

# UNIVERZITA PALACKÉHO V OLOMOUCI

Přírodovědecká fakulta

Katedra biochemie



## Charakterizácia dvoch nukleozid-*N*-ribohydroláz z machu (*Physcomitrella patens*)

### BAKALÁRSKA PRÁCA

**Autor:** Eva Hájková

**Študijní program:** B1406 Biochemie

**Študijný obor:** Biochemie

**Forma štúdia:** Prezenčná

**Vedúci práce:** Mgr. Martina Kopečná, Ph.D.

**Termín odovzdania práce:** 6.5.2013

Prehlasujem, že som predloženú bakalársku prácu vypracoval(a) samostatne za použitia citovanej literatúry.

V Olomouci dňa .....

Eva Hájková

Týmto by som chcela poďakovať svojej školiteľke Mgr. Martine Kopečnej, Ph.D. za odborné a trpežlivé vedenie pri tvorbe tejto bakalárskej práce. Taktiež by som chcela poďakovať Mgr. Davidovi Kopečnému, Ph.D. za všeestrannú pomoc pri plnení experimentálnej i teoretickej časti práce.

**Bibliografická identifikácia:**

|                          |  |
|--------------------------|--|
| Meno a priezvisko autora | Eva Hájková  |
| Názov práce              | Charakterizácia dvoch nukleozid- <i>N</i> -ribohydroláž z machu<br>( <i>Physcomitrella patens</i> )  |
| Typ práce                | bakalárská   |
| Pracovisko               | Oddelenie biochémie proteínov a proteomiky, CRH, PrF<br>UP   |
| Vedúci práce             | Mgr. Martina Kopečná, Ph.D.  |
| Rok obhajoby             | 2013   |
| Abstrakt                 | Táto práca sa zaobrá purifikáciou a charakterizáciou 2 nukleozid- <i>N</i> -ribohydroláž z machu mechúrovky odstávajúcej <i>Physcomitrella patens</i> (PpNRH). Teoretická časť sa venuje literárnej rešerši, ktorá zahŕňa metabolizmus purínov a pyrimidínov v rastlinách a výskyt nukleozid- <i>N</i> -ribohydroláž v rozmanitých organizmoch. Experimentálna časť je zameraná na expresiu PpNRH1 génu v bunkách <i>E.coli</i> a purifikáciu príslušných rekombinantných proteínov PpNRH1 (WT) a mutantnej formy Y244A pomocou afinitnej chromatografie. Analýza molekulových vlastností ukázala, že WT sa vyskytuje prednostne ako dimér, aj keď malá časť je schopná tvoriť tetramér. Ďalej bola študovaná teplotná stabilita enzýmu a nakoniec substrátová špecifita oboch enzýmov s použitím niekoľkých purínových a pyrimidínových ribozidov, pre ktoré boli stanovené kinetické parametre $K_m$ a $V_{lim}$ . |
| Kľúčové slová            | nukleozid- <i>N</i> -hydroláza, mechúrovka odstávajúca<br>( <i>Physcomitrella patens</i> ), purín, pyrimidín   |
| Počet strán              | 45   |
| Počet príloh             | 0  |
| Jazyk                    | Slovenský  |

**Bibliographical identification:**

|                                |  |
|--------------------------------|--|
| Autor's first name and surname | Eva Hájková  |
| Title                          | Characterization of 2 nucleoside-N-ribohydrolases from moss ( <i>Physcomitrella patens</i> )   |
| Type of thesis                 | Bachelor   |
| Department                     | Department of Protein Biochemistry and Proteomics, CRH, Faculty of Science, UP   |
| Supervisor                     | Mgr. Martina Kopečná, Ph.D.  |
| The year of presentation       | 2013   |
| Abstrakt                       | <p>This thesis deals with purification and characterization of 2 nucleoside-<i>N</i>-ribohydrolase from moss named <i>Physcomitrella patens</i> (PpNRH). Theoretical part concerns literal research which includes metabolism of purines and pyrimidines in plants and occurrence of nucleoside-<i>N</i>-ribohydrolase in various organisms. The experimental part is focused on PpNRH1 gene expression in <i>E. coli</i> cells and purification of the recombinant proteins PpNRH1 (WT) and mutant Y244A by affinity chromatography. Analysis of the molecular properties showed that WT occurs priority as a dimer, while a small part is able to form a tetramer. There was also studied thermal stability of the enzyme and finally substrate specificity of both enzymes using several purine and pyrimidine ribosides, then have been established kinetic parameters <math>K_m</math> and <math>V_{lim}</math>.</p> <p>nucleoside-<i>N</i>-ribohydrolase, <i>Physcomitrella patens</i>, purine, pyrimidine</p> |
| Keywords                       |  |
| Number of pages                | 45   |
| Number of appendices           | 0  |
| Language                       | Slovak   |

# OBSAH

|  |    |
|--|----|
| <b>1 CIELE PRÁCE</b>                                     | 8  |
| <b>2 ÚVOD</b>  | 9  |
| <b>3 TEORETICKÁ ČASŤ</b>                                 | 10 |
| 3.1 Modelový organizmus <i>Physcomitrella patens</i>     | 10 |
| 3.1.1 Životný cyklus <i>P. patens</i>                    | 10 |
| 3.2 Metabolizmus purínov a pyrimidínov v rastlinách      | 11 |
| 3.2.1 Metabolizmus pyrimidínov                           | 13 |
| 3.2.1.1 <i>De novo</i> syntéza pyrimidínov               | 13 |
| 3.2.1.2 Katabolizmus pyrimidínov                         | 14 |
| 3.2.1.3 Recyklácia pyrimidínov                           | 15 |
| 3.2.2 Metabolizmus purínov                               | 16 |
| 3.2.2.1 <i>De novo</i> syntéza purínov                   | 16 |
| 3.2.2.2 Katabolizmus purínov                             | 18 |
| 3.2.2.3 Recyklácia purínov                               | 19 |
| 3.3 Nukleozid-N-ribohydrolázy                            | 19 |
| 3.3.1 Kinetické vlastnosti NRH                           | 22 |
| <b>4 PRAKTIČKÁ ČASŤ</b>                                  | 24 |
| 4.1 Biologický materiál                                  | 24 |
| 4.2 Použité chemikálie                                   | 24 |
| 4.3 Prístrojové vybavenie                                | 26 |
| 4.4 Metódy   | 27 |
| 4.4.1 Produkcia rekombinantného proteínu v <i>E.coli</i> | 27 |
| 4.4.2 Extraktcia PpNRH1 a mutantnej formy Y244A          | 27 |
| 4.4.3 Purifikácia PpNRH1 a mutantnej formy Y244A         | 27 |
| 4.4.4 Gélová permeačná chromatografia                    | 28 |
| 4.4.5 SDS-PAGE   | 28 |
| 4.4.6 Stanovenie obsahu proteínov                        | 29 |

|   |    |
|---|----|
| 4.4.7 Stanovenie teplotnej stability                                  | 30 |
| 4.4.8 Stanovenie nukleozidázovej aktivity PpNRH                       | 30 |
| 4.4.9 Testovanie substrátovej špecifity, stanovenie $K_m$ a $V_{max}$ | 31 |
| <b>5 VÝSLEDKY</b>   | 32 |
| 5.1 Molekulové vlastnosti PpNRH1                                      | 32 |
| 5.2 Stanovenie výslednej koncentrácie proteínov                       | 34 |
| 5.3 Stanovenie teplotnej stability PpNRH1                             | 34 |
| 5.4 Stanovenie substrátovej špecifity PpNRH1 a mutantnej formy Y244A  | 35 |
| 5.5 Stanovenie kinetických parametrov PpNRH1 a mutantnej formy Y244A  | 36 |
| <b>6 DISKUSIA</b>   | 38 |
| <b>7 ZÁVER</b>  | 41 |
| <b>8 ZOZNAM POUŽITEJ LITERATÚRY</b>                                   | 42 |

# 1 CIELE PRÁCE

- Teoretická časť:

Vypracovanie literárnej rešerše k téme práce, ktorá zahrňuje:

- metabolizmus purínov a pyrimidínov v rastlinách,
- bakteriálne, protozoálne a rastlinné nukleozid-*N*-ribohydrolázy, výskyt, substrátová špecificka,
- reakčný mechanizmus nukleozid-*N*-ribohydroláz.

- Experimentálna časť:

Expresia génu v *E.coli*, extrakcia, purifikácia rekombinantného proteínu.

Stanovenie molekulovej hmotnosti PpNRH1 gélovou chromatografiou.

Meranie teplotnej stability a substrátovej špecifickosti WT - PpNRH1 a Y244A - PpNRH1.

## 2 ÚVOD

Purínový a pyrimidínový metabolismus má zásadný význam pre rast a vývoj rastlín, pretože zodpovedajúce nukleotidy predstavujú stavebné kamene nukleových kyselín, hlavné energetické nosiče, komponenty podstatných koenzýmov ako napríklad NAD a prekurzory alkaloidov a cytokínov. Kľúčový enzym spojený s metabolismom purínov a pyrimidínov je nukleozid-*N*-ribohydroláza (NRH) alebo tiež nukleozidáza (NH), ktorá katalyzuje hydrolytickej štepenie nukleosidov na zodpovedajúcu bázu a ribózu. Nukleozid-*N*-ribohydrolázy boli dobre charakterizované v mikroorganizmoch, napríklad v *Trypanosoma*, *Cryptosporidium* a *Leishmania*, ale je pomerne málo poznatkov o ich príspevku v rastlinnom metabolisme.

Jedným z najlepšie charakterizovaných druhov machu je *Physcomitrella patens*. Využíva sa ako modelový organizmus nižších rastlín. *Physcomitrella patens* obsahuje 3 gény pre NRH (PpNRH1 - 3). Nukleozid-*N*-ribohydrolázy sú lokalizované v cytosóle. Poznávacím znakom nukleozidáz je aspartátový cluster sekvencie DXDXXXDD, ktorý sa nachádza poblíž N-konca polypeptidového reťazca a tvorí aktívne centrum týchto enzýmov.

Cieľom tejto práce je charakterizácia PpNRH1 (wild type - WT) a mutantnej formy Y244A a stanovenie enzýmovej aktivity a substrátovej špecifity s vybranými purínovými i pyrimidínovými ribozidmi ako potenciálnymi substrátm.

### 3 TEORETICKÁ ČASŤ

#### 3.1 Modelový organizmus *Physcomitrella patens*

V tejto práci bol použitý ako modelový organizmus mach mechúrovka odstávajúca *Physcomitrella patens*. Je to jednodomá rastlina, ktorá patrí do rodiny *Funariaceae*. Vyskytuje sa predovšetkým na Severnej pologuli, v miernom podnebnom pásme, rastie v pôde bohatej na výživné látky (Frahm and Frey, 2007).

V porovnaní so semennými rastlinami má *P. patens* niekoľko výhod, napríklad má zaujímavú fylogenetickú pozíciu medzi riasami a semennými rastlinami a väčšinu svojho života strávi v haploidnom stave, ktorý umožňuje použitie experimentálnych techník podobné tým, ktoré sa používajú u mikroorganizmov a kvasiniek (Cove, 2000).

*Physcomitrella patens* je jedným z mála známych mnohobunkových organizmov s vysokou účinnosťou homológnej rekombinácie, takže môžu byť vytvorené knockout mutanti. Využívajú sa na štúdium funkcií génov a v kombinácii so štúdiami u vyšších rastlín, ako je *Arabidopsis thaliana*, môžu byť použité k štúdiu molekulárneho vývoja rastlín (Schaefer, 2002).

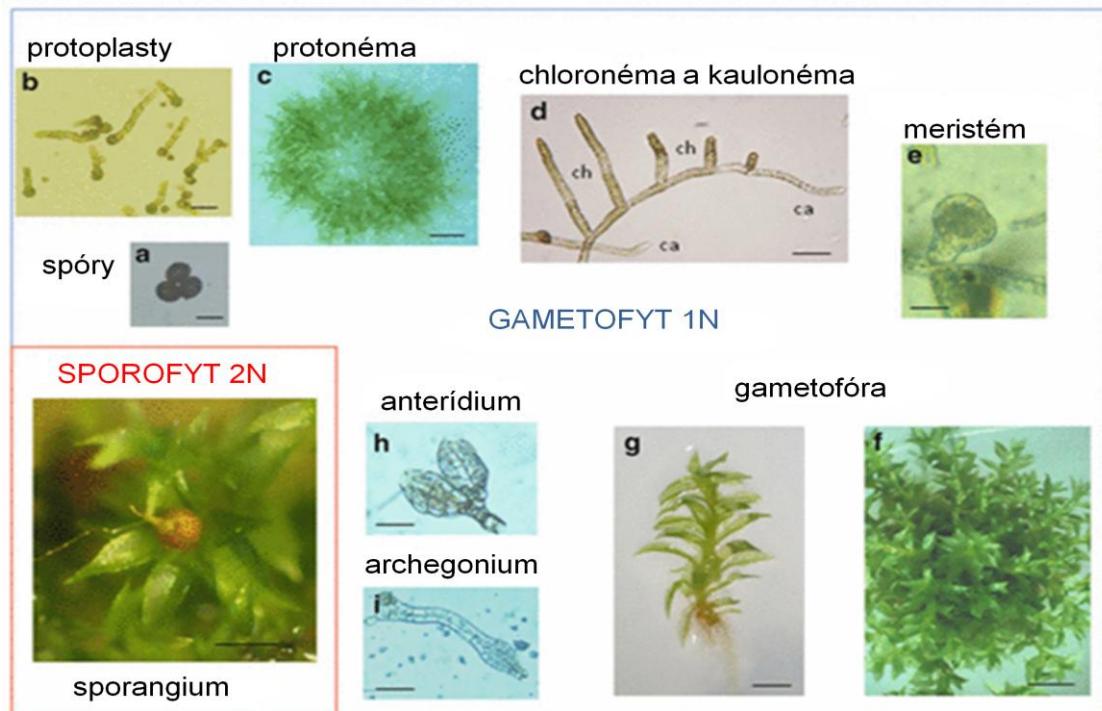
Genóm *P. patens* bol kompletne osekvenovaný v roku 2006, ako prvý genóm z oddelenia machov. Obsahuje asi 480 Mbp, ktoré sú rozložené v 27 chromozónoch. Sekvencia obsahuje 35 938 predpovedaných a dokumentovaných génových modelov. (Rensing et al., 2008).

*Physcomitrella patens* obsahuje 3 známe nukleozidribohydrolázy - PpNRH 1-3. Všetky tri formy sa pravdepodobne nachádzajú v cytosóle. PpNRH1 je najaktívnejším enzýmom a reťazec obsahuje 334 aminokyselín (36,08 kDa). PpNRH2 má v reťazci 329 aminokyselín (35,46 kDa) a PpNRH3 má 349 aminokyselín (37,67 kDa). PpNRH 1 a 2 obsahujú sekvenčný motív DXDXXXDD typický pre NRH, ale posledná PpNRH3 sa od nich odlišuje motívom DXXXXXXDD a keďže sa zatiaľ nepodarilo exprimovať gén PpNRH3 a žiadne fenotypové zmeny neboli preukázané medzi WT a mutantom, tak sa predpokladá, že v štádiu sporofytu nemá PpNRH3 výraznú fyziologickú úlohu (Turčinov, 2011).

