OTKA 100720 (Deckerné Dr. Majer Zsuzsa): 2012. április 01.- 2015. szeptember 30.

Személyi változások és a téma kibővítésének hatása a projekt eredményeire (OTKA-zsűri által engedélyezett változások):

1) Dr. Nemes Anikó (alkalmazva: 2012. november 01.-2014. október 31.

Az új munkatársat félévnyi csúszással tudtuk alkalmazni és nem volt gyakorlata sem a peptidkémiai eljárásokban (szintézisek, elválasztások), sem az ECD, illetve fluoreszcencia spektroszkópiai mérésekben - betanítása kb. félévet vett igénybe. Ugyanakkor szintetikus múltja révén, ígéretesnek tűnt újabb fluorofór molekulák szintézisét tervezni, amelyeket a szulfhidrilcsoport kimutatására, mint újabb jelölő molekulákat vezettünk volna be. Sajnos ez utóbbi nem járt eredménnyel. *Bódi Péter* és *Kerényi Péter* hallgatók (ELTE, Kémia alapszak) irányítása mellett végezték szakmai gyakorlatukat.

2) *Knapp Krisztina* doktorandusz - eredetileg is nevesített a projektben -, egyrészt mint doktori ösztöndíjas, másrészt mint alkalmazott kutató (2014. szeptember 01.-2015. július 31.) vett részt a projektben. Az ő munkáját főleg a modellezés/peptidszintézis mellett a fluoreszcencia mérések tették ki, melyet *Dr. Csik Gabriella* irányítása mellett végzett. Aktívan részt vett a tömegspektrometriás és konformációs vizsgálatokban is, amelyek a kutatási témakör kibővítésével jelentek meg a projektben. Irányítása alatt szakmai gyakorlatát *Sajti Ákos* ELTE, Kémia alapszak) végezte, illetve mint társ-témavezető *Czirók Márton* (ELTE, Kémia alapszak) hallgató szakdolgozati munkáját irányította.

3) A modellek fotolitikus reakcióinak, a gyökstabilitási vizsgálatainak témafelelőse *Dr. Gróf Pál* (Semmelweis Egyetem Biofizikai és Sugárbiológiai Intézet), akinek irányítása mellett *Bozó Tamás* (Pharm. dr.) dolgozott a témában.

4) A kutatási téma kibővítését (egyben a projekt hosszabbítását is) a 3. év eredményei tették szükségessé. A peptid modellek fotolízisének kiértékelése fluoreszcencia spektroszkópiával és HPLC-módszerrel történt, de az eredmények nem voltak egyértelműek. Így szükségesnek ítéltük egyrészt a modellek oldatbeli konformációjának vizsgálatát (ROA, ECD, NMR spektroszkópia) és a fotolitikus termékek azonosítását tömegspektrometriával (LC-MS; MS/MS).

- NMR vizsgálatok (*Dr. Kövér Katalin* Debreceni Egyetem Szervetlen és Analitikai Tanszék; *Dr. Borics Attila* SzBK, Biokémiai Intézet) képet adtak az oldatbeli konformációs vizsgálatokról, amelyet ECD spektroszkópiával is vizsgáltunk. *Nagy Tamás Milán* (DE, Kémiai Alapszak) három modellünk NMR-modellezéséből írta szakdolgozatát (Témavezető: Dr. Kövér Katalin professzor)

- Az ECD spektroszkópiai vizsgálatokhoz kiegészítésként elméleti spektrumszámításokat is végeztünk: *Fehér Domonkos* (ELTE, Kémia mesterszak; szakdolgozati téma) *Dr. Farkas Ödön* (ELTE, Kémiai Intézet) irányításával.

- Tömegspektrometriai vizsgálatokat szükségesnek ítéltük a fotolízisben kapott termékek azonosítására, illetve az MS/MS fragmentációjuk tisztázására. A munkát *Dr. Schlosser Gitta* (ELTE-MTA Peptidkémiai Kutatócsoport) és *Dr. Illyés Eszter* (nevesített kutató, Vichem Chemie Kft.) végezte.

Az együttműködéseket rendkívül hasznosnak ítélem, mivel ezek a mérések/számolások nagyban hozzájárultak a vizsgált peptidmodellek fotolitikus reakciójának a leírásához, tisztázásához és újabb publikációkat is lehetővé tettek / tesznek.

TÉMA ELŐZMÉNYEI, INDÍTTATÁSA

Több fehérje esetében igazolt, hogy a fényérzékeny triptofán fotoindukálta elektrontranszfer reakciókra képes¹. A redukálható diszulfid-hidak esetében az egy-elektron redukciós folyamatban így szulfhidril, és tiil-gyök keletkezhet². Bizonyították, hogy a Trp térbeli közelsége a diszulfid-hídhoz (d= 4-7 Å) felelős a fehérjék fényérzékenységért és a különböző lebomlási termékek keletkezéséért³, ami a biológiai hatás megváltozásával (pl. enzimkatalizis) jár⁴. A fehérjék vizsgálatainál, ahol több aromás aminosav is egymás közelében lehet (pl. aromás loop), vagy több triptofán (Trp, W) és/vagy tirozin (Tyr, Y) oldallánca a diszulfidhíd (SS-híd) közelében⁵ helyezkedik el, a fotolitikus vizsgálatok elemzése bonyolult feladat. Mivel a fehérje, mint egy komplex egység, a behatásokra mindig ad valami választ, célszerűnek tűnik bizonyos folyamatok, reakciók tisztázására egyszerűbb modell vegyületeket használni, pl. peptideket. A peptidek kisebbek, a szekvenciájukba célirányosan be lehet építeni az adott hatásért felelős molekularészletet. Szerkezeti egységeikben viszont megegyeznek a fehérjékkel, tehát egy adott jelenség vizsgálatakor a peptidekkel kapott részeredményeket akár a fehérjékre is ki tudjuk terjeszteni. Így az UV-fény hatására lejátszódó fotokémiai reakciót a fehérjéknél kisebb egységeken, peptidmodelleken vizsgáltuk és feltételeztük, hogy ezek a modellek (kisebb ciklikus peptidek) vizsgálata nagyban hozzájárulhat a fotolízis folyamatának szélesebb körű megértéséhez. A választott peptidmodellek flexibilitását diszulfidhídon keresztüli ciklizálással csökkentettük; olyan ciklikus kispeptideket konstruáltunk, melyek szekvenciájában aromás oldalláncú aminosav és diszulfidhid van, de a laktalbumin fehérje (kecske, GLA) adott Trp mikrokörnyezetének "kivágásával" is készült modell. A kistagszámú peptidek általában 5-6-7 aminosavat tartalmazó ciklikusok, melyeknek összetételét szisztematikusan változtattuk, így a diszulfid-kötés különböző kémiai környezetbe került. A kis tagszámú ciklikus peptidmodellek jó modelleknek tűntek, mert: i) a lineáris peptidnél kevesebb konformációs lehetőséggel bírnak (SS-híd szerkezetmerevítő hatása), ii) a megfelelő közelségbe kerülhet a Trp és az SS-híd és így jól tanulmányozható az UV-VIS fény hatására a feltételezett Trp közvetítette elektrontranszfer folyamat révén bekövetkező diszulfidhíd hasadás.

Az eddigi kutatások eredményei alapján (fehérjék^{5,7}, ill. oligopeptidek^{9,10}) az alábbi paraméterek játszhatnak szerepet a Trp és SS-híd közötti fotokémiai folyamatban, melyeket figyelembe vettünk a modellek tervezésénél:

1) A Trp oldallánc és SS-híd közötti térbeli távolsága^{5,11} (optimális 4-7 Å)

2) A fehérjékben a Trp körüli lokális környezet – mikrokörnyezet –, azaz a térben közeli aminosavak hatása (oldallánc minősége: aromás, illetve nagy térigényű alifás)¹².

3) A mikrokörnyezetben található lizin (Lys, K), illetve arginin (Arg, R) oldallánca (ϵ -NH₂, illetve guanidil-csoport) befolyásolhatja a folyamat lejátszódását, pl. a kation- π kölcsönhatás révén (5-8 Å)¹³.

4) Védett N- (acetil-csoport) és C-terminálist (amid-csoport) tartalmazó peptidmodellek alkalmazása (láncvégi ionos töltésű csoportok jelenlétének elkerülése, peptidgerinc kiterjesztése).

Munkánk a következő fejezetekre tagolódott:

 ciklikus kispeptidek és fehérje környezeti modellek tervezése és molekulamechanikai módszerrel (MM vákuumban) a legkisebb energiájú konformer(ek) keresése. A két távolsági kritériumot teljesítő modellek kiválasztása, szekvencia-variánsok tervezése és ezek MM számolása;

2) kiválasztott modellek szintézise, azonosítása;

3) ciklikus peptidmodellek fluoreszcencia vizsgálata ("kvencselés")

4) Fotoredukciós kísérletek: UV-VIS besugárzások optimalizálása (lámpák teljesítménye és az alkalmazott fény hullámhossza, körülmények optimalizálása) és a folyamatban keletkezett szulfhidril-csoport kvalitatív kimutatása többféle reagenssel (új reagensek fejlesztése) és módszerrel (fluoreszcencia, LC/MS, MS/MS, HPLC);

5) Szulfhidril csoport kvantitatív meghatározása

6) Szerkezet-hatás összefüggés, azaz oldatbeli (valós) konformációs viszonyok tisztázása NMR, ECD spektroszkópiával

7) Fotolitikus folyamatok vizsgálata ESR spektroszkópia segítségével

8) Fehérjék és fehérjefragmensek vizsgálatai

EREDMÉNYEINK

1. Molekulamechanikai (MM) számításokat végeztünk vákuumban a tervezett peptidsorozatokra, azaz az öt-, hat-, illetve hét aminosavból álló ciklikus peptidekre, ahol a szekvenciák különböző aromás aminosavat - Trp (W), Tyr (Y), fenilalanin (Phe,F) -, illetve valint (Val,V) tartalmaznak a szekvencia különböző helyein. A Val-tartalmú (alifás oldallánc) modellek fotolízise esetén nem, vagy a legkisebb SS-híd felszakadását vártuk az aromás oldalláncot ideális távolságban tartalmazó szekvenciákhoz képest. Az optimalizálás és konformer keresési eljárás a lent megadott feltételekkel és paraméterekkel történt. Az "optimális" modellvegyületek kiválasztásának az alapja a legkisebb energiájú konformereknél leolvasott aromás mag-diszulfidhíd, illetve a kation- π távolság. A kedvező aromás-diszulfidhíd távolság esetén (d~4-7 Å)¹¹ nagyobb az esély a nagyobb mennyiségű -SH képződésére, mert nagyobb fokú SS-híd hasadása. A bázikus oldallánc-aromás mag kedvező távolsága (d~5-8 Å)¹³ esetén a kation- π kölcsönhatás elősegítheti a diszulfid-kötések hasadását.

