

8.1 Aminosäuresequenzen der verwendeten Peptide und Proteine

MCoTI-II	ENLYFQSMGVCPKILKKCRRDSDCPGACICRGNGYCG*
MCOTI001	MSGSDGGVCPKILKKCRRDSDCPGACICRGNGYCGSGSGSGSAMGSDGGVCPKIL KKCRRDSDCPGACICRGNGYCGSGSEQKLISEEDLHHHHHHH*
MCoTI-II-SM1	ENLYFQSMGVPCQRAIFQSI CNRSDCPGACICRGNGYCG*
MCOTI002	MSGSDGGVCPQRAIFQSI CNRSDCPGACICRGNGYCGSGSGSGDAMGSDGGVCQR AIFQSI CNRSDCPGACICRGNGYCGSGSEQKLISEEDLHHHHHHH*
[SM1]₈ (Fang <i>et al.</i> , 2011)	MGPCQRAIFQSI CNGSPGPCQRAIFQSI CNGSPGPCQRAIFQSI CNGSPGPCQRAI FQSI CNGSPGYPYDVPDYAPIPCQRAIFQSI CNGSPGPCQRAIFQSI CNGSPGPCQ RAIFQSI CNGSPGPCQRAIFQSI CNGSPGLEHHHHHHH*
AGRP₈₇₋₁₂₀-SM1	ENLYFQSMGCVRLHESCLGQQVPCCDPAATCPCQRAIFQSI CNCR*

Abb. 8.1. Aminosäuresequenzen der MCoTI-II- und SM1-Peptid-Varianten. TEV-Protease-Schnittstelle sowie Hexa-Histidin-Rest sind rot hervorgehoben.

PcFK1	ENLYFQGAACGILHDNCVYVPAQNPCRGLQCRYGKCLVQV*
PcFK2	ENLYFQGEISAKMDSRDSPMIQERRCLPAGKTCVRGPMRVPCCGSCSQNKCT*

Abb. 8.2. Aminosäuresequenzen von PcFK1 und PcFK2 (mit Propeptid, grau). Diese wurden für die Klonierung in den Vektor pGFP-6121 verwendet. Die Schnittstelle für die TEV-Protease ist rot gekennzeichnet.

PbTRAP-Ado(Jethwaney *et al.*, 2005)

MGQEILDEIKYSEEV CNEQIDLHILLD GSGSIGHSNWISHVIPMLTTLV DNLNISR
DEINISMTLFSTYARELVRLKRYGSTSKASLRFIIAQLQNNYSPHGTNLT SALLN
VDNLIQKKMNRPNAIQLV IILTDGIPNNLKKSTTVVNQLKKKDVNVAIIGVGAGVN
NMFNRILVGCGKLGPCPYYSYGSWDQAQTMIKPFLSKVCQEVEKVALGS

Saglin_syn

MGGQEATEDPFADETDQCQISVSAETMKS LHGGSMQPDGTC DNLWESFLSQFHQVR
ENLTACQERAAAGPAPDPSSQFCQQLLDDAQRQMEQEHQYAATLEEQLHAAQQET
QQEQEMKKALQQLDALTD SRNALYIDL LLLANIAIGETKQALSYYNLMPASMPIDK
LHEQIVRFVYRVTIYQDQRLLNLMRFVRDIP SVEERRSLYQLAQREVQKRPSQRDG
YVAAVYALSVREDLPVYQANRQLYDDLVRQSETRLKEQVANGNFKQAAELAA RQPQ
HFRQLQTSLATIELKHWRKFDRFVPYANALPQPAQRLEVL RVLLSQIGDREKKTSH
KYL VKAARQFDICEQFIGRGKVDQAVKKQLEELRGKFATFAKGKNYQH YLSESRKS
SGLEENLYFQSHHHHHH*

Abb. 8.3. Aminosäuresequenzen der *P. berghei* TRAP-A-Domäne (nach Jethwaney *et al.*, 2005) sowie des *A. gambiae* Saglin. Die Klonierung der Saglin-Variante erfolgte ohne die Signalsequenz (erste 19 Aminosäuren). Unterschiede zur Originalsequenz sind durch die Klonierung bedingt (rot hervorgehoben).

Pfs25 (<i>P. falciparum</i> 3D7)	MNKLYSLFLFLFIQLSIKYNN AKVTVDTVCKRGFLIQMSGHLECKCENDLVLVNEE TCEEKVLKCDEKTVNKPCGDFSCKIKIDGNPVSACKCNLGYDMVNNVCIPNECKN VTCGNGKCILDTSNPVKTGVCSCNIGKVPNVQDQNKCSKDGETKCSLKCLKENETC KAVDGIYKCDCKDGFIIIDNESSICTAFSAYNILNLSIMFILFSVCFFIM
Pfs25 (amplifizierte Sequenz aus <i>P. falciparum</i> NF54)	ME VTVE TVCKRGFLIQMSGHLECKCENDLVLVNEE TCEEKVLKCDEKTVNKPCGDF SKCIKIDGNPVSACKCNLGYDMVNNVCIPNECKNVTGCGNGKCILDTSNPVKTGVC SCNIGKVPNVQDQNKCSKDGETKCSLKCLKENETCKAVDGIYKCDCKDGFIIIDNES SICTAFSAYNILNLSIMFILFSVCFFIM ENLYFQSL EHHHHHH*
Pfs28 (<i>P. falciparum</i> 3D7)	MNTYFKVLLFLFIQLYITLNKA RVTENTICKYGYLIQMSNHYECKCIEGYVLINED TCGKKVVCDKVENSFKACDEYAYCFDLGNKNEKQIKCMCRTEYTLTAGVCPNVNC RDKVCGKGKCIVDPANSLTHTCSCNIGTILNQNKLCDIQGDTPCSLKCAENEVCTL EGNYITCKEDPSSNGGGNTVDQADTSYSVINGVTLTHVLIVCSIFIKLLI
Pfs28 (amplifizierte Sequenz aus <i>P. falciparum</i> NF54)	MG VTENTICKYGYLIQMSNHYECKCIEGYVLINEDTCGKKVVCDKVENSFKACDEY AYCFDLGNKNEKQIKCMCRTEYTLTAGVCPNVNCRDKVCGKGKCIVDPANSLTHT CSCNIGTILNQNKLCDIQGDTPCSLKCAENEVCTLEGNYITCKEDPSSNGGGNTVD QADTSYSVINGVTLTHVLIVCSIFIKLLI ENLYFQSL EHHHHHH*

Abb. 8.4. Aminosäuresequenzen von Pfs25 und Pfs28. Zur Generierung der Proteine wurde genomische DNA von *P. falciparum* NF54 verwendet, wobei die in der Datenbank verfügbaren Sequenzen von *P. falciparum* 3D7 stammen. Die aus unterschiedlichen Stämmen von *P. falciparum* generierten Sequenzen unterscheiden sich nicht bzw. im Falle des Pfs25 in nur einer Aminosäure (Asparaginsäure zu Glutaminsäure). Alle anderen Unterschiede sind bedingt durch die Klonierung bzw. Addition von TEV-Protease-Schnittstelle und Hexa-Histidin-Rest. Die Klonierung der Sequenzen erfolgte ohne die Signalsequenz (erste 22 Aminosäuren). Die Signalsequenz ist in Gelb hervorgehoben.