

Proteomikai Laboratórium

Az SzBK és HCEMM kutató és szolgáltató egysége

Csoportvezető neve: Darula Zsuzsanna

Email: darula.zsuzsanna@brc.hu

Csoport tagjai

DARULA Zsuzsanna	Tudományos főmunkatárs, HCEMM Analitikai Laboratóriumok Igazgatója	publikációk	CV
HUNYADI-GULYÁS Éva	Tudományos főmunkatárs	publikációk	CV
KLEMENT Éva	Tudományos munkatárs	publikációk	CV
MEDZIHRADESKY Katalin F.	Konzultáns, Adj. Professor Pharm. Chem. UCSF	publikációk	CV
PETTKÓ- SZANDTNER Aladár	Tudományos munkatárs	publikációk	CV
PAP Ádám	Tudományos segédmunkatárs	publikációk	CV
BÁLÓNÉ ÁRVA Ágnes	Technikus		

Kutatás

A proteomika az egyik legizgalmasabb és legdinamikusabban fejlődő kutatási terület napjainkban. Miután a genom szekvenciák rengeteg kérdésre nem adnak választ, számos új vegyületcsoport került a rendszerbiológiai kutatások célkeresztjébe. A proteomika kisebb-nagyobb fehérje komplexek, sejtorganellumok, sejtvonalak, szervek, sőt egyedek fehérje összetételét, szerkezeti átalakulásait, biológiai funkcióit, kölcsönhatásait, kvalitatív és kvantitatív változásait próbálja jellemezni. Ennek a kutatásnak egyik legfontosabb eszköze a tömegspektrometria, amely éppúgy alkalmas nagy érzékenységű fehérje azonosításra, mint *de novo* szekvenálásra, poszt-transzlációs módosítások jellemzésére, kovalens jelölések helyének és kémiai szerkezetének meghatározására, és így pl. egy fehérje térszerkezetének

feltárására, sőt intakt fehérje populációk jellemzésére is. A kvalitatív vizsgálatok mellett egyre nagyobb szerepet játszanak az átfogó kvantitatív analízisek.

Számos hazai és külföldi kutatócsoport számára biztosítjuk a szükséges proteomikai hátteret. A biológiai mintaelőkészítést együttműködő partnereink végzik, a mi feladatunk az analitikai mintaelőkészítés, a tömegspektrometriai mérések és az adatok kiértékelése. Az együttműködés ideális esetben a kísérletek közös tervezésével kezdődik, ami a tömegspektrometriával kompatibilis minták előállításán túl a megfelelő mintaszám megvitatására és kontroll minták kiválasztására is kiterjed. Bejártatott módszerünk van protein-komplexek izolálására. Foglalkozunk különböző bonyolultságú fehérje elegyek, többek között az izolált komplexek, kvalitatív és kvantitatív analízisével, ez magában foglalhatja bizonyos poszt-transzlációs módosítások jellemzését is. Van tapasztalatunk diszulfid-hidak, proteolitikus hasítási helyek, ubikvitinálás, foszforiláció és glikoziláció jellemzésében. Több mint egy évtizede folytatunk sikeres módszerfejlesztést extracelluláris mucin-típusú O-glikoziláció kutatására.

[Szolgáltatásaink](#)

