



# Fehérjekristallográfiai együttműködés az ELTE Kémiai Intézet kristályosító labor és röntgendiffraktométer felhasználásával

## Együttműködő partnerek:

**Gál Péter** (MTA TTK, Szerkezeti Biofizika Kutatócsoport),

**Mező Gábor** (MTA-ELTE Peptidkémiai Kutatócsoport),

**Pál Gábor** (ELTE Biokémiai Tanszék),

**Tory Kálmán** (SOTE 1.sz. Gyermekklinika),

**Harmat Veronika** (ELTE Kémiai Intézet, MTA-ELTE Fehérjemodellező Kutatócsoport; a diffraktométer üzemeltetője)

**Liliom Károly** (MTA TTK, Lizofosfolipid Kutatócsoport),

**Nyitray László** (ELTE Biokémiai Tanszék),

**Reményi Attila** (MTA TTK, Fehérje Kutatócsoport (Lendület)),

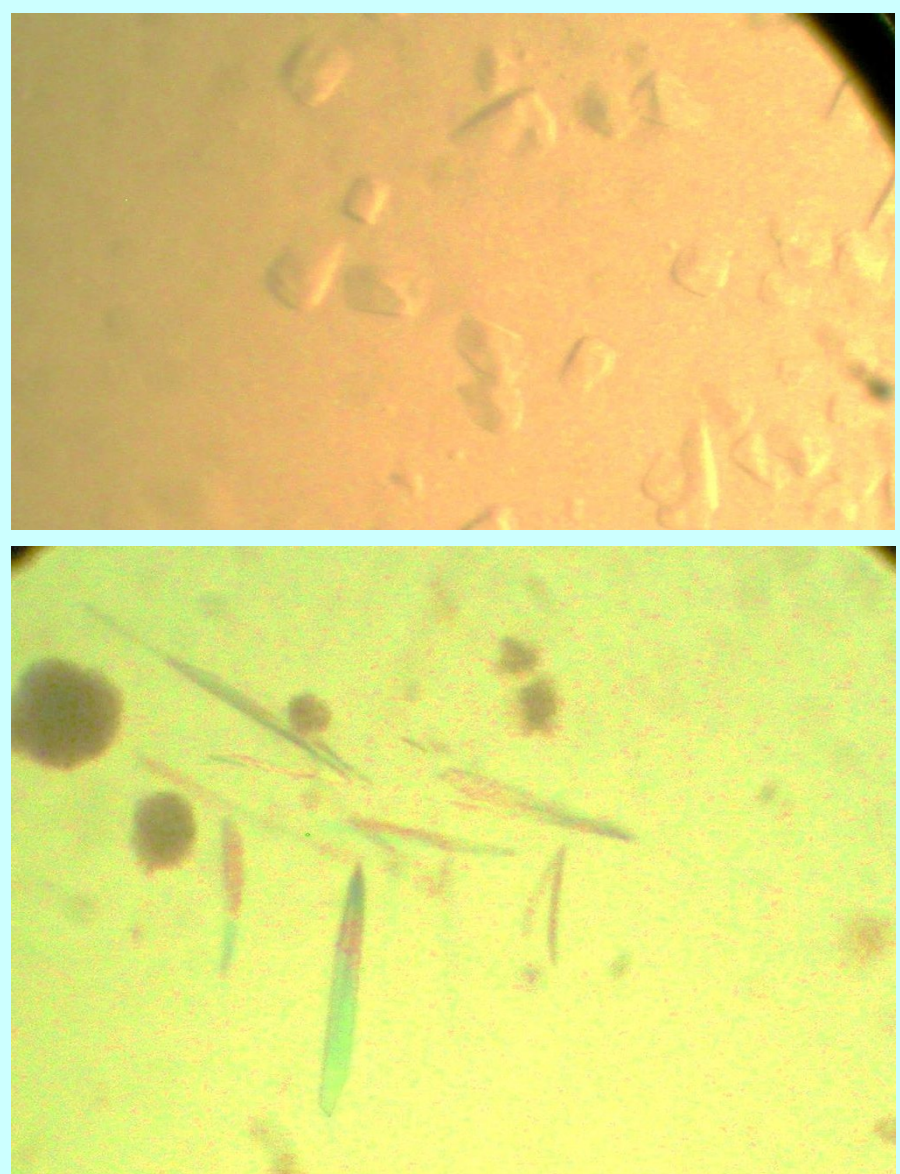
**Vértessy G. Beáta** (MTA TTK Genom Metabolizmus Kutatócsoport, BME),

