Egy antifungális diszulfid fehérje szerkezeti dinamikája és hideg/meleg kitekeredése (avagy PAF, a hűvös sárkány)

Batta Gyula

Debreceni Egyetem Szerkezeti Biológiai és Molekuláris Felismerési Műhely structbiol.unideb.hu (a Magyar Tudomány Ünnepe, 2012. nov. 8)

Program

- antimikrobiális peptidek
- a PAF térszerkezete (NMR)
- diszulfid híd mintázat
- belső dinamika
- hőmérsékleti kitekeredés

Az antimikrobiális peptidek (AMP) új, fertőzés-elleni terápiás stratégiát kínálnak

Robert E W Hancock & Hans-Georg Sahl NATURE BIOTECHNOLOGY 24 (12) 2006. 1551



A gazdaszervezetet védő peptidek működése



Robert. E W Hancock, Hans-Georg Sahl, NATURE BIOTECHNOLOGY 24 (12) p 1551 2006

Mintegy ezer AMP változat ismert



Az AMP-k pozitívan töltöttek (PAF: Lys=25%) (de sok bennük az apoláros csoport is) a rendezetlen és a globuláris fehérjék határmezsgyéjén várhatók



Vladimir N. Uversky : Intern. J. Biochemistry & Cell Biology 43 (2011) 1090–1103

Miért éppen a PAF?

Penicillium chrysogenum termeli. Antifungális aktivitás µM koncentrációban. Aspergillosis elleni terápia? Rendkívüli stabilitás (évekig, oldatban). Emlősökre veszélytelen.



(Egészséges kontroll, nincs PAF)

Egészséges kontroll, van PAF

A <u>Penicillium chrysogenum antifungális fehérje</u> (PAF, pdb kód: 2kcn)

szignál-szekvencia pro-szekvencia

MQITTVALFLFAAMGGVATPIESVSNDLDARAEAGVL

érett fehérje

1 AKYTGKCTKSKNECKYKNDAGKDTFIKCPKFDNKKCTKDNNKCTVDTYNNAVDCD 55



Batta et al, FEBS J 276, 2875 (2009)

- szekretált protein
- 5 antiparallel β-szál
- 6 cisztein (3 S-S híd)

feltekeredett, rendkívül stabil

- 13 lizin, pozitív össztöltés
- interakciók a hurkokban

A PAF in-vitro, oldatbeli szerkezete (NMR)



erősen konzervált, lizinben gazdag (13) kationos felület
"flexibilis" hurkok



A fehérjékre vonatkozó "Chargaff –szerű" szabály (*Mittal, 2010*) szerint a diszulfid hidak nélküli (redukált) PAF nem tekeredhet fel



A diszulfid mintázat meghatározása a PAF esetében

1. Az S-S kötések száma könnyen megadható tömegspektrometriával (minden S-S kötés csökkenti ($\Delta M=2$) a móltömeget).

2. Cys ¹³C-β NMR kémiai eltolódások jellemzők az oxidált állapotra.

3. A PAF rendkívül stabil, nehezen emészthető, MS kritikus (Kele Z.).

4. A hidrofób magban a hasonló Cβ-Cβ távolságok (NMR, NOE) megengednek konkurrens mintázatokat.

5. Új NMR korlátok (¹³C adatok, RDC, S²) és a molekula-dinamika kombinációja segíthet (Gáspári Z.). Cys ²H–β jelzés, "egzakt" NOE ?

6. Szeleno-cisztein mutáció (a ⁷⁷Se NMR-aktív) rekombináns technológiával vagy szintézissel (Váradi Gy.) nem könnyű.

A PAF szerkezetigazoló kémiai szintézise (Váradi Györgyi és Tóth Gábor)



A konkurrens "abbacc" mintázat megvalósult, de nem azonos a PAF-al.

A lineáris PAF sikeres szintézise után oxidatív feltekeredés > natív PAF





¹H-NMR spektrumok, amid NHrégió

¹³C-HSQC NMR spektrumok, Me régió

Váradi, G.; Batta, G.; Kele, Z.; Galgóczi, L.; Tóth G.K. J. Pept. Sci. 18 Suppl: 1 S68 (2012) (módszer: Szabó, I.; Schlosser, G.; Hudecz, F.; Mező, G. *Pept. Sci.* **2006**, *88*, 20)

Egyszeres cisztein mutánsok (P. pastoris: C7S, C14S, C54S)



A *P. pastoris* PAF azonos a natív PAF-al azonban a C-mutánsok nincsenek feltekeredve, többnyire dimerek: csak a C54S aktív (~ 50%) monomer-dimer keverék (MS).