##### 3.1.1 Životný cyklus *P. patens*

Rovnako ako u všetkých machorastov, aj životný cyklus *Physcomitrella patens* sa vyznačuje striedaním dvoch generácií: pohlavná generácia - haploidný gametofyt, ktorý produkuje pohlavné bunky gamety a nepohlavná generácia - diploidný sporofyt, ktorého úlohou je priniesť haploidné výtrusy (obrázok 1). Gametofyt je charakteristický

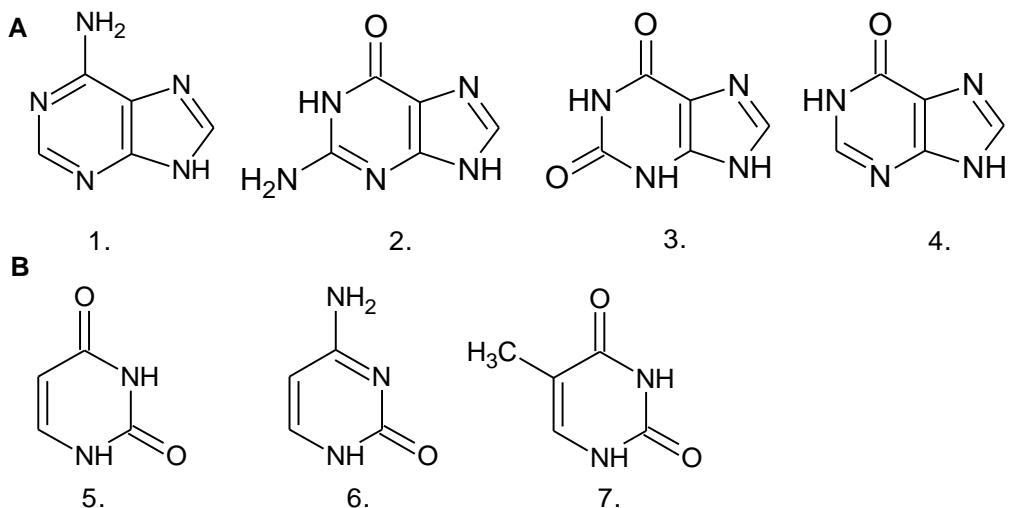
dvoma odlišnými vývojovými štádiami. Protonéma, ktorá vytvára cestu apikálneho rastu, prechádza do vláknitej siete dvoch typov buniek - chloronemálne a kaulonemálne bunky. Gametofóra, druhé vývojové štádium, sa odlišuje od jednoduchého apikálneho systému kaulinárny rastom. *Physcomitrella* je jednodomá rastlina, samčie pohlavné bunky, spermatozoidy, sú vytvárané v plemeníčku (anterídii) a samičie pohlavné bunky, oosféry, sú produkované zárodočníku (archegóniu) na rovnakej gametofóre. Za prítomnosti vody dôjde k oplodneniu, z diploidnej zygóty mitoticky vznikne zárodok, z ktorého sa vytvorí stopka s výtrusnicou. Tá predstavuje sporofyt a je trvalo spojená s gametofytom (Cove and Knight, 1993).



**Obrázok 1. Životný cyklus *Physcomitrella patens*.** Spány (a) a regenerované protoplasty (b) vedú k tvorbe protonémy (c) formovanej z chloronemálnych a kaulonemálnych buniek (d). Prechod na rast samotnej rastliny iniciuje diferenciácia meristemických buniek (e), ktoré sa ďalej vyvíjajú na listové výhonky (g, f). Anterídium (h) a archegonium (i) sa nachádzajú na vrcholku gametofóry. Oplodnenie za prítomnosti vody prebieha v archegóniu a z oplodnených buniek sa vyvinie diploidné sporangium. (Obrázok prevzatý z Bonhomme et al., 2013).

### 3.2 Metabolizmus purínov a pyrimidínov v rastlinách

Z chemického hľadiska sú nukleotidy nízkomolekulárne látky tvorené nukleozidmi, na ktorých je naviazaná jedna alebo viacero fosfátových skupín. Nukleozidy sú tvorené pyrimidinovými alebo purínovými dusíkatými bázami, ktoré sú prepojené cez *N*-glykozidovú väzbu s atómom C<sub>1</sub> cukrového zvyšku pentózy (ribózy alebo deoxyribózy). Zástupcami purínových báz je adenín, hypoxantín, xantín a guanín. Medzi pyrimidínové báze patria cytozín, uracil a tymín (obrázok 2).



**Obrázok 2. Štruktúrne vzorce (A) purínových a (B) pyrimidínových báz.** Zobrazené bázy sú: 1 - adenín, 2 - guanín, 3 - xantín, 4 - hypoxantín, 5 - uracil, 6 - cytozín, 7 - tymín.

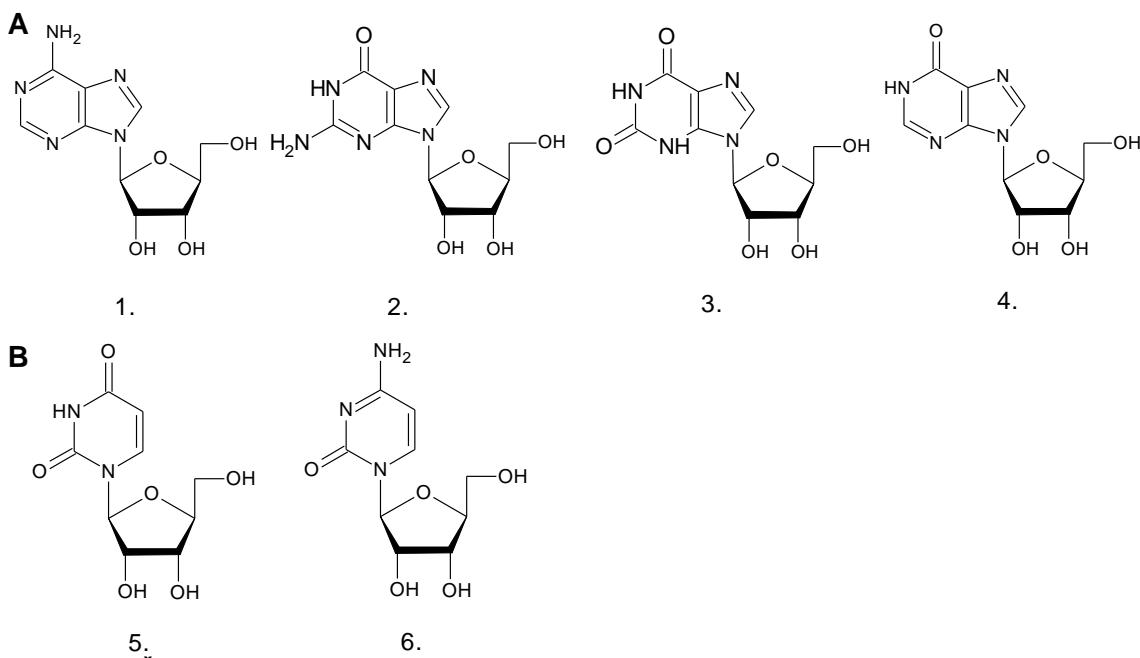
Nukleotidy sú jedným z najdôležitejších bunkových komponentov v rastline. Podporujú primárny a sekundárny metabolizmus, génovú expresiu a väčšinu základných bunkových a biochemických procesov dôležitých pre rast a vývoj rastliny. Regulujú syntézu aminokyselín, fosfolipidov, glykolipidov, jednoduchých cukrov či polysacharidov. Počas základných procesov fotosyntézy a dýchania purínový nukleotid ATP je produkovaný reakciou ATP a fosfátu ako hlavný trifosfát pre všeobecné energetické procesy.

Purínové a pyrimidínové nukleotidy majú významnú úlohu pri skladovaní a využívaní genetickej informácie ako stavebného bloku jadrovej DNA, zložky transkriptov a pri syntéze organel a proteínov. Taktiež slúžia ako prekurzory vitamínov skupiny B - kyseliny listovej, riboflavínu a thiamínu a sú súčasťou koenzýmov - nikotínamidadeníndinukleotidu (NAD), flavinadeníndinukleotidu (FAD) a S-adenosylmetionínu (SAM) (Hanson and Gregory, 2002, Herz et al., 2000).

Adenozinový derivát ATP slúži ako univerzálny prenášač energie do ďalších metabolických dejov a využíva sa ako prekursor pre syntézu mnohých makromolekúl. Ďalší derivát, AMP, aktivuje aminokyseliny pri syntéze proteínov, ADP - aktivované monosacharidy sú zas potrebné pri syntéze polysacharidov ako je škrob alebo celulóza (Song et al., 2006). Cyklický AMP (cAMP) je druhý posol, ktorý prenáša signál od hormónu do vnútra bunky, viacnásobne tento signál zosilňuje, a tým ovplyvňuje transkripciu génov. Pôsobí obvykle ako aktivátor proteinkináz (konkrétnie proteinkinázy A), ktorá fosforyluje cieľové proteíny ovplyvňujúce množstvo metabolických funkcií.

V rastlinách pyrimidínové deriváty UTP, UDP a UMP slúžia ako kosubstráty alebo energeticky bohaté prekurzory pri metabolizme sacharidov a syntéze celulózy a zložiek matrixu v bunkovej stene.

Metabolizmus nukleotídov zahrňuje *de novo* syntézu z jednoduchých molekúl, recykláciu z už existujúcich nukleozidov, báz alebo nukleových kyselín a degradáciu na jednoduché molekuly, takže tým poskytujú stavebné zložky, ako napríklad uhlík, dusík či fosforečný anión, pre syntézu iných molekúl.



Obrázok 3. Štruktúrne vzorce (A) purínových a (B) pyrimidínových ribonukleozidov. Zobrazené bázy sú: 1 - adenozín, 2 - guanozín, 3 - xantozín, 4 - inozín, 5 - uridín, 6 - cytidín.

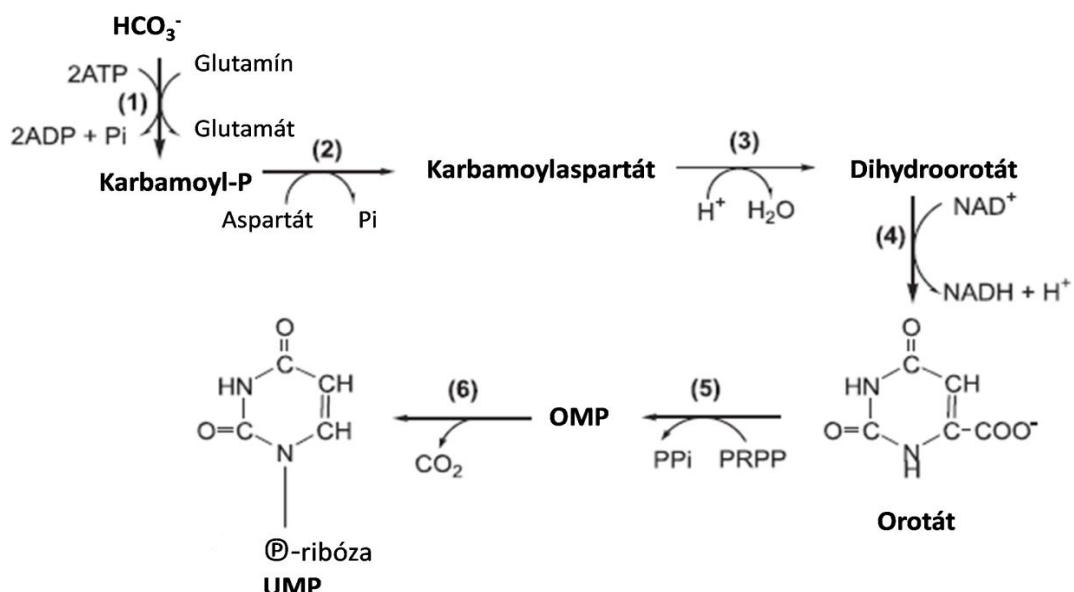
### 3.2.1 Metabolizmus pyrimidínov

#### 3.2.1.1 *De novo* syntéza pyrimidínov

*De novo* biosyntéza pyrimidínu je definovaná ako tvorba uridin-5-monofosfátu (UMP) z karbamoylfosfátu, aspartátu a 5-fosforibosyl-1-pyrofosfátu (PRPP). Táto syntéza je označovaná aj ako orotátová dráha. Pozostáva zo šiestich enzymatických krokov, ktoré sú znázornené na obrázku 4.

Karbamoylfosfátsyntetáza (CPSáza) sa podieľa na produkcií karbamoylfosfátu z kombinácie uhlíčitanu, amoniaku alebo amidoskupiny z glutamínu a 2 ATP. Karbamoylfosfát je využívaný nielen pri *de novo* syntéze pyrimidínu, ale aj ako prekurzor syntézy arginínu. V nasledujúcom kroku katalyzovanom aspartáttranskarbamoylázou (ATCáza) nastáva kondenzácia karbamoylfosfátu s aspartátom a vzniká karbamoylaspartát, ktorý je ďalej cyklizovaný na pyrimidínový

kruh dihydroorotátu. Táto reakcia je katalyzovaná enzýmom dihydroorotázou (DHOáza). Následne sa dihydroorotát oxiduje dihydroorotátdehydrogenázou na orotát. Potom orotát reaguje s PRPP v prítomnosti orotátfosforibosyltransferázy na orotidin-5'-fosfát, ktorý sa potom dekarboxyluje za vzniku UMP pomocou orotidylátdekarboxylázy (Zrenner et al., 2006).



**Obrázok 4. *De novo* biosyntéza pyrimidínových nukleotídov.** Uvedené enzýmy sú: (1) karbamoylfosfátsyntetáza, (2) aspartáttranskarbamoyláza, (3) dihydroorotáza, (4) dihydroorotátdehydrogenáza, (5) - (6) UMP syntáza (orotátfosforibosyltransferáza a orotidín-5'-fosfátdekarboxyláza). (Obrázok upravený podľa Stasolla et al., 2003).

### 3.2.1.2 Katabolizmus pyrimidínov

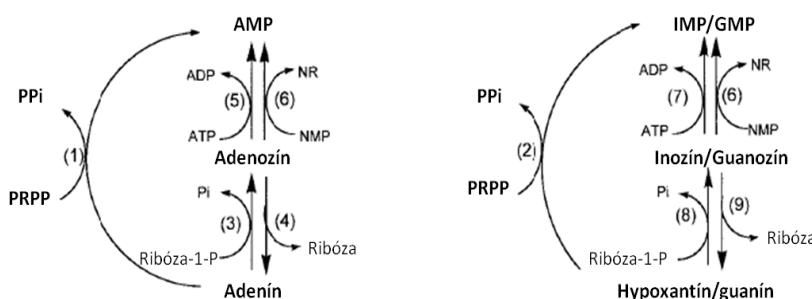
Pyrimidínové nukleotidy sú odbúravané na pyrimidínové nukleozidy odstránením fosfátovej skupiny v reakcii katalyzovanej 5' -nukleotidázou, napríklad uridinmonofosfáthydrolázou (UMPH). Tieto nukleozidy sú následne prevedené na voľné pyrimidínové bázy v reakcii katalyzovanej príslušnou nukleozidázou, napríklad uridinnukleozidázou (URH). Ďalej je cytidín pomocou cytidíndeaminázy deaminovaný na uridín. Niektorá z nukleozidáz hydrolyzuje deoxytymidín a uridín. Takto vzniknutý tymín a uracil sa v prítomnosti NADPH redukujú dihydrouracildehydrogenázou za vzniku 5,6-dihydrotymínu resp. 5,6-dihydrouracilu. V ďalšom kroku je redukovaný pyrimidínový kruh rozložený pomocou dihydropyrimidínamidohydrolázy za vzniku  $\beta$ -ureidoisobutyrovej, respektíve  $\beta$ -ureidopropionovej kyseliny.  $\beta$ -ureidopropionáza ich deaminuje a dekarboxyluje na  $\beta$ -aminoisobutyrit, resp.  $\beta$ -alanín (Zrenner et al., 2006). Schéma katabolizmu pyrimidínu je na obrázku 7.

### 3.2.1.3 Recyklácia pyrimidínov

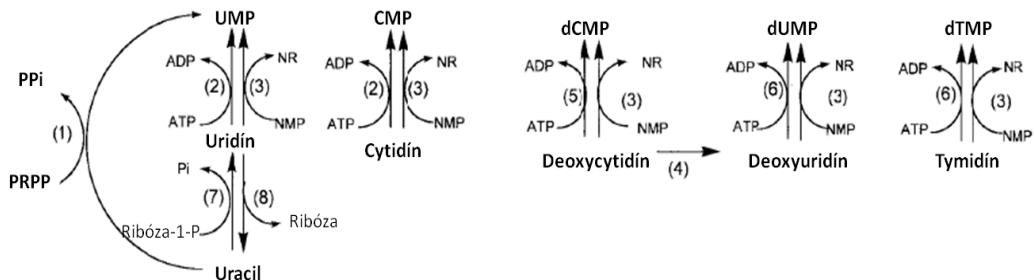
Ako už bolo uvedené, nukleotidy môžu byť katabolizované na pyrimidínové nukleozidy a voľné bázy postupným pôsobením 5' -nukleotidázy (napr. UMPH) a nukleozidázy (napr. URH). Pretože *de novo* syntéza nukleotidov je energeticky veľmi náročná, bunky si vyvinuli mechanizmus pre opakované využitie predpripravených nukleozidov a nukleobáz prostredníctvom recyklačných reakcií (známych ako „salvage pathway“).