Aromás mag-diszulfid távolság: 4-7 Å



kation-π kölcsönhatás: 5-8 Å



MM Számolási paraméterek: HyperChem 6.0, vákuum, Amber erőtér; Newton-Raphson és Polak-Ribiere algoritmus (2000 ciklus); rögzített transz-amidkötések és d(S-S)=2,04 Å; torziós szögek: φ_1 , ψ_1 , ξ_1 , χ_1

Jelmagyarázat: peptid modelleknél az atomok közötti távolságok méréséhez

d₁/Å Az aromás gyűrű megfelelő C és a SS híd fele közti távolság ("fantomatom")

Trp indol-gyűrűjében a Cε2-atomtól; a Tyr, Phe aromás gyűrű legtávolabbi C-atomjától (aromás-SS)
Val: oldalláncban harmadrendű C atom

 $d_2/Å$ és $d_3/Å$ kation- π hatás esetében

- kationok: Lys oldalláncának -NH₃⁺-csoportja; Arg oldallánc guanidil-csoportjának mértani közepe

- aromások: Trp indol-gyűrűjében a Cε2-atomtól; a Tyr és a Phe az aromás gyűrű mértani közepe

További aminosav rövidítések: cisztein (Cys, C); alanin (Ala, A), glicin (Gly, G)

Pentapeptidek	d ₁ / Å (SS/2)	d₂ / Å (Lys-NH)	d₃ / Å (Arg-NE)
Ac-c(CAXAC)-NH ₂			
X=V	8.26154	-	-
X=Y	9.07417	-	-
X=F	10.64513	-	-
X=W	5.49121	-	-
Ac-c(CXAGC)-NH ₂			
X=V	6.60316	-	-
X=Y	10.5157	-	-
X=F	10.3899	-	-
X=W	9.61117	-	-
Ac-c(CXAKC)-NH ₂			
X=V	6.57262	-	-
X=Y	9.64502	10.07436	-
X=F	10.3983	9.98268	-
X=W	7.91659	7.87089	-
Ac-(CXARC)-NH₂			
X=V	7.8165	-	-
X=Y	10.2755	-	8.04758
X=F	11.4658	-	6.40667
X=W	9.88286	-	10.4482
Ac-(CXGAC)-NH ₂			
X=V	6.80832	-	-
X=Y	8.74973	-	-

1.1 Ciklikus pentapeptid modellek

X=F	6.48993	-	-
X=W	9.67964	-	-
Pentapeptidek	d ₁ / Å (SS/2)	d₂ / Å (Lys-NH)	d ₃ / Å (Arg-NE)
Ac-(CXKAC)-NH ₂			
X=V	7.76335	-	-
X=Y	10.3313	6.89629	-
X=F	9.16893	9.9857	-
X=W	7.95261	7.82582	-
Ac-(CXRAC)-NH₂			
X=V	7.51346	-	-
X=Y	8.21491	-	9.81522
X=F	10.1649	-	10.32462
X=W	9.75967	-	10.799
Ac-(CAXKC)-NH ₂			
X=V	8.18645	-	-
X=Y	9.15727	8.51474	-
X=F	9.67174	3.78181	-
X=W	8.62061	7.44406	-
Ac-(CKXAC)-NH ₂			
X=V	8.48349	-	-
X=Y	10.59146	10.50955	-
X=F	10.31466	10.21498	-
X=W	10.09892	10.51892	-

A fenti modellek közül ígéretes az Ac-ciklo(CAXAC)-NH₂ sorozat a W-SS távolság szempontjából, míg a kation- π kölcsönhatás szempontjából az Ac-ciklo(CWKAC)-NH₂, illetve az Ac-ciklo(CWAKC)-NH₂ modell.

1.2 Ciklikus hexapeptid modellek esetében növekedett a gyűrű flexibilitása. A vizsgált 10 modell közül az Ac-ciklo(CWAGAC)-NH₂ ($d_1 / \text{Å} = 6,92915$), illetve az Ac-W-ciklo(CAGAC)-NH₂ ($d_1 / \text{Å} = 7,00559$) modellek esetében volt a legjobb a W-SS távolság, de ez rosszabb volt a ciklikus pentapeptidek esetében talált modellénél.

1.3 Ciklikus heptapeptid modellek vizsgálatánál (Czirók M. szakdolgozat, 2013)¹⁴ módunkban állt, hogy a kation- π kölcsönhatás létrejöttének egyik tényezőjét, azaz az aromás és kationos oldalláncú aminosavak egymástól való távolságát (m=0,1,2,3, ahol az **m** közöttük található aminosav-részek száma), valamint az aromás aminosavak szekvenciában elfoglalt helyét változtatva (k=0,1,2, ahol a **k** az N-terminálison elhelyezkedő Cys és az aromás oldalláncot tartalmazó aminosav között elhelyezkedő aminosavrészek száma), vizsgáljuk a kialakuló konformációs viszonyokat. Itt jelentősége volt az N-terminálison lévő acetil-csoportnak és a C-terminálisú amidcsoportnak, mert így a láncvégi potenciális kation és anion nem alakíthat ki újabb kölcsönhatást az aromás oldallánccal.

Az Ac-ciklo(CGA-X-A-Z-C)-NH₂, az Ac-ciklo(C-X-AGA-Z-C)-NH₂, az Ac-ciklo(C-X-Z-GAGC)-NH₂ és az Ac-ciklo(C-X-AG-Z-GC)NH₂ (X=W, Y, F, V és Z=G, R,K) modellek esetében mind az aromás-SS, mind a kation- π hatás távolsága nagyobb volt, mint 7.5Å. Az Ac-ciklo(CG-X-AA-Z-C)-NH₂, és az Ac-ciklo(C-X-A-Z-AGC)NH₂ sorozatnál pedig a távolságok 10Å körüliek, illetve nagyobbak. Nem találtunk igazán optimális modellsorozatot a vizsgált szekvenciák között.

Peptid (legkisebb energiájú konformer)	d ₁ / Å	d₂/ Å	d₃ / Å	
Ac-(CWAGAGC)-NH ₂ (Ref)	9,74206	-	-	
Ac-(CWAGKGC)-NH ₂	9,73633	7,99941	-	
Ac-(CWAGRGC)-NH ₂	6,99576	8,4896	8,03685	
Ac-(CYAGKGC)-NH ₂	8,50655	12,60038	-	
Ac-(CYAGRGC)-NH ₂	10,55056	13,01344	11,04784	



Az ábrán a kiválasztott Trp-t és Arg-t tartalmazó szekvencia legkisebb energiájú konformere látható.

1.4 Fehérje (GLA) környezeti modell

Modelleztük a kecske laktalbumin (GLA) fehérjének a **Trp-60** aminosav térbeli közelségében lévő aminosavakból felépített szekvenciát, azaz az adott mikrokörnyezeti modellt: Acciklo(C<u>K</u>IYI-X-IC)-NH₂ ahol X=W, F, Y. A lizil-részt egyes szekvenciákban arginil-részre cseréltük, vizsgálva ez utóbbi konformációra gyakorolt hatását.

Peptid (HyperChem-	d ₁ / Å	d₄ / Å Aromás
kód)		centroid-Lys/Arg(N)
Ac-(CKIYIWIC)-NH ₂	8,7829	W-K: 5.39901
Ac-(CKIYIFIC)-NH ₂	12,80339	F-K: 8.25585
Ac-(CKIYIYIC)-NH ₂	11,03598	Y-K: 8.75154
Ac-(CRIYIWIC)-NH ₂	3,59557	W-R : 11.11202
Ac-(CRIYIYIC)-NH ₂	5,01645	Y- R :8.72841
Ac-(CRIYIFIC)-NH ₂	13,72122	F-R: 10.56333
Ac-(CIWIYIKC)-NH ₂	9,19442	W-K: 9.4099
(7A-retro)		
Ac-(CKAYIWIC)-NH ₂	9,90022	W-K: 4.00102

A modellezés eredménye szerint a diszulfid-aromás távolság az Ac-ciklo(C**K**IYI**W**IC)-NH₂ modellben kb. 8.7 Å – ami esetleg teljesíti a W-hatásának érvényesülését a diszulfid-hidak fotolízisében, de ezt erősítheti a kedvező kation- π kölcsönhatás (kb. 5.3 Å). Az Acciklo(C**R**IYI**W**IC)-NH₂ és az Ac-ciklo(C**R**IYI**Y**IC)-NH₂ modellek esetén az aromás mag és diszulfidhíd távolsága optimális (kb. 3.5, illetve kb. 5 Å), tehát az UV-fénnyel történő besugárzás hatására feltételeztük a diszulfidhíd fotoredukcióját a tirozin esetében is (Tyrközvetített elektrontranszfer folyamat)¹⁵. Ez utóbbinál a kation – π kölcsönhatásnak valószínűleg nem lesz szerepe, mivel a távolság 11.1 Å, illetve 8.7 Å.

