál G., Mező G.)
- S100 komplexek (Nyitray L.)
- Kalmodulin-peptid komplexek (Liliom K.)
- Emlős acilpeptid hidroláz (Harmat V.)



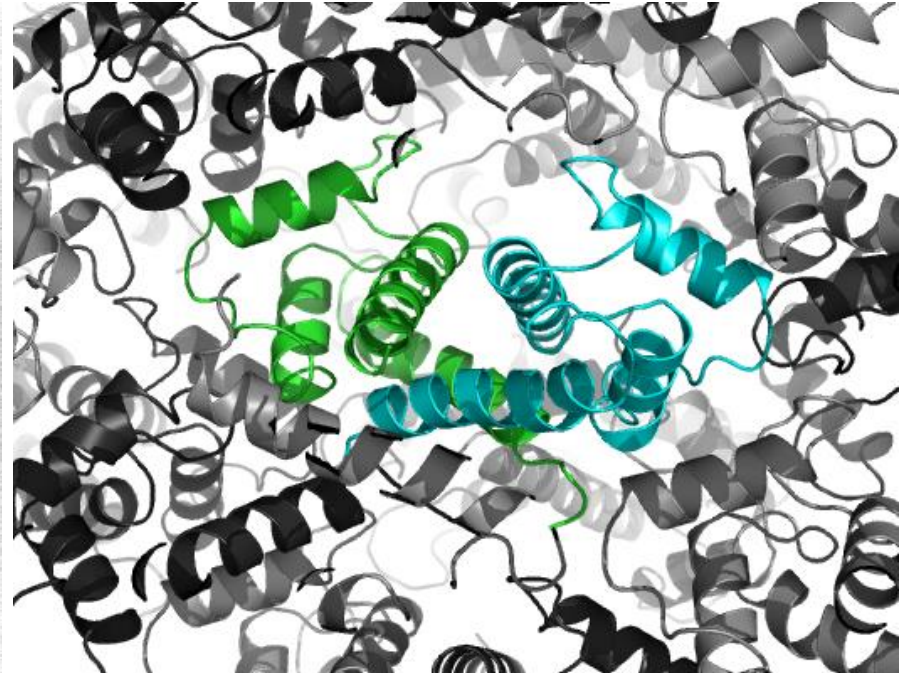
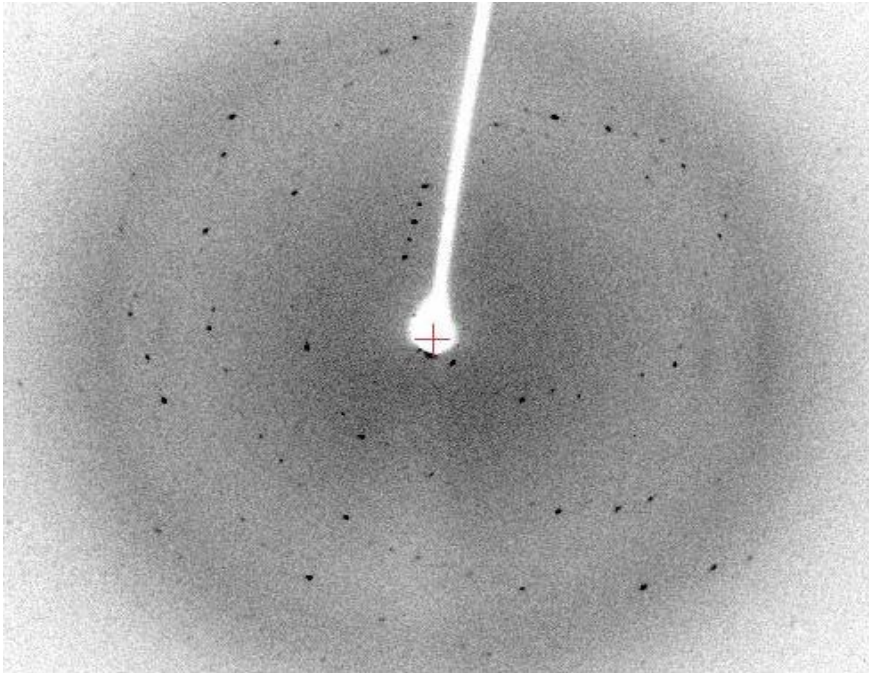
Fehérjekristály és (polikristályos) kismolekula-kristály diffrakciós képének részlete

Adatgyűjtés a nemkívánt kristályformák kiszűrésére



Cél: felkészülés a szinkrotronnál történő mérésre: komplexek kristályosításakor előfordul, hogy csak az egyik partner molekulái vannak a kristályban

- S100B-p53 és Annexin A2-S100A4 komplex (Nyitray L.)