Nukleozidy v rastlinách môžu byť priamo fosforylované na nukleotidy zodpovedajúcimi nukleozidkinázami (uridíkináza (UK)). Pomocou uracil-fosforibosyltransferázy (UPRT) môže byť uracil ako jediný z pyrimidínových báz prevedený priamo na UMP (Zrenner et al., 2006). Bolo preukázané, že monodoménový gén, nazývaný UPP, kóduje funkčný UPRT enzym, zatiaľ čo dvojdoménové enzymy, obsahujúce UK a UPRT domény, nevykazujú UPRT aktivitu (Mainguet et al., 2009), ale len UK aktivitu (Chen and Thelen, 2011). Schéma recyklačných reakcií pyrimidínu je na obrázku 5.

A) Recyklácia purínu



B) Recyklácia pyrimidínu



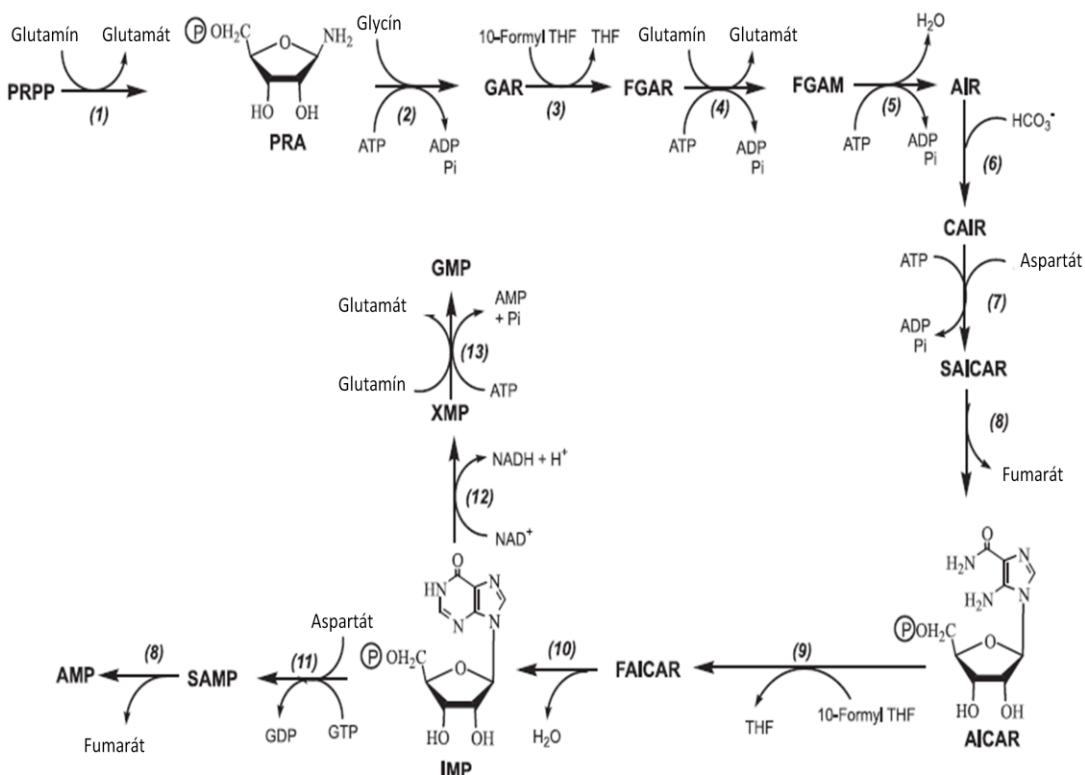
**Obrázok 5. Recykláčne reakcie (A) purínových a (B) pyrimidínových báz a nukleozidov v rastlinách.** Uvedené enzymy sú: (A)-(1) adenínfosforibosyltransferáza, (2) hypoxantín-guanín fosforibosyltransferáza, (3) adenozínfosforyláza, (4) adenozínnukleozidáza, (5) adenozínnikináza, (6) nešpecifická nukleozidfosfotransferáza, (7) inozín-guanozínnikináza, (8) inozín-guanozíinfoforyláza, (9) inozín-guanozínnukleozidáza. (B)-(1) uracilfosforibosyltransferáza, (2) uridín/cytidínkináza, (3) nešpecifická nukleozidfosfotransferáza, (4) deoxycytidíndeamináza, (5) deoxycytidínnikináza, (6) timidínnikináza, (7) uridínnukleozidáza, (8) uridínnukleozidáza. (Obrázok prevzatý z Stasolla et al., 2003).

## 3.2.2 Metabolizmus purínov

### 3.2.2.1 *De novo* syntéza purínov

De novo biosyntéza purínu prebieha u rastlín z malých molekúl, ako sú aminokyseliny glycín, glutamín a aspartát, ďalej z 5-fosforibosyl-1-difosfátu (PRPP), 10-formyl-tetrahydrofolátu (10F-THF) a oxidu uhličitého. Biosyntéza začína tvorbou 5-fosforibosylaminu (PRA) tým, že amidová skupina z glutamínu je prenesená na PRPP. Táto reakcia je katalyzovaná PRPP-amidotransferázou (obrázok 6).

GAR-syntetáza katalyzuje tvorbu glycínamidribonukleotidu (GAR). Pri tejto reakcii je potrebná prítomnosť ATP. GAR je potom formylovaný pomocou GAR-transformylázy za účasti 10F-THF a vznikne formylglycínamidribonukleotid (FGAR). Ďalší krok je katalyzovaný formylglycínamidinribonukleotidsyntetázou (FGAM-syntetáza), spotrebováva ATP a gluatmín a vedie k tvorbe formylglycínamidinribonukleotid (FGAM). Nasleduje uzavretie cyklu, pričom sa spotrebuje ďalšia molekula ATP. Tak vznikne 5-aminoimidazolribonukleotid (AIR) katalyzovaný AIR-syntetázou. K vybudovaniu druhého cyklu purínového skeletu sú vložené CO<sub>2</sub>, aspartát a druhá molekula 10F-THF. AIR je karboxylovaný molekulou CO<sub>2</sub>. Túto reakciu katalyzuje AIR-karboxyláza a vzniká 4-karboxyaminoimidazolribonukleotid (CAIR). Pridaním aspartátu a ďalšej molekuly ATP za katalýzy SAICAR-syntetázou je vytvorený N-sukcinyl-5-aminoimidazol-4-karboxamid-ribonukleotid (SAICAR). Pomocou adenylosukcinátlyázy sa uvoľní fumarát a vytvorí sa 5-aminoimidazol-4-karboxamid-ribonukleotid (AICAR). Posledné dva kroky sú katalyzované jedným bifunkčným enzymom AICAR-transformylázou / IMP-cyklohydrolázou. Posledný uhlík z purínového cyklu je prenesený z 10F-THF. Vzniká 5-formaminoimidazol-4-karboxamid-ribonukleotid (FAICAR), ktorý je potom dehydratovaný a vzniká inosinmonofosfát (IMP).



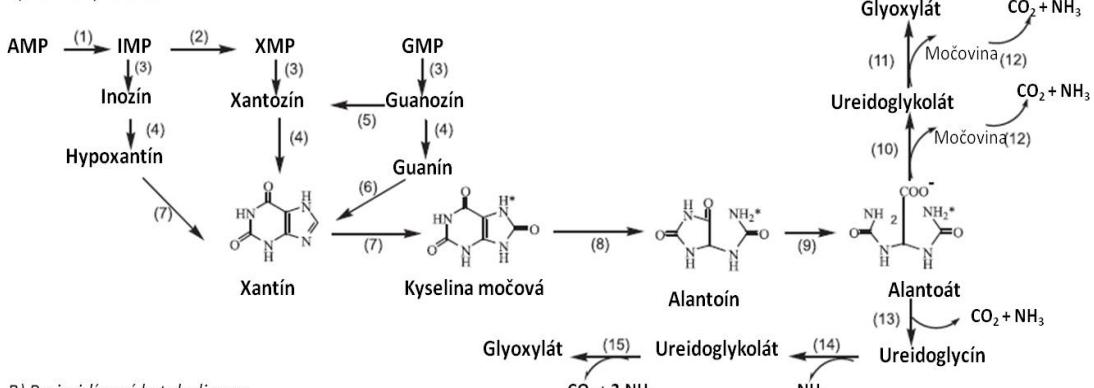
**Obrázok 6. De novo biosyntéza purínových nukleotídov.** Metabolity: PRPP - 5-fosforibosyl-1-difosfát, PRA - 5-fosforibosylamín, GAR - glycínamidribonukleotid, FGAR - formyl-glycínamidribonukleotid, FGAM - formylglycínamidribonukleotid, AIR - 5-amino-imidazolribonukleotid, CAIR - 4-karboxyaminoimidazolribonukleotid, SAICAR - N-sukcinyl-5-aminoimidazol-4-karboxamid-ribonukleotid, AICAR - 5-aminoimidazol-4-karboxamidribo nukleotid, FAICAR -5-formaminoimidazol-4-karboxamid-ribonukleotid, SAMP - adenylosukcinát, XMP - xantozínmonofosfát, IMP - inosinmonofosfát, AMP - adenosín- monofosfát, GMP- guanosinmonofosfát. Enzýmy: (1) PRPP-amidotransferasa, (2) GAR-syntetaza, (3) GAR-transformylasa, (4) FGAM-syntetaza, (5) AIR-syntetaza, (6) AIR-karboxylasa, (7) SAICAR-syntetaza (8) adenylosukcinátlyasa, (9) AICAR-transformylasa, (10) IMP-cyklohydrolasa, (11) SAMP-syntetaza, (12) IMP-dehydrogenaza, (13) GMP-syntetaza. (Obrázok upravený podľa Stasolla et al. 2003).

Po vzniku IMP sa biosyntéza rozdeľuje na dve vetvy (obrázok 5). Z jednej vzniká adenosínmonofosfát (AMP) a z druhej cez xantozínmonofosfát (XMP) vzniká guanozínmonofosfát (GMP). AMP je syntetizovaný nahradením karboxylovej skupiny na uhlíku C6 aminoskupinou, ktorú poskytne aspartát a vznikne adenylosukcinát. GTP je donorom energeticky bohatej fosfátovej väzby. Táto reakcia je katalyzovaná adenylosukcinátsyntetázou. Potom je fumarát odštiepený pomocou adenylosukcinátlyazy a vzniká AMP. Druhá vetva je zahájená oxidáciou IMP, nasleduje vloženie aminoskupiny, ktorú poskytne glutamín. XMP je vytvorený IMP-dehydrogenázou, ktorá ako akceptor  $H^+$  používa  $NAD^+$ . Z nej potom účinkom GMP-syntetázy, ktorá za spotreby ATP prenáša amidovú skupinu glutamínu, vzniká GMP (Zrenner et al., 2006).

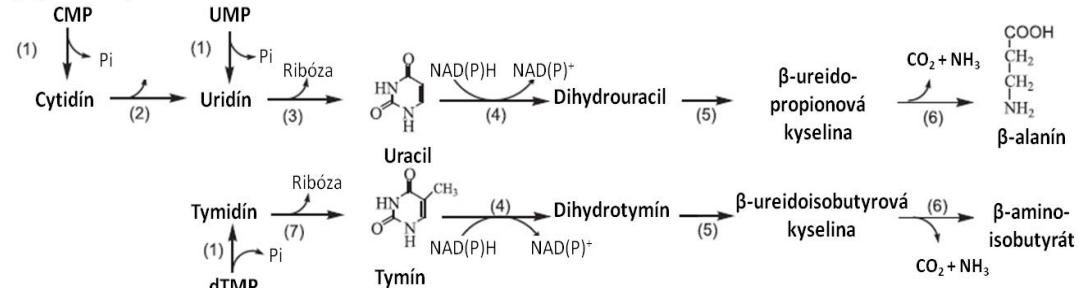
### 3.2.2.2 Katabolizmus purínov

Katabolizmus purínu má dôležitú úlohu pri metabolizme dusíku. Rastliny sú závislé na efektívnom využití a zužitkovanie dusíka predtým ako ho vylúčia. Vo väčšine rastlín sú purínové nukleotidy oxidačne degradované prostredníctvom kyseliny močovej a alantoínu na oxid uhličitý a amoniak, ktorý je pomocou glutamín-oxoglutarát-aminotransferázou (GOGAT) dráhou reasimilovaný.

A) Purínový katabolizmus



B) Pyrimidínový katabolizmus



**Obrázok 7. Katabolizmus (A) purínových nukleotidov a (B) pyrimidínových nukleotidov v rastlinách.** Uvedené enzýmy sú: (A) - (1) AMP deamináza, (2) IMP dehydrogenáza, (3) 5'-nukleotidáza a / alebo fosfatáza, (4) inozín-guanozínnukleozidáza, (5) guanozindeamináza, (6) guaníndeamináza, (7) xantíndehydrogenáza, (8) urikáza, (9) alantoináza, (10) alantoikáza, (11) ureidoglykolátyáza, (12) ureáza, (13) alantoíndeamináza, (14) ureidoglycineamidohydroláza, (15) ureidoglykoláthydroláza. (B) - (1) 5'-nukleotidáza a / alebo fosfatáza, (2) cytidíndeamináza, (3) uridínnukleozidáza, (4) dihydrouracildehydrogenáza, (5) dihydropyrimidinamidohydroláza, (6) β-ureidopropionáza, (7) tymidínfosforyláza a / alebo tymidínnukleozidáza. (Obrázok upravený podľa Stasolla et al. 2003).

Najprv je AMP účinkom AMP-deaminázy deaminovaný a vznikne IMP. Následne je IMP oxidovaný na XMP pomocou IMP-dehydrogenázy alebo je pomocou nešpecifických fosfátáz alebo 5'-nukleotidáz defosforylovaný na inozín. Potom je inozín hydrolyzovaný inozín-guanozínnukleozidázou na hypoxantín a následne je pomocou xantíndehydrogenázy oxidovaný na xantín. Pred samotným členením purínového heterocyklu sú všetky degradované purínové metabolity prevedené na xantín. Ten je potom xantín-dehydrogenázou oxidovaný na kyselinu močovú, ktorá je ďalej štepená urikázou na alantoín. Účinkom alantoinázy je alantoín následne oxidovaný na kyselinu alantooovú, a tá je potom prevedená cez ureidoglycín a ureidoglykolát na finálne produkty (amoniak, oxid uhličitý a glykoxylát). Tieto konečné produkty môžu byť znova

využité pri fotosyntéze reasimilované GOGAT dráhou. (Zrenner et al., 2006). Schéma katabolizmu purínu je na obrázku 7.

### 3.2.2.3 Recyklácia purínov

Vzhľadom k tomu, že *de novo* syntéza purínov má vysoké energetické požiadavky a využíva päť nukleotidov k tvorbe AMP a sedem k tvorbe GMP, recyklácia je energeticky veľmi výhodná, pretože je vyžadovaný len jeden ATP. Recyklačný cyklus („salvage“) slúži taktiež k zníženiu hladiny purínových báz a nukleozidov, ktoré by inak mohli mať inhibičný efekt na iné metabolické reakcie (Moffatt and Ashihara, 2002).

Tri purínové bázy adenín, guanín a hypoxantín sú recyklované na AMP, GMP a IMP. Na týchto recyklačných dráhach sa podieľajú dva enzýmy: adenín-fosforibosyltransferáza a hypoxantín/guanín-fosforibosyltransferáza. Purínové bázy môžu byť taktiež recyklované na nukleotidy prostredníctvom nukleozidov. Adenosinfosforyláza a inosín/guanosín-fosforyláza sa môžu podieľať na syntéze príslušných nukleozidov z danej báze a ribosa-1-fosfátu. V rastlinách je však aktivita týchto enzýmov veľmi malá, preto je táto reakcia veľmi výnimočná a má len druhoradú úlohu. (Moffatt and Ashihara, 2002).