Dupla cisztein mutánsok az ,abcabc' minta szerint P. pastoris [C7S,C36S; C14S,C43S; C28S,C54S]



Az egy diszulfid híddal szegényített mutánsok sincsenek feltekeredve: terv: oxidatív feltekeredés kikényszerítése **Az irreverzibilis PAF hőmérsékleti denaturáció** (3h, 90°C) inaktív oligomereket (tetramerig) eredményez (MS, HSQC, DOSY)



Az S² (dinamikai) rend paraméterek és az NMR korlátok (NOE, RDC, 13C-shift, J) egyidejű alkalmazása (GROMACS molekula dinamika, Gáspári Z.)







Nincs S-S híd,

3 x S-S híd, abbacc,

3 x S-S híd, abcabc,

Konkurrens diszulfid híd minták (5x3=15)		
abcabc	abbacc	abbcac
7-36	7-36	7- 43
14-43	14-28	14-28
28-54	43-54	36-54



MUMO method, Richter et al. J. Biomol. NMR 37, 117, 2007

A PAF NMR dinamikája ¹⁵N (T₁,T₂, NOE) alapján monomer: $\tau_c = 3$ ns





Kísérleti és várt rend parméterek Redukált spektrális sűrűségek

Kísérlet: $S^2 = 0.81 \pm 0.05$ Számított (RCI) $S^2 = 0.84 \pm 0.06$ http://wishart.biology.ualberta.ca/rci/cgi-bin/rci_cgi_1_e.py

A redukált spektrális sűrűségek sem jeleznek cserét (31°C) $J_{\omega N} = f (J_o)$



A konformációs (tor)túra lehetséges állomásai:

(a natív (aktív?) szerkezet metastabilis!)



F Ulrich Hartl & Manajit Hayer-Hartl : Nature Structural & Molecular Biology 16, 574 - 581 (2009)

"a fehérje sajátságaihoz az energia tájkép is hozzá tartozik" J. Balbach, 2011

Fehérjék hideg (reverzibilis) kitekeredése

Gyakorlati jelentőség:

- biokémikusok, spektroszkópusok
- élelmiszeripar

Tudományos jelentőség:

termodinamika, új molekuláris felismerési modellek

Privalov PL, Critical Reviews in Biochem. and Mol. Biol. 25, 281-305 (1990) Cordes MH, Lectures, University of Arizona Temussi PA, JACS, 2007/5374 2008/9963 2009/11662 Wand J, Nat. Struct. Mol.Biol. 2004/352

Natív és denaturált állapotok



 egyetlen szerkezet, vagy nagyon hasonló szerkezetek ensemble-ja kompakt

Sok fehérje esetén, (de nem mindegyik), ez a folyamat megfordítható, és populált közbenső állapot nélkül valósul meg -> "két-állapotú" feltekeredés

A kitekeredés termodinamikája

A kitekeredés szabad energiája bonyolult módon függ a hőmérséklettől (T). Az entalpia és az entrópia is hőmérsékletfüggő. A hőmérsékletfüggést a hőkapacitással írjuk le (ΔC_p).

$$\Delta H_{\rm u} = \Delta H_{\rm u}^{0} + \Delta C_{\rm p} (T - T^{0}) \qquad \text{entalpia és entrópia} \\ \Delta S_{\rm u} = \Delta S_{\rm u}^{0} + \Delta C_{\rm p} \ln (T/T^{0}) \qquad \Delta S_{\rm u} = \Delta H_{\rm u}^{0} - T \Delta S_{\rm u}^{0} + \Delta C_{\rm p} [T - T^{0} - T \ln (T/T^{0})] \\ \Delta G_{\rm u} = \Delta H_{\rm u}^{0} - T \Delta S_{\rm u}^{0} + \Delta C_{\rm p} [T - T^{0} - T \ln (T/T^{0})] \\ \text{beszámít a teljes szabad energiába (Gibbs potenciálba)}$$

 T^{0} önkéntes referencia hőmérséklet, ΔH_{u}^{0} és ΔS_{u}^{0} az entalpia és entrópia ezen a hőmérsékleten Becktel & Schellman,

Biopolymers **26**, 1859 (1987).

A kitekeredett fehérje $\Delta G_{\rm II}$ a T függvényében mennyisége f_{..}(T) $\Delta G_{\rm u} = \Delta H_{\rm u, Tm} (1 - T/T_m)$ + $\Delta C_{\rm D}[T - T_m - T \ln (T/T_m)]$ $K_u = \exp(-\Delta G_u/RT) = [U]/[F]$ Keg a kitekeredési reakcióra A ki-és feltekeredett $f_u = K_u / (1 + K_u)$ frakciók cc. aránya Egymásba ágyazott egyenletek Kitekeredett frakció

Fehérjék stabilitási görbéi



A fehérjék hideg kitekeredésének magyarázata (Privalov)

A fehérje apoláros csoportjainak erősen hőmérsékletfüggő kölcsönhatása a vízzel.