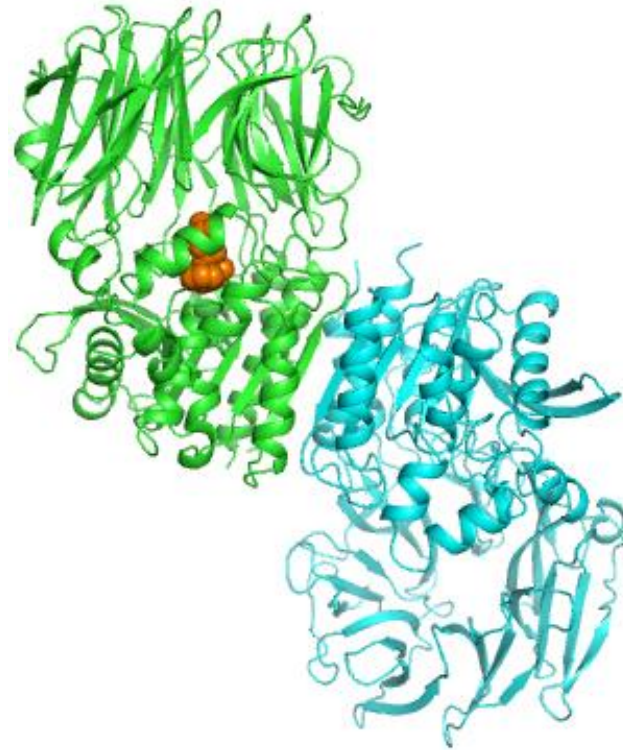
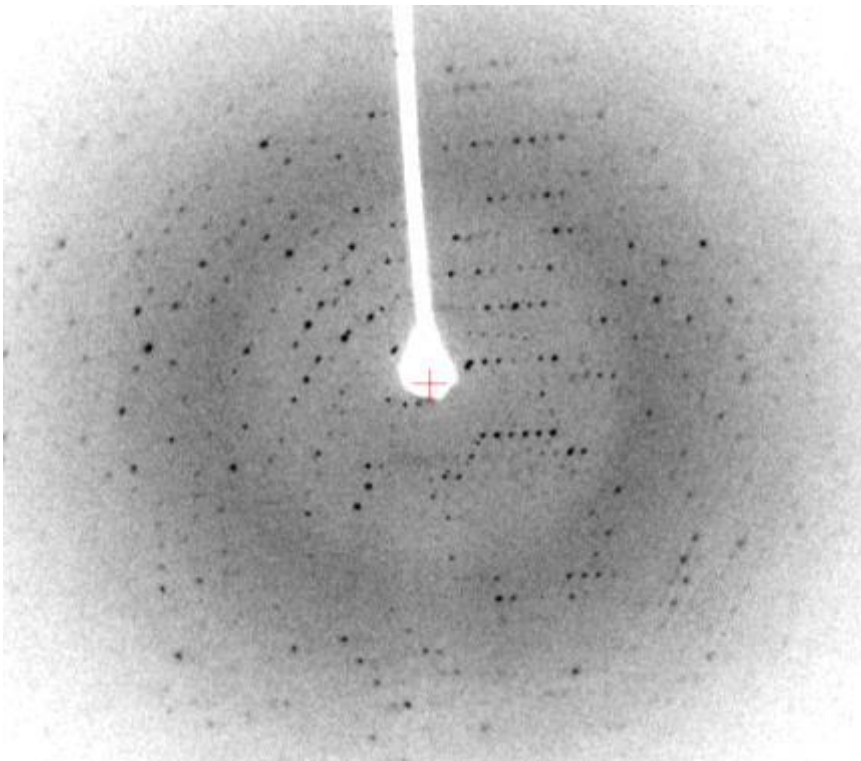
Adatgyűjtés és szerkezetmeghatározás: S100B-p53 komplex helyett komplexátlatlan S100B

Adatgyűjtés, szerkezetmeghatározás



Cél: Adatgyűjtés és szerkezet-meghatározás jól diffraktáló, nagy kristályok esetén (a szinkrotronnál történő adatgyűjtés nem hoz jelentős felbontás-javulást)

- *A. pernix* acilpeptid hidroláz - meropenem komplex (Harmat V.)