2. Peptidmodellek szintézise

A peptidmodellek manuális szilárdfázisú peptidszintézissel (Fmoc/tBu módszer) készültek, Rink amid MBHA gyantán¹⁶. A gyantáról történt lehasítás után kapott nyers lineáris peptidek vizsgálata és azonosítása analitikai HPLC-vel és ESI-MS vizsgálattal történt. Amennyiben a lineáris peptid tisztasága nagyobb volt, mint 80%, ciklizálási reakciót végeztünk a levegő oxigénjének segítségével a peptid híg vizes oldatában ($c_{peptid}=0,05-0,1$ mg/ml), ahol a pH =7,8-8 (NH₄HCO₃) volt. A reakciót RP-HPLC-vel követtük, majd a kapott ciklikus peptidet preparatív RP-HPLC-vel tisztítottuk, azonosítása pedig analitikai RP-HPLC és ESI-MS segítségével történt. A liofilizált termékek peptidtartalma: 70-80%, tisztasága ~95%

2.1 Ciklikus pentapeptid-modellek esetében figyelembe véve a két távolság-kritériumot, kiválasztottunk az optimálisnak tűnő modelleket, és a kevésbé optimális modelleket is, amelyek

fotolízisének összehasonlításával várhatóan olyan információkhoz jutunk, melyekből következtetni tudunk részben a ciklopeptid szerkezete és így az aromás aminosav, illetve a kation- π kölcsönhatás szerepére a fotolízisben. Nagyszámú peptidtárat állítottunk elő.

2.2 *A ciklikus hexapeptideknél* nem találtunk kiemelkedően jól megfelelő modellt, ahol a Trp-SS távolságot optimális lenne; nem történt szintézis.

2.3 *Ciklikus heptapeptid-modellek* közü egy triptofán-tartalmú modellsorozat, az Acciklo(CWAGZGC)-NH₂ (Z= R, K, A) sorozat szintézise megtörtént¹⁴. Az alanin tartalmú szekvencia a referencia peptid, mivel itt nem jöhet létre kation- π kölcsönhatás.

2.4 *A Trp-60 környezeti modellsorozat* mikrohullámú peptidszintetizátorral készült. Ezen peptidek analízise szintén RP-HPLC, MALDI-MS vizsgálatokkal történt, de tisztításuk (HPLC) vízben való oldhatatlanságuk miatt meghiúsult.

2.5 Lineáris prekurzorok és ezek származékainak elkészítése:

- Ac-C(Acm)WAKC-NH₂, Ac-CWAKC(Acm)-NH₂(Acm= acet-amidometil csoport)

- Ac-C(*Acm*)WAKC(CPM)-NH₂, Ac-C(CPM)WAKC(*Acm*)-NH₂, Ac-C(CPM)WAKC(CPM)-NH₂

CPM= fluorofór csoport, lásd később

3. Modell peptidek fluoreszcenciája

A peptidek és fehérjék esetében fluoreszcens vizsgálatok⁶ lehetségesek, ha aromás oldalláncú aminosavak (természetes fluorofór) vannak a szekvenciában. Az UV-VIS tartományban gerjeszthetők és a kibocsátott fény (kisebb energiájú – nagyobb hullámhossz; intenzitás arányos a koncentrációval) spektruma függ az aromás rendszer környezetétől, így ez minden esetben molekulára jellemző spektrumot ad. Ha a fluorofórok által kibocsátott fény intenzitása nem egyezik meg a mért intenzitással, akkor kioltás ("kvencselés") történik, amelyért a fluorofór-csoport közelében lévő más molekula, molekularészlet vagy ion jelenléte a felelős. Ezeknek, a kioltásért felelős részeknek az elektronszerkezete alkalmas arra, hogy a gerjesztett állapotban lévő fluorofórokkal "kölcsönhatást" létesítve annak gerjesztési energiáját átvegyék és így azt disszipálják. Ebből következtetni lehet arra, hogy kioltásért felelős részekből mennyi és milyen távol helyezkedik el a fluorofór aromás rendszertől. A Trp fluoreszcencia intenzitásának csökkenése peptidekben és fehérjékben a Trp környezetében előforduló diszulfidhidak, aromás rendszerek, amino-csoportok és amid-csoportok (peptidkötés) jelenlétének tulajdoníthatók.

A szintetizált Trp-tartalmú modelleknek felvettük a fluoreszcencia spektrumát. Azt vártuk, hogy amint a fehérjék esetében is¹⁷, az SS-híd közelében lévő Trp oldallánca csökkenteni fogja (kvencseli) a Trp-fluoreszcencia intenzitását a ciklikus modellekben. Összehasonlításra az Ac-Trp-OMe és a lineáris Trp-szekvenciákat (nagyobb flexibilitás/ konformációs szabadság) használtuk. A spektrumok c=35 µM koncentrációjú oldatokból készültek



A vizsgált pentapeptideknél - különösen az Ac-ciklo(CAWAC)-NH₂ modellnél - a talált intenzitáscsökkenés a Trp-fluoreszcencia intenzitásához képest, arra utalt, hogy a diszulfidhíd a Trp-molekularészlet közelében lehet.

A heptapeptidek modelleken végzett MM számolások alapján nem vártunk jelentős különbséget a szintetikus ciklikus modellek fluoreszcens intenzitása között, de méréseink szerint ezek nem különböznek a lineáris modellek intenzitás értékeitől sem¹⁴. A mért adatok tükrében, erre a lehetséges magyarázatok a következők lehetnek:

- az MM számolás kvalitatív módszer, a számolások során az optimalizálás és konformer-keresés vákuumban, míg a fluoreszcencia mérések oldatfázisban (szolvatáció) történtek;

- a lineáris peptidek felvehetnek olyan szerkezetet (hosszabb peptidlánc, sok konformer), ahol kioltó hatással rendelkező molekularészek (pl. lizin/arginin oldallánc, amid-váz) közel kerülnek a Trp-hoz így okozva a fluoreszcencia intenzitás csökkenését.

4. Fotoredukciós kísérletek

Figyelembe véve a modelleknél az MM számítások eredményét és a szintézis, ill. a szintetizált modellek oldhatósági során fellépett nehézségeket, szűkítettük a fotolitikus reakcióban vizsgálni kívánt modellek számát:

- a *ciklikus heptapeptid* modelleknél (Ac-ciklo(CWAGXGC)-NH₂, X= Arg, Lys, Ala) a konformerek sokaságának egymásmellettisége nem adhat egyértelmű eredményt¹⁴. A fotolízist nem végeztük el.

- a ciklikus pentapeptidek fotolízisét vizsgáltuk. A Trp-SS távolság, illetve várhatóan a fotolitikus viselkedés szempontjából is, kiválasztottunk egy-egy szekvenciát: Ac-ciklo(CAWAC)NH₂ (d₁=5,49121Å, JÓ modell); Ac-ciklo(CWAGC)-NH₂ (d₁=9,61117Å ROSSZ modell) és Ac-ciklo(CWAKC)-NH₂ (d₁=7,91659Å KÖZEPES modell). A KÖZEPES modell esetében a várt fotolitikus hasadási értéket a kation – π kölcsönhatás (d₂=7,87089Å) erősítheti. A három reprezentáns szekvencia analógjainak (W helyett Y, F, V) is vizsgáltuk a fotolízisét.

4.1 Besugárzások

A gerjesztésre különböző fényforrásokat használtunk.

Az alkalmazott fényforrások: Fluorolog-lámpa, FS-20 UVB-lámpa, valamint Germicid-lámpa. Az első két lámpával történő besugárzásnál a Trp, ill Tyr közvetítette fotolízis mehet végbe, míg a Germicid-lámpa közvetlenül a diszulfid-hidak hasadását is eredményezheti Azt vártuk, hogy a vizsgált peptidminta diszulfidhídjainak hasadása a Germicid-lámpa használata esetén a legnagyobb mértékű, de ezen a hullámhosszon már más fotokémiai bomlás is lehetséges.

Fényforrások		Foton fluxus		
	renyiorrasok	foton/sec*	$mW/cm^2 **$	
L1	Jobin-Yvon Fluorolog 4 spektrofluoriméter, 450W Xe, monokromátor	$\lambda = 290 \text{ nm}: 3,03 \cdot 10^{18}$ $\lambda = 280 \text{ nm}: 1,92 \cdot 10^{18}$	_	
L2	FS-20 sávszélességű UVB-lámpa WG-305 nm-es szűrővel	$\lambda \ge 305 \text{ nm}: 9,00 \cdot 10^{18}$	λ≥305 nm: 0,9-1,4	
L3	Philips TMS022 Germicid-lámpa λ~254 nm	-	_	

* Aktinometria¹⁸

** Doziméter:Vilber-Lourmat VLX-3W; Szenzor: CX-312.

4.2 *Modellek besugázása*: a peptid minta (c_{Peptid} =185-220 mM) besugárzása NH₄HCO₃puffer oldatban (5mM, pH=7.5) történt a fenti hullámhosszakon, 16nm résszélességgel, T=4°C hőmérsékleten kevertetéssel 1h időtartamig. Az NH₄HCO₃-puffer buborékmentesítése vákuumpumpával, szonikálással történt. A λ = 254 és 305 nm esetén a hőmérséklet magasabb volt (T=25°C).

Egy-egy besugárzott minta oldatából párhuzamosan végeztük el a vizsgálatokat a különböző reagensekkel és módszerekkel.

4.3 Szulfhidril-csoport detektálása (kvalitatív kimutatás)

A fotokémiai reakcióban keletkező szulfhidril-csoport kimutatására több reagens és módszer alkalmas; ezeket a reagenseket /módszereket a kimutatási határtól függően kell megválasztani: Ellman- reagens¹⁹, jódacetamid- és maleimidszármazékok²⁰.

A fotolízis során a viszonylag kis mennyiségben keletkező szulfhidril-csoport kimutatása addukt-képzési reakcióval történik "*in situ*" és a képződött vegyület detektálására több módszer lehetséges: fluoreszcencia mérés, HPLC és tömegspektrometria.

➢ <u>HPLC UV-Vis detektálás</u>: viszonylag nagy koncentráció szükséges a vizsgálathoz, ami oldhatósági és detektálási problémákhoz vezethet, mivel a fotolízis várt hatékonysága a mintáknál 3-20% közé esik;

Since MS detektálás: általában fragmentációval történik a vegyületek azonosítása, ezért elővizsgálatok (*work-up step*) szükségesek;

➢ <u>Fluoreszcencia</u>: érzékeny és szelektív módszer. Kis koncentrációban történik a meghatározás, így nincsenek oldhatósági problémák és már 1-2% HS-tartalom is meghatározható. A detektálás alapja, hogy a fotolízis során képződött HS-csoport reakcióba lép a szulfhidril-specifikus (ún. "tiolspecifikus") fluoreszcens jelzővegyülettel (festék). Az így képződött addukt a festéknél erősebben fluoreszkál, így a peptidminta besugárzását követően a fluoreszcencia intenzitásának növekedése a keletkezett HS-csoportok mennyiségével arányos, fluorimetriával meghatározható.