Adenozín, guanozín a inosín môžu byť recyklované pomocou kináz alebo nukleozid-fosfotransferáz. Adenozínskináza je všadeprítomná a jej aktivita je pomerne vysoká, zatiaľ čo inozín-guanozín-kináza sa nevyskytuje vo všetkých rastlinných druhoch. (Zrenner et al., 2006). Schéma recyklačných reakcií purínu je na obrázku 5.

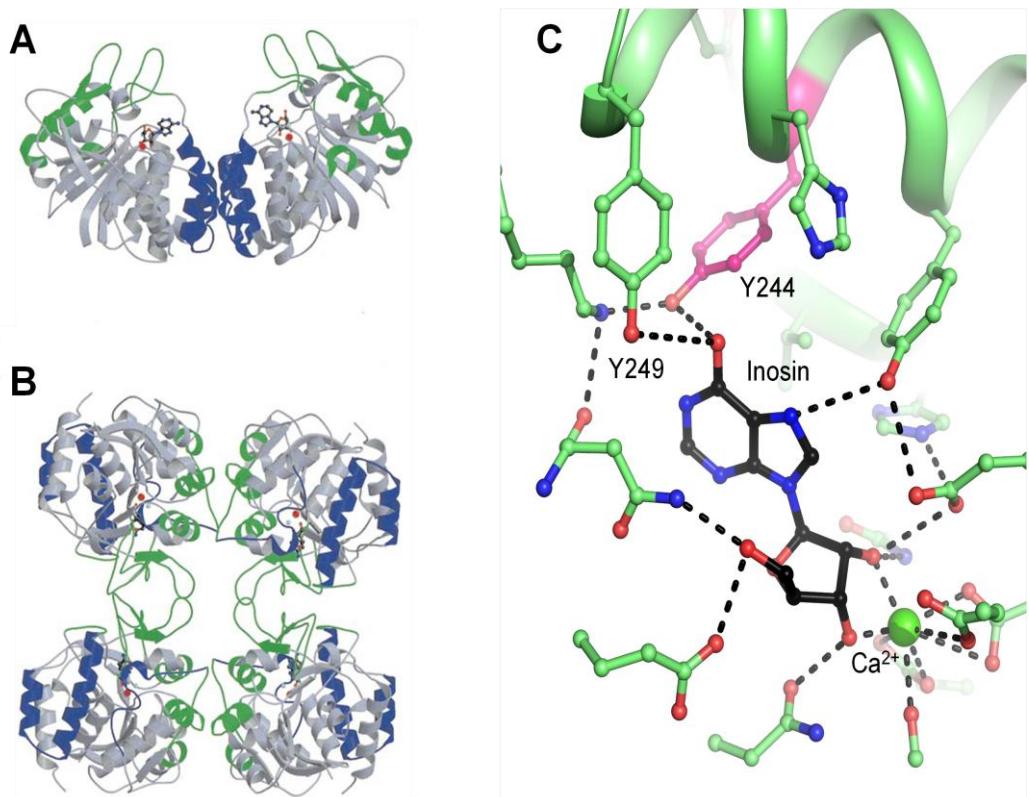
Pri recyklácii purínov boli dôkladnejšie študované reakcie, na ktorých sa podieľajú adenín-fosforibosyltransferáza a adenosínkináza (Moffatt and Ashihara, 2002), pretože tieto enzýmy zasahujú aj do metabolizmu cytokinínov. Ich mutanty vykazovali zníženie alebo stratu plodnosti, zmeny v transmetylačných reakciách zapojených do biosyntézy bunkovej steny (Schoor and Moffatt, 2004).

## 3.3 Nukleozid-*N*-ribohydrolázy

Ako už bolo napísané v predchádzajúcich častiach, rastliny sú schopné ribozidy a zásady buď recyklovať alebo degradovať. Kľúčovú úlohu v týchto procesoch hrajú nukleozid-*N*-ribohydrolázy (NRH). Tieto enzýmy katalyzujú hydrolytické štiepenie ribozidov na príslušné bázy a ribózu cez oxokarbeniový intermediát (obrázok 9) (Verseés a Steyaert, 2003). NRH zahŕňajú rodinu štrukturálne spojených metaloproteínov s topológiou  $\beta$ -skladaného listu. Nukleozid-*N*-ribohydrolázy sú lokalizované v cytosóle. Poznávacím znakom nukleozidáz je aspartátový cluster

sekvencie DXDXXXDD, ktorý sa nachádza poblíž N-konca polypeptidového reťazca a tvorí aktívne centrum týchto enzymov (Versées a Steyaert, 2003). Nukleozid-N-ribohydrolázy majú v aktívnom mieste  $\text{Ca}^{2+}$  ión (obrázok 8). Aktívne miesto je špecifické pre ribózu a substrát sa naň viaže cez ribozylový koniec (Verseés et al., 2001).

U niekoľkých organizmov je známa kryštalická štruktúra NRH. *T. vivax* obsahuje IAG-NRH, ktorá má dimérnu štruktúru (obrázok 8). Obsahuje dve aktívne miesta, ktoré sú na sebe nezávislé. Aktívne miesto sa nachádza na C-konci reťazca, v strede ôsmych  $\beta$ -listov oboch podjednotiek. Na vápenatý ión sú naviazané karboxylové skupiny troch aspartátov (jeden aspartát poskytuje oba atómy kyslíku, zvyšné dva aspartáty len jeden kyslík), karbonylová skupina treonínu, 2 OH - skupiny, ktoré poskytuje ribóza a molekula vody (Verseés et al., 2001). IU-NRH z *C. fasciculata* má tetramérnu štruktúru (obrázok 8), ale v aktívnom mieste taktiež obsahuje osemväzobný  $\text{Ca}^{2+}$  ión (Degano et al., 1996). Tetramérnu štruktúru majú tiež YbeK (Muzzolini et al., 2006) a YeiK (Giabbai B. and Degano M., 2004) proteíny z *E. coli*.



**Obrázok 8. Porovnanie kvartérnych štruktúr (A) IAG-NH z *T. vivax* a (B) IU-NH z *C. fasciculata*. (C) Aktívne miesto PpNRH1.** A: IAG-NH tvorí dimérnu štruktúru. B: IU-NH tvorí tetramér. C: Obrázok znázorňuje interakciu enzymu PpNRH1 so substrátom (inozínom). 6-oxo alebo 6-amino skupina je schopná interakcie s dvoma tyrozínovými zvyškami Y244 a Y249.

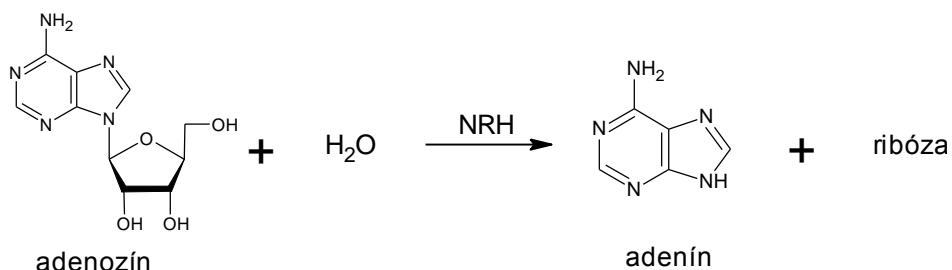
NRH sú v prírode široko rozšírené, nachádzajú sa v baktériách (Petersen a Møller, 2001) kvasinkách (Kurtz et al., 2002), prvokoch (Parkin, 1996) a v mesozoách (Versées et al., 2003). Gény, ktoré obsahujú charakteristický NRH motív sú tiež

prítomné v rastlinách (Jung et al., 2009) a v hmyze (Ribeiro a Valenzuela, 2003). Naopak, u cicavcov nebola zistená žiadna aktivita NRH (Parkin et al., 1991).

Enzýmy zodpovedné za metabolizmus nukleozidov sa líšia v závislosti od organizmu. V baktérii *Escherichia coli* sú exogénne ribonukleozidy prevažne metabolizované nukleozidfosforylázami, katalyzujú fosforolýzu N-glykozidickej väzby nukleozidov za vzniku voľnej bázy a ribóza-1-fosfátu. Uridínfosforyláza kódovaná génom *udp* (Zalkin and Nygaard, 1996) je špecifická pre uridín, zatiaľ čo purínnukleozidfosforyláza, kódovaná *deoD* génom (Zalkin and Nygaard, 1996), je schopná katalyzovať rozštiepenie všetkých purínových nukleozidov za vzniku voľnej purínovej bázy a ribóza-1-fosfátu, s výnimkou xantozínu, ktorý je metabolizovaný xantozínfosforylázou kódovanou *xapA* génom. Naopak, v *E.coli* vyskytujúce sa NRH kódované *rihA*, *rihB* a *rihC* génmi majú druhoradú úlohu (Petersen and Moller, 2001).

Metabolická úloha NRH je najviac preskúmaná v parazitických prvokoch, napríklad *Trypanosoma brucei*, *Crithidia fasciculata* a *Leishmania major*. Tieto organizmy sa spoliehajú na recykláciu purínov, pretože, na rozdiel od väčšiny organizmov, nemajú schopnosť *de novo* syntetizovať purínové nukleotidy. Namiesto toho využívajú recyklačné enzýmy na získanie purínových báz a nukleozidov z ich hostiteľského organizmu a prevádzajú ich na príslušné nukleotidy. Vzhľadom k týmto rozdielom medzi parazitom a hostiteľom, v posledných rokoch boli parazitné NRH intenzívne študované ako potenciálny cieľ pre chemoterapeutické využitie. NRH boli klasifikované do štyroch skupín na základe ich substrátovej špecifity: substrátovo nešpecifické NRH z *Leishmania major* (Shi et al., 1999), NRH, ktoré preferujú inozín a uridín (IU-NRH) (Parkin et al., 1991) a inozín a guanozín (IG-NRH) (Estupiñán a Schramm, 1994) z *Crithidia fasciculata* a nakoniec NRH z *Trypanosoma brucei brucei* (Parkin, 1996) preferujúce inozín, adenozín a guanozín (IAG-NRH), ktoré vykazujú špecifitu k purínovým nukleozidom.

Aktivita NRH bola preukázaná na mnohých rastlinných druchoch, napríklad v pšenici (Chen and Kristopeit, 1981), v jačmeni (Guranowski and Schneider, 1977), v paradajke (Burch and Stuchbury, 1986), ale aj v čaji (Imagawa et al., 1979) či káve (Campos et al., 2005). Len nedávno bola charakterizovaná NRH rodina (AtNRH1 a 2) z *Arabidopsis thaliana* (Jung et al. 2009, 2011), pričom obe izoformy majú v rastline inú funkciu. AtNRH1 hrá hlavnú úlohu v katabolizme purínov a pyrimidínov, AtNRH2 sa prejavuje najmä v neskoršej fáze starnutia a podporuje hydrolýzu inozínu.



**Obrázok 9. Reakčný mechanizmus nukleozid-N-ribohydrolázu na príklade adenozínu.** Hydrolýzou *N*-glykozidickej väzby vzniká báza adenín a ribóza. Reakcia prebieha cez prechodný stav oxokarbeniového íónu.

Pre niektoré NRH bol stanovený pH profil. Ako príklad sa môže uviesť NRH z *T. brucei brucei* (Parkin, 1996). Z pH profilu pre hydrolýzu inozínu vyplýva, že tri protonované skupiny prispievajú k úplnej katalytickej účinnosti IAG-NRH. Strata protónu z najkyslejšej skupiny znižuje  $V_{lim}$  desaťkrát, avšak strata dvoch protónov spôsobí úplnú inaktiváciu IAG-NRH. Zo závislosti  $V_{lim}/K_m$  na pH vyplýva, že katalytická účinnosť sa nemení v rozmedzí pH 5 až 8. Avšak nad pH 8 sa účinnosť výrazne zmenšuje kvôli dvom ionizovateľným skupinám voľného enzymu.

### 3.3.1 Kinetické vlastnosti NRH

Doposiaľ bolo celkovo charakterizované len malé množstvo NRH pomocou kinetických parametrov. Z protozoálnych organizmov bola charakterizovaná z *Trypanosoma brucei* (Parkin, 1996) NRH preferujúca hlavne inozín, adenosín a guanozín (IAG-NRH). Inozín je najlepší prirodzene sa vyskytujúci substrát IAG-NRH s hodnotou  $K_m$  18 μM a  $V_{lim}$  0,8 μmol s<sup>-1</sup> mg<sup>-1</sup>. Hodnoty  $K_m$  pre puríny a pyrimidíny sú podobné, od 15 μM pre adenosín po 106 μM pre cytidín, ale rýchlosť hydrolýzy pyrimidínových substrátov uridínu ( $V_{lim}$  je 0,00032 μmol s<sup>-1</sup> mg<sup>-1</sup>) a cytidínu ( $V_{lim}$  je 0,07 μmol s<sup>-1</sup> mg<sup>-1</sup>) je výrazne nižšia v porovnaní s purínovými substrátkami. Taktiež bola popísaná NRH z prvaka *Leishmania major* (Shi et al., 1999). V porovnaní s NRH z *T. brucei*, tak tento enzym výrazne strácal afinitu k enzymom, pretože hodnoty  $K_m$  boli niekoľkonásobne vyššie (napríklad  $K_m$  pre inozín bola 445 μM).

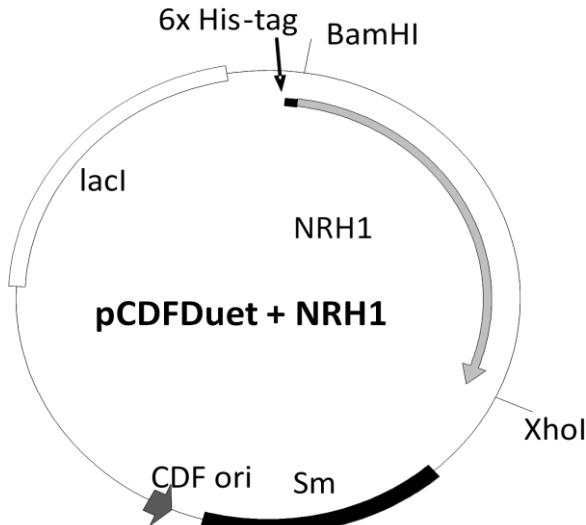
Ďalšie dva proteíny boli charakterizované z *E.coli*: YbeK (Muzzolini et al., 2006) and Yeik (Giabbai a Degano, 2004). Yeik proteín je charakterizovaný ako purín špecifická NRH. Katalytická účinnosť Yeik voči inozínu, adenosínu a guanozínu bola viac ako tisíckrát menšia ako voči uridínu a preto sa tieto substráty pokladajú za neaktívne. Naopak, YbeK proteín sa radí medzi pyrimidín špecifické NRH. Tento enzym hydrolyzuje pyrimidínové nukleozidy 100 - 10000-krát efektívnejšie než purínové nukleozidy. Z pyrimidínov je uridín prevedený najúčinnejšie, hlavne kvôli nízkej hodnote  $K_m$  (83 μM). Z rastlín je to napríklad NRH z *Arabidopsis thaliana*

(AtNRH1) (Jung et al., 2009). Preferuje najmä uridín (hodnota  $K_m$  je 0,8 mM a hodnota  $V_{lim}$  je 0,004 mmol s<sup>-1</sup> mg<sup>-1</sup>). Rýchlosť hydrolyzy inozínu a adenozínu bola oveľa nižšia v porovnaní s uridínom ( $V_{lim}$  pre inozín bola 0,0002 mmol s<sup>-1</sup> mg<sup>-1</sup> a pre adenozín len  $7,7 \times 10^{-6}$  mmol s<sup>-1</sup> mg<sup>-1</sup>).

## 4 PRAKTIČKÁ ČASŤ

### 4.1 Biologický materiál

- Expresné bunky *E.coli* T7 express (New England Biolabs) nesúce gény *PpNRH1* pre WT proteín a jeho mutantnú formu Y244A, ktoré boli poskytnuté školiteľom (obrázok 10).