Együttműködésünk célja fehérjék és fehérje komplexek szerkezet-meghatározása a szerkezet, kölcsönhatás-mintázatok és a fehérjefunkció összefüggéseinek felderítése céljából. Az ELTE Kémiai Intézetben található röntgendiffraktométer használata kétféle célt szolgál: Jó minőségű kristályokról akár 1 Å felbontású adatkészlet gyűjthető. Kis méretű vagy gyengén szóró kristályok esetén a diffraktométer tesztmérések elvégzésével, a kristályosító és krio-körülmények optimalizálásával, nem kívánt kristályformák kizárásával járul hozzá a külföldi, szinkrotronnál végzendő mérések sikeréhez. Több kutatási együttműködésben a kristályosítás is a Kémiai Intézetben történik.

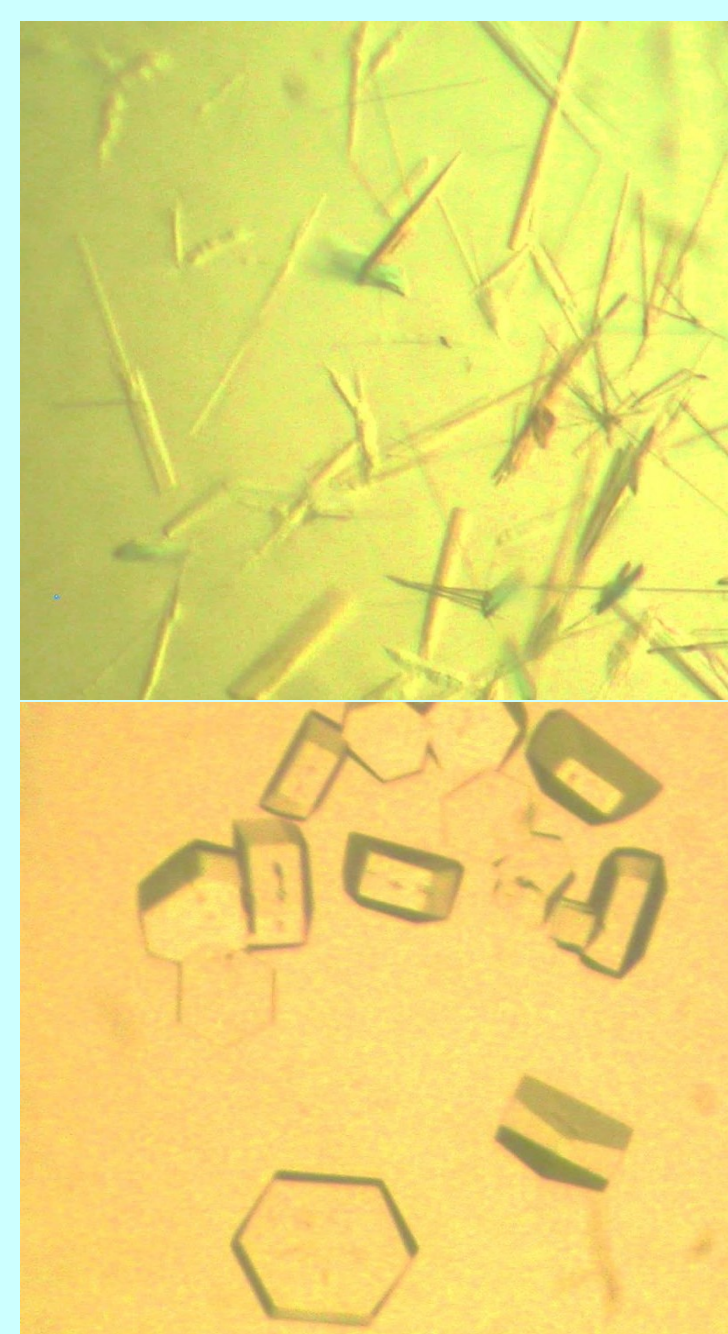


## Kristályosítás:

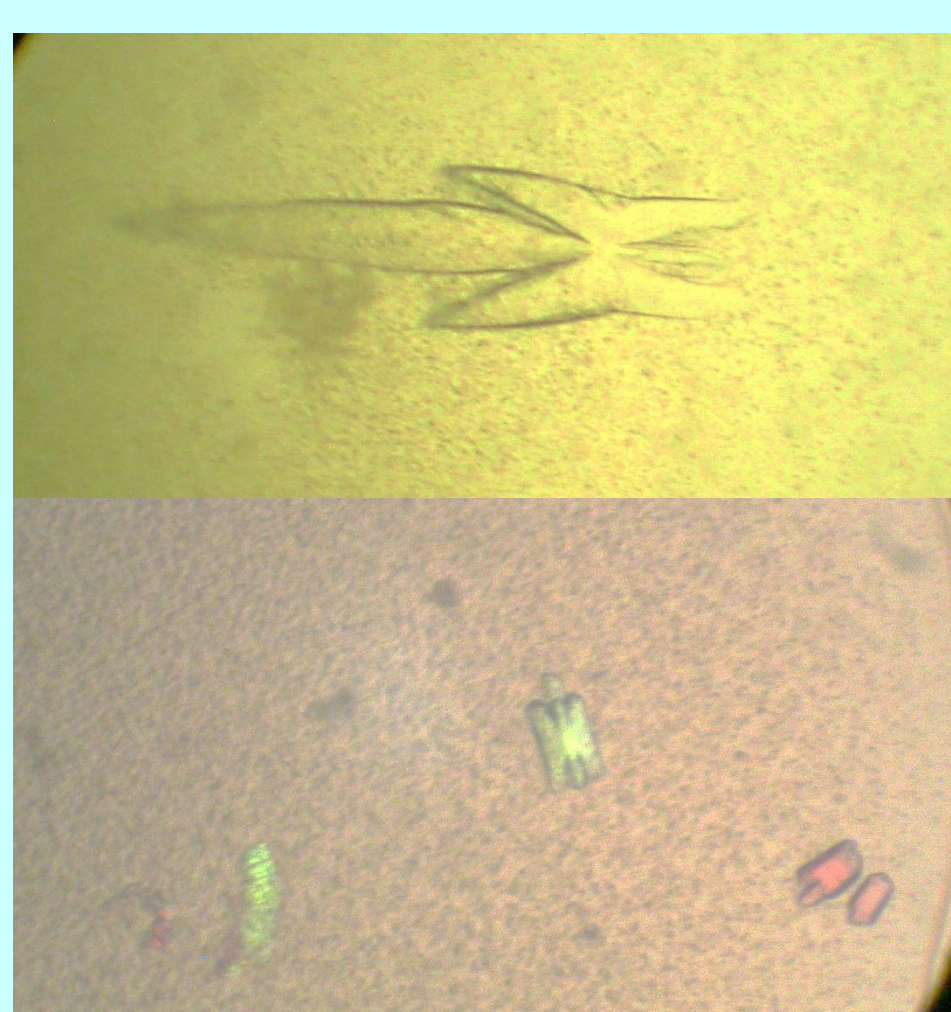
- MASP2-peptid komplexek (Gál P., Pál G., Mező G.)
- Humán és malária kalmodulin peptid komplexe (Liliom K.)
- Emlős acilpeptid hidroláz komplexei (Harmat V.)
- Podocin coiled-coil fragmentumok (Tory K.)



