



Fehérjekristallográfiai vizsgálatok az ELTE Kémiai Intézet / MTA-ELTE Fehérjemodellező Kutatócsoportnál található diffraktométer és kristályosító labor 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),
 Kiss Róbert (MTA TTK, Neurodegeneratív Betegségek Gyógyszerkutató Csoport, NAP-B),
 Harmat Veronika (ELTE Kémiai Intézet, MTA-ELTE Fehérjemodellező Kutatócsoport; a diffraktométer üzemeltetője)

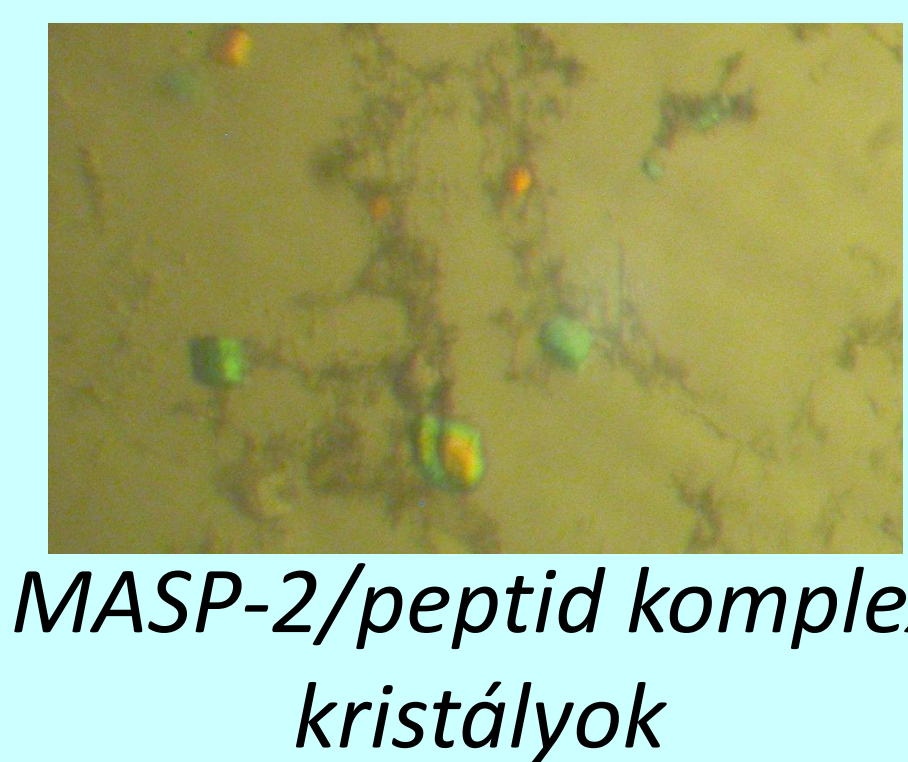
Liliom Károly (MTA TTK, Lizofoszfolipid Kutatócsoport),
 Nyitray László (ELTE Biokémiai Tanszék),
 Vértessy G. Beáta (MTA TTK, Genom Metabolizmus Kutatócsoport, BME),
 Ferenczy György (MTA TTK, Gyógyszerkémiai Kutatócsoport),

Együttműködésünk célja fehérjék és fehérje komplexek szerkezetvizsgálata a fehérjefunkció szerkezeti, kémiai alapjainak felderítése céljából. A fehérjekristallográfiai infrastruktúra használata kétféle célt szolgál: A forgóanódos diffraktométer akár 1 Å felbontású (nagyobb kristályok esetén a szinkrotronnál mérhető adatkészletektől nem vagy nem jelentősen elmaradó minőségű) adatkészletet szolgáltat. A nagy átmérőjű detektor, változtatható detektortávolság és 2θ szög lehetővé teszi a nagy molekulakomplexeknél gyakori nagy méretű elemi cellával rendelkező kristályokról is az adatgyűjtést. 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 a Kémiai Intézet fehérjekristallográfiai laboratóriumában történik.

