

Kristofer Modig  
Biofysikalisk kemi  
Lunds Tekniska Högskola  
**Adresstyp: Besöksadress.**  
Naturvetarvägen 14 / Sölvegatan 39 A  
223 62  
Lund  
Sverige



**Adresstyp: Postadress.**

Box 124  
221 00  
Lund  
Sverige

**Adresstyp: Besöksadress.**

John Ericssons väg 3A  
22362  
Lund  
Sverige

**E-post:** kristofer.modig@lth.lu.se

**Mobil:** +46703449629

**Telefon:** +46462228173, +46462223837

## Forskning

I min forskning intresserar jag mig främst för proteiners dynamiska och strukturella egenskaper samt växelverkan med mindre molekyler, så som läkemedelsmolekyler och lösningsmedel.

Mina artiklar handlar exempelvis om förståelse av grundläggande principer för allosterisk bindning, enzymkatalys och bildning av sällsynta högenergetiska proteintillstånd som är viktiga för funktion.

Det främsta redskapet inom den forskningsgrupp jag tillhör är kärnmagnetisk resonans (NMR) och kemiska institutionen har idag ett laboratorium med utrustning av enastående hög kvalitet.

## Kvalifikationer

Fysikalisk kemi, Filosofie doktor, Water and Protein Solutions Studied by Field-Dependent Magnetic Relaxation, Lunds Tekniska Högskola

1998 jan. 1 → 2003 okt. 23

Tilldelningsdatum: 2003 okt. 23

Fysikalisk kemi, Filosofie magisterexamen, A Nuclear Magnetic Relaxation Dispersion Study of Oxytocin Hydration, Naturvetenskapliga fakulteten

1993 aug. 30 → 1998 sep. 3

Tilldelningsdatum: 1998 sep. 3

2010 → ... Excellent Teaching Practitioner, ETP

## Anställning

### Universitetslektor

Biofysikalisk kemi

Lunds universitet

Lund, Sverige

2010 nov. 1 → present

### Vicerektor LTH

Lunds Tekniska Högskola

Lunds universitet

Lund, Sverige

2020 dec. 17 → present

### Vikarierande lektor

Lund university: Department of Chemistry

Lund, Sverige

2007 jan. 7 → 2010 okt. 31

## **Vikarierande gymnasielärare i programmering**

Polhemskolan, Lund

Lund, Sverige

2006 aug. 11 → 2007 jan. 12

## **Postdoc**

University of Copenhagen

Copenhagen, Danmark

2003 nov. 1 → 2006 aug. 15

## **Forskningsoutput**

### **Proton Transfer Kinetics in Histidine Side Chains Determined by pH-Dependent Multi-Nuclear NMR Relaxation**

Raum, H. N., Modig, K., Akke, M. & Weininger, U., 2024 aug., I: Journal of the American Chemical Society. 146, 32, s. 22284-22294 11 s.

### **Ligand-induced protein transition state stabilization switches the binding pathway from conformational selection to induced fit**

Stenström, O., Diehl, C., Modig, K. & Akke, M., 2024 apr. 2, I: Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America. 121, 14, s. e2317747121

### **Transition-State Compressibility and Activation Volume of Transient Protein Conformational Fluctuations**

Dreydoppel, M., Dorn, B., Modig, K., Akke, M. & Weininger, U., 2021 juni 3, I: JACS Au. 1, 6, s. 833-842 10 s.

### **Mapping the energy landscape of protein-ligand binding *via* linear free energy relationships determined by protein NMR relaxation dispersion**

Stenström, O., Diehl, C., Modig, K., Nilsson, U. J. & Akke, M., 2021, I: RSC Chemical Biology. 2, 1, s. 259-265 7 s.

### **Rotamer jumps, proton exchange, and amine inversion dynamics of dimethylated lysine residues in proteins resolved by ph-dependent <sup>1</sup>H and <sup>13</sup>C nmr relaxation dispersion**

Weininger, U., Modig, K., Ishida, H., Vogel, H. J. & Akke, M., 2019 nov. 21, I: Journal of Physical Chemistry B. 123, 46, s. 9742-9750 9 s.

### **Dynamics of Aromatic Side Chains in the Active Site of FKBP12**

Weininger, U., Modig, K., Geitner, A. J., Schmidpeter, P. A. M., Koch, J. R. & Akke, M., 2017 jan. 10, I: Biochemistry. 56, 1, s. 334-343 10 s.

### **Molecular insights into substrate recognition and catalytic mechanism of the chaperone and FKBP peptidyl-prolyl isomerase SlyD**

Quistgaard, E. M., Weininger, U., Ural-Blimke, Y., Modig, K., Nordlund, P., Akke, M. & Löw, C., 2016 sep. 23, I: BMC Biology. 14, 1, 82.