MASP-2 – peptid komplex kristályok



Malária és humán kalmodulin-peptid komplex kristályai



Acilpeptid hidroláz kristályok



Kristályok további együttműködésből

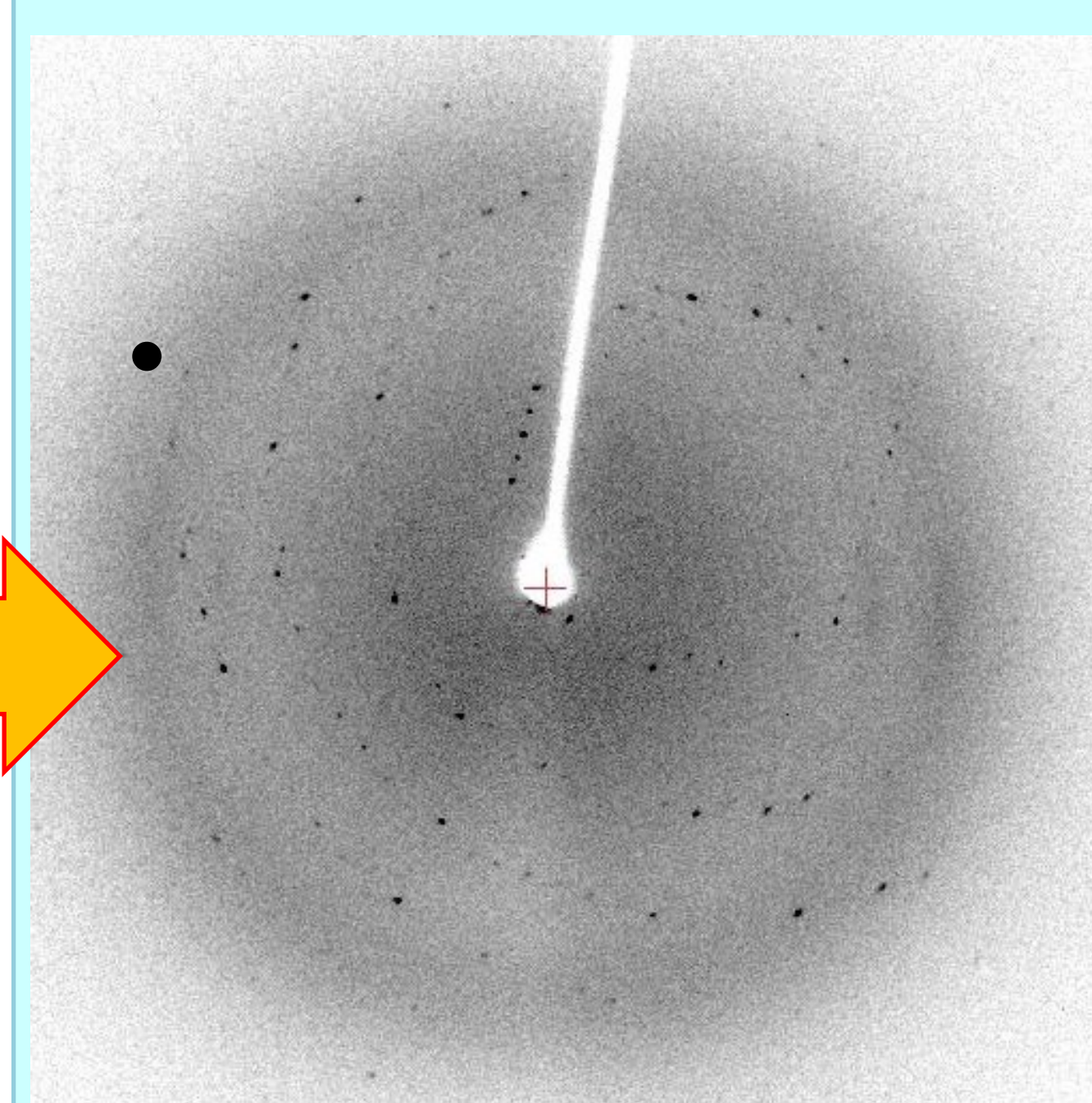
## Tesztmérések :

(Felkészülés szinkrotronnál történő adatgyűjtésre)