A fotolízisekor keletkező szulfhidril-csoport kimutatására és azonosítására használt reagensek, módszerek:

4.3.1 Új fluorofor reagensek szintézise: sikertelen.

A keletkező -SH csoport egyértelmű kimutatásására olyan reagens szükséges, amellyel gyorsan képződik a szulfhidril-csoportot tartalmazó peptidből reagens adduktja; az addukt stabil és szelektív a kimutathatósága, ill. megkülönböztethetősége (pl. intenzív jel és addukthoz rendelhető egyértelmű fluoreszcencia spektrum).

A) A 3-(4'-maleimidofenil)-7-(dietilamino)-kumarin – ez egy CPM²¹-analóg – előállítását 3bróm-7-(dietilamino)kumarinból próbáltuk Ullmann reakcióval. A bróm-származék előállítása (Knoevenagel reakció és brómozás) sikeres volt, de az Ullmann reakció lejátszódását már nem sikerült kimutatni (NMR spektrum).

B) Előállítottuk a 7-hidroxi-4-metilkumarin és a fluoreszcein 2,4-dinitrobenzolszulfonilészterét, egyik vegyület sem mutatott fluoreszcenciát. Tiolokkal reagálva azonban 2,4dinitrotioészterek mellett SO_2 és 7-hidroxi-4-metilkumarin, illetve fluoreszcein keletkezik, melyek már fluoreszcens vegyületek. Az előkísérletek során azonban vegyületeink már az oldószerként alkalmazott vízzel, illetve metanollal is reagáltak, így nem szulfhidril-szelektívek.

<u>4.3.2</u> 7-(dietilamino)-3-(4-((2-(2-(vinilszulfonil)etoxi)etoxi) -metil)-1H-1,2,3-triazol-1-il)kumarin (VSC) reagens²² peptid adduktjai. A peptid-VSH adduktképzési reakció követésére HPLC módszert dolgoztunk ki, amely alkalmas a jövőben a szintetizált peptid-VSC addukt segítségével a kvantitatív szulfhidril-meghatározásra. Az eredményeket konferencia előadáson²³ és poszteren²⁴ mutattuk be.

Optimalizáltuk az HS-csoport (lineáris peptid szabad S-csoportja) reakcióját a VSC reagenssel, illetve ennek linkerével (3-{2-[2-(vinilszulfonil)etoxi]etoxi}-prop-1-in, VS); a reakció követése HPLC-vel történt. Vizsgált körülmények: pH=6 - 8.5, T=20 - 37°C, peptid:VSC=1:4 arány



A lineáris modellpeptidekből Ac-C(Acm)WAKC-NH₂, Ac-CWAKC(Acm)-NH₂ és Ac-CWAKC-NH₂ állítottuk elő a megfelelő VSC származékokat, ahol az optimális körülmények a következők voltak: dimetilformamid-víz elegyben pH=7.9 értéknél szobahőmérsékleten, 20-30 perc alatt lejátszódott az adduktképzés. Az adduktokat izoláltuk és azonosítottuk (ESI-MS). Az addukt több órán keresztül stabil.

Jelenleg csak kvalitatív kimutatásra alkalmas a módszer, mert:

- a fotolízis során modelljeinkből csak kis százalékban keletkező peptid-VSC addukt gyenge jelintenzitást mutatott a HPLC kromatogramban, a jel-zaj arány nem optimális, így nem használható a csúcsok alatti terület összehasonlítására;

- az érzékenyebb fluoreszcencia mérés nem alkalmazható, mivel a VSC-reagens és a képződőtt peptid-addukt fluoreszcens spektruma átfed.



4.3.3 7-dietilamino-3-(4'-maleimidilfenil)-4-metilkumarin (CPM)²¹

A peptid-CPM addukt detektálását fluoreszcens-, LC-MS módszerekkel végeztük a peptidek fotolizált oldatából. Egy lineáris modellből előállítottunk peptid-CPM adduktokat (kalibrációs standard), amelyek teljes körű MS/MS analízise megtörtént. A peptidek fotolizált oldatában a keletkezett CPM-adduktok követése /meghatározása HPLC-vel nem egyértelmű. Ebből a témakörből született eredményeinket több poszteren mutattuk be és egy beküldött cikkben^{25a,b, 26,27}.

Ezzel a reagenssel végeztük a legtöbb eredményes kísérletet, jó egyezéssel kaptuk a parallel mérések értékeit.



(CPM: λ_{ex} =387 nm, λ_{em} =475 nm

CPM esetén a maleimidil-gyűrű kettős kötése és az SH között megy végbe a reakció, a képződött addukt erősebben fluoreszkál, mint a CPM-reagens

4.3.3.1 A peptid-CPM addukt detektálása (kvalitatív) fluoreszcenciával.

A fehérjéknél alkalmazott módszert követtük: a CPM reagenst DMSO-ban oldottuk, majd a törzsoldatot metanollal hígítottuk. A besugárzott peptidoldathoz ($c_{peptid} = 35 \mu$ M; NH₄HCO₃-puffer pH 7,5) adtuk a CPM-reagens DMSO/MeOH oldatát ($c_{CPM} = 3.5 \mu$ M). A reakcióelegy fluoreszcencia spektrumát 30 perc kevertetés után (az addukt képződése 25 °C-on) vettük fel λ =395-680 nm tartományban.



A különböző hullámhosszokon történt besugárzás hatékonyságát az Ac-ciklo(CWAKC)-NH₂ modellen vizsgáltuk a CPM reagens alkalmazásával, a keletkezett peptid-CPM addukt fluoreszcencia detektálása mellett.

Összehasonlítva a három hullámhosszon történt besugárzást:

A spektrumokban két emissziós maximum (357 és 478 nm) jelenik meg, a görbe lefutások hasonlóak. Mindhárom besugárzásnál közel azonos mennyiségű -SH képződött (l. a peptid-CPM addukt intenzitás értékei). A Germicid –lámpa esetében nagyon kicsi a Trp emissziós sávja λ =357 nm-nél, valószínűleg a besugárzás hatására erősen károsodott a Trp-oldallánca (oxidációs termékek). Ugyanakkor a várttal ellentétben nem keletkezett több szulfhidril viszonyítva a másik két hullámhosszhoz.

A legtöbb peptidmodell besugárzása főleg 280 nm (Tyr UV_{max}) és 290 nm (Trp UV_{max}) történt.

<u>4.3.3.2 Újabb detektálási módszerek a peptid-CPM adduktok kimutatására a fotolizált oldatban.</u> *Peptid-CPM adduktok HPLC – detektálása (poszter bemutatás)*²⁴.

Az itt alkalmazott töményebb oldatok készítése szükségessé tette, hogy vizsgáljuk a CPMreagens oldékonyságát (vízben c~50mM, metanolban c~100mM), a stabilitását (legalább 40-60 perc peptid-CPM addukt kialakulásához), a hidrolízisét és a kimutathatósági határát. 30 perc után a CPM abszorbancia, ill. fluoreszcencia értéke megváltozik (CPM kiválása és /vagy hidrolízise). A méréseinknél minden esetben a peptid-CPM addukt képződését 30 perc reakcióidő után detektáltuk itt. A CPM-peptid adduktok HPLC-azonosításához újabb szintetikus modellekre volt szükségünk. Elkészítettük Ac-C(*Acm*)XAKC(CPM)-NH₂, Ac-C(CPM)XAKC(*Acm*)-NH₂, Ac-C(CPM)XAKC (CPM)-NH₂ sorozatot (X=W, F) az általunk optimalizált reakciókörülmények között (DMSO, T = 37 °C, 4-24 óra, egy, illetve 2 ekv. CPM). A lineáris peptid-CPM származékok jól megkülönböztethetők volta egymástól a HPLC kromatogramban. A fotolizált peptid oldat kromatogramjának kiértékelésénél problémát jelentett, hogy mind a CPM, mind a maradék ciklikus modell peptid intenzív jele mellett, a fotolízis-adduktoknak nagyon kis intenzitású csúcsai voltak jelen. Jelenleg a módszer a modellek besugárzásakor keletkezett HS-kimutatására csak *kvalitatív módszerként* alkalmazható.

A peptid-CPM adduktok LC-MS és MS/MS vizsgálata (poszter bemutatása és publikáció beküldve)^{25a,b}.

A modellek fotolízis termékeinek vizsgálatára LC-MS módszert is alkalmaztunk, fejlesztettünk. Mind a várt peptid-CPM, mind a melléktermékek azonosításához szükség volt a szintetizált Ac-C(Acm)XAKC-NH₂, Ac-CXAKC(Acm)-NH₂, AcC(Acm)XAKC(CPM)-NH₂, Ac- $C(CPM)XAKC(Acm)-NH_2$ Ac-C(**CPM**)XAKC(**CPM**)-NH₂ (X=W,F)sorozat tömegspektrometriás analízisére. Tanulmányoztuk a CPM jelzőmolekula pozíciójának hatását a peptidek MS/MS fragmentációjára. A tandem tömegspektrometriás mérések során ütközésindukált disszociációt (CID) alkalmaztunk. Eredményeink azt mutatják, hogy a CPM fluoreszcens jelzőmolekula segítségével történő szulfhidril-meghatározás kombinálható a tandem szerkezetvizsgálati módszerekkel, tömegspektrometriára épülő mivel a jelzővegyület karakterisztikus módon befolyásolja a peptidek MS/MS fragmentációját. A tandem tömegspektrumokban intenzíven jelentkeznek a módosulást hordozó fragmensionok, függetlenül attól, hogy a peptiden belül melyik cisztein hordozza a jelzőmolekulát. A karakterisztikus fragmensionok alapján a módosulás helye a szekvenciában pontosan lokalizálható és így lehetőség nyílik az egyes módosulási pontok nagy érzékenységű, kvantitatív meghatározására is tandem tömegspektrometriával..