### **Off-resonance rotating-frame relaxation dispersion experiment for (13)C in aromatic side chains using L-optimized TROSY-selection.**

Weininger, U., Brath, U., Modig, K., Teilum, K. & Akke, M., 2014, I: Journal of Biomolecular NMR. 59, 1, s. 23-29

### **Ring Flips Revisited: C-13 Relaxation Dispersion Measurements of Aromatic Side Chain Dynamics and Activation Barriers in Basic Pancreatic Trypsin Inhibitor**

Weininger, U., Modig, K. & Akke, M., 2014, I: Biochemistry. 53, 28, s. 4519-4525

### **High water mobility on the ice-binding surface of a hyperactive antifreeze protein.**

Modig, K., Qvist, J., Marshall, C. B., Davies, P. L. & Halle, B., 2010, I: Physical chemistry chemical physics : PCCP. 12, Online 29th July 2010, s. 10189-10197

**Protein Flexibility and Conformational Entropy in Ligand Design Targeting the Carbohydrate Recognition Domain of Galectin-3.**

Diehl, C., Engström, O., Delaine, T., Håkansson, M., Genheden, S., Modig, K., Leffler, H., Ryde, U., Nilsson, U. & Akke, M., 2010, I: Journal of the American Chemical Society. 132, s. 14577-14589

**Structure and Dynamics of Ribosomal Protein L12: An Ensemble Model Based on SAXS and NMR Relaxation**

Bernado, P., Modig, K., Grela, P., Svergun, D. I., Tchorzewski, M., Pons, M. & Akke, M., 2010, I: Biophysical Journal. 98, 10, s. 2374-2382

**Conformational entropy changes upon lactose binding to the carbohydrate recognition domain of galectin-3.**

Diehl, C., Genheden, S., Modig, K., Ryde, U. & Akke, M., 2009, I: Journal of Biomolecular NMR. 45, 1-2, s. 157-169

**Kursutvärderingssystemet CEQ vid LTH: uppfylls avsedda syften?**

Björnsson, L., Dahlbom, M., Modig, K. & Sjöberg, A., 2009, *Proceedings 2:a Utvecklingskonferensen för Sveriges ingenjörsutbildningar*. LTH

**Students' micro cultures determine the quality of teaching!**

Roxå, T. & Modig, K., 2009.

**Model-independent interpretation of NMR relaxation data for unfolded proteins: the acid-denatured state of ACBP**

Modig, K. & Poulsen, F. M., 2008, I: Journal of Biomolecular NMR. 42, 3, s. 163-177

**Protein conformational transitions as seen from the solvent: magnetic relaxation dispersion studies of water, cosolvent, and denaturant interactions with nonnative proteins**

Halle, B., Denisov, V., Modig, K. & Davidovic, M., 2005, *Protein Folding Handbook*. Buchner, J. & Kiefhaber, T. (red.). John Wiley & Sons Inc., s. 201-246

**Dynamics of protein and peptide hydration**

Modig, K., Liepinsh, E., Otting, G. & Halle, B., 2004, I: Journal of the American Chemical Society. 126, 1, s. 102-114

**Temperature-dependent hydrogen-bond geometry in liquid water.**

Modig, K., Pfrommer, B. G. & Halle, B., 2003, I: Physical Review Letters. 90, 7, s. 075502-1-075502-4

**Trifluoroethanol-induced beta -> alpha transition in beta-lactoglobulin: hydration and cosolvent binding studied by <sup>2</sup>H, <sup>17</sup>O, and <sup>19</sup>F magnetic relaxation dispersion.**

Kumar, S., Modig, K. & Halle, B., 2003, I: Biochemistry. 42, 46, s. 13708-13716

**Water and protein solutions studied by field-dependent magnetic relaxation**

Modig, K., 2003, *Biophysical Chemistry (LTH)*, Lund University. 248 s.

**Water and urea interactions with the native and unfolded forms of a beta-barrel protein.**

Modig, K., Kurian, E., Prendergast, F. G. & Halle, B., 2003, I: Protein Science. 12, 12, s. 2768-2781

**Water dynamics in the large cavity of three lipid-binding proteins monitored by <sup>17</sup>O magnetic relaxation dispersion.**

Modig, K., Rademacher, M., Lücke, C. & Halle, B., 2003, I: Journal of Molecular Biology. 332, 4, s. 965-977

**Proton magnetic shielding tensor in liquid water**

Modig, K. & Halle, B., 2002, I: Journal of the American Chemical Society. 124, 40, s. 12031-12041