Obrázok 10. Mapa expresného vektoru *PpNRH1* (999 bp; GenBank accession no. JQ649322). Skladá sa z 346 aminokyselín vrátane His-kotvy (kotva 14 aminokyselín), kotva sa nachádza na N-konci.

### 4.2 Použité chemikálie

- (2S,3S)-1,4-bis(sulfanyl)butan-2,3-diol (Sigma-Aldrich, USA)
- adenozín (Sigma-Aldrich, USA)
- akrylamid (Bio-Rad, USA)
- apoferitin z konskej sleziny (Sigma-Aldrich, USA)
- B-PER (Thermo, USA)
- cytidín (Sigma-Aldrich, USA)
- dihydrogénfosforečnan draselný (Merck, Nemecko)
- DNAza (Top-Bio, ČR)
- dodecylsíran sodný (Bio-Rad, USA)
- ethanol (Lach-Ner, ČR)
- farbiaci roztok Coomassie blue (Bio-Rad, USA)
- glukóza (Chemapol, ČR)
- glycerol (Lach-Ner, ČR)
- guanidín-HCl (AppliChem, SRN)

- guanozín (Sigma-Aldrich, USA)
- hovädzí sérový albumín (Sigma-Aldrich, USA)
- hovädzí tyroglobulín (Sigma-Aldrich, USA)
- chlorid draselný (Sigma-Aldrich, USA)
- chlorid horečnatý (AppliChem, SRN)
- chlorid sodný (Lach-Ner, ČR)
- chromatografický sorbent Superdex 200 HR 10/30 (Amersham Biosciences, Švédsko)
- chromatografický sorbent: HIS-Select Cobalt (Sigma-Aldrich Chemie, SRN)
- imidazol (Sigma-Aldrich Chemie, SRN)
- inhibítorm proteáz (Sigma, ČR)
- inozín (Sigma-Aldrich, USA)
- isopropyl- $\beta$ -D-tiogalaktopyranozid (Fermentas, Litva)
- karboanhydráza z hovädzích erytrocytov (Sigma-Aldrich, USA)
- kvasinková alkoholdehydrogenáza (Sigma-Aldrich, USA)
- LB médium (Roth, SRN)
- lyzozým (Sigma-Aldrich, USA)
- močovina (Sigma-Aldrich, USA)
- N,N,N',N'-tetramethylethylenediamín (Bio-Rad, USA)
- N,N-metylén-bisakrylamid (Bio-Rad, USA)
- n-butanol (Lach-Ner, ČR)
- nikotínamidadenindinukleotid (Sigma-Aldrich Chemie, SRN)
- persíran amónny (Sigma-Aldrich Chemie, SRN)
- Protein Ladder (10-250 kDa) (BioLabs, USA)
- RNAza (TopBio, ČR)
- streptomycín (Sigma-Aldrich Chemie, SRN)
- Tris-HCl pufr, pH 6,8
- Tris-HCl pufr, pH 8
- Tris-HCl pufr, pH 8,8
- uridín (Sigma-Aldrich, USA)
- xantozín (Sigma-Aldrich, USA)
- $\alpha$ -amyláza (Sigma-Aldrich, USA)

### 4.3 Prístrojové vybavenie

- analytické váhy (Sartorius, SRN)
- centrifúga 5430R (Eppendorf, SRN)
- centrifúga 5430 (Eppendorf, SRN)
- centrifúga Benchtop 4-16 K (Sigma, SRN)
- digitálny pH meter (Multical WTW, SRN)
- elektroforetická komôrka (Bio-Rad, USA)
- elektromagnetická miešačka (IKA, SRN)
- kvapalinový chromatograf pre strednotlakovú chromatografiu BioLogic Duo Flow (Bio-Rad, USA)
- laminárny box (Schoeller, ČR)
- magnetická miešačka (IKA, SRN)
- minicentrifúga BLUE (Labnet, SRN)
- PCR termocykler (Eppendorf, SRN)
- rotátor (Biosan,
- spektrofotometer LightWave II UV-Vis II diode array UV/Visible (Biochrom Ltd, UK)
- spektrofotometer UV-VIS s (Agilent, SRN)
- termostat (Labnet, USA)
- transiluminátor (Eastport, USA)
- trepačka RCT basic (IKA, SRN)
- vortex (Stuart, UK)
- **Základné vybavenie laboratória:** kádinky, Erlenmayerove banky, odmerné valce, kyvety do spektrofotometra, magnetické miešadlá, nádoba na ľad, parafilm, strička na destilovanú vodu, stojan na skúmavky, sada pipet (2,5; 10; 20; 100; 200; 1000; 5000 µl), centrifugačné kyvety

## **4.4 Metódy**

### **4.4.1 Produkcia rekombinantného proteínu v *E.coli***

Zo zásobnej ependorfky bola kultúra *E.coli* (2-5 µl) inokulovaná do Erlenmayerovej banky, ktorá obsahovala 10 ml LB média, antibiotikum streptomycin (50 µg/ml) a 1 ml 20% glukosy (konečná koncentrácia 1 %). Inkubácia prekultúry prebiehala za mierneho trepania na trepačke cez noc pri 37 °C. Na druhý deň bola prekultúra zcentrifugovaná (4000 g, 5 minút, 20 °C). Supernatant bol vyliaty a pelet *E.coli* bol resuspendovaný v 10 ml pripraveného LB média so streptomycinom. Do Erlenmayerovej banky, ktorá obsahovala 90 ml LB média so streptomycinom, boli preliate rozsuspendované baktérie, a potom bola kultúra inkubovaná na trepačke približne 1 hodinu pri 30 °C, kým hodnota optickej density sa nepohybovala v rozmedzí OD<sub>600</sub> = 0,5-0,6. Následne bol odobratý 1 ml kultúry pred indukciami do čistej ependorfky, ktorá bola zcentrifugovaná (4000 g), supernatant bol odpipetovaný a pelet zamrazený. Prídavkom 200 µl 0,5 M isopropyl-β -D-thiogalaktopyranosidu (IPTG) k 200 ml kultúry v Erlenmayerovej banke bola indukovaná expresia rekombinantného proteínu pri 20 °C cez noc na trepačke.

### **4.4.2 Extrakcia PpNRH1 a mutantnej formy Y244A**

Najprv bola kultúra centrifugovaná (4000 g, 20 min, 20 °C), supernatant bol vyliaty a pelet bol ďalej použitý pre extrakciu. Bakteriálny pelet bol resuspendovaný v 6 ml pufru, ktorý obsahoval 2,5 ml 50 mM Tris-HCl, pH 8, 0,5 ml 10 mM MgCl<sub>2</sub>, 100 µl inhibítora proteas a 2,9 ml vody. Boli pridané 3 ml detergenčného činidla B-PER a zmes bola inkubovaná 10 minút pri laboratórnej teplote. Následne bolo pridané 100 µl lysozymu a opäť inkubované pri laboratórnej teplote až kým vzorka zgélovala. Pridala sa voda na konečný objem 10 ml. Potom bolo pridané 8 µl RNAsy (10 µg/ml) a 8 µl DNAsy (10 U/µl). Zmes bola inkubovaná na vodnom kúpeli 30 minút pri 37 °C. Následne bolo pridané 1,3 ml 1M NaCl a 1,3 ml 50 % glycerolu. Do čistej ependorfky bolo odobraté 0,1 ml lizátu, ktorý sa centrifugoval (10000 g, 10 minút), supernatant bol prenesený do čistej ependorfky a pelet rozsuspendovaný v 50 µl 4M močoviny. Zvyšný lizát sa tiež centrifugoval (10000 g, 30 minút, 4 °C) a supernatant bol prenesený do novej falkonky.

### **4.4.3 Purifikácia PpNRH1 a mutantnej formy Y244A**

Purifikácia bola vykonaná pomocou afinitných chromatografických koloniek His selected cobalt gel (Thermo). Je vysoko selektívna pre rekombinantné proteíny

s histidínovou značkou a vykazuje nízku nešpecifickú väzbu ďalších proteínov. Kolonky boli najprv premyté ekvilibračným pufrom, ktorý obsahoval 20 mM Tris-HCl (pH 8,0) 100 mM NaCl, 5 % glycerol, 10 mM imidazol, vodu a boli centrifugované (300 g, 1 minúta). Potom bol na kolonky nanesený supernatant z extrakcie, umiestnené na rotátore boli inkubované pri 4 °C cca 30 minút až 1 hodinu. Potom boli opäť centrifugované (300 g, 1 minúta) a bola zachytená prvá frakcia. Následne sa kolonky zas premyli ekvilibračným pufrom. Pridal sa elučný pufer, ktorý bol obsahovo totožný s ekvilibračným pufrom, až na koncentráciu imidazolu (250 mM), kolonky sa inkubovali na rotátore 15 až 30 minút pri 4 °C. Potom sa centrifugovali a do čistej falkonky bola získaná ďalšia frakcia. Inkubácia s elučným pufrom a centrifugácia sa zopakovala ešte dvakrát. Získané elučné frakcie boli spojené. Následne sa kolonky ešte dvakrát premyli elučným pufrom, vodou, bol pridaný 6 M guanidin-HCl (pre elúciu zostávajúcich nečistôt) a nakoniec sa pridal 20 % etanol a kolonky boli uschované.

#### **4.4.4 Gélová permeačná chromatografia**

Základom gélovej permeačnej chromatografie je, že náplň kolóny je porézna s definovanou veľkosťou pórov. Molekuly s veľkou molekulovou hmotnosťou sú vylučované ako prvé, pretože nemôžu vstúpiť do vnútra gélových častíc. Molekuly s nižšou molekulovou hmotnosťou sa naopak dostávajú do inertných priestorov a sú na kolóne zachytávané.

Bol použitý kvapalinový chromatograf pre strednotlakovú chromatografiu BioLogic DuoFlow (Bio-Rad) s kolónou Superdex 200 HR 10/30, ktorá obsahuje zosieťovanú agarosu pripojenú k dextranu. Mobilnú fazu tvoril 50 mM K-fosfátový pufer, pH 7, ktorý obsahoval 150 mM NaCl. Ako štandardy boli použité thyroglobulin (669 kDa), apoferittin (443 kDa),  $\alpha$ -amylasa (200 kDa), alkoholdehydrogenasa (150 kDa), BSA (66 kDa), karboanhydrasa (29 kDa). Prietoková rýchlosť bola 0,7 ml/min.

#### **4.4.5 SDS-PAGE**

SDS-PAGE je elektroforéza v prítomnosti dodecylsíranu sodného (SDS). SDS sa viaže na bielkoviny v pomere 1,4 g SDS na 1 gram bielkoviny a udáva im uniformný záporný náboj, a teda sa pohybujú k anóde. Záporný náboj je priamo úmerný molekulovej hmotnosti proteínu, a tak dochádza k separácii nabitých častíc na základe rozdielnej pohyblivosti v elektrickom poli.

Vzorky pre elektroforézu boli pripravené tak, že k 50  $\mu$ l jednotlivých frakcií bolo pridané 50  $\mu$ l vzorkovacieho pufra (0,5 M Tris-HCl, pH 6,8, 5% (v/v) zásobný roztok bromfenolovej modrej, 5% (v/v)  $\beta$ -merkaptoethanol vo vode, 10% (w/v) SDS).

Inkubovali sa 10 minút pri 100 °C, vychladli a zcentrifugovali na mikrocentrifuge. Deliaci a zaostrovací gél bol pripravený podľa tabuľky 1.

Deliaci gél bol nanesený medzi sklá upevnené v nalievacom stojane, potom bol prevrstvený *n*-butanolom a nechal sa polymerizovať pri laboratórnej teplote približne 30 minút. Po zatuhnutí deliaceho gélu bol pomocou filtračného papiera odstránený *n*-butanol a povrch gélu bol prepláchnutý pomocou deionizovanej vody. Potom bola medzi sklá naliata vrstva zaostrovacieho gélu, do ktorého bol zasunutý hrebienok pre vytvorenie požadovaného množstva jamiek. Gél sa opäť nechal polymerizovať približne 30 minút pri laboratórnej teplote. Po ukončení polymerizácie bol hrebienok vybraný a sklá s pripraveným géлом vložené do elektroforetickej komôrky s elektródovým pufom (0.025 M Tris, 0.192 M glycin, 0.1 % SDS, pH 8.3). Do jamiek bolo aplikované vhodné množstvo vzorku a štandardu. Komôrka bola následne uzavretá a pripojená k zdroju napäťa na 120 V. Samotná elektroforéza prebiehala asi jednu hodinu. Po jej ukončení sa gél premyl deionizovanou vodou a bol vložený do farbiaceho roztoku Coomassie Brilliant Blue. Potom bol farbiaci roztok vyliaty do odpadu a gél bol odfarbený roztokom na odfarbovanie.

**Tabuľka 1. Zloženie deliaceho a zaostrovacieho gélu.**

|                         | <b>Deliaci gél (12%)</b> | <b>Zaostrovací gél (4%)</b> |
|-------------------------|--------------------------|-----------------------------|
| AA/BIS                  | 4                        | 0.65                        |
| Tris/HCl, 1.5 M, pH 8.8 | 2.5                      | -                           |
| Tris/HCl, 0.5 M, pH 6.8 | -                        | 1.25                        |
| H <sub>2</sub> O        | 3.2                      | 2.95                        |
| SDS (10 %)              | 0.1                      | 0.1                         |
| APS (10 %)              | 0.05                     | 0.06                        |
| TEMED                   | 0.015                    | 0.015                       |

#### 4.4.6 Stanovenie obsahu proteínov

Koncentrácia proteínu bola stanovená spektrofotometricky pri vlnovej dĺžke 280 nm po zahustení a eliminácii imidazolu, pričom ako slepá vzorka bola použitá destilovaná voda. Pre výpočet koncentrácie proteínu bol použitý vzorec:

$$c_{vzorky}[\text{mg/ml}] = \frac{A_{vzorka}}{A_{\text{ProtParam}}} * \text{riedenie}$$

kde A<sub>ProtParam</sub> je taká absorbancia daného proteínu, ktorého koncentrácia je 1 mg/ml. Táto absorbancia bola získaná zo sekvencie aminokyselín (GenBank kod: JQ649322) na stránke Expasy.org pomocou nástroja ProtParam (<http://web.expasy.org/protparam/>). Program počíta extinčné koeficienty proteínov

pomocou Edelhochovej metódy (Edelhoch, 1967), ale extinčné koeficienty pre tryptofán a tyrozín sú stanovené metódou podľa Pace et al. (Pace et al., 1995).

#### 4.4.7 Stanovenie teplotnej stability

Enzým bol inkubovaný pri určitých teplotách v rozmedzí od 4 °C do 60 °C po dobu 30 minút a následne bola stanovená jeho reziduálna aktivita. Reakčná zmes v kyvete obsahovala 1,79 ml zásobného pufru 200 mM Tris-HCl (pH 8,0), 10 µl enzymu a 200 µl substrátu, ktorý bol v tomto prípade inozín.

#### 4.4.8 Stanovenie nukleozidázovej aktivity

Enzýmová aktivita je definovaná ako rýchlosť katalyzovanej reakcie. Rýchlosť premeny substrátu bola skorej vyjadrovaná v µmolech substrátu premeneného za 1 minútu (1U). Jednotkou na vyjadrovanie enzýmovej aktivity je v súčasnosti katal (kat). 1 katal je taká aktivita enzymu, ktorá premení 1 mol substrátu za 1 sekundu. Pre výpočet sa používa vzťah:

$$a \text{ [katal]} = \frac{\Delta A}{\Delta t} \frac{V}{\varepsilon \cdot l}$$

kde  $\Delta A$  je zmena absorbancie,  $\Delta t$  je doba reakcie udávaná v sekundách,  $V$  je objem zmesi v kyvete udávaný v litroch,  $\varepsilon$  je molárny absorpčný koeficient v jednotkách  $M^{-1} cm^{-1}$  a  $l$  je šírka kyvety v centimetroch.