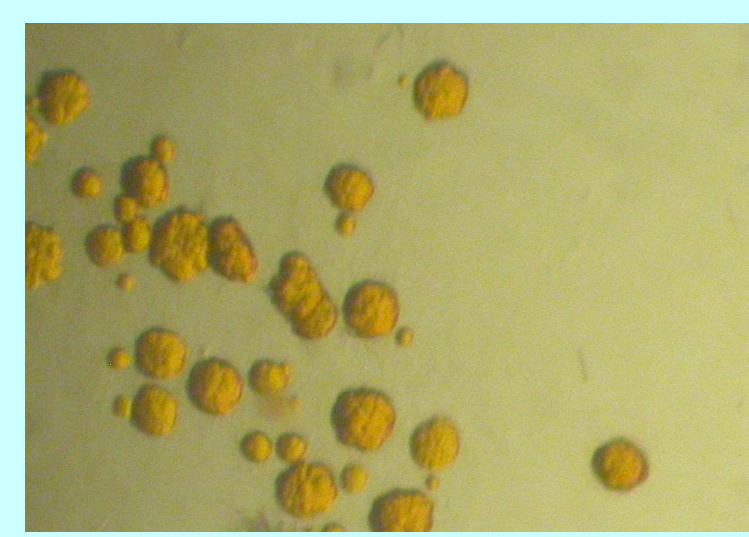


Kristályosítás:

- MASP2/peptid komplexek (Gál P., Pál G., Mező G.)
- BSA lipidkomplexek (Liliom K.)
- DJ-1 kismolekulás komplexei (Kiss R.)
- DAO komplexek (Ferenczy Gy.)
- Podocin coiled-coil fragmentumok (Tory K.)



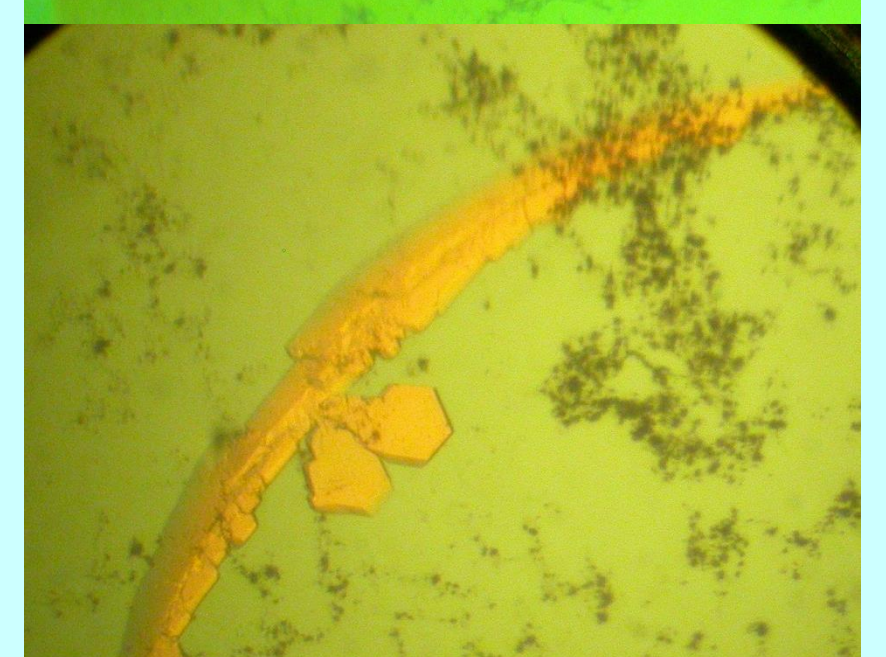
MASP-2/peptid komplex kristályok



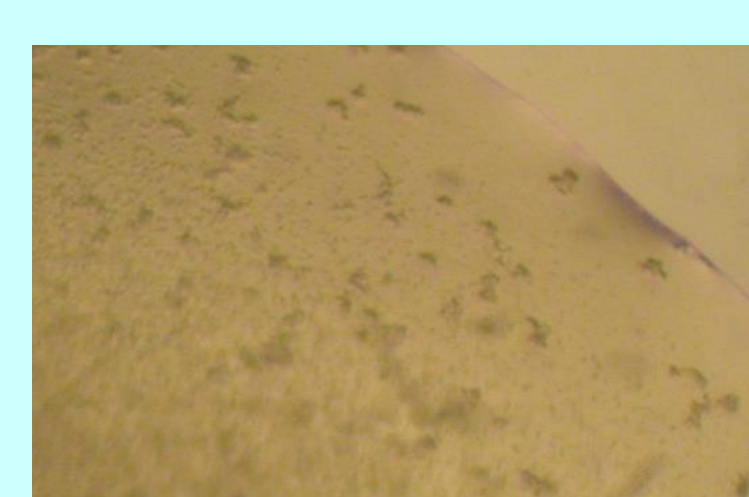
DAO komplex (szferulitok)



