

Amélioration des séquences de dispersion de relaxation

Jean-Pierre Placial, Bruno Vincent, Ewen Lescop, Eric Guittet et Carine van Heijenoort

CNRS, Institut de Chimie des Substances Naturelles, Gif sur Yvette

Introduction

La dispersion de relaxation est une technique qui permet la caractérisation des paramètres physico-chimiques et structuraux associés aux processus d'échange conformationnel, notamment dans le cas d'échange entre un état majoritairement peuplé et ceux faiblement peuplés (0,5%). Cette technique est cependant limitée aux macromolécules de petite taille et a été jusqu'à récemment principalement limitée aux changements de conformation du squelette protéique (relaxation de l'azote de la liaison peptidique). De nouvelles séquences ont été publiées ces dernières années permettant l'analyse de protéines plus grosses et l'étude de la relaxation d'autres noyaux (proton amide, ^{13}C du carbonyle et ^2D du méthyle).

Résultats

L'incorporation d'un découplage H-N pendant la relaxation permet de réduire la largeur des pics et permet une caractérisation des échanges plus fiable et pour de plus grosses protéines [1]. La séquence avec le découplage a été utilisée sur le domaine 1 de l'annexine 1 (A1D1) ainsi que sur la NADPH-cytochrome P450 reductase (CPR).

La séquence de relaxation du proton amide [2] permet la caractérisation d'échanges conformationnels non limités aux mouvements du squelette protéique. L'étude de la relaxation du proton amide de A1D1 apparaît comme complémentaire des expériences de dispersion de relaxation de l'azote.

Conclusion

Ces nouvelles expériences permettent une étude plus fine des échanges conformationnels des protéines. Bien que la taille des objets observés ait été repoussée, elle reste encore la principale limitation dans les expériences de dispersion de relaxation.

Bibliographie

[1] D. Flemming Hansen et al., *J. Phys. Chem. B* 2008, **112**, 5898-5904

[2] R. Ishima et al., *J. Biomol. NMR* 2003, **25**, 243-248