Peptid-CPM adduktok LC-MS vizsgálata a modell peptidek fotolizált oldatában.

A besugárzás, valamint adduktképzés során keletkező vegyületek azonosítására LC-MS vizsgálatokat végeztünk. A keletkező komponensek kromatográfiás profilját, molekulatömegét egy Bruker Esquire 3000+ ioncsapda típusú tömegspektrométerrel határoztuk meg. Ezután a legfontosabb összetevők szerkezetigazolásához on-line LC-MS/MS méréseket valamint nagyfelbontású tömegspektrométerrel (Waters Q-TOF Premier) pontos molekulatömeg-meghatározást végeztünk. A méréseink azt igazolták, hogy a keletkező peptid-CPM adduktok mellett több melléktermék is azonosítható^{9,28}, ezek a kromatogramban számos azonos molekulatömegű (izomer) csúcsként jelentkeztek. Azonosítottuk például a ciklikus peptidtioéter-, illetve oxidált triptofánt tartalmazó származékokat (több HPLC csúcs formájában); ciklikus peptideket, illetve az oligopeptidek dimerjeit; valamint a peptid-CPM adduktok szerkezeti izomerjeit (szintén több HPLC csúcsban).

Az Ac-ciklo(CWAKC)-NH₂ modell peptid tandem tömegspektruma (A.) ábrán, valamint ezen peptid oxidált formájának LC-ESI-MS/MS spektruma (B.) ábrán látható.

Ábramagyarázat: A ciklopeptidből származó belső fragmenseket az aminosavak egybetűs kódjaival jelöltük. A diszulfidhíddal összekapcsolt fragmensionok zárójellel vannak jelölve. *jelet használunk a 17 tömegegység-vesztés (NH₃), míg ^o jelet a 18 tömegegység-vesztés (H₂O) jelölésére.



A bemutatott MS/MS spektrumok alapján igazolható, hogy az oxidáció a triptofánon következett be.

5. Szulfhidril-csoport kvantitatív meghatározása

Az eredményekből több poszter került bemutatásra és két konferencia összefoglaló született ^{26,27,30}.

5.1 Peptid-CPM addukt mennyiségi meghatározása a besugárzott oldatokból fluorimetriával.

A modellek fotolízisekor keletkező szulfhidril kvantitatív kiértékeléshez *kalibrációs görbére* volt szükségünk. A lineáris peptid Ac-CWAKC-NH₂ (két szulfhidril-csoport) és az Ac-CWAKC (Acm)-NH₂ (egy szulfhidril-csoport) oldatát titráltuk CPM oldattal.

Mind a kalibráció értékeit, mind a modellek besugárzásakor keletkezett peptid-CPM mérési adatait 2-3 azonos minta új besugárzási adatainak átlagolásából nyertük.



Ciklikus pentapeptidek fotolízisének eredménye

	Germicid	UVB-lámpa				
	254 nm	310nm	Fluorolog 280nm	Fluorolog 290nm		
Peptidek	SH%*	SH%*	SH %*	SH %*	d(SS-X) / Å	d (Lys-X) / Å
Ac(CWAKC)NH ₂	4.10	4.31	6.44	7.24	7.91659	7.87089
Ac(CYAKC)NH ₂	2.63		13.58	8.83	9.64502	10.07436
Ac(CFAKC)NH ₂	3.95	2.47	9,62	8.09	10.3983	9.98268
Ac(CVAKC)NH ₂	-	3.16	10.64	-	6.57262	
Ac(CAWAC)NH ₂	7.21		9.05	9.21	5.49121	-
Ac(CAFAC)NH ₂			12.67	11.56	10.64513	-
Ac(CAYAC)NH ₂			5.93	-	9.07417	
Ac(CWAGC)NH ₂	-		8.48	9.03	9.61117	-
Ac(CYAGC)NH ₂	-		10.91	-	10.5157	
Ac(CWKAC)NH ₂	-		8.64	6.31	7,91659	7,87089
Ac(CWYGC)NH ₂	-		3.26	3.89	-	-

*SH%: a c_{mért}-ekre számolva; a CVAKC-, a CFAKC-, a CAFAC- és a CWYGC-szekvenciáknál a peptidtartalomra (75%) van számolva.

A fotolízis eredményeiből három poszter került bemutatásra^{26, 27, 30}.

Bár szisztematikusan elvégeztük a λ = 280, 290 nm-en a választott modellek besugárzását, a detektált –SH értékek közötti különbség, továbbra sem a triptofán (C_{ε2}), illetve aromás mag és a diszulfidhíd közötti távolságnak (MM számolások vákuumban) megfelelő elvárást mutatta. Egyugyanazon sorozaton belül a Phe-t, Ty-t illetve Val-t tartalmazó modellek fentivel azonos

hullámhosszon történő besugárzásának eredményeként a detektált –SH% értékek magasabb voltak, mint amit a Trp-t tartalmazó modelleknél mértünk.

5.2 A besugárzott peptid minták vizsgálata LC-MS módszerrel

Az LCMS vizsgálatokat ugyanazokból a besugárzott ciklikus modellek oldataiból végeztük, amiből a kvantitatív fluoreszcens vizsgálatok (peptid-CPM addukt mérése) történtek.

	Besugárzott	LCMS	Besugárzás utáni	SS⇔Trp(Cε2)
	peptidek	MH+/AUC	bomlástermékek	$d < 7 \ \text{\AA}$
	(c/µmol)	alapján c/µmol	mennyisége %	NMR-modell
Ac(CWAKC)-NH ₂	100	69.7	30	3.4% + kation- π
Ac(CFAKC)-NH ₂	100	12.4	87.6	
Ac(CWAGC)-NH ₂	96,7	81	16.3	0%
AC(CYAGC)-NH ₂	100	80.2	20	
Ac(CAWAC)-NH ₂	100	65.9	44	33.4%
Ac(CAFAC)-NH ₂	99	74.68	24	

A fotodegradáció mértékét itt a ciklikus modell peptidek elbomlott mennyiségére számoltuk.

A λ =280-290nm-en besugárzott ciklikus modell peptidek 100µMos oldatából 3 parallel injektálás történt az LC-MS készülékbe. A besugárzott ciklikus peptidekben a bomlási százalékot a *nem-besugárzott* ciklikus peptidek oldatából készült kalibrációs egyenes alapján számoltuk ki (a ciklikus peptid mennyiségének a fogyását a besugárzást követően). A kalibrációs egyenes 6 pontos volt: 10 és 200µM közötti koncentrációkban történtek a mérések, 50µl peptidoldat injektálásával minden esetben; és mérésekből 3 párhuzamos mérés készült. A mérések kiértékelése a tömegspektrum AUC (tömegcsúcs alatti intenzitás érték) alapján történt.

A kísérleteknek nagy a szórása (5-10%). A detektált ciklikus peptid mennyiségének változása százalékosan van megadva a táblázatban. Ezek az értékek azt mutatják, hogy milyen mértékű magának a ciklikus peptidnek a fotodegradációja. Eszerint a fluoreszcenciával detektált szulfhidril-csoportok (diszulfid hasadásának egyik terméke) mellett nagy százalékban vannak más termékek is jelen a vizsgált fotolizált oldatban. A tömegcsúcsok további analízisével a bomlástermékek és a keletkezett szulfhidril-csoportok arányát reméljük kimutatni az azonosításuk segítségével. A módszer ezek után alkalmas lesz a szulfhidril-csoportok kvantitatív meghatározására

A két kvantitatív módszerrel kapott HS-mennyiségek reális megítéléséhez és így a triptofán (illetve más aromás oldallánc) szerepének megállapításához a fotolízisben, még szükség van az LC-MS kromatogramokban lévő termékek pontos tömeganalízisére, amelyek folyamatban vannak.

6. Szerkezet-hatás összefüggés, azaz oldatbeli konformációs viszonyok (ROA, NMR, ECD)

A fotolízisben vizsgált modelleket az MM-számolások vákuumban kapott eredményei alapján választottuk ki. Elképzelhető volt, hogy az itt kapott legkisebb energiájú konformerek különböznek a modellek oldatfázisban felvett konformációtól és a diszulfidhíd fotolízise oldatfázisban történt. Tanulmányoztuk a modellek oldatbeli konformációját, főleg az aromás

mag és diszulfidhíd közötti távolságot. A távolság megállapításának szempontjából két módszer tűnt elérhetőnek: a ROA és az NMR spektroszkópia.

6.1 ROA mérésekkel (ELTE, Kémiai Intézet, KSzL) tanulmányozható vizes közegben a Trp és diszulfidhíd távolsága, amelyre számos irodalmi példa van³¹. A Raman spektroszkópia alkalmazható az HS-csoportok kvantitatív meghatározására is. A módszernél az alkalmazott koncentráció ~20-100 mg/ml, amit a ciklopeptidek modelleknél nem sikerült megvalósítani rossz oldékonyságuk, ill. gélesedésük miatt sem vízben, sem metanolban. Így ez nem járható út.

*6.2 NMR spektroszkópiai mérések*re három Trp-tartalmú ciklopeptid modellt választottunk ki, ahol a Trp-SS távolság különböző az MM számolások szerint: Ac-ciklo(CWKAC)-NH₂ (**KK1**, d_{SS-Trp}=7.952Å), Ac-ciklo(CAWAC)-NH₂ (**KK2**, d_{SS-Trp}=5.491Å) és Ac-ciklo (CWAGC)-NH₂ (**KK3**, d_{SS-Trp}=9.611Å)

Az *NMR-alapon történő molekulamodellezést* Kövér Katalin prof. témavezetésével, Nagy Tamás Milán kémia BSc. hallgató végezte a Debreceni Egyetemen³².