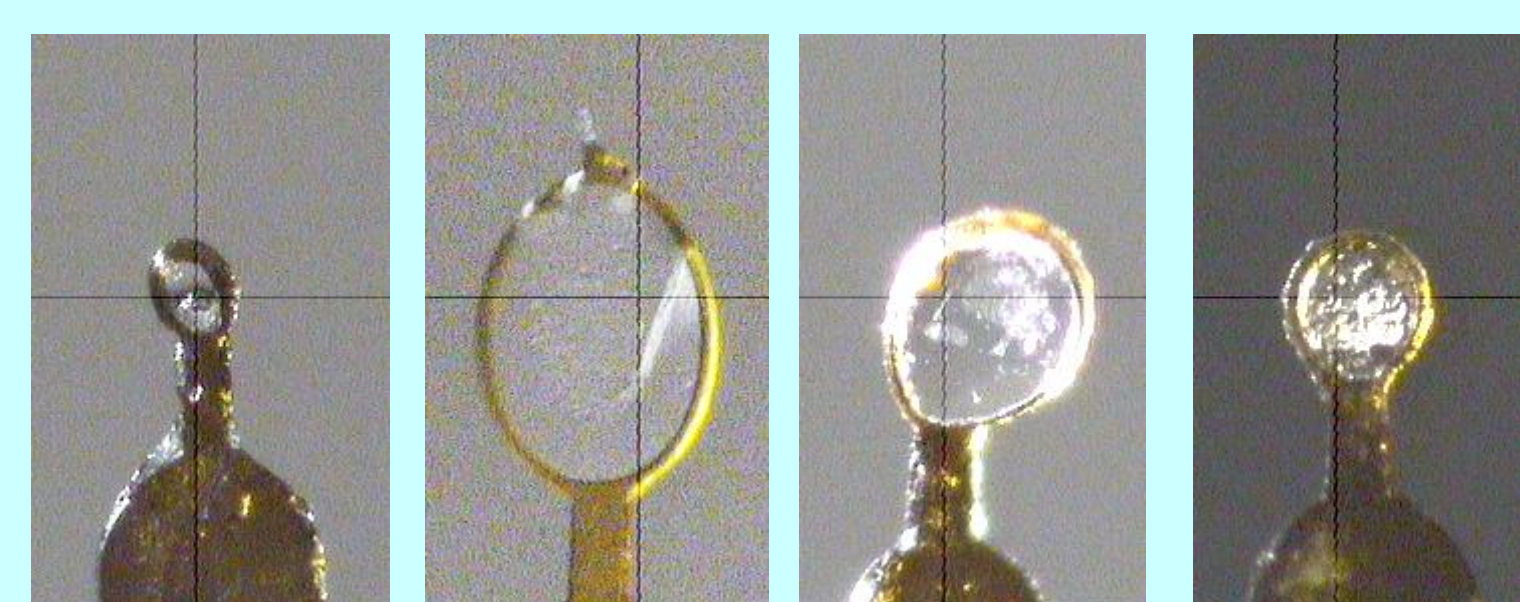
BSA komplex kristályok



DJ-1 komplex kristályok



Podocin mikrokristályok



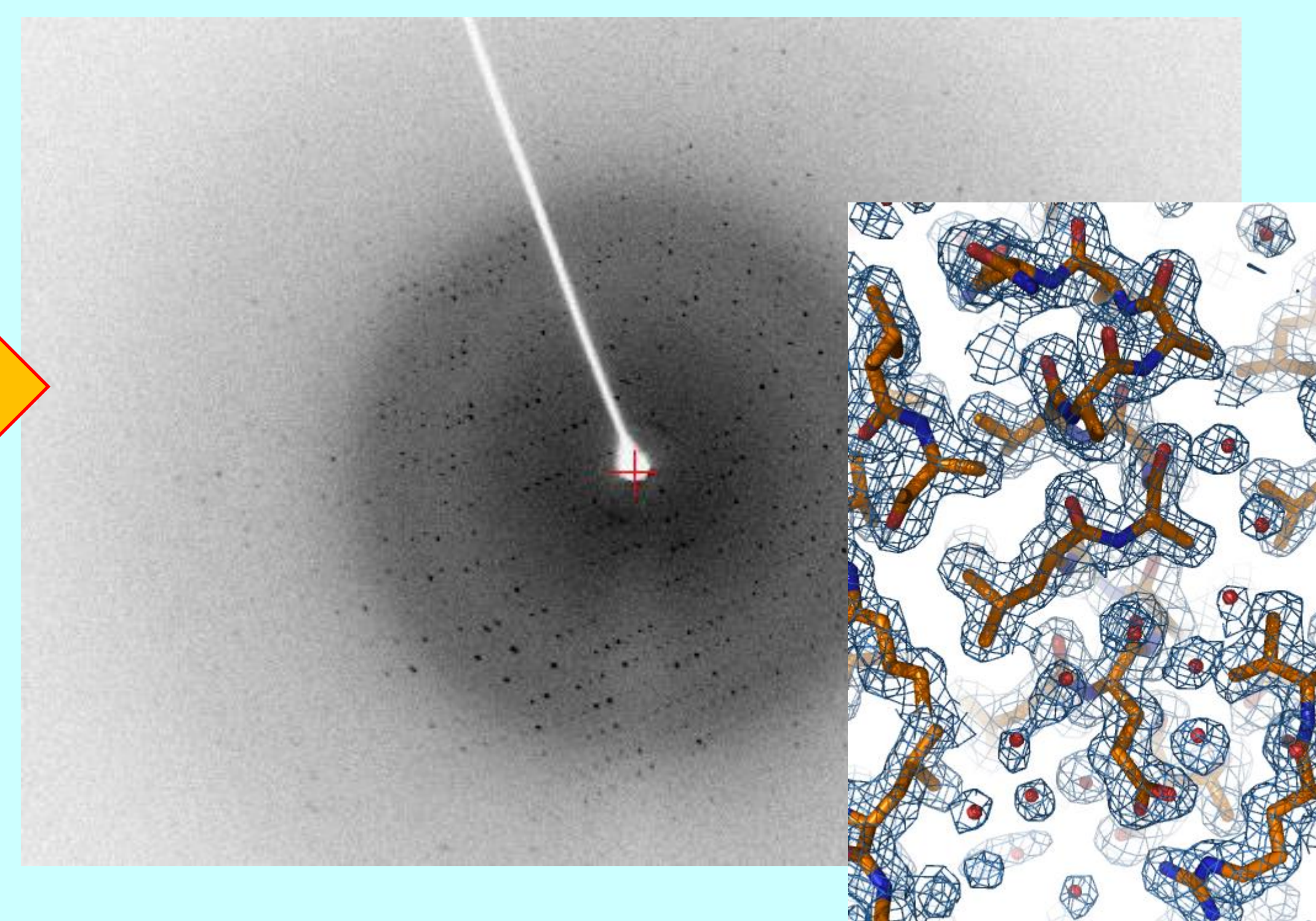
Kristályok alacsony hőmérsékletű méréshez felszerelve

Tesztmérések: Felkészülés szinkrotronnál történő adatgyűjtésre

- MASP2 komplexek (Gál P., Pál G., Mező G., Nyitray L.)
- S100 komplexek (Nyitray L.)
- BSA komplexek (Liliom K.)
- Emlős acilpeptid hidroláz (Harmat V.)
- DJ-1 komplexek (Kiss R.)
- DAO (Ferenczy Gy.)