Aktivita bola meraná spektrofotometricky pri 30 °C podľa metódy popísanej Parkinom (1996). Pri spektrofotometrickom stanovení bola zvolená vlnová dĺžka a molárny absorpčný koeficient v závislosti na substráte (tabuľka 2). Reakčná zmes obsahovala 200 mM Tris-HCl pufer (pH 8,0) s 400 mM KCl, 1 mM DTT a ribozidový substrát. Celkový objem v kyvete bol 2 ml. Reakcia bola štartovaná pridaním príslušného množstva enzymu.

**Tabuľka 2. Spektrofotometrické vlastnosti substrátov.** Vybrané substráty pre spektrofotometrické stanovenie a ich vlnová dĺžka a molárny absorpčný koeficient.

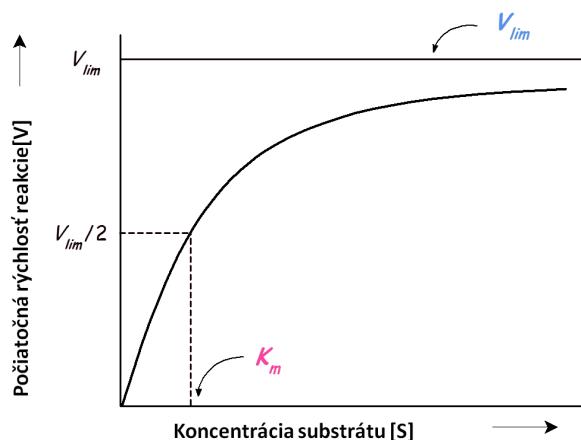
| Substrát | Vlnová dĺžka (nm) | Molárny absorpčný koeficient ( $M^{-1} cm^{-1}$ ) |
|----------|-------------------|---|
| Inozín   | 280               | -920  |
| Xantozín | 245               | -3700   |
| Uridín   | 280               | -1800   |
| Adenozín | 276               | -1400   |
| Guanozín | 253               | -4100   |
| Cytidín  | 280               | -3420   |

#### 4.4.9 Testovanie substrátovej špecifity, stanovenie $K_m$ a $V_{max}$

Kinetické konštanty boli stanovené analytickým programom GraphPad prism 5.0. Michaelisova konštanta ( $K_m$ ) je definovaná ako taká koncentrácia substrátu, pri ktorej rýchlosť enzýmovej reakcie dosahuje práve polovicu maximálnej rýchlosťi a je v podstate mierou affinity medzi enzýmom a substrátom. Limitná (maximálna) rýchlosť ( $V_{lim}$  alebo tiež  $V_{max}$ ) je mierou celkovej koncentrácie enzýmu. Základným vzťahom enzýmovej kinetiky je rovnica Michaelis-Mentenovej:

$$V = \frac{V_{max}[S]}{K_m + [S]}$$

kde  $V$  je počiatok rýchlosť reakcie,  $V_{max}$  udáva limitnú rýchlosť reakcie,  $K_m$  je Michaelisova konštanta a  $[S]$  je koncentrácia substrátu. Grafickým vyjadrením tejto rovnice je hyperbola (obrázok 11).



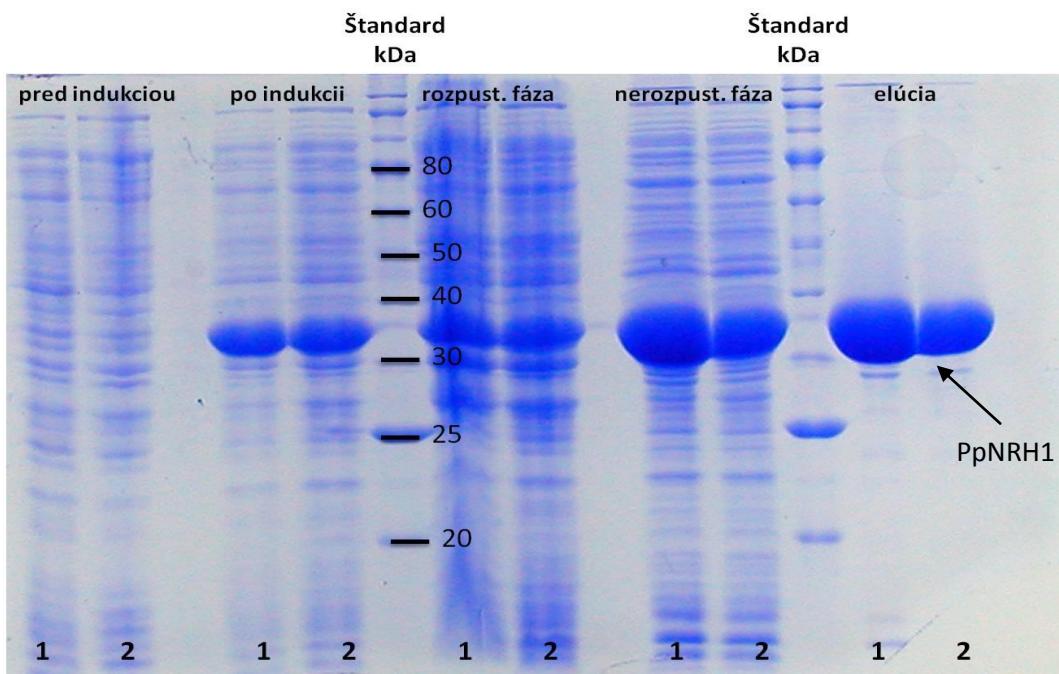
Obrázok 11. Saturačná krivka. Závislosť rýchlosťi katalyzovanej reakcie na koncentrácií substrátu.

Stanovenie  $K_m$  a  $V_{lim}$  bolo uskutočnené pomocou nelineárnej regresie v programe GraphPad Prism 5.0.

## 5 VÝSLEDKY

### 5.1 Molekulové vlastnosti PpNRH1

Pomocou SDS-PAGE elektroforézy bola zhodnotená úroveň expresie a stanovená približná molekulová hmotnosť monoméru skúmaných proteínov za denaturačných podmienok (obrázok 11). Výsledné proteíny PpNRH1 (WT) i mutantná forma Y244A sú podobne exprimované. Približná molekulová hmotnosť monoméru je 35 kDa a korešponduje s teoretickou hmotnosťou monoméru (37,5 kDa) vypočítanej na základe sekvencie aminokyselín v programe ProtParam vrátane His-tagu (obrázok 17). Na obrázku 12 je zobrazený enzým pred a po indukcii pomocou IPTG a taktiež je znázornnený jeho výskyt v rozpustnej a nerozpustnej fáze. Aj keď je väčšia časť oboch proteínov v inkluzných telieskach, množstvo v rozpustnej fáze je dostatočné pre ďalšiu purifikáciu a prácu.



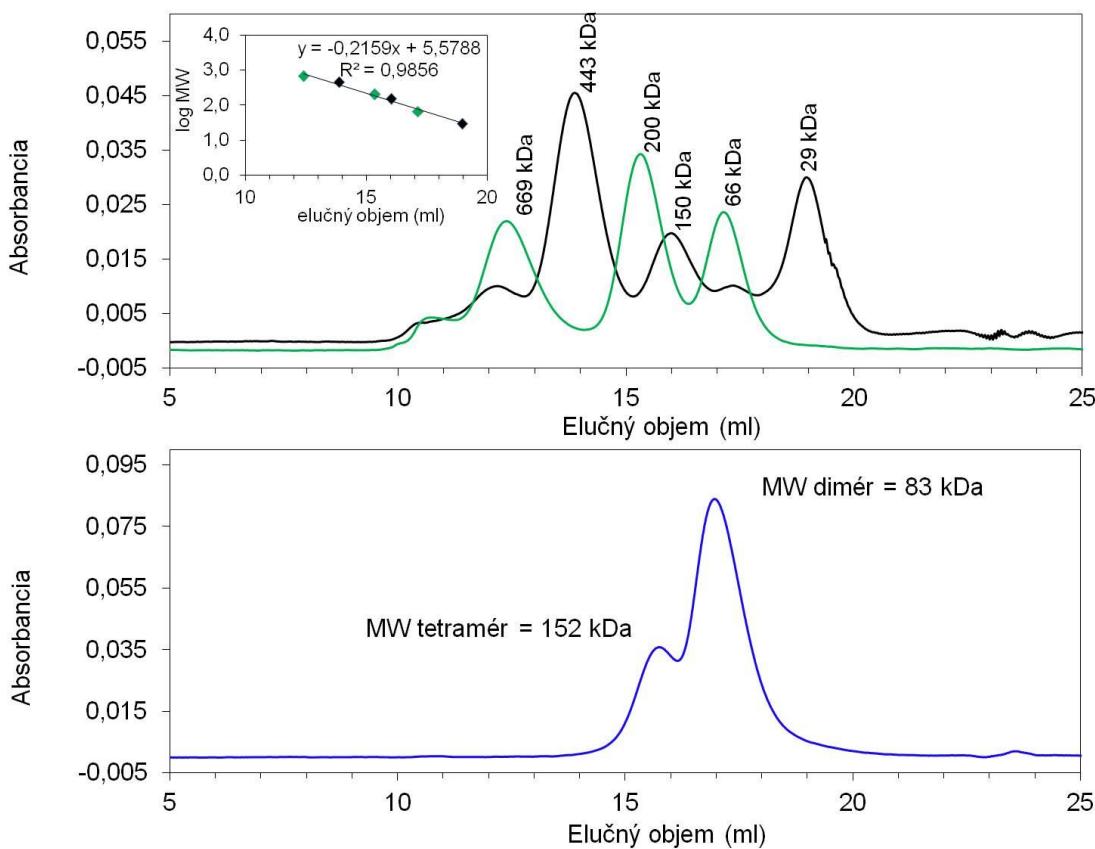
**Obrázok 12. SDS-PAGE elektroforéza rekombinantrých PpNRH1.** Ako štandard bol použitý Protein Ladder (10-250 kDa). V stĺpcu 1 bola nanesená PpNRH1 WT, v stĺpcu 2 PpNRH1 z mutanta Y244A.

Pomocou gélovej permeačnej chromatografie na kolóne Superdex 200 HR10/30, s prietokom 0,7 ml/min bola stanovená molekulová hmotnosť za natívnych podmienok. Kalibračná priamka bola zostavená vynesením logaritmu molekulových hmotností proteínových štandardov proti ich elučnému objemu (tabuľka 4, obrázok 13). Bolo zistené, že proteín PpNRH1 sa vyskytuje prednostne ako dimér, aj keď malá časť je schopná tvoriť tetramér. Molekulová hmotnosť získaná z experimentu je 83 kDa pre

dimér a 152 kDa pre tetramér. Vypočítaná hodnota molekulovej hmotnosti na základe sekvencie vrátane His-tagu sa líši, 75 kDa pre dimér a 150 kDa pre tetramér.

**Tabuľka 3. Výsledky gélovej permeačnej chromatografie.**

| Štandard             | MW (kDa) | log MW | Elučný objem (ml) |
|----------------------|----------|--------|-------------------|
| tyreoglobulín        | 669      | 2,83   | 12,39             |
| apoferitin           | 443      | 2,65   | 13,87             |
| $\alpha$ -amyláza    | 200      | 2,30   | 15,35             |
| alkoholdehydrogenáza | 150      | 2,17   | 16,03             |
| BSA                  | 66       | 1,82   | 17,14             |
| karboanhydráza       | 29       | 1,46   | 18,97             |
| PpNRH1 WT (a)        | 152      | 2,18   | 15,74             |
| PpNRH1 WT (b)        | 83       | 1,91   | 16,96             |



**Obrázok 13. Gelová chromatografia PpNRH1 na kolóne Superdex 200 HR10/30, s prietokom 0,7 ml/min.** A: Proteínové štandardy: tyreoglobulín (669 kDa), apoferitin (443 kDa),  $\alpha$ -amyláza (200 kDa), alkoholdehydrogenáza (150 kDa), BSA (66 kDa), karboanhydráza (29 kDa). Vynesením závislosti logaritmu molekulových hmotností štandardov proti ich elučným objemom bola zostavená kalibračná priamka. B: Elučný profil PpNRH1-WT s vypočítanými molekulovými hmotnosťami.

## 5.2 Stanovenie výslednej koncentrácie proteínov

Výpočet v programe ProtParam stanobil, že stanovovaný proteín má pri koncentrácií  $1 \text{ mg ml}^{-1}$  absorbanciu 0,953. Pri vlnovej dĺžke 280 bola spektrofotometricky získaná hodnota absorbancie daného proteínu, ktorá bola potom dosadená do vzorca:

$$c_{vzorky} [\text{mg/ml}] = \frac{A_{vzorka}}{A_{ProtParam}} * \text{riedenie}.$$

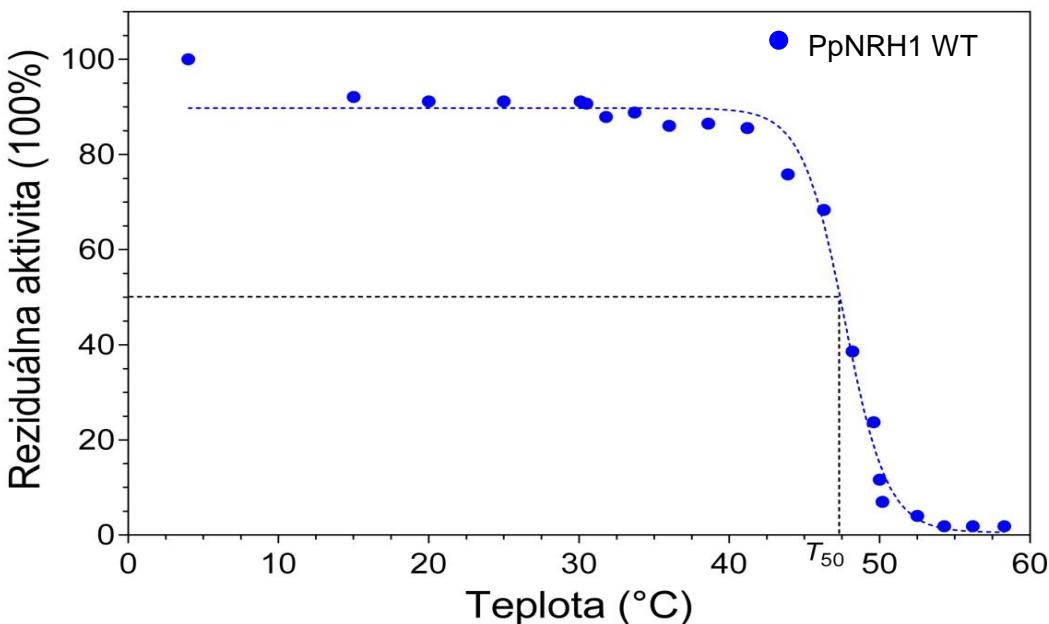
Následne bola spočítaná koncentrácia proteínu v zásobnom roztoku (tabuľka 3). Výsledná koncentrácia WT proteínu bola  $33,3 \text{ mg ml}^{-1}$  a koncentrácia mutantnej formy Y244A bola  $24,7 \text{ mg ml}^{-1}$ .

**Tabuľka 4. Stanovenie obsahu proteínov.**

|       | A <sub>ProtParam</sub> | A <sub>vzorka</sub> | riedenie | c <sub>vzorka</sub> (mg ml <sup>-1</sup> ) |
|-------|------------------------|---------------------|----------|--|
| WT    | 0,953                  | 0,317               | 100      | 33,26                                      |
| Y244A | 0,953                  | 0,235               | 100      | 24,66                                      |

## 5.3 Stanovenie teplotnej stability PpNRH1

Teplotná aktivita bola stanovená pre enzym PpNRH1 WT. Enzym bol inkubovaný 30 minút v rozmedzí teplôt  $4 - 60^\circ\text{C}$ . Po pridaní  $100 \mu\text{M}$  inozínu bola stanovená jeho reziduálna aktivita. PpNRH1 vykazovala teplotnú stabilitu približne do  $40^\circ\text{C}$  a potom strácal aktivity. Hodnota  $T_{50}$  (čo je teplota, pri ktorej je zachované 50 % aktivity po 30 minútovej inkubácii pri danej teplote) je  $47,7^\circ\text{C}$  (obrázok 14).