A három ciklikus peptid NMR-alapú molekulamodellezése a következő vázlattal mutatható be: a) NMR spektrumok felvétele oldatfázisban

A ¹H-¹H COSY, TOCSY, ROESY ¹H-¹³C HSQC NMR felvételek a Bruker Avance II 500MHz készüléken történtek DMSO oldószerben

b) jelhozzárendelés

c) konformációs kényszerfeltételek megállapítása

d) háromdimenziós szerkezet

e) a szerkezet finomítása (a peptidek főláncának jellemzése és konformer-családokba való csoportosítása)

2D Szerkezetszámolást ROESY intenzitás adatokból *AtnosCandid* algoritmussal végeztek. A molekuladinamikai vizsgálatok GROMACS 4.5.5 programcsomaggal történtek. Az intramolekuláris hidrogén-hidak feltérképezésére hőmérsékletfüggő mérések is történtek (298, 303 és 308 K egy dimenziós proton-spektrumok felvétele). A vizsgálatok alapján kiderült, hogy Acciklo(CWKAC)NH₂ (KK1) és Ac-ciklo(CAWAC)NH₂ (KK2) peptid hasonló flexibilitással rendelkezik, míg az Ac-ciklo(CWAGC)NH₂ (KK3) hozzájuk képest merevnek mondható.

A másodlagos szerkezeti elemek előfordulását, illetve a szerkezetfinomítást követően kapott szerkezeti sokaságokban a távolság-kritériumot teljesítő konformerek %-os megoszlását a következő táblázat mutatja:

	β- kanyar (I)	β- kanyar (II)	β– kanyar (IV)	β- kanyar (VIII)	γ-kanyar (inverz)	3 ₁₀ hélix	SS-Trp d < 7Å	Trp(Cε2)- K(εN) 6Å < d < 10Å
Ac-c(CWKAC)NH ₂	29,3 %	0,3 %	23,6 %	0,5 %	0,3 %	1,2 %	3,4%	46%
Ac-c(CAWAC)NH ₂	0,6 %	-	30,6 %	1,0 %	7,8 %	-	33,4%	-
Ac-c(CWAGC)NH ₂	43,7 %	-	10,7 %	-	0,2 %	-	0%	-

Ezek alapján a "kritikus távolságok" vizsgálata a ciklikus modellekben a következő jóslásokat engedi meg:

<u>Ac-ciklo(CWKAC)NH₂ (KK1)</u> A Trp- és az SS-híd távolsága 8-10 Å között fluktuál, azaz a fotolízist nem segíti elő a Trp. A dinamika során viszont olyan szerkezetek is előfordultak, ahol 7 Å alá kerül ez az érték (3,4 %). A kation-pi kölcsönhatás a Lys protonált oldalláncának

nitrogénatomja és a Trp(Cɛ2) között távolságtartomány 6-10 Å a trajektóriák jelentős részében (46%). Ez geometriailag megengedi a kölcsönhatás létrejöttét, elősegítheti a diszulfid-híd nagyobb mértékű fotolízisét

Az <u>Ac-ciklo(CAWAC)NH₂</u> (KK2)modellben a dinamika során a diszulfidhíd-indolgyűrű távolság jelentősen változik, egyaránt megjelennek a kölcsönhatást megengedő (33,4%) és a kölcsönhatáson kívüli távolságtartományok is.

Az <u>Ac-ciklo(CWAGC)NH₂</u> (KK3) dinamikájában a triptofán-diszulfidhíd távolság az egész dinamika mentén nem változott nagyon és kívül esett azon a távolságon, amely elősegíthetné a fotolízist. Az -SH mért értéke viszont a vizsgált modellek között a λ =290nm besugárzásnál a legnagyobb!

Peptid modellek	SS⇔Trp(Cε2) (MM-számolás)	SH% λ=280nm	SH % λ=290nm	SS⇔Trp(Cε2) d < 7 Å NMR-modellezés
Ac-c(CWKAC)-NH ₂ (KK1)	7.95261 Å	8.64	6.31	3,4 % és a kation- π hatás
Ac-c(CAWAC)-NH ₂ (KK2)	5.491 Å	9.05	8.71	33.4 %
Ac-c(CWAGC)-NH ₂ (KK3)	9.61117 Å	8.48	9.03	0 %

Az eredmények szerint³⁰:

- SS⇔Trp(Cε2) távolság és a Trp(Cε2)-K(εN) jó egyezést mutatott a vákuumban történt számolás és az NMR-vizsgálatok alapján az MD szerkezetfinomítást követően kapott szerkezeti sokaságok adataival;

- A kapott konformerek hasonlóak, kisebb különbségek mutatkoznak a flexibilis oldalláncok elhelyezkedésében és a főlánc konformációjában (különböző másodlagos szerkezeti elemek jelenléte).

- A fotolízis eredményei, a fluoreszcenciásan detektált HS-értékek nagysága, nem magyarázhatók a Trp-SS híd távolságával, azaz további vizsgálatokat indokoltak. Ugyanakkor a ciklopeptidek fotodegradációjának mértékénél – jelenlegi LCMS/Ms adataink és feltételezésünk szerint – lehet szerepe a Trp-SS távolságnak.

6.2 További konformációs vizsgálatok: ECD mérések

<u>6.2.1 Az NMR-rel vizsgált három ciklikus modell</u> ECD oldószeres méréseit és a spektrumok oldószermodelles számolásait is elvégeztük. A Trp-tartalmú mintákat, Ac-ciklo(CWKAC)-NH₂, Ac-ciklo(CWAGC)-NH₂ vízben, acetonitrilben és trifluoretanolban vizsgáltuk, majd ezek szekvencia-analógjait is mértük. A Trp-modellek vízben készült spektrumaiból kapott adatok az NMR-mérésekhez kiegészítő információkat adhatnak a konformációs viszonyokra nézve, de a különböző oldószerekben felvett spektrumok segítségével a peptidgerinc oldószer-érzékenységére is kapunk adatokat. Az egyazon szekvenciában változtatott aromás aminosavak segítségével pedig adatokat kaphatunk a másodlagos szerkezetvizsgálatban a Trp-aminosavrész ECD-spektrális hozzájárulásáról. A Trp-tartalmú modellekből elméleti számolások is készültek, illetve folyamatban vannak. (Fehér Domonkos, Kémia MSc. szakdolgazati témája.)

ECD spektroszkópiában jól megkülönböztethető egymástól a β -I(III), β -II és γ -kanyar, de nem szignifikáns a többi kanyar-típus ECD spektruma. Ha egymás mellett azonos mennyiségben több típusú kanyarszerkezet, valamint más, nem tipikus H-kötéses szerkezet is jelen van, a spektrumok átfednek, így széles lesz az ECD-sáv – jelenleg csak kvalitatív értékelés van.

A vízben mért ECD spektrumok az adott szekvenciájú modellnél, többféle kanyarszerkezet egyidejű jelenlétére engednek következtetni, de nem tipikus H-kötéses szerkezetek is jelen

vannak. Így az ECD nem adott kiegészítő információt az NMR vizsgálatokból kapott másodlagos szerkezetekhez. A trifluoretanol oldószerben a konformer arány eltolódott a rendezettebb és stabilabb kanyarszerkezetek javára, megjelennek a jellegzetes kanyarszerkezetre jellemző spektrumok (jelenleg értékelésük folyik).

Az ECD görbék elméleti számításai Gaussian® programcsomaggal történtek. A spektrumok számításához az idő-függő sűrűség funkcionál elmélet (*Time-dependent Density Functional Theory*, TD-DFT) módszert használtuk³³. A számítások a 6-31G* bázison történtek. Oldószermodellnek a polarizálható kontinuum modell integrál egyenlet formalizmusú (PCMIEF)³⁴ verzióját használtuk vízre paraméterezve.

A TD-DFT módszerrel az első 100 gerjesztett állapotot kerestük meg. Ez legtöbbször elegendő volt a mérési tartomány lefedésére. A kiindulási szerkezetek NMR spektrum alapján lettek megállapítva. A spektrum számítása előtt elvégeztünk egy geometriai optimálást is az adott szinten. A módszer – és a bázisfüggés vizsgálatakor, ugyanazt a szerkezetet (B3LYP/6-311G* szinten optimáltat) használtuk az összes számítás esetében.

Az Ac-ciklo(CAWAC-NH₂) modell esetén, az elméleti úton számolt spektrum jó egyezést mutat a mért spektrummal. A számolt spektrumban a csúcsok eltolódnak a kisebb hullámhosszak felé (~20 nm), de a spektrum lefutása megegyezik. Az elméleti spektrumban két azonos intenzitású csúcsot látunk, a mért spektrumban a nagyobb hullámhossznál lévő csúcs jóval kisebb, mint a másik.



A másik két Trp-tartalmú ciklikus modellnél nincs jó egyezés a mért és a számolt spektrum között. Így szükségesnek látszik, hogy további konformáció-vizsgálatot végezzünk el. <u>6.2.2 Ciklikus peptid-sorozatban</u> vizsgáltuk a diszulfidhíd, illetve a tioéter-híd konformációra gyakorolt hatását is NMR-ECD komplex spektroszkópiai módszerrel. Eredményeinket a *J.Med.Chem.* folyóiratban (2015) publikáltuk³⁵.

7. FRET jelenség kiszűrése/kihasználása

A képződött peptid-CPM adduktban a Trp- és CPM-rész között elképzelhető a FRET-jelenség (Förster rezonancia energia transzfer). Ez két szempontból is fontos: egyrészt, hogy a fluoreszcens méréseknél megjelenhet-e (esetlegesen rontva a kiértékelést), másrészt hogy a Trp és SS-híd közötti távolság megállapításánál használhatjuk-e.



A FRET olyan folyamat, amely akkor következik be, ha egy fluorofor emissziós spektruma átfed az akceptor molekula (például a kvencser) abszorpciós spektrumával⁶. A besugárzáskor kapott peptid-CPM adduktok fluoreszcenciás mérésénél minden esetben detektáltuk a FRET-hatást. 7.1 Peptid-CPM adduktok vizsgálata a FRET-hatás szempontjából (poszter)²⁴

A szintetizált és azonosított lineáris peptid-CPM adduktok sorozata, Ac-CWAKC-NH₂ lineáris peptid, ill. származékai Ac-C(*Acm*)WAKC-NH₂, Ac-CWAKC(*Acm*)-NH₂, Ac-C(*Acm*)-WAKC(**CPM**)-NH₂, Ac-C(**CPM**)WAKC(*Acm*)-NH₂, Ac-C(**CPM**)WAKC (**CPM**)-NH₂ alkalmas volt arra is, hogy a FRET-hatást vizsgáljuk.

