

Poppe László  
BME SzKTT



Bóta Attila  
TTK



Vértessy G. Beáta  
BME ABÉT, TTK



Wacha András  
TTK

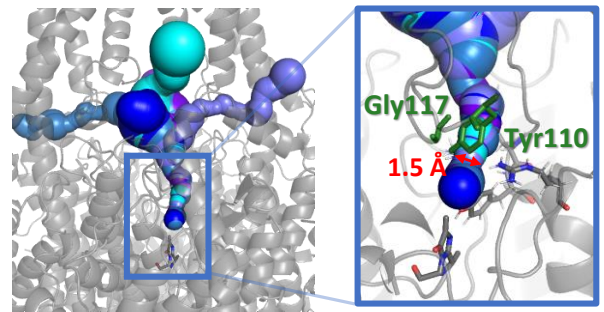


Molnár Zsófia  
BME SzKTT



## Konzervált szubsztrát bekötődési útvonalak vizsgálata

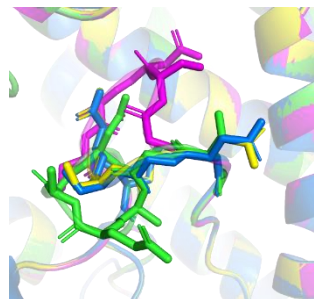
Az általunk meghatározott **kristályszerkezetek** lehetővé tették a MIO enzimek mechanizmusának **molekuladinamikai szimulációkkal** történő vizsgálatát. Az eredményeink megmutatták, hogy funkciótól függetlenül, az eukarióta MIO enzimek **konzervált szubsztrát bekötődési útvonalakkal** rendelkeznek. **Célt mutációkkal** elzártuk ezeket a vízsatornákat, mely különböző módokon tudta befolyásolni az enzimek **szubsztrát- és enantiopreferenciáját**.



## Növényi izoenzimek vizsgálata bioinformatikai módszerekkel

Régóta ismert, hogy a MIO enzimek a növényekben **három-öt izoformában** vannak jelen. Ezek eltérő mértékben fejeződnek ki különböző növényi szövetekben, azonban az izoformák közötti **szerkezetbeli különbségek** eddig nem voltak tanulmányozva. Homológia modellezéssel szeretnénk fényt deríteni a különbségek szerkezeti okaira.

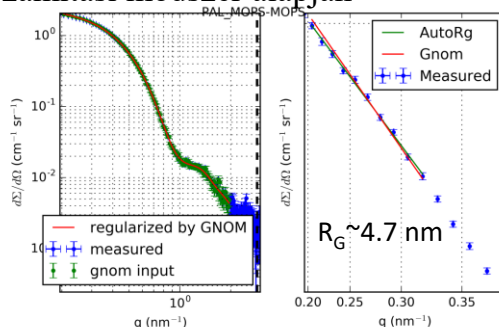
	*	140	*	160	*
PAL1 PETCR	:	KGGALQKELIRFLNAGIFGNESDN	---	TLPHSATRAAMLVRINTL	
PAL2 PETCR	:	KGGALQKELIRFLNAGIFGNESDN	---	TLPHSATRAAMLVRINTL	
PAL3 PETCR	:	KGGALQKELIRFLNAGIFGSGAEAGNNTLPHSATRAAMLVRINTL			
PAL4 PETCR	:	KGGALQKELIRFLNAGIFGNESDS	-SNTLPHSATRAAMLVRINTL		
		KGGALQKELIRFLNAGIFGNESD		TLPHSATRAAMLVRINTL	



Növényi PAL izoenzimekben a tetramerek határfelületén találhatóak jelentős különbségek.

## Alakváltozások követése kisszögű röntgenszórással, SAXS-sel

Az enzim méretének meghatározása, a szórás görbe kezdeti szakaszából kétféle számítási módszer alapján



Az enzim alakjának alacsony feloldású szerkezetleírása a teljes kisszögű szórás görbe alapján

