

Zielsetzung

Ziel der Arbeit ist die *in vitro* Selektion streptavidinbindender Peptide mittels ‘Ribosome Display’. Dabei steht die Frage im Mittelpunkt, ob es sich bei den bisher selektierten Bindungspeptiden (Strep-tag I und II) um die optimale Lösung des Problems handelt oder ob die Durchmusterung einer um mindestens fünf Zehnerpotenzen größeren Bibliothek verbesserte oder sogar neue Lösungen liefern wird. Unter einer Verbesserung ist in diesem Zusammenhang ein Peptid mit HPQ-Motiv, aber im Vergleich zu den Strep-tags mit höherer Affinität gegenüber Streptavidin zu verstehen. Eine neue Lösung würde bedeuten, daß das Peptid kein HPQ-Motiv oder eine verkürzte Form davon enthält. Streptavidin wird nicht nur als Zielmolekül ausgewählt, da es bereits bei den verschiedensten Selektionsansätzen verwendet wurde, sondern auch, weil eine erfolgreiche Selektion ein neues Affinitätspeptid mit sich bringen könnte, das aufgrund der zahlreichen Streptavidin-Konjugate vielfältig einsetzbar wäre.

Bevor eine solche Selektion durchgeführt werden kann, muß zuerst das primäre Ziel, nämlich die Etablierung der Einzelreaktionen des ‘Ribosome Display’ erreicht werden. Die Funktionalität der Gesamtmethode soll dann anhand einer Testselektion mit einem Modellsystem überprüft werden. Anschließend müssen eine oder mehrere geeignete Bibliotheken generiert und die *in vitro* Selektion durchgeführt werden. Gegebenenfalls erhaltene Bindungspeptide werden auf Basis ihrer PCR-Produkte kloniert und sequenziert, bevor sich eine weitere Charakterisierung anschließt.