Spektrum felvétel: Jobin-Yvon Fluorolog 4 spektrofluoriméter, l=1cm, $\lambda_{ex,W}$ =281 nm, $\lambda_{ex,CPM}$ = 387 nm λ_{det} : 290-550 nm és 395-680 nm; c= 5 mM, CH₃OH



Jobb oldali ábrán a Trp abszorpciós (A) és emissziós (E) spektruma⁶

Mint a fenti ábrán is látható, a lineáris Ac-CWAKC-NH₂ és a ciklo Ac-ciklo(CWAKC)-NH₂ egy emissziós maximummal rendelkezik 346 nm-nél (Trp-sáv). A CPM-peptid addukt koncentráció fluoreszcencia spektrumok alapján történő kvantitatív meghatározásakor a gerjesztés 387 nm-en történik, a spektrumokat 395-680 nm-es tartományban rögzítjük. A Trp elnyelési sávja nem tartalmazza az adott gerjesztési hullámhosszat, így az ebből eredő torzító hatásra nem kell számítanunk. Ez a szabad HS-meghatározásnál fontos tényező. *A besugárzási*

kísérleteknél nem zavaró tényező a fellépő FRET-jelenség, nem kell korrigálni vele a mért spektrumokat.

Úgyanakkor a Trp emissziós spektruma megfelelő átfedést mutat a CPM 300-400 nm között elnyelési sávjával, ami felvetette a FRET felhasználási lehetőségét a szerkezet meghatározásában. Sajnos azonban a CPM egy további elnyelési sávval rendelkezik az 220-300 nm közötti sávban (emissziós maximum: 281nm), ami nem különíthető el a Trp elnyelési (gerjesztési) sávjától. *Így, habár megjelenik az energia transzfer a kromofórok között, az távolság meghatározására nem alkalmazható*.

7.2 Modell peptid szekvenciájába épített fluorofór – sikertelen (poszter)³⁶

Irodalmi adatokat kerestünk olyan reakcióra, amely során szekvencia módosítással (pl. glutaminsav beépítése) és "klikk" reakcióval a peptidmodellbe be tudunk építeni fluorofór-részt, és így a kérdéses távolságokat a (Trp-diszulfidhíd, valamint kation-pi kölcsönhatás) FRETmérésekkel tisztázni tudnánk. Előkísérletként réz katalizátor helyett ródium-katalizátorral vizsgáltuk a szulfid-csoport stabilitását, metionint/metionin-származékokat alkalmazva modell vegyületnek. Sajnos az alkalmazott diródium-teraacetát a vizsgált körülmények között komplexet képzett a modell vegyülettel és nem katalizátorként működött.

8. **Peptid modellek ESR-vizsgálata** (poszterek bemutatása)^{29, 37}

A különböző hullámhosszon (λ = 280, 290, ~305 nm) besugárzott peptid oldatok ESR-vizsgálata is megtörtént. A CPM-reagenssel történő fluoreszcenciás mérésekkel párhuzamosan a kontroll és a besugárzott mintákhoz a besugárzás végén, NH4HCO3-puffer oldatban (5mM, pH=7.5) DEPMPO-gyökfogót — 5-(Diethoxy-phosphoryl)-5-methyl-1-pyrroline-N-oxid — adtunk, amivel a besugárzás során felszabaduló paramágneses gyököket kívántuk detektálni. Az oldatokat minden esetben, az irodalmi hivatkozások alapján Ar-gázzal oxigénmentesítettük. A kontroll és a besugárzott mintákat a méréseket követően közvetlenül, vagy – 80 °C-on történt tárolás után mértük. A kontroll minták esetén kettős kontrollt alkalmaztunk. Egyrészt a besugárzás nélküli peptid minták oldatait, másrészt a peptideket nem tartalmazó oldatokat besugároztuk (azonos körülmények a peptid oldatokéval) és mindkettőnél mértük a gyökfogó jelenlétében képződő paramágneses gyököket. Megfigyeléseink az összes minta esetén azt mutatták, hogy a szélessávú UVB/UVA besugárzás hatására mind a peptid jelenlétében, mind peptidmentes esetben oxigén- és széncentrumú szabadgyökök is képződtek, amik a gyökfogóval kimutathatók voltak. Ezek a gyökös termékek azonban, csak újbóli, az EPR-mérések alatti besugárzás hatására voltak detektálhatók, míg a minták ismételt UV-besugárzás nélkül csak a spektrométer érzékenységi küszöbébe eső mennyiségű szabadgyökmennyiséget tudtunk detektálni. Ezek a megfigyelések arra mutattak, hogy az irodalomban ismert reakciók alapján az NH₄HCO₃-ból UV-besugárzás hatására, esetleg a vízmolekulák fotolízisekor keletkező köztes termékek, OH*, OOH* és 0_2^- , hatására is $C0_2^-$ -adduktum keletkezik. A kapott ESR-spektrumok azonban azt is mutatták, hogy leszámítva az -OH és esetleg O-centrumú gyököket, a keletkező nitroxid-vegyületek nagyon hamar elbomlanak. Ezt elősegítik a ciklikus diszulfidhidak felszakadásakor keletkező SH-csoportok, amik a már keletkezett gyökös adduktumokat redukálni képesek. Az UV-besugárzás hatására a diszulfidhidakból diszulfid-anion gyökök is képződhetnek, amiknek igen erős a redukáló képességük^{38,39}. Kísérleti stratégiánk ennek megfelelően kiegészült azzal, hogy az eddig használt pufferek helyett foszfátpuffert alkalmaztunk, és az UV-besugárzás után enyhe redukálószerrel, K₃Fe(CN)₆, kívántuk a képződött, a DEPMPO által befogott, de redukálódott gyököket ismét EPR-aktiv nitroxid vegyületekké oxidálni. (Kísérleti körülmények: NH₄HCO₃, foszfát (pH >7,2-7,8); a pufferek végkoncentrációja 20 mM (+2mM DTPA); 20 mM DEPMPO. K₃Fe(CN)₆ hozzáadásakor az oxidálószer koncentrációja 0,5 mM. UV-forrás: FS20 (4x 15W; WG-305 szűrővel) irradiancia UVB(312 nm): 1,5 mW/cm²; UVA(365 nm): 0,50 mW/cm². Maximális dózis: 8,1 kJ/cm² (UVB); 2,7 kJ/cm². Vizsgált ciklo-peptidek: Ac-c(CWAKC)-NH₂ (0,4 mM) és Ac-c(CYAKC)-NH₂ (1 és 0,4 mM). **EPR spektroszkópia**: X-sávú (9,5 GHz Bruker EMX6) mérés; spektrumtartomány 140 gauss; modulációs frekvencia/amplitúdó 100 kHz/1gauss, 1024 pont (~0,137 gauss felbontás); 83,8 s mérési idő; 20,48 ms időállandó; 64 scan; 20 mW mikrohullámú teljesítmény. **Spektrumszimulációk**: izotróp gyorsforgású spektrumok P, N valamint β- és γ-H-nek hiperfinom csatolási állandóinak figyelembe vételével; az illesztett γ-H-nek maximális száma három. Nem-lineáris spektrum-illesztés a kísérleti spektrumokhoz a Levenberg-Marquardt algoritmus alapján. Maximálisan három spektrális komponens illesztése lehetséges. A spektrumszimulációkhoz szükséges kiindulási adatok becslése a kísérleti spektrumokon mérhető felhasadások, valamint a vonalak száma alapján lehetséges.

A következő ábrán összefoglaljuk a kapott főbb eredményeket. UVB/UVA szélessávú besugárzás hatására a peptidmentes foszfát pufferben is képződnek oxigén-alapú szabadgyökök, amik a DEPMPO-val csapdázhatóak. A peptideket (az ábrán pl. Ac(CYAKC)NH₂ modell) tartalmazó minták UV-besugárzásakor további szén-centrumú gyökök is képződnek, amik a besugárzást követően/közben gyorsan elbomlanak. Enyhe oxidálószer hatására az EPR inaktív hidroxilaminok detektálható mennyiségű nitroxid-származékká alakulnak vissza.





9) Fehérjék és fehérje-fragmensek vizsgálatai

Az immunoglobulin fehérjecsaládba tartozó 28 kDa-os fehérjefragmens, a 82D6A3 monoklonális antitrombotikus antitest és mutánsainak fotolízisével kapcsolatos eredményeinket összefoglaló publikáció 2014-ben jelent meg az *International Journal Biochemistry Research & Review* (JBcRR)⁷folyóiratban. A fehérje-fragmens két diszulfid hidat és öt Trp-t tartalmaz, melyből három Trp a diszulfid hidak közvetlen közelében található. Korábbi együttműködés révén a fotolitikus hasadást tanulmányoztuk a vad, illetve a Trp – SS-triádhoz tartozó Trp-Phe mutánsokon. Eredményeink igazolták, hogy a Trp közelsége révén szulfhidril-csoport/ok keletkeztek, ami szerkezetváltozást és a biológiai aktivitás csökkenéséhez vezetett.

A fehérjék fluoreszcens vizsgálatainál mindig felmerül a *kvencselés* jelensége, akár mint probléma, akár mint a triptofán aminosavrész mikrokörnyezetének változását mérő módszerek standardizálásánál. Ez utóbbi mérés pl. információkkal szolgál a fehérje dinamikai és konformációs változásainak tisztázására. Ezzel kapcsolatosan vizsgáltunk több fehérjét különböző fiziko-kémiai eljárásokkal⁸, eredményeinket a *J. Photochemistry and Photobiology B: Biology* folyóiratban publikáltuk 2013-ban.

ÖSSZEFOGLALÁS

A pályázat fő eredményeinek a következőket tartjuk:

1) Sikerült az MM modellezések alapján három pentapeptid sorozatot (különböző aromás oldalláncok, kationos oldallánc) találni, amelyek megfelelnek a fehérjék aromás oldallánc befolyásolta UV-VIS hatására lejátszódó fotolízisét tanulmányozni.

2) Szintetikus peptidtárat hoztunk létre, melyek több hullámhosszon történő besugárzásával sikerült a diszulfidhidak fotoredukcióját tanulmányozni.