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

## Adatgyűjtés a nem kívánt kristályformák kiszűrésére:

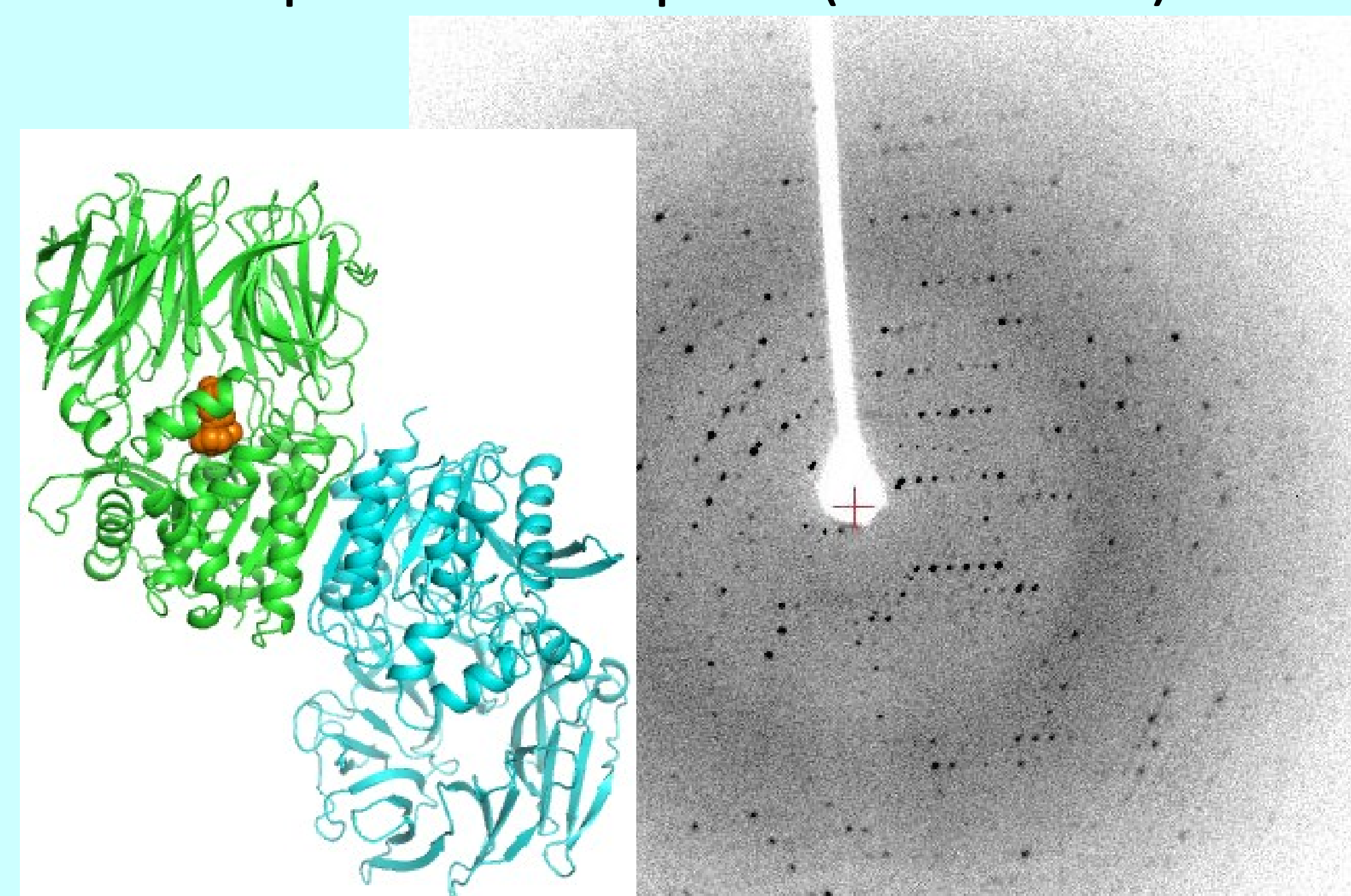
- S100B-p53 és Annexin A2-S100A4 komplex (Nyitray L.)