Adatgyűjtés, szerkezet-meghatározás:

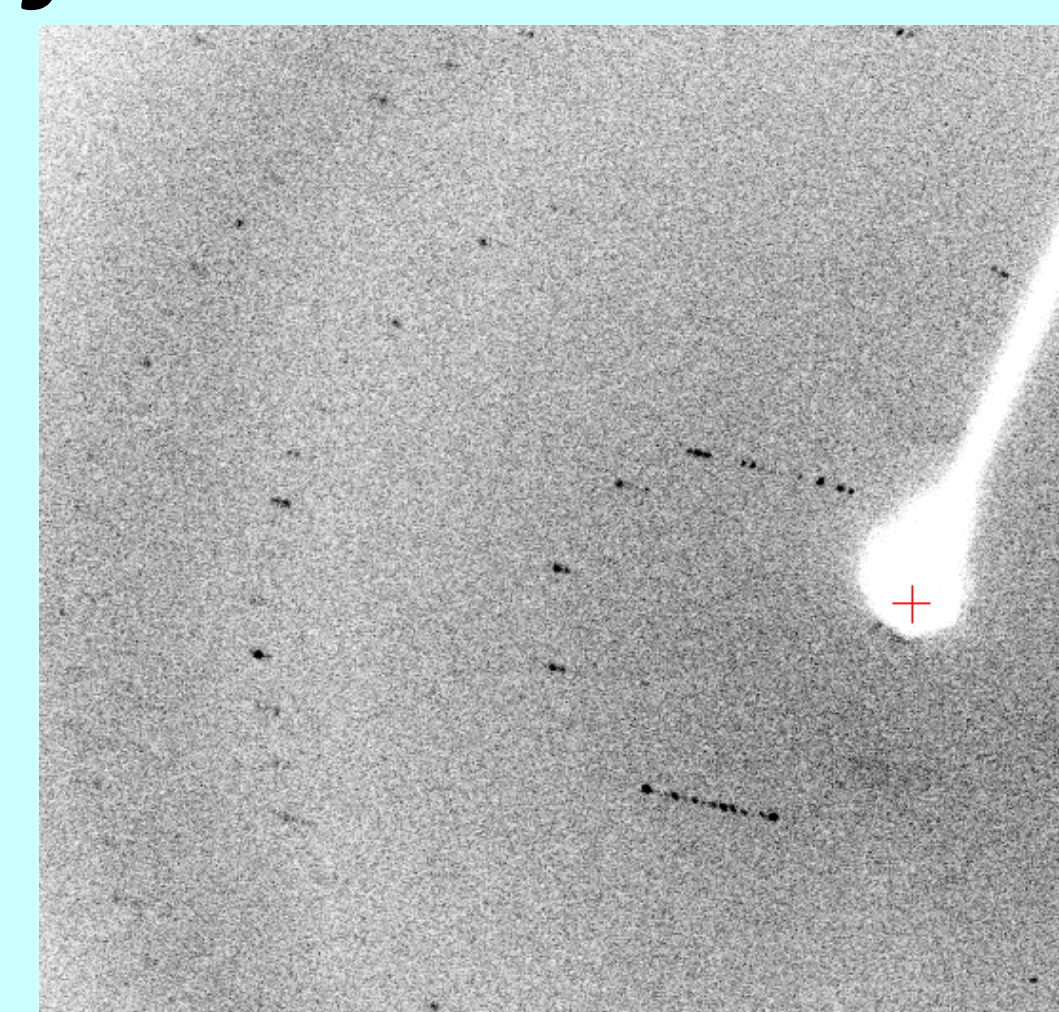
- DJ-1 komplexek (Kiss R.)