3) A fotolízis során keletkező *szulfhidril-csoportok* reakcióelegyben történő *kimutatására* és *kvantitatív meghatározás*ára különböző módszereket dolgoztunk ki (fluoreszcens, HPLC, LCMS).

4) A CPM-jelzőmolekulával képződött peptid adduktok esetében nem tudtuk kihasználni a FRET-jelenséget az aromás mag és a diszulfidhíd közötti távolság meghatározására. De a a jelenség a fluoreszcens méréseket sem zavarta

5) A 7-dietilamino-3-(4-maleimidofenil)-4-metilkumarin – CPM, fluoreszcens jelzőmolekula segítségével történő kvantitatív szulfhidril-meghatározás jól kombinálható a tandem tömegspektrometriára épülő szerkezetvizsgálati módszerekkel, mivel a jelzővegyület karakterisztikus módon befolyásolja a peptidek MS/MS fragmentációját. A karakterisztikus fragmensionok alapján a módosulás helye a szekvenciában pontosan lokalizálható.

6) A ciklikus pentapeptid modellek oldatbeli konformációs viszonyainak tisztázására NMR és ECD vizsgálatokat végeztünk. Az így meghatározott kritikus távolságok (aromás magdiszulfidhíd; kation- π hatás) a modellben közel azonosak voltak az MM vákuumban végzett számolások jóslataival. Megállapítottuk, hogy a kis tagszámú peptid modelljeinkben sok konformer van egyidejűleg jelen, a kritikus távolságok viszonylag tág határok között mozognak.

7) Adataink szerint, a ciklikus pentapeptid modellek fotolitikus reakcióiban keletkezett szulfhidril-mennyisége nem függ össze a modellekben található aromás aminosavak minőségével, sem a korábbi adatok szerinti optimális távolságokkal.

8) A fotolitikus termékeket vizsgálva számos oxidációs reakcióterméket találtunk. Ugyanakkor a ciklikus peptidek fotodegradáció-mértékénél - a jelenlegi LCMS és MS/MS adataink és feltételezésünk szerint – lehet szerepe az aromás mag és a diszulfidhíd távolságnak.

9) ESR spektroszkópiai vizsgálataink szerint az UVB/UVA szélessávú besugárzás hatására a peptidmentes használt pufferekben is képződnek oxigén-alapú szabadgyökök, amik a DEPMPO-val csapdázhatóak. A modell peptideket tartalmazó minták UV-besugárzásakor további szén-centrumú gyökök is képződnek, amik a besugárzást követően/közben gyorsan elbomlanak.

10) Sikerült egy újabb fehérjefragmens esetében igazolni a Trp-közvetítette fotodegradációt, valamint adatokkal közelebb kerülni a fehérjék vizsgálatánál fontos kvencselések elemzéséhez.

IRODALOMJEGYZÉK

1) Bent, D. V., Hayon, E.: J. Am. Chem. Soc., 1975, 97, 2612

- 2) Vanhooren, A., Devreese, B., Vanhee, K., Van Beeumen, J., Hanssens, I.: Biochemistry 2002, 41, 11035
- 3) Neves-Petersen, M.T., Gryczynski, Z., Lakowicz, J., Frojan, P., Pedersen, S., Petersen, E., Petersen, B.S.: *Protein Sci.* **2002**, *11*, 588
- 4) Bhattacharya D., Basu, S., Mandal, P.C.: J. Photochem. Photobiol. B, Biology 2000, 59, 54
- 5) Illyés, E., Majer, Zs., Hanssens, I. Biochim. Biophys. Acta (Proteins and Proteomics), 2006, 1764, 1586

6) Lakowicz, J. R.: *Principles of fluorescence spectroscopy*, Kluwer Academic/Plenum Publishers, New York **1999**.

7) Illyés, E., Staelens, S., Vanhooren, A., Deckmyn, H., Hanssen, I., Majer, Zs.: *Int. J. Biochem. Research & Review*, **2014**, *4*(5), 364

8) Bódis, E., Raics, K., Nyitrai, M., Majer, Zs., Lukács, A.: J. Photochem. Photobiol. B: Biology 2013, 129, 108

9) Mozziconacci, O., Schöneich, C.: Mol. Pharmaceutics, 2014, 11, 3537

10) Mozziconacci, O., Sharov, V., Williams, T.D., Kerwin, B.A., Schöneich, C.: J. Phys. Chem. B, **2008**, 112, 9250 11) Ioerger, T.M., Du, Ch., Linthicum, D.S.: *Molec. Immunology*, **1999**, *36*, 373

12) Samanta, U., Pal, D., Chakrabarti, P.: PROTEINS: Structure, Function, and Genetics 2000, 38, 288

13)Burley, S. K., Petsko, G. A.: FEBS Letters, 1986, 203, 139

14) Czirók Márton: *Kation-π kölcsönhatás szerepe a diszulfid-hidak fotolízisében* (ELTE, Kémiai alapszak, szakdolgozat) **2013**.

15)Bent, D. V., Hayon, E.: J. Phys.chem., 1975, 97, 2599

16) Albericio, F. Solid-Phase Synthesis: A Practical Guide (1st edition). CRC Press: Boca Raton, 2000

17) Eftink, M.R., Ghiron, C.A.: Anal Biochem, 1981, 114 199

18) Calvert, J.G., Pitts Jr., T.N.: Photochemistry, 1967, John Wiley & Sons., New York

19) Ellman, G.L.: Arch. Biochem. Biophys. 1959, 82, 70

20) Sletten, E.M., Bertozzi, C.R.: Angew. Chem. Int. Ed. 2009, 48, 6974

21) Ayers, F.C., Warner, G.L., Smith, K.L., Lawrence, D.A.: Anal. Biochem., 1986, 154, 186

22) Cserép, G.B., Baranyai, Zs., Komáromy, D., Horváti, K., Bősze, Sz., Kele, P.: Tetrahedron, 2014, 70, 5961

23) Knapp K., Nemes A., Cserép G.B., Kele P., Csík G., Majer Zs.: Peptidek fotolízisének vizsgálata tiolspecifikus

fluoreszcens jelzővegyületekkel XX. Nemzetközi Vegyészkonferencia, Kolozsvár (Románia), 2014, előadás, 66. old.

24) Knapp, K., Nemes, A., Cserép, G.B., Kele, P., Csík, G., Majer, Zs.: *Thiol-specific fluorescent labels for monitoring UV mediated disulfide scission*, 20th International Conference on Organic Synthesis, ICOS-20, Budapest, **2014**, poszter

25) Knapp, K., Majer, Zs., Schlosser, G.: *Journal of Mass Spectrometry*, **2015** beküldve; Knapp K., Majer Zs., Illyés E., Schlosser G.: *Szulfhidril-csoportok azonosítása peptidekben fluoreszcens jelzés és tandem tömegspektrometria kombinálásával*, MKE 2. Nemzeti Konferencia, Hajdúszoboszló, **2015**, poszter

26)Illyés, E., Knapp, K., Csík, G., Majer, Zs.: *Role of cation-pi interaction in the photolysis of disulphide bridge containing cyclic model peptides*.32-EPS poszter, in PEPTIDES **2012** Proceedings of the 32nd European Peptide Symposium (Eds. G. Kokotos, V. Constantinou-Kokotou, J. Matsuokas), 678-9 old.

27) Csík G., Gróf P., Knapp K., Nemes A., Majer Zs.: *Trp-mediated photo reduction of disulfide bonds modelling by peptides*, poszter és konferencia összefoglaló in *Peptide Science 2013* (Proceedings of 4th Asia-Pacific

Intenational Peptide Symposium/50th Japanese peptide Symposium, November 6-8, 2013 Osaka, Japan, Eds. Yuji Nishiuch, Tadashi Teshima), p. 185-8

28) Pattison, D.I., Rahmanto, A.S., Davies, M.J.: Photochem. Photobiol. Sci., 2012, 11, 38

29) Majer, Zs., Nemes, A., Knapp, K., Cserép, G.B., Kele, P., Csik, G., Gróf, P., Illyés, E.: *The study of thiolresponsive traceable method on photolysis of peptides, proteins* 5th EuCheMS Chemistry Congress (Istanbul) **2014**, poszter

30) Knapp K., Nagy T.M., Timári I., Borics A., Kövér K., Csik G., Illyés E., Majer Zs.: *Fehérjék fotolízisének tanulmányozása peptidmodellekkel* MKE 2. Nemzeti Konferencia, Hajdúszoboszló, **2015**, poszter

31) Barron L.D., et al.: Progress in Biophysics & Molecular Biology 2000, 73, 1-49

32) Nagy Tamás Milán: *Ciklopeptidek szerkezetvizsgálata NMR módszerekkel és molekuladinamikai számításokkal* (DE, Kémia alapszakos szakdolgozat) **2015**

33)Bak, K., Jorgensen, P., Ruud, K., Helgaker, T., Hanse, A. E., Olsen, J.: *Theor. Chem. Avv*, **1995**, *90*, 441-58. 34)Tomasi, J., Mennucci, B., Cances, E. J. Mol Struct., **1999**, 464211-26.

35) Enyedi K.N., Czajlik A., Knapp K., Láng A., Majer Zs., Lajkó E., Kőhidai L., Perczel A., Mező G.: J. Med. Chem., **2015**, *58*, 1806

36)Báti G., Szilvágyi G., Majer Zs.: A metionin-oldallánc szerepe a diródium-komplexek kialakulásában: szintézis és szerkezetmeghatározás XVIII. Nemzetközi Vegyészkonferencia, Félixfürdő (Románia), **2012**, poszter, 110. old 37)Gróf P., Knapp K., Csík G., Majer Zs.: Diszulfidhidat tartalmazó ciklikus peptidek UV-besugárzásának hatására keletkező szabadgyökök detektálása Magyar Biofizikai Társaság XXV. Kongresszusa, Budapest, **2015**, poszter, Összefoglaló kötet 87.

38) Mezyk, S.P.: J. Physical Chemistry, 1996, 100, 8861

39) Surdhar, P.S., Armstrong, D.A.: J. Physical Chemistry, 1987, 91, 6532