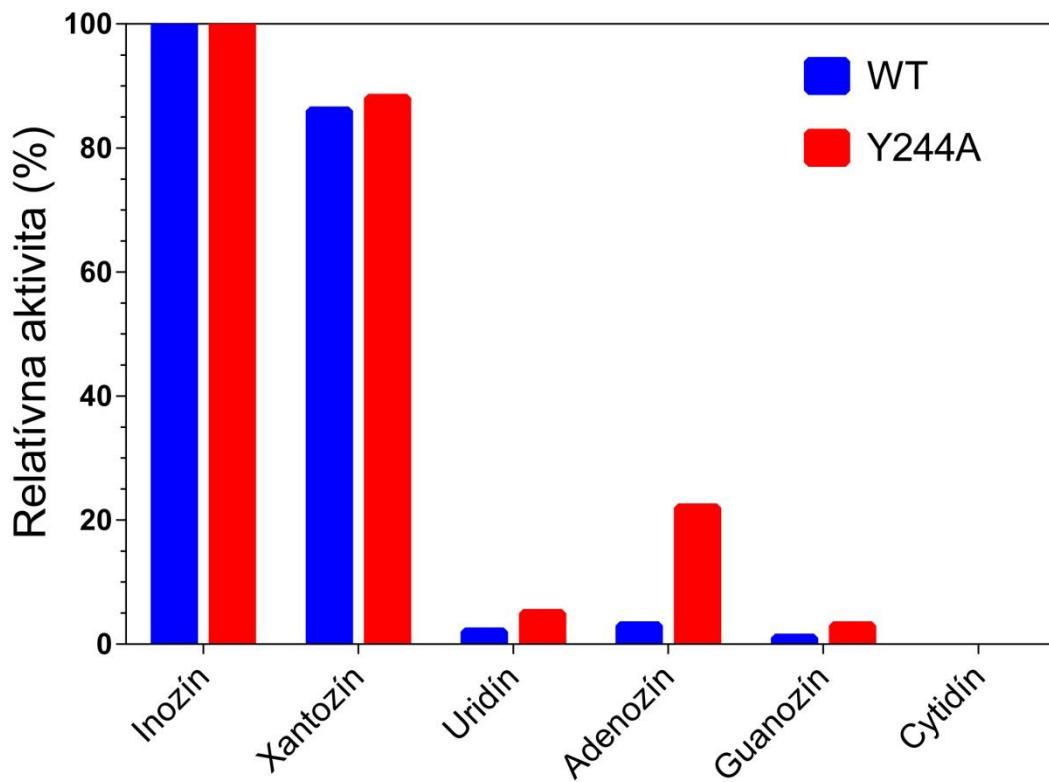


Obrázok 14. Teplotná stabilita PpNRH1 WT. Enzým bol inkubovaný v rozmedzí teplôt 4 - 60 °C. Reakčná zmes v kyvete obsahovala 1,79 ml zásobného pufru 200 mM Tris-HCl (pH 8,0), 10 µl enzymu a 200 µl substrátu (100 µM), ktorý bol v tomto prípade inozín.

#### 5.4 Stanovenie substrátovej špecifity PpNRH1 a mutantnej formy Y244A

V tejto práci bola testovaná špecifita oboch enzýmov voči 6 substrátom - inozínu, xantozínu, uridínu, adenozínu, guanozínu a cytidínu pri 200 µM koncentrácií. Aktivita oboch enzýmov bola najvyššia s inozínom a pre relatívne porovnanie je zobrazená ako 100 % (obrázok 15).

Aktivita s xantozínom bola u oboch enzýmov približne rovnaká (86 % pre WT a 88 % pre Y244A), čo však neplatilo pre ostatné substráty. S uridínom vykazoval WT len 3 % aktivitu voči inozínu, zatiaľ čo mutant Y244A dvojnásobnú, tz. 6 % voči inozínu. Najväčší rozdiel enzýmy vykazovali v aktivite s adenozínom. Zatiaľ čo WT hydrolyzuje adenozín len asi 3 % rýchlosť voči inozínu, mutantná varianta Y244A vykazuje takmer štvrtinovú rýchlosť (22 %) voči inozínu. Aktivita s guanozínom bola veľmi nízka, okolo 1 % pre WT a 3 % pre Y244A voči inozínu. Cytidín neboli hydrolyzovaný ani jedným zo skúmaných enzýmov. Všeobecne sú purínové nukleozidy preferované študovaným enzýmom PpNRH1 (a jeho mutantnou formou Y244A) pred pyrimidínovými nukleozidmi.



**Obrázok 15. Porovnanie relatívnej aktivity skúmaných enzýmov.** Aktivita PpNRH1 k inozínu bola vybraná pre relatívne porovnanie ako 100 %. Reakčná zmes v kyvete obsahovala zásobný pufer 200 mM Tris-HCl (pH 8,0), 200 µM substrát a príslušné množstvo enzýmu.

## 5.5 Stanovenie kinetických parametrov PpNRH1 a mutantnej formy Y244A

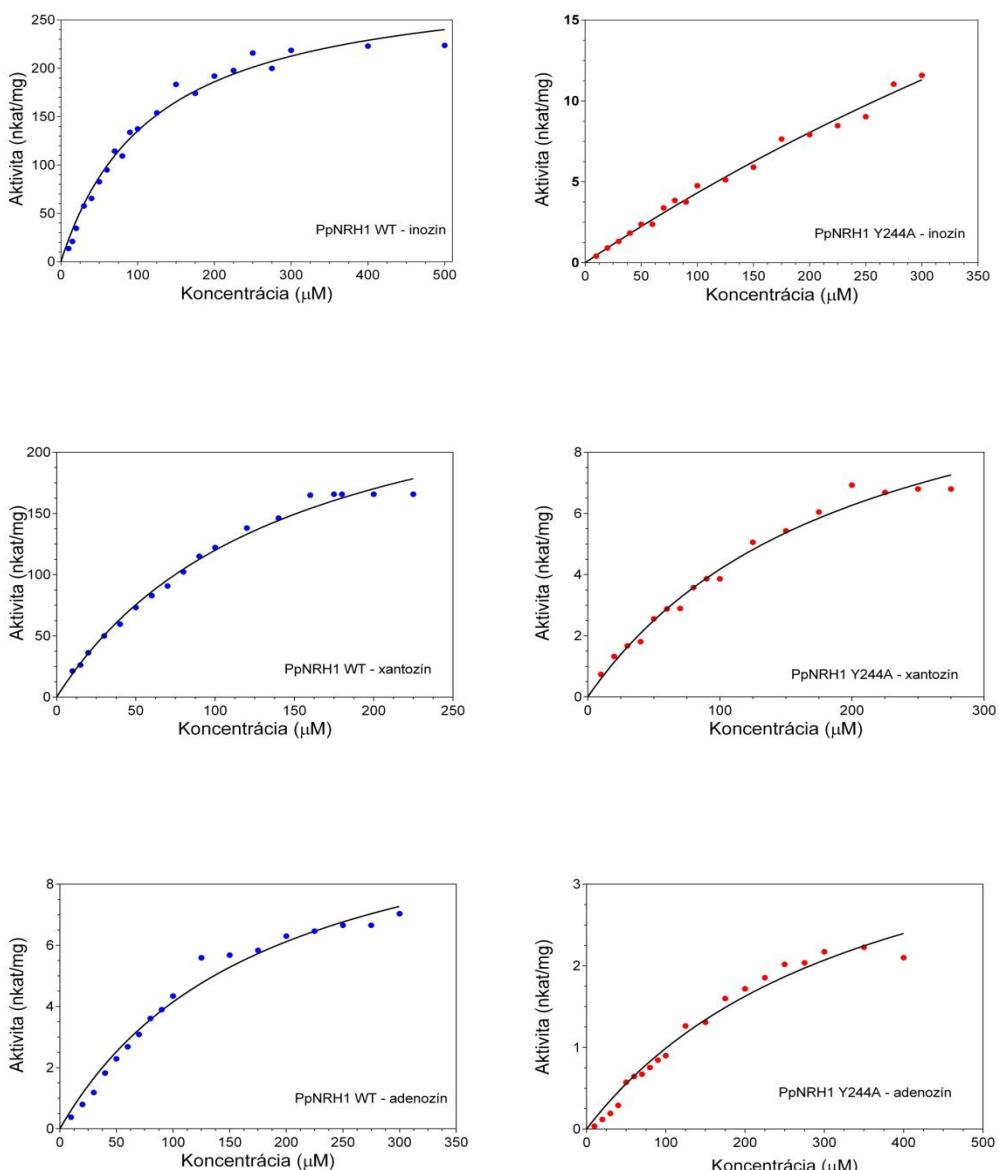
Pre stanovenie kinetických parametrov boli namerané saturačné krivky (obrázok 16) oboch enzýmov s troma substrátm - inozínom, xantozínom a adenozínom. Pre dané substráty bola určená Michaelisova konštanta  $K_m$ , limitná rýchlosť  $V_{lim}$ , relatívny pomer  $V_{lim}/K_m$ . Hodnoty príslušných  $K_m$ ,  $V_{lim}$  a  $V_{lim}/K_m$  sú uvedené v tabuľke 5 a 6.

**Tabuľka 5. Kinetické parametre PpNRH1 WT pre vybrané substráty.** Meranie prebiehalo v prostredí zásobného 200 mM Tris-HCl pufru (pH 8,0).

| Substrát | WT         |  |                           |
|----------|------------|--|---------------------------|
|          | $K_m$ (µM) | $V_{lim}$ (nmol s <sup>-1</sup> mg <sup>-1</sup> ) | $V_{lim}/K_m$ (relatívne) |
| Inozín   | 119±10     | 299±11   | 1                         |
| Xantozín | 144±14     | 293±15   | 0,81                      |
| Adenozin | 182±25     | 12±0,8   | 0,026                     |

**Tabuľka 6. Kinetické parametre PpNRH1 Y244A pre vybrané substráty.** Meranie prebiehalo v prostredí zásobného pufru 200 mM Tris-HCl (pH 8,0).

| Y244A    |                         |  |                                  |
|----------|-------------------------|--|----------------------------------|
| Substrát | $K_m$ ( $\mu\text{M}$ ) | $V_{\text{lim}}(\text{nmol s}^{-1} \text{ mg}^{-1})$ | $V_{\text{lim}}/K_m$ (relatívne) |
| Inozín   | 1268 $\pm$ 405          | 59,1 $\pm$ 16  | 1                                |
| Xantozín | 201 $\pm$ 25            | 12 $\pm$ 1   | 1,28                             |
| Adenozin | 360 $\pm$ 65            | 4,5 $\pm$ 0,5  | 0,27                             |



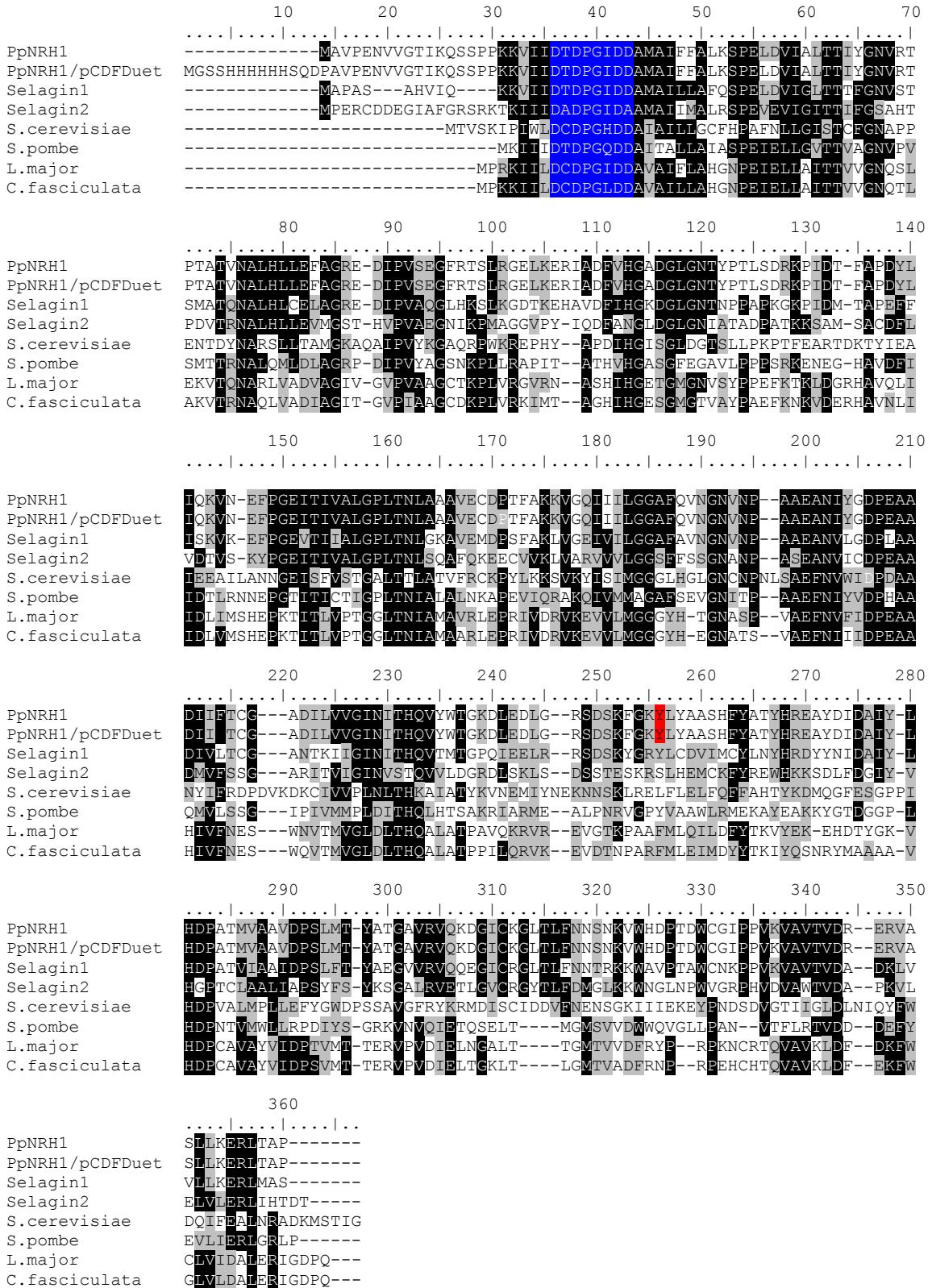
**Obrázok 16. Saturačné krivky PpNRH1 so skúmanými substrátm. A: PpNRH1 WT - inozín, B: PpNRH1 WT - xantozín, C: PpNRH1 WT - adenozin, D: PpNRH1 Y244A - inozín, E: PpNRH1 Y244A - xantozín, F: PpNRH1 Y244A - adenozin.** Meranie prebiehalo v prostredí zásobného pufru 200 mM Tris-HCl (pH 8,0).

## 6 DISKUSIA

Táto bakalárská práva sa venuje charakterizácii NRH z machu mechúrovky odstávajúcej (*Physcomitrella patens*). V rámci práci bola vykonaná purifikácia a boli charakterizované kinetické a molekulové vlastnosti dvoch enzymov: PpNRH1 (WT) a jeho mutantnej formy Y244A. Z bakteriálnej kultúry *E.coli* boli enzymy extrahované pomocou lyzozýmu a následne prečistené pomocou afinitných chromatografických koloniek s imobilizovanými kobaltnatými iónmi. Použitím SDS-PAGE bola overená miera produkcie oboch proteínov v rozpustnej forme a ich čistota po purifikácii. Výsledná koncentrácia oboch proteínov bola  $33,3 \text{ mg ml}^{-1}$  pre WT proteín a  $24,7 \text{ mg ml}^{-1}$  pre Y244A proteín. Celkový výtažok proteínov po purifikácii z 200 ml kultúry bol  $66,6 \text{ mg ml}^{-1}$  pre WT proteín a  $49,4 \text{ mg ml}^{-1}$  pre Y244A proteín.