Ezen csoportok hidratációja termodinamikailag kedvező.

A hidratáció Gibbs szabad energiája negatív és a hőmérséklet csökkenéssel növekvő mértékű.

Alacsony hőmérsékleten a fehérje a belső apoláros csoportokat a víz oldószer felé mozgatja.

¹H-¹⁵N NMR HSQC spektrumokban változó az NH jelek térfogata a 265-344 K hőmérséklet tartományban



Hogyan adhat NMR "sötét anyagot" egy "sziklaszilárd" fehérje?

Néhány görbe, amely a *feltekeredett* forma populációját mutatja aminosavanként



Egyéb kísérleti technikák összhangban a ¹⁵N-NMR-el



NMR ¹³C-HSQC

DSC-kalorimetria

Túlhűtés (supercooling) 1 mm-es kapillárisokban -5 - 8°C-ig (puffer)



R

- ¹⁵N-HSQC spektrum kollapszusa nem észlelhető
- a feltekeredett, natív forma populációja fokozatosan csökken
- rendezetlen szerkezethez vezető totális kitekeredés nincs

Túlhűtés (supercooling) 1 mm-es kapillárisokban - 15°C-ig (H₂O)



a teljes kitekeredést nem engedik a diszulfid hidak

Hogyan magyarázhatók az NMR spektrumok?

- A fő konformer közepes-lassú cserében lehet az alternatív konformerekkel az NMR kémiai eltolódás különbség időskálán.
- Néhány, alacsony populációjú, nem natív szerkezet létezhet egyszerre, azonban ezek nem átlagolódnak egyetlen, kitekeredett konformerré - ezért a detektálási küszöb alatt maradnak.
- A kémiai eltolódások nem változnak ugrásszerűen a hőmérséklet függvényében (kísérleti tény). Nem lehet tiszta kéthelyű csere.

Konformációs csere tankönyvi példa (Hore, P.J.) (hirtelen kémiai eltolódás ugrás várható kéthelyű cserénél)



Három-helyű csere szimuláció: 1-x lassú, 2-3 változó



Bruker, J. Rohonczy

Három-helyű csere szimulációk: 1- x lassú, 2-3 közepes



Bruker, J. Rohonczy

Az ¹H kémiai eltolódások hőmérséklet függésének illesztése 3-állapotú modellel



Illesztés (Ser-10): U1/U2 = const.

A ¹⁵N kémiai eltolódások hőmérséklet függésének illesztése 3-állapotú modellel



Illesztés (Lys-9) : U1/U2 = const.

Kettő vagy háromállapotú kitekeredés ?

Kétállapotú modell pl. K2, S10 and K11.

Háromállapotú modell pl. C54



kétállapotú modell, **F ↔ U**



háromállapotú modellek: $F \leftrightarrow I \leftrightarrow U$

 $F \leftrightarrow U1 \\ F \leftrightarrow U2$

Gibbs szabad-energia változás (ΔG) = f (T) [kJ / M]



Két csoport azonosítható a maximális stabilitású hőmérséklet szerint (kétállapotú modell szerint illesztve)

PAF kitekeredési régiók



Homológok: PAF és AFP

("hőre érzékeny" egységeket piros pötty jelöli a PAF-ban)





1. Sok "feltekeredett" fehérje oldatfázisban reverzibilis, termikus egyensúlyban van a részlegesen kitekeredett konformerekkel.

2. A PAF esetében a totális hideg kitekeredés a diszulfid hidak miatt nem valósul meg.

3. A PAF korlátozott hideg kitekeredése az egész fehérjében szinkronizált, ellentétben a magas hőmérsékletűvel.

4. A PAF különböző régióinak termikus kitekeredését két és három állapotú modellekkel lehet leírni.

5. A PAF hőmérsékleti sokkra legérzékenyebb régiói nem konzerváltak és inkább a kétállapotú modellel követhetők.

Köszönet

Barna Teréz **Bodor Andrea (ELTE)** Fizil Ádám Galgóczi László (Szeged) Gáspári Zoltán (PPKE) Gyémánt Gyöngyi Kele Zoltán (Szeged) Kövér Katalin Leiter Éva Florentine Marx (Innsbruck) Nyitrai Mónika Pócsi István Tomori Valéria Tóth Gábor (Szeged) Váradi Györgyi (Szeged)

OTKA CK 77515 TÁMOP 421 B/09 Osztrák-Magyar Akció Alapítvány OMAA 79u1