

طراحی، ساخت و ارزیابی اینمی‌ذایی سازه‌های DNA پلی‌توب با استفاده از اپی‌توب‌های غالب ویروس هپاتیت سی در موش BALB/c

آرش عمارنژادیان. Ph.D. فرزین روحوند. Ph.D.* آرش آرش کیا. Ph.D. فریده برجیسیان. B.Sc. محمد رضا آقصاصاقی.

انستیتو پاستور ایران، بخش هپاتیت و ایدز، بانک ژن نوترکیب، تهران، ایران

* آدرس نویسنده مسئول: ایران، تهران، صندوق پستی: ۱۳۱۶۹۴۳۵۰۱، انستیتو پاستور ایران، بخش هپاتیت و ایدز، بانک ژن نوترکیب
پست الکترونیک: Email: rfarzin@pasteur.ac.ir

دریافت مقاله: ۸/۳/۲۰۱۷. پذیرش مقاله: ۸/۸/۲۰۱۷

پکیجده

* هدف: طراحی، ساخت و ارزیابی اینمی‌ذایی سازه‌های DNA پلی‌توب با استفاده از اپی‌توب‌های غالب ویروس هپاتیت سی در موش BALB/c

* مواد و روش‌ها: چهار اپی‌توب CTL باسته به HLA-A2 و H-2^d باسته به CTL باسته به HBsAg-S (HBsAg-S) PCR ساخته شده و به صورت متصل یا غیرمتصل به ژن آنتی ژن سطحی ویروس هپاتیت بی (HBsAg-S) در پلاسمید pcDNA3.1 کلون شدند. به دنبال تهیه آنتی سرم پلی کلوزان بیان و ترشح پلی‌توب‌ها در سلول‌های Cos-7 با روش‌های ایمونوکلوراسنس، وسترن بلاست، دات بلاست، الیزا و RT-PCR بررسی و اینمی‌ذایی سازه‌ها با آزمون ازدیاد حساسیت تاخیری (Delayed-type Hypersensitivity; DTH) در موش BALB/c ارزیابی شد.

* یافته‌ها: پیتیدهای پلی‌توب حاصل از بیان پلاسمیدهای ساخته شده به واسطه طراحی *in silico* و تمییدات به کار رفته، با تکییک‌های معمول در محیط آزمایشگاه به طور کامل شناسایی شده و ترشح ذرات هیبرید به HBsAg-S به محیط کشته (به میزان ۳۰ درصد) نشان داده شد. هم‌چنین کلیه پلاسمیدها قادر به تحریک کارآمد پاسخ DTH بودند که در این میان سازه‌های هیبرید با اثر فراینده معنی‌داری را بر پاسخ ایجاد شده علیه اپی‌توب‌های موشی نشان دادند.

* نتیجه‌گیری: سازه‌های پلی‌توب ساخته شده به خوبی بیان و پردازش شده و از کارایی اولیه لازم به منظور بررسی بیشتر اینمی‌ذایی در موش تباریخته برخوردار می‌باشد.

* کلیدواژگان: اپی‌توب، ویروس هپاتیت سی، واکسن DNA، لنفوسيت‌های T سیتو‌توكسیک

فصلنامه پژوهشی یاخته، سال یازدهم، شماره ۲، تابستان ۸۸، صفحات: ۱۳۳-۱۲۲