Použitím SDS-PAGE bola tiež stanovená približná molekulová hmotnosť monoméru skúmaných proteínov za denaturačných podmienok. Táto hmotnosť bola pre obe monomérne formy približne 35 kDa. Na stanovenie molekulovej hmotnosti PpNRH1 v natívnom stave bola využitá gélová permeačná chromatografia. Bolo zistené, že proteín PpNRH1 sa vyskytuje prednostne ako dimér, aj keď malá časť je schopná tvoriť tetramér. Molekulová hmotnosť získaná z experimentu je 83 kDa pre dimér a 152 kDa pre tetramér. Vypočítaná hodnota molekulovej hmotnosti na základe sekvencie vrátane His-tagu sa líši, 75 kDa pre dimér a 150 kDa pre tetramér. Pre natívnu PpNRH1 bola taktiež stanovená teplotná stabilita. Enzým vykazoval teplotnú stabilitu do  $40^\circ\text{C}$ , pri vyšších teplotách strácal aktivitu. Hodnota  $T_{50}$  je  $47,7^\circ\text{C}$ .

Na obrázku 17 je zobrazená rastlinná sekvencia PpNRH1 (WT) a sekvencia mutantnej formy Y244A s His-tagom na N-konci. Všetky NRH obsahujú aspartátový cluster sekvencie DXDXXXDD, nachádzajúci sa pri N-konci reťazca. Rastlinné sekvencie sa líšia od protozoálnych, kvasinkových, či bakteriálnych tým, že majú DTDPGIDD motív. Druhý a štvrtý aspartát sa podieľa na koordinácii vápenatého iónu v aktívnom mieste, tretí aspartát sa podieľa na väzbe 2-OH skupiny ribózy. Y244 je čiastočne konzervované rezídum. V niektorých rastlinných sekvenciách sa na jeho mieste môže vyskytovať napríklad fenylalanín alebo tryptofán. Naopak, YbeK proteín z baktérie *E.coli* alebo NRH nachádzajúca sa v kvasinke *S. pombe* obsahujú rovnaký tyrozín.



Obrázok 17. Porovnanie sekvencie natívnej PpNRH1, rekombinantnej PpNRH1 s 6His-tagom na N- konci a ďalších vybraných organizmov (sekvencia NRH1 a 2 zo *Selaginella*, sekvencia NRH zo *Saccharomyces cerevisiae*, *Schizosaccharomyces pombe*, *Leishmania major*, *Crithidia fasciculata*). Červenou je znázornené rezíduum Y244, miesto mutácie u študovanej formy Y244A. Modrou je znázornený motív unikátny pre NRH a ktorý sa podieľa na väzbe  $\text{Ca}^{2+}$  iónu a 2-OH skupiny ribózy.

Bola určená aj substrátová špecifita PpNRH1 a mutantnej formy Y244A. Aktivita oboch enzymov bola testovaná s niekoľkými substrámi (purínovými a pyrimidínovými ribozidmi) pri  $200 \mu\text{M}$  koncentrácií. Oba enzymy preferujú inozín a xantozín (obrázok 15). Najväčší rozdiel medzi aktivitami enzymov nastal v reakcii s adenozínom. WT hydrolyzuje adenozín len 3 % rýchlosťou voči inozínu, kým mutantná forma Y244A vykazuje rýchlosť až 22 % voči inozínu. Mutant tiež pri reakcii s uridínom a guanozínom vykazoval približne dvojnásobne väčšiu aktivitu (6 % pre uridín a 3 % pre guanozín voči inozínu) oproti WT (3 % pre uridín a 1% pre xantozín). Substrát cytidín neboli premieňaný ani jedným enzymom. Všeobecne sú purínové nukleozidy uprednostňované študovaným enzymom PpNRH1 (a jeho mutantnou formou Y244A) pred pyrimidínovými nukleozidmi. Na porovnanie, AtNRH1 uprednostňuje purínové nukleozidy, najmä uridín (Jung et al., 2009).

Z kinetických údajov (pomerov  $K_m/V_{lim}$ ) v tabuľke 5 a 6 vyplýva, že WT-PpNRH1 preferuje hlavne inozín a xantozín. Enzym vykazuje veľmi malú aktivitu k adenozínu. Absencia rezídua v mutantnej forme Y244A vplyva na rýchlosť hydrolýzy inozínu, ktorá je asi päťkrát menšia ako pri WT. Taktiež tento mutant stráca afinitu k substrátom, pretože sa zvyšuje hodnota  $K_m$ . Platí to najmä pre substráty inozín a adenozín, ktoré majú substituent len na pozícii C6, zatiaľ čo xantozín môže niesť dva substituenty na pozíciah C2 a C6, takže strata Y244 nevedie k tak výraznému zníženiu schopnosti viazať substrát. Preto mutantná forma preferuje xantozín (na základe  $V_{lim}/K_m$ ). Avšak mutácia výrazne zmenšuje rozdiel medzi  $V_{lim}$  pre adenozín (obsahujúci purínové jadro nesúce aminoskupinu) a inozín s xantozínom (obsahujúce purínové jadro nesúce oxoskupinu). Hodnota  $V_{lim}$  u NRH je podmienená stabilitou oxokarbeniového intermediátu (Verseés a Steyaert., 2003). Zatiaľ čo pokles  $V_{lim}$  u Y244A proteínu oproti WT pre adenozín je len trojnásobný a pokles  $V_{lim}$  pre inozín päťnásobný, pokles  $V_{lim}$  pre xantozín je dvadsaťpäťnásobný. V porovnaní PpNRH1 s AtNRH1, AtNRH1 vykazuje niekoľkonásobne vyššiu rýchlosť hydrolýzy inozínu i adenozínu (kapitola 3.3.1).

## 7 ZÁVER

- V tejto bakalárskej práci boli v teoretickej časti zhrnuté poznatky o metabolizme purínových a pyrimidínových báz. Táto časť bola taktiež zameraná na popis nukleozid-N-ribohydroláz v rastlinách, ale aj v iných organizmoch, napríklad v baktériach, či protozoách.
- Experimentálna časť sa zaoberala purifikáciou rekombinantných proteínov PpNRH1 (WT) a mutantnej formy Y244A pomocou afinitnej chromatografie a oba enzymy boli ďalej charakterizované z hľadiska molekulových vlastností a kinetických parametrov. Z výsledkov merania vyplynulo, že všeobecne sú purínové nukleozidy preferované študovaným enzymom PpNRH1 (a jeho mutantnou formou Y244A) pred pyrimidínovými nukleozidmi. Ďalej bol študovaný vplyv rezídua Y244 na substrátovú špecifitu. Pre oba enzymy a určité substráty boli stanovené kinetické konštanty  $K_m$ ,  $V_{lim}$  a pomer  $V_{lim}/K_m$ .

## 8 ZOZNAM POUŽITEJ LITERATÚRY

- Bonhomme S., Nogué F., Rameau C., Schaefer D.G. (2013) Usefulness of *Physcomitrella patens* for Studying Plant Organogenesis. Methods in Molecular Biology Volume 959, 2013, pp 21-43.
- Burch L.R. and Stuchbury T. (1986) Purification and properties of adenosine nucleosidases from tomato (*Lycopersicon esculentum*) roots and leaves. Journal of Plant Physiology 125: 267-273.
- Campos A., Rijo-Johansen M.J., Carneiro M.F., Fevereiro P. (2005) Purification and characterisation of adenosine nucleosidase from *Coffea arabica* young leaves. Phytochemistry 66 (2): 147-151.
- Cove D. (2000) The moss, *Physcomitrella patens*. Journal of Plant Growth Regulation 19: 275-283.
- Cove D.J. and Knight C.D (1993) The Moss *Physcomitrella patens*, a Model System with Potential for the Study of Plant Reproduction, The Plant Cell, Vol. 5, 1483-1488
- Degano M., Gopaul D. N., Scapin G., Schramm V. L. and Sacchetini J. C. (1996) Three-dimensional structure of the inosine-uridine nucleoside N-ribohydrolase from *Crithidia fasciculata*. Biochemistry, 35,5971-5980.
- Edelhoch H. (1967) Spectroscopic determination of tryptophan and tyrosine in proteins. Biochemistry 6, 1948-1954.
- Estupiñán B., Schramm V. L. (1994) Guanosine- Inosine-preferring nucleoside N-glycohydrolase from *Crithidia fasciculata*. The Journal of Biological Chemistry 269, 23068-23073.
- Frahm, J-P., W. Frey (2007) Moosflora. Eugen Ulmer, Stuttgart.
- Giabbai B. and Degano M. (2004) Crystal Structure to 1.7A°of the *Escherichia coli* Pyrimidine Nucleoside Hydrolase YeiK, a Novel Candidate for Cancer Gene Therapy. Structure, Volume 12, Issue 5, 739-749.
- Guranowski A. and Schneider Z. (1977) Purification and characterization of adenosine nucleosidase from barley leaves. Biochimica et Biophysica Acta 482: 145-158.
- Hanson A.D. and Gregory J.F. (2002) Synthesis and turnover of folates in plants. *Curr. Opin. Plant Biol.* 5, 244-249.
- Herz S., Eberhardt S., Bacher A. (2000) Biosynthesis of riboflavin in plants. The ribA gene of *Arabidopsis thaliana* specifies a bifunctional GTP cyclohydrolase II/3,4-dihydroxy-2-butanone 4-phosphate synthase. *Phytochemistry* 53, 723-731.
- Chen C.M. and Kristopeit S.M. (1981) Metabolism of cytokinin: deribosylation of cytokinin ribonucleoside by adenosine nucleosidase from wheat germ cells. *Plant Physiology* 68: 1020-1023.

- Chen M. and Thelen J. J. (2011) Plastid uridine salvage activity is required for photoassimilate allocation and partitioning in *Arabidopsis*. *Plant Cell* 23: 2991-3006.
- Imagawa H., Yamano H., Inoue K., Takino Y. (1979) Purification and properties of adenosine nucleosidase from tea leaves. *Agricultural Biology and Chemistry* 43 (11): 2337-2342.
- Jung B., Florchinger M., Kunz H.H., Traub M., Wartenberg R., Jeblick W., Neuhaus H.E., Mohlmann T. (2009) Uridine-Ribohydrolase Is a Key Regulator in the Uridine Degradation Pathway of *Arabidopsis*. *Plant Cell* 21, 876-891.
- Jung B., Hoffmann C., Mohlmann T. (2011) *Arabidopsis* nucleoside hydrolases involved in intracellular and extracellular degradation of purines. *Plant J.* 65, 703-711.
- Kurtz J.E., Exinger F., Erbs P., Jund R. (2002) The *URH1* uridine ribohydrolase of *Saccharomyces cerevisiae*. *Current Genetics* 41: 132-141.
- Mainguet S.E., Gakière B., Majira A., Pelletier S., Bringel F., Guérard F., Caboche M., Berthomé R. and Renou J.P. (2009) Uracil salvage is necessary for early *Arabidopsis* development. *The Plant J.* 60: 280–291.
- Moffatt B.A. and Ashihara H. (2002) Purine and pyrimidine nucleotide synthesis and metabolism. *The Arabidopsis Book* 1 published by American Society of Plant Biologists.
- Muzzolini L., Versées W., Paola Tornaghi P., Van Holsbeke E., Steyaert J., Degano M. (2006) New Insights into the Mechanism of Nucleoside Hydrolases from the Crystal Structure of the *Escherichia coli* YbeK Protein Bound to the Reaction Product. *Biochemistry* 45, 773-782.
- Pace C.N., Vajdos F., Fee L., Grimsley G., and Gray T. (1995) How to measure and predict the molar absorption coefficient of a protein. *Protein Sci.* 11, 2411-2423.
- Parkin D. W. (1996) Purine-specific nucleoside *N*-ribohydrolase from *Trypanosoma brucei brucei*. Purification, specificity, and kinetic mechanism. *The Journal of Biological Chemistry* 271: 21713-21719.
- Parkin D. W., Horenstein B. A., Abdulah D. R., Estupiñán B. and Schramm V. L. (1991) Nucleoside hydrolase from *Critidia fasciculata*. Metabolic role, purification, specificity, and kinetic mechanism. *The Journal of Biological Chemistry* 266, 20658-20665.
- Petersen C. and Møller L.B. (2001) The RihA, RihB, and RihC ribonucleosidehydrolases of *Escherichia coli*. Substrate specificity, gene expression, and regulation. *The Journal of Biological Chemistry* 2001, 276:884-894.
- Rensing S.A., Lang D., Zimmer A.D., Terry A., Salamov A., Shapiro H., Nishiyama T., Perroud P.F., Lindquist E.A., Kamisugi Y., Tanahashi T., Sakakibara K., Fujita T.,

- Oishi K., Shin-I T., Kuroki Y., Toyoda A., Suzuki Y., Hashimoto S., Yamaguchi K., Sugano S., Kohara Y., Fujiyama A., Anterola A., Aoki S., Ashton N., Barbazuk W.B., Barker E., Bennetzen J.L., Blankenship R., Cho S.H., Dutcher S.K., Estelle M., Fawcett J.A., Gundlach H., Hanada K., Heyl A., Hicks K.A., Hughes J., Lohr M., Mayer K., Melkozernov A., Murata T., Nelson D.R., Pils B., Prigge M., Reiss B., Renner T., Rombauts S., Rushton P.J., Sanderfoot A., Schween G., Shiu S.H., Stueber K., Theodoulou F.L., Tu H., Van de Peer Y., Verrier P.J., Waters E., Wood A., Yang L.X., Cove D., Cuming A.C., Hasebe M., Lucas S., Mishler B.D., Reski R., Grigoriev I.V., Quatrano R.S., Boore J.L. (2008) The *Physcomitrella* genome reveals evolutionary insights into the conquest of land by plants. *Science* 319, 64-69.
- Ribeiro J.M. and Valenzuela J.G. (2003) The salivary purine nucleosidase of the mosquito, *Aedes aegypti*. *Insect Biochemistry and Molecular Biology* 33: 13-22.
- Shi W., Schramm V. L. and Almo S. C. (1999) Nucleoside hydrolase from *Leishmania major*. Cloning, expression, catalytic properties, transition state inhibitors, and the 2.5-Å crystal structure. *The Journal of Biological Chemistry* 274, 21114-21120.
- Schaefer D.G. (2002) A new moss genetics: targeted mutagenesis in *Physcomitrella patens*. *Annual Review of Plant Biology* 53: 477-501.
- Schoor S. and Moffatt B.A. (2004). Applying high throughput techniques in the study of adenosine kinase in plant metabolism and development. *Front. Biosci.* 9:1771–81.
- Song C.J., Steinebrunner I., Wang X., Stout S.C., Roux S.J. (2006) Extracellular ATP induces the accumulation of superoxide via NADPH oxidases in *Arabidopsis*. *Plant Physiology* 140: 1222-1232.
- Stasolla C., Katahira R., Thorpe T.A., Ashihara H. (2003) Purine and pyrimidine nucleotide metabolism in higher plants. *J. Plant Physiol.* 160, 1271-1295.
- Turčinov H., 2011. Identifizierung und charakterisierung der Ribonucleosidhydrolase-(RH)-Familie aus dem Laubmoos *Physcomitrella patens* (Hedw.) B.S.G. und ihr funktionelle knockout. Department Biologie der Fakultät Mathematik, Informatik und Naturwissenschaften. Universität Hamburg, Hamburg.
- Verseés W. and Steyaert J. (2003) Catalysis by nucleoside hydrolases. *Current Opinion in Structural Biology* 13: 731-738.
- Verseés W., Decanniere K, Pelle R., Depoorter J., Brosens E, Parkin D.W., Steyaert J. (2001) Structure and function of a novel purine specific nucleoside hydrolase from *Trypanosoma vivax*. *Journal of Molecular Biology* 307: 1363-1379.
- Verseés W., Van Holsbeke E., De Vos S., Decanniere K., Zegers I., Steyaert J. (2003) Cloning, preliminary characterization and crystallization of nucleoside hydrolases from *Caenorhabditis elegans* and *Campylobacter jejuni*. *Acta Crystallographica Section D, Biological Crystallography* 59: 1087-1089.

Zalkin H., Nygaard P.P. (1996) Biosynthesis of purine nucleotides. In: F.C. Neidhardt *et al.* (ed.) *Escherichia coli* and *Salmonella*: cellular and molecular biology. American Society for Microbiology, Washington: 561-579.

Zrenner R., Stitt M., Sonnewald U., Boldt R. (2006) Pyrimidine and purine biosynthesis and degradation in plants. The Annual Review of Plant Biology 57: 805-836.