Adatgyűjtés és szerkezetmeghatározás: Acilpeptid hidroláz - meropenem komplex

Adatgyűjtés szinkrotron sugárforrásoknál

Biostruct-X pályázat: Magyarországi kutatóhelyeket összefogó konzorcium

- 2015-ben 11*8 óra röntgendiffrakció és 4*8 óra SAXS mérési idő európai szinkrotron sugárforrásoknál
(A pályázat vezetői: Vértessy Beáta és Harmat Veronika)

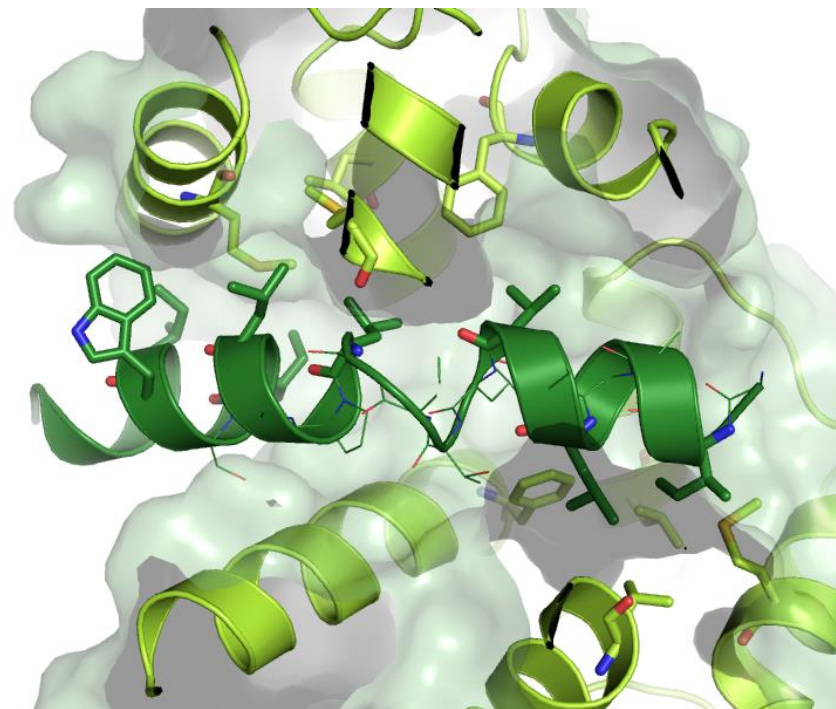
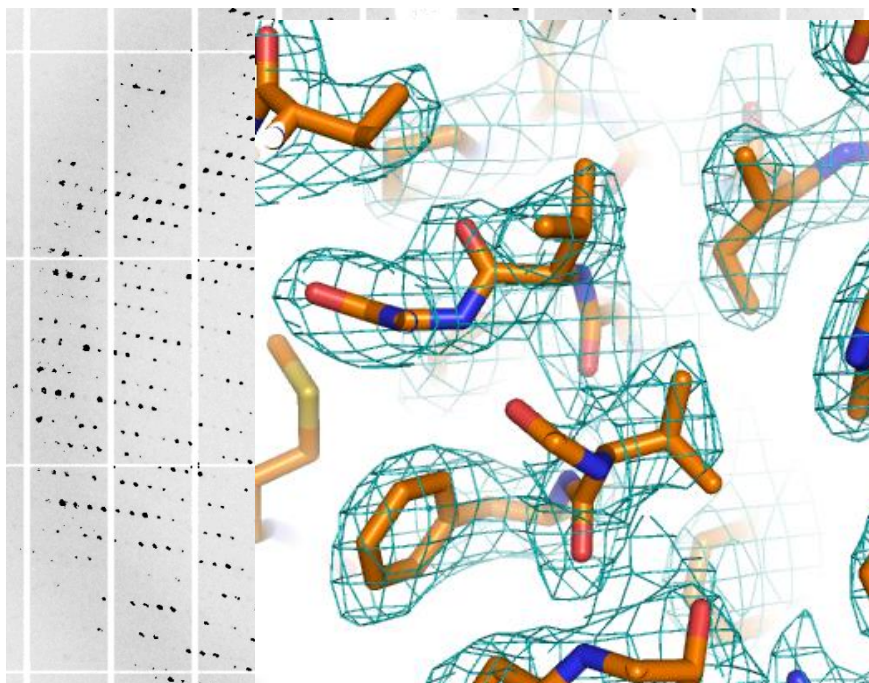


BioStruct_x



Adatgyűjtés szinkrotron sugárforrásoknál, szerkezetmeghatározás

- S100 komplexek (Nyitray L.)
- MASP2-peptid komplexek (Gál P., Pál G., Mező G.)
- Humán és *P.falciparum* kalmodulin-peptid komplex(Liliom K.)
- Emlős acilpeptid hidroláz (Harmat V.)



P. falciparum kalmodulin-peptid
komplex szerkezete

Köszönjük a támogatást

