

Ribosomal P protein complex from *Plasmodium falciparum* as antigen in vaccines against malaria

Nr patentu: EP2409987 (B1)

Nr zgłoszenia: EP2409987 (A1)

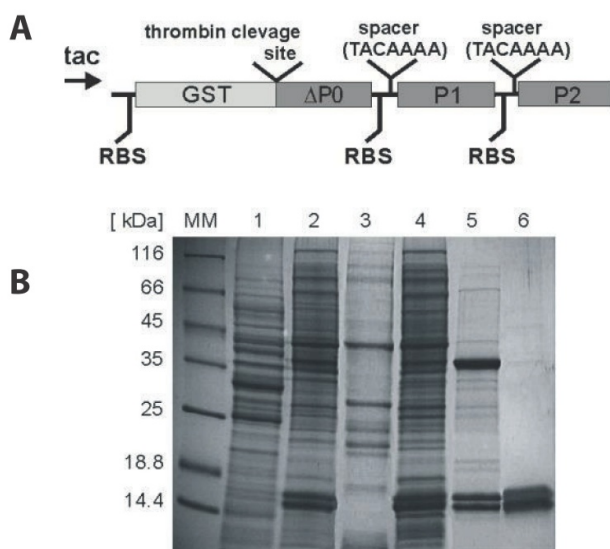
Data wydania decyzji: 2013-06-26

Właściciel: Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej

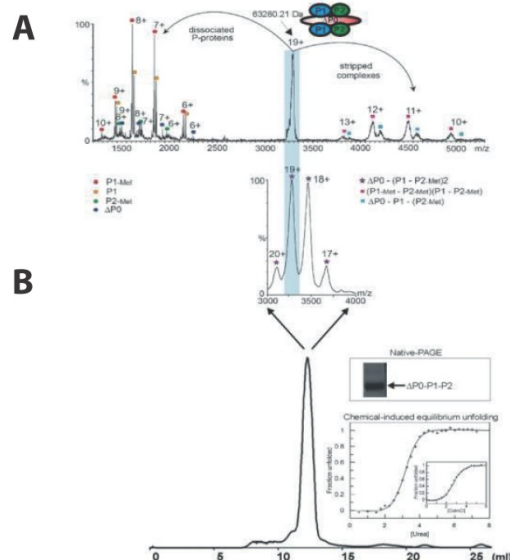
Malaria jest jedną z najbardziej niebezpiecznych chorób zakaźnych człowieka, stanowi globalne zagrożenie dla ponad połowy populacji ludzkiej. Rocznie z powodu malarii umiera około 1 mln ludzi, przede wszystkim dzieci do piątego roku życia. Optymalną formą walki z malarią byłoby zastosowanie szczepień ochronnych, jednakże do tej pory nie opracowano skutecznej szczepionki. Projekt badawczy realizowany w Zakładzie Biologii Molekularnej Uniwersytetu Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie to działania naukowe w zakresie inżynierii białka, które pozwoliły na uzyskanie antygeny nowej generacji. W prowadzonych pracach badawczych wykorzystano liczne techniki genetyczne, biochemiczne, biofizyczne oraz analizy immunologiczne, co umożliwiło heterologiczną ekspresję, oczyszczanie i charakterystykę otrzymanego antygeny. W konsekwencji, w cyklu badań opracowano nowy antygen na bazie rybosomalnych białek P z pierwotniaka *Plasmodium falciparum*. Białka P formują pentameryczny kompleks białkowy, odpowiadający układowi natywnemu w komórkach pierwotniaka. Otrzymany antygen wywołuje najsilniejszą i najlepiej zbilansowaną odpowiedź immunologiczną na poziomie humoralnym oraz komórkowym, co można uznać za istotny krok w kierunku otrzymania efektywnej szczepionki przeciwko malarii.

Link do dokumentów: <http://regserv.uprp.pl/register/application?number=EP11167994>

Twórcy: Nikodem Grankowski, Marek Tchórzewski,
Agnieszka Szuster-Ciesielska, Dawid Krokowski, Leszek Wawiórka



System genetyczny umożliwiający heterologiczną ekspresję białek rekombinowanych: A – tri-cistronowa kasetta umożliwiająca jednoczesną ekspresję genów dla trzech białek, P0, P1 i P2; B – analiza SDS-PAGE uzyskanych frakcji białkowych z poszczególnych etapów oczyszczania, linia 6 to kompleks białek P oczyszczony przy wykorzystaniu chromatografii powinowactwa



Analiza biofizyczna kompleksu białek P: A – analiza z wykorzystaniem spektrometrii mas w warunkach niedenaturujących, zmierzona masa molekularna kompleksu białek P – 63280Da; B – analiza z wykorzystaniem sita molekularnego, wstawka – charakterystyka kompleksu białek P uzyskana z zastosowaniem dichroizmu kołowego