Adatgyűjtés: S100B-p53 komplex

## Adatgyűjtés, szerkezet-meghatározás:

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



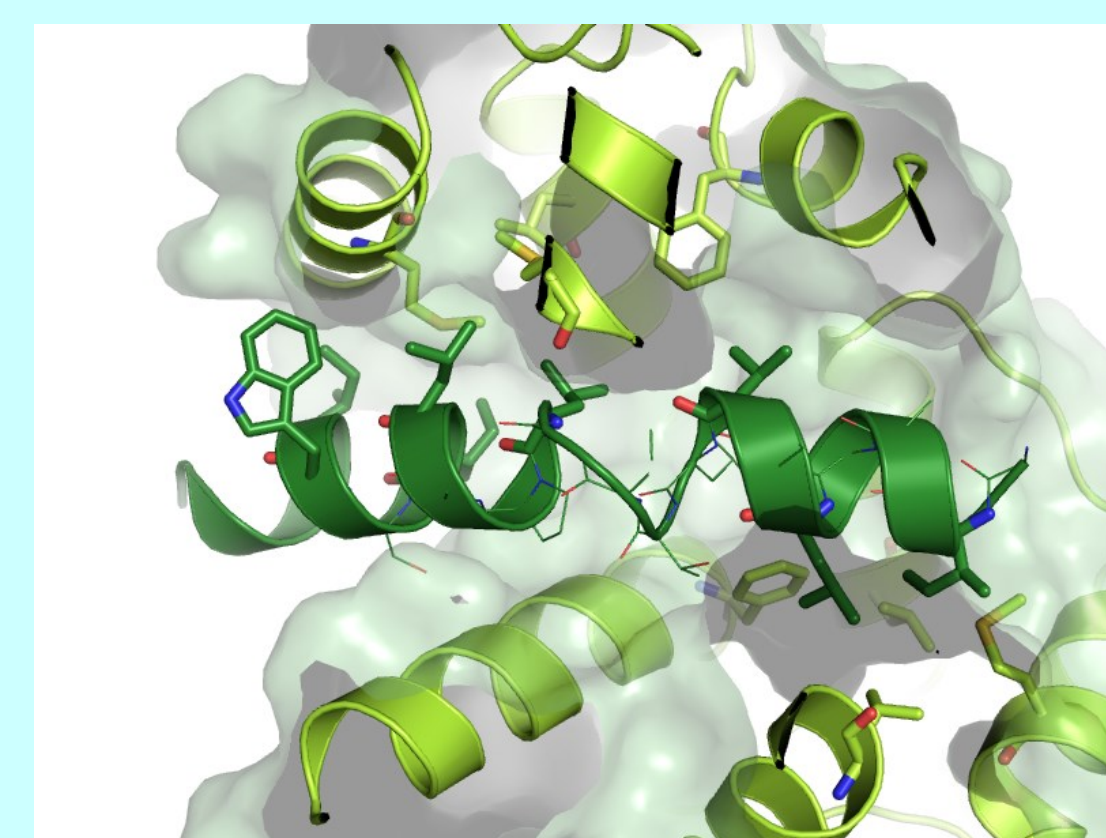
Acilpeptid hidroláz-meropenem komplex

**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 G. Beáta és Harmat Veronika)

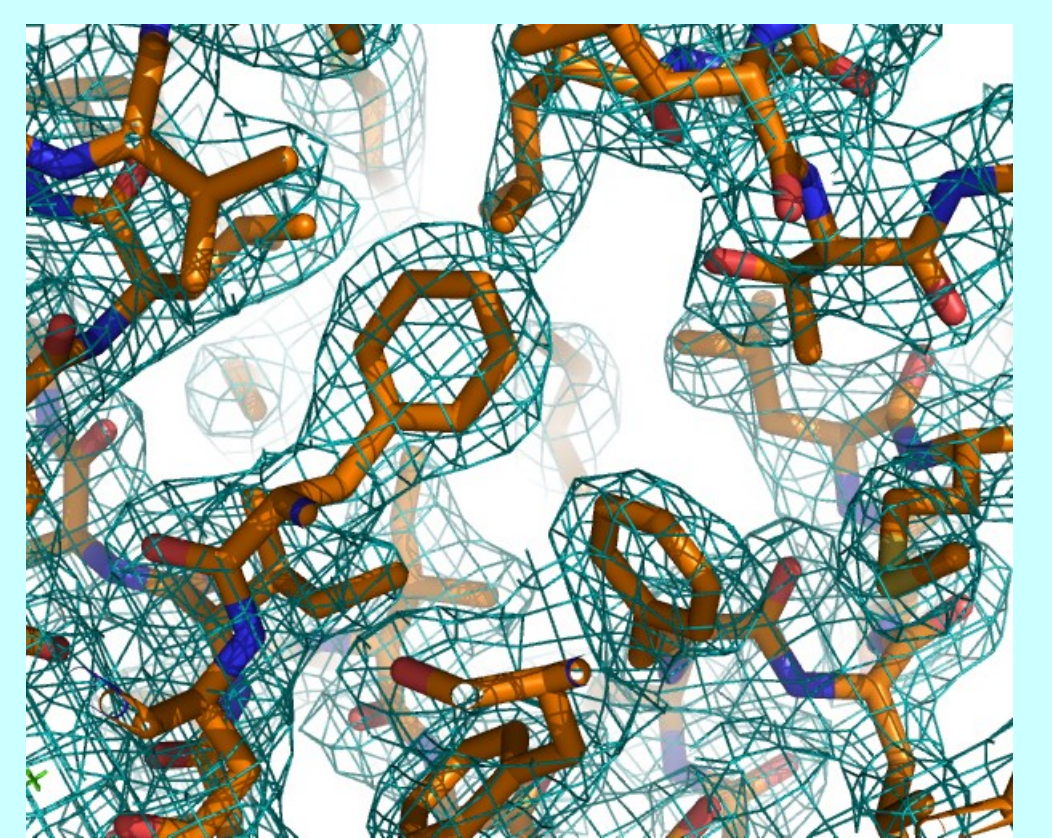


## Röntgendiffrakciós adatgyűjtés, szerkezet-meghatározás:

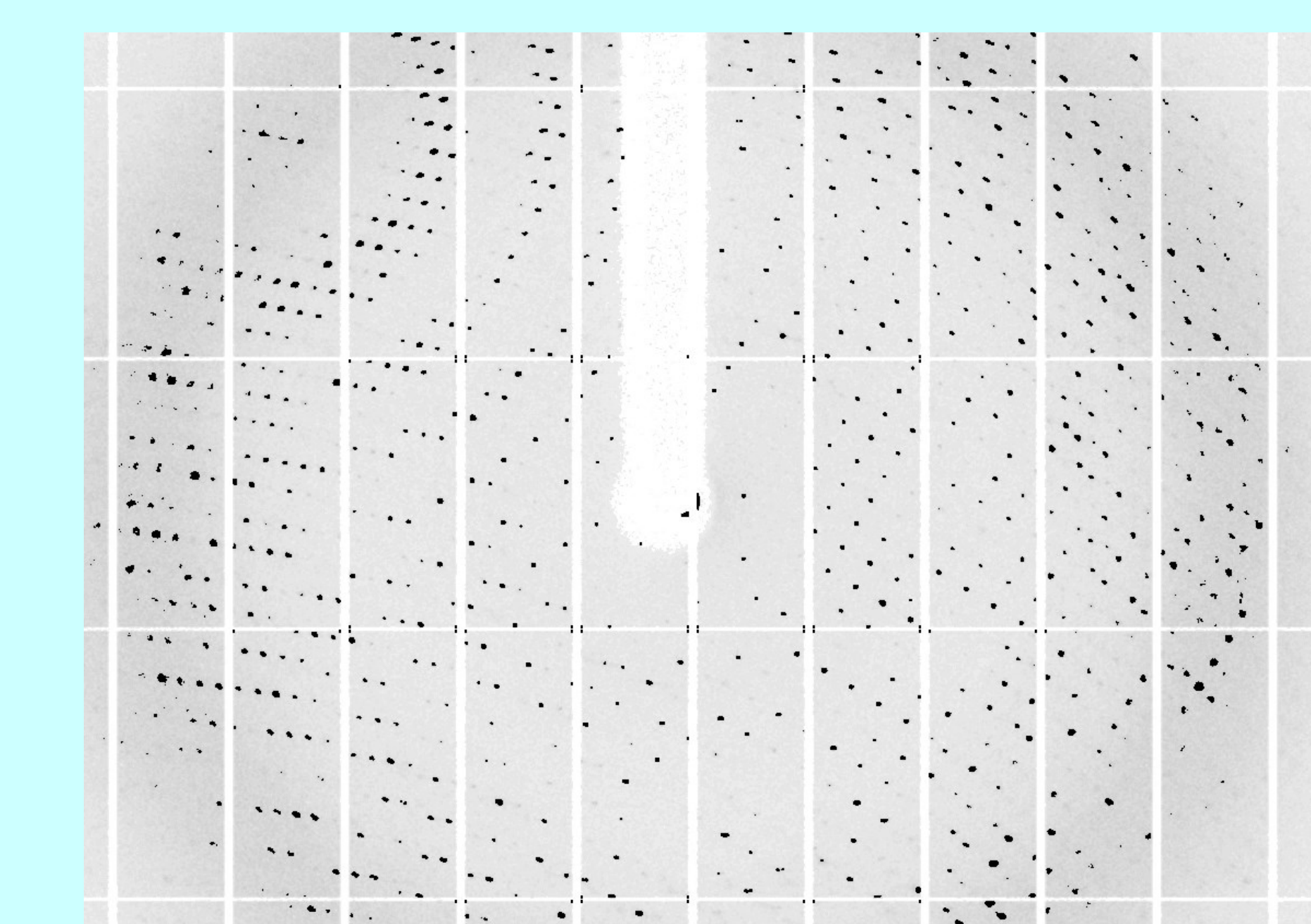
- S100 komplexek (Nyitray L.)
- MASP2-peptid komplexek (Gál P., Pál G., Mező G.)
- Humán és malária kalmodulin peptid komplexe (Liliom K.)
- Emlős acilpeptid hidroláz (Harmat V.)



Malária kalmodulin – peptid komplex



Elektronsűrűségi térkép (2,4Å felbontás)



Adatgyűjtés szinkrotronnál: emlős acilpeptid hidroláz (szerkezetmegoldás folyamatban)