

[050920, 00:00]

KI ritar måltavlor för nya läkemedel

Forskningskonsortiet SGC undersöker 400 proteiner

För första gången har Sverige gått in i ett storskaligt, medicinskt forskningskonsortium. Sedan i våras är Karolinska institutet med i projektet SGC. Det ska bestämma strukturen på 400 medicinskt relevanta proteiner. Enbart den svenska delen har en budget på 80 miljoner kronor fördelat på tre år.



Maria Ehn justerar systemet för parallellrening av proteiner på Karolinska institutet.

Plywoodlådor, wellpapp och plastemballage ligger i en hög i änden av korridoren. I rummet bredvid håller den nya vätskehanteringsroboten just på att installeras, medan den fjärrövervakade enheten för kristallisation av proteiner redan är i drift.

Här, i ett hörn av Karolinska institutets campusområde i Solna, bygger SGC, Structural Genomics Consortium, upp sin svenska del.

Konsortiets idé är att utnyttja ny laboratorie- och analysteknik för att få en så effektiv "produktionslinje" som möjligt. Målet för den svenska delen av projektet är att hinna med cirka 55 humana proteiner på tre år.

- I projektet bygger vi upp en plattform där man blir av med alla flaskhalsar i processen. Vi började labba i april och har redan hunnit strukturbestämma tre proteiner, säger Pär Nordlund, en av initiativtagarna till Stockholmsdelen av SGC.

SGC bildades redan 2003 i ett samarbete mellan universiteten i Oxford och Toronto.

- Det är ett storskaligt samarbete för att bestämma strukturen på så många medicinskt relevanta proteiner som möjligt, säger Johan Weigelt, chef för den svenska delen av projektet.

Satsningen har varit framgångsrik. SGC svarar hittills i år för en femtedel av de offentliggjorda strukturbestämningarna av mänskliga proteiner. Att ett protein är medicinskt relevant kan till exempel innebära att det är en vanlig läkemedelsmåltavla. Här finns också en möjlig koppling till det svenska HPR-projektet, som kartlägger var i kroppen människans proteiner finns.



Johan Weigelt

Den svenska SGC-satsningen finansieras med anslag från Vinnova, Stiftelsen för strategisk forskning, Wallenbergstiftelsen och av Karolinska institutet.

- Att på det här sättet få en exakt struktur av relevanta proteiner hos människan är precis vad vi behöver för att hitta nya behandlingsformer och nya läkemedel, säger KIs rektor Harriet Wallberg-Henriksson.

Hon tror att Sverige kommer att gå in i fler konsortier som SGC.

- Det nya är att det sker internationellt. Det kommer att vara nödvändigt för att klara av de stora projekten, det kommer vi även att se när det gäller stora epidemiologiska projekt eller biobanksprojekt.



Harriet
Wallberg-Henriksson

FAKTARUTA 1

STRUKTURBESTÄMNING

Så går det till

1. Bioinformatiker tar fram "DNA-recept" på proteinet med hjälp av gendatabaser. För varje protein testas flera varianter.

2. Proteinet tillverkas genom att man planterar in DNA-recepten i bakterier. De odlingar som fungerar bäst väljs ut för volymframställning av proteinet. Därefter renas och kristalliseras proteinet.

3. Proteinkristallen undersöks med röntgenkristallografi. Strukturen kan sedan bestämmas med hjälp av diffraktionsmönstret.

Kostnaden per proteinstruktur beräknas bli 700 000 kronor. Det är betydligt billigare än vad som är möjligt med traditionella metoder.

Text: Erik Mellgren

URL: http://www.nyteknik.se/pub/ipsart.asp?art_id=42014

Copyright © Ny Teknik 2005