

OZOHANICS OLIVÉR



Semmelweis Egyetem
Általános Orvostudományi Kar
Biokémiai Tanszék

Cím: 1094 Budapest, Tűzoltó u. 37-47.

BEMUTAKOZÁS

A fehérjék szerkezeti tömegspektrometriás (MS) elemzése egyélvonalbelikutatásiterület, amelyet tömegspektrometriát a szerkezeti biológiával kombinálva, hogy tanulmányozza a fehérjék és fehérjekomplexek felépítését és dinamikáját. Ez a megközelítés olyan technikákat foglal magában, mint a natív MS, a hidrogén-deutérium cserés MS (HDX-MS) és a keresztkötéses MS, amelyek részletes betekintést nyújtanak a fehérjék szerkezetébe, kölcsönhatásaiba és módosulásaiba.

A natív MS megőrzi a fehérjéket natív állapotukban, lehetővé téve a nem-kovalens kölcsönhatások és komplex összeszerelések tanulmányozását. A HDX-MS méri a hidrogénatomok deutériummal való cseréjét a fehérjék gerincében, feltárva az oldószer hozzáférhetőségét és a konformációs változásokat. Ez a technika különösen hasznos a fehérjék kölcsönhatásainak tanulmányozásában. A keresztkötéses MS kémiai úton összekapcsolja a kölcsönható régiókat, feltárva a szerkezeti részleteket.

Ezek a módszerek kulcsfontosságúak a fehérjék funkciójának, mechanizmusainak megértésében a biológiai rendszerekben.

ELSAJÁTÍTHATÓ TECHNIKÁK

- Heterológ fehérje expresszió *E. coli* rendszerben
- Fehérje minták tömegspektrometriai mintaelőkészítése
- Fehérje szekvencianalízis tömegspektrometriával
- Kémiai keresztkötések alkalmazása fehérje felszín jellemzésére
- Fluoreszcens jelölésen alapuló interakció vizsgálat és disszociációs állandó meghatározás
- Cirkuláris dikroizmus használata a fehérjék helyes feltekeredésének ellenőrzésére

VÁLOGATOTT KÖZLEMÉNYEK

Szabo, E., Nagy, B., Czajlik, A., Komlodi, T., **Ozohanics, O.**, Tretter, L., & Ambrus, A. (2024). Mitochondrial alpha-keto acid dehydrogenase complexes: recent developments on structure and function in Health and Disease. *Subcell Biochem* **104**: 295–381.

Tóth, Z. S., Leveles, I., Nyíri, K., Nagy, G. N., Harmat, V., Jaroentomeechai, T., **Ozohanics, O.**, et al. (2024). The homodimerization domain of the *StI* repressor is crucial for efficient inhibition of mycobacterial dUTPase. *Sci Rep* **14**(1): 27171.

Ozohanics, O., Zhang, X., Nemeria, N. S., Ambrus, A., & Jordan, F. (2023). Probing the E1 α -E2 α and E1 β -E2 α interactions in binary subcomplexes of the human 2-oxoglutarate dehydrogenase and 2-oxoadipate dehydrogenase complexes by chemical cross-linking mass spectrometry and molecular dynamics simulation. *Int J Mol Sci* **24**(5): 4555.

Piroli, G. G., Manuel, A. M., McCain, R. S., Smith, H. H., **Ozohanics, O.**, Mellid, S., Cox, H. et al. (2023). Defective function of α -ketoglutarate dehydrogenase exacerbates mitochondrial ATP deficits during complex I deficiency. *Redox Biol* **67**: 102932.

Szabo, E., Nemes-Nikodem, E., Vass, K. R., Zambo, Z., Zrupko, E., Torocsik, B., **Ozohanics, O.**, Nagy, B., Ambrus, A. (2023). Structural and Biochemical Investigation of Selected Pathogenic Mutants of the Human Dihydrolipoamide Dehydrogenase. *Int J Mol Sci* **24**(13): 10826.