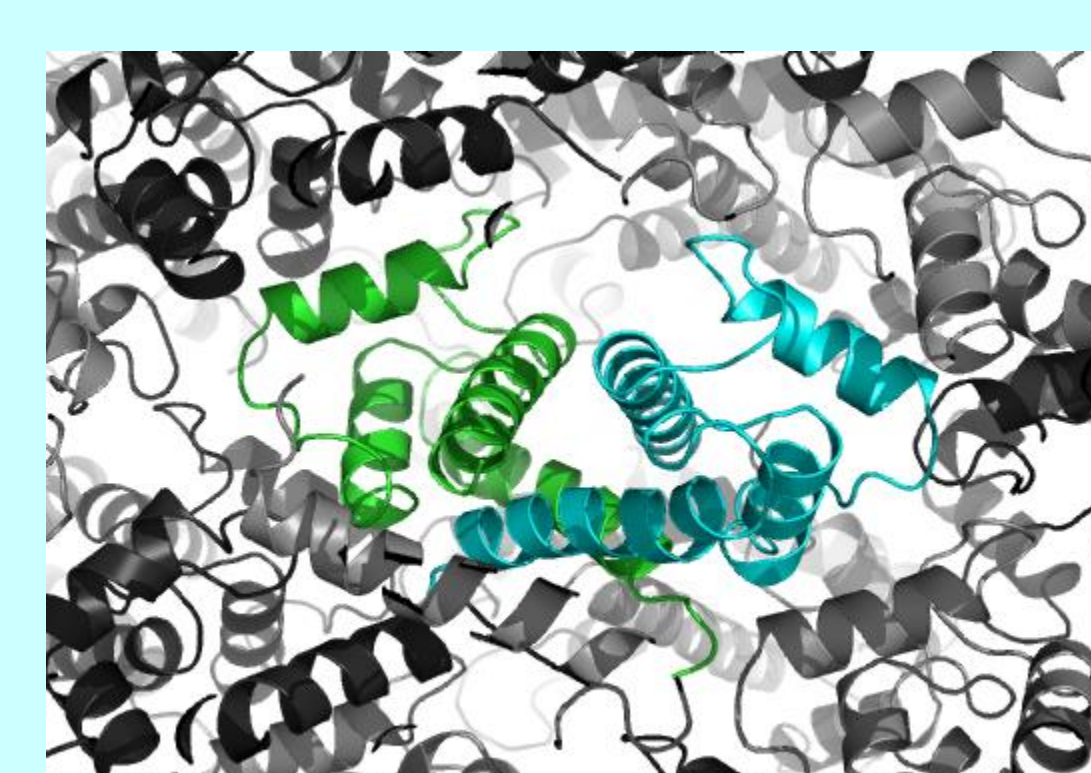
DJ-1 (komplexálatlan) diffrakciós kép, és elektronsűrűségi térkép részlete (1,8Å felbontás)

Adatgyűjtés a nemkívánt kristályformák szűrésére:

- S100P komplexek (Nyitray L.)



S100P/Annexin (2,5Å felbontás)