Válogatott közlemények

1. Viczián, A., Ádám, É., Staudt, A. M., Lambert, D., **Klement, E.**, Romero Montepaone, S., Hiltbrunner, A., Casal, J., Schäfer, E., Nagy, F., & Kloese, C. (2020). Differential phosphorylation of the N-terminal extension regulates phytochrome B signaling. *The New phytologist*, **225**(4), 1635–1650.
2. **Pap A**, Tasnadi E, **Medzihradzsky KF**, **Darula Z.** (2020) Novel O-linked sialoglycan structures in human urinary glycoproteins. *Mol Omics*. **16**(2):156-164.
3. Lokdarshi, A., Papdi, C., **Pettkó-Szandtner, A.**, Dorokhov, S., Scheres, B., Magyar, Z., von Arnim, A. G., Bögre, L., & Horváth, B. M. (2020). ErbB-3 BINDING PROTEIN 1 Regulates Translation and Counteracts RETINOBLASTOMA RELATED to Maintain the Root Meristem. *Plant physiology*, **182**(2), 919–932.
4. Baba AI, Valkai I, Labhane NM, Koczka L, András N, **Klement É**, **Darula Z**, **Medzihradzsky KF**, Szabados L, Fehér A, Rigó G, Cséplő Á. (2019) CRK5 Protein Kinase Contributes to the Progression of Embryogenesis of Arabidopsis thaliana. *Int J Mol Sci*. **20**(24): 6120.
5. Lin King, J. V., Emrick, J. J., Kelly, M., Herzig, V., King, G. F., **Medzihradzsky, K. F.**, & Julius, D. (2019). A Cell-Penetrating Scorpion Toxin Enables Mode-Specific Modulation of TRPA1 and Pain. *Cell*, **178**(6), 1362–1374.e16.
6. András N, Rigó G, Zsigmond L, Pérez-Salamó I, Papdi C, **Klement E**, **Pettkó-Szandtner A**, Baba AI, Ayaydin F, Dasari R, Cséplő Á, Szabados L. (2019) The mitogen-activated protein kinase 4-phosphorylated heat shock factor A4A regulates responses to combined salt and heat stresses. *Exp Bot*. **70**(18): 4903-4918.
7. Letoha, T., Hudák, A., Kusz, E., **Pettkó-Szandtner, A.**, Domonkos, I., Jósvay, K., Hofmann-Apitius, M., & Szilák, L. (2019). Contribution of syndecans to cellular internalization and fibrillation of amyloid- β (1-42). *Scientific reports*, **9**(1), 1393.
8. Szél, E., Bozó, R., **Hunyadi-Gulyás, É.**, Manczinger, M., Szabó, K., Kemény, L., Bata-Csörgő, Z., & Groma, G. (2019). Comprehensive Proteomic Analysis Reveals Intermediate Stage of Non-Lesional Psoriatic Skin and Points out the Importance of Proteins Outside this Trend. *Scientific reports*, **9**(1), 11382.
9. Gyukity-Sebestyén E, Harmati M, Dobra G, Németh IB, Mihály J, Zvara Á, **Hunyadi-Gulyás É**, Katona R, Nagy I, Horváth P, Bálint Á, Szkalicity Á, Kovács M, Pankotai T, Borsos B, Erdélyi M,

- Szegletes Z, Veréb ZJ, Buzás EI, Kemény L, Bíró T, Buzás K. (2019) Melanoma-Derived Exosomes Induce PD-1 Overexpression and Tumor Progression via Mesenchymal Stem Cell Oncogenic Reprogramming. *Front Immunol.* **10**: 2459.
10. Schmitt LR, Henderson R, Barrett A, **Darula Z**, Issaian A, D'Alessandro A, Clendenen N, Hansen KC. (2019) Mass spectrometry-based molecular mapping of native FXIIIa cross-links in insoluble fibrin clots. *J Biol Chem.* **294**(22):8773-8778.
 11. Laurinyecz, B., Vedelek, V., Kovács, A. L., Szilasi, K., Lipinszki, Z., Slezák, C., **Darula, Z.**, Juhász, G., & Sinka, R. (2019). Sperm-Leucylaminopeptidases are required for male fertility as structural components of mitochondrial paracrystalline material in *Drosophila melanogaster* sperm. *PLoS genetics*, **15**(2), e1007987.
 12. **Darula Z, Pap Á, Medzihradszky KF.** (2019) Extended Sialylated O-Glycan Repertoire of Human Urinary Glycoproteins Discovered and Characterized Using Electron-Transfer/Higher-Energy Collision Dissociation. *J Proteome Res.* **18**(1):280-291.
 13. **Darula Z, Medzihradszky KF.** (2018) Analysis of Mammalian O-Glycopeptides-We Have Made a Good Start, but There is a Long Way to Go. *Mol Cell Proteomics.* **17**(1):2-17.
 14. Farkas Z, Kalapis D, Bódi Z, Szamecz B, Daraba A, Almási K, Kovács K, Boross G, Pál F, Horváth P, Balassa T, Molnár C, **Pettkó-Szandtner A, Klement É,** Rutkai E, Szvetnik A, Papp B, Pál C. (2018) Hsp70-associated chaperones have a critical role in buffering protein production costs. *Elife.* **7**: e29845.
 15. Langó, T., Róna, G., **Hunyadi-Gulyás, É.,** Turiák, L., Varga, J., Dobson, L., Várady, G., Drahos, L., Vértessy, B. G., **Medzihradszky, K. F.,** Szakács, G., & Tusnády, G. E. (2017). Identification of Extracellular Segments by Mass Spectrometry Improves Topology Prediction of Transmembrane Proteins. *Scientific reports*, **7**, 42610.