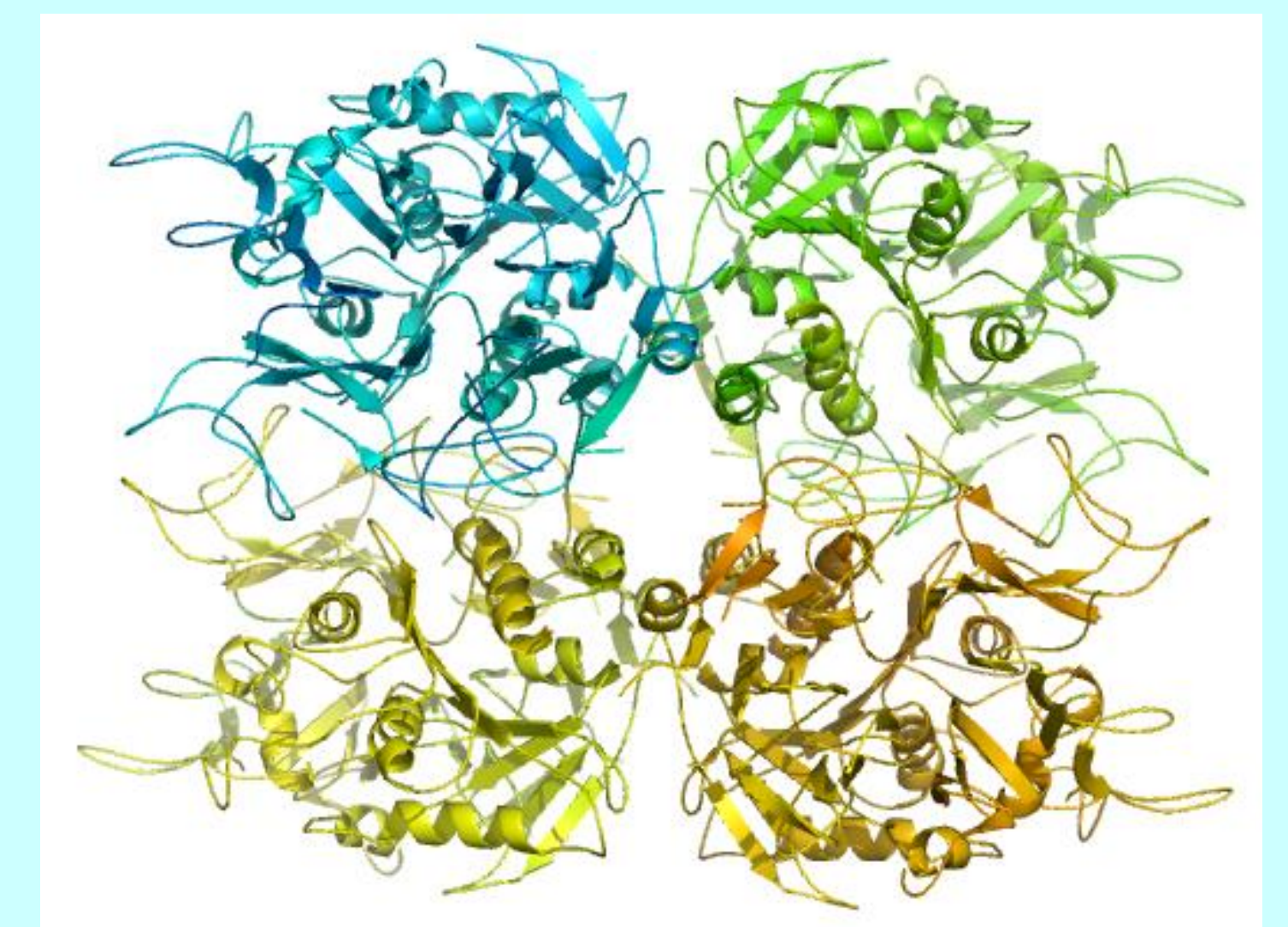
S100B kristálybeli elrendeződés

Magyarországi kutatóhelyeket összefogó konzorciális pályázatok:

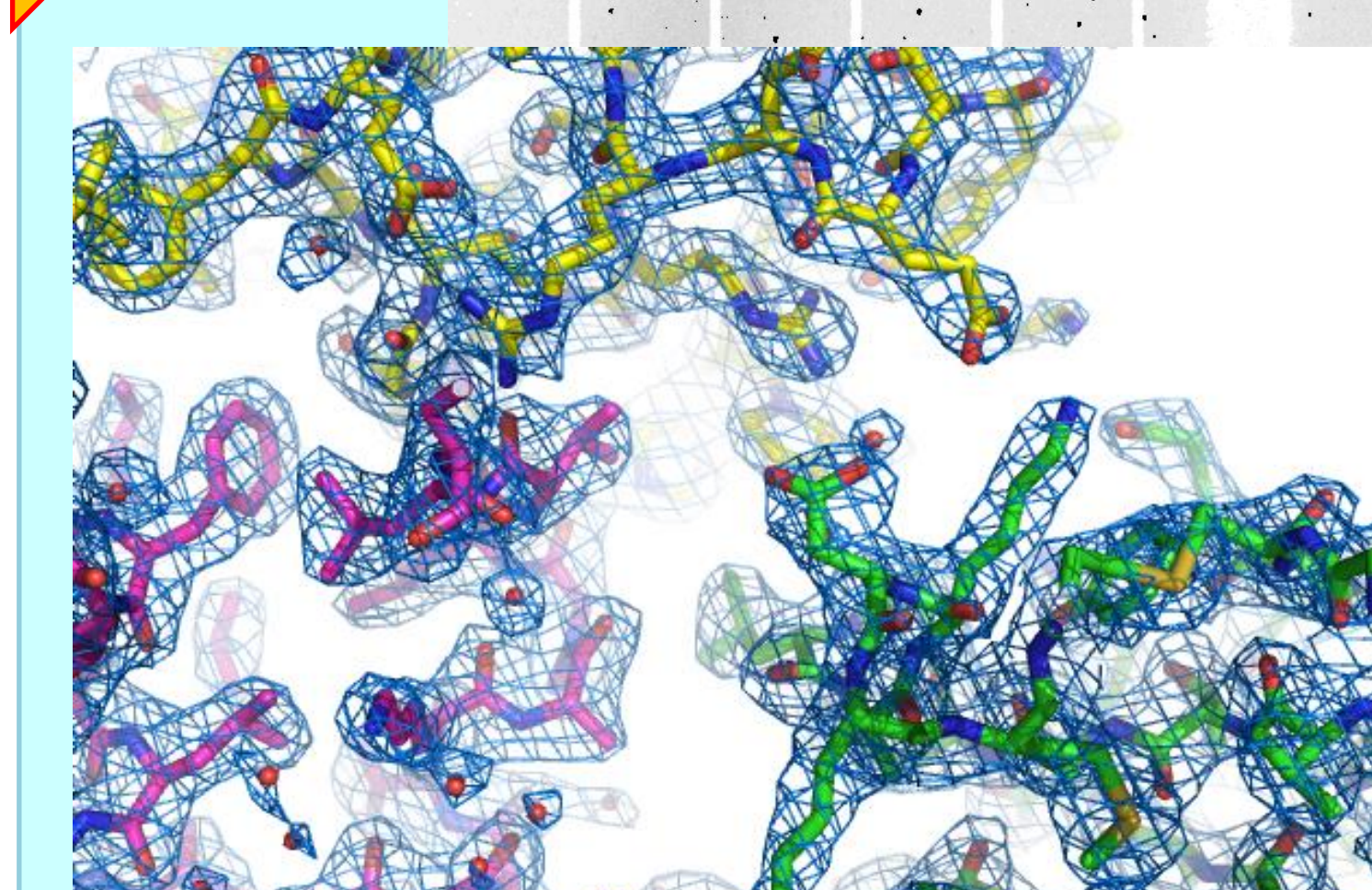
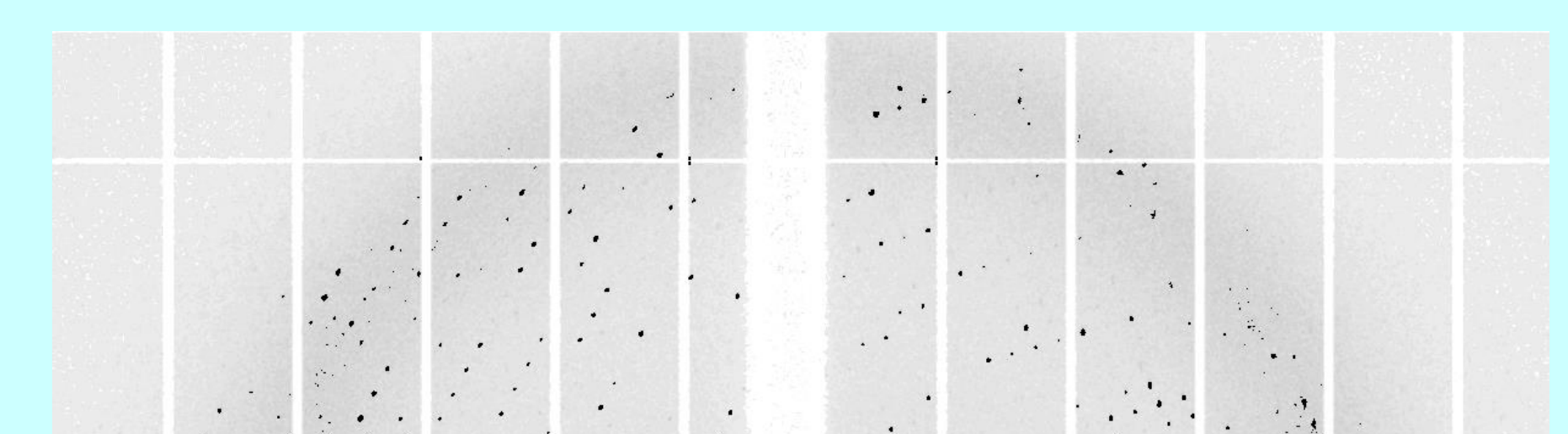
- EMBL-Hamburg (a pályázat vezetője Harmat V.): 2016-ban 9*8 óra mérési idő
- Tervezett iNEXT finanszírozás
- ESRF (elbírálás alatt)

Röntgendiffrakciós adatgyűjtés, szerkezet-meghatározás:

- S100 komplexek (Nyitray L.)
- MASP2 komplexek (Gál P., Pál G., Mező G.)
- Kalmodulin peptid komplexek (Liliom K.)
- Emlős acilpeptid hidroláz (Harmat V.)
- DJ-1 komplexek (Kiss R.)



Emlős AAP tetramer



DJ-1 komplex (2,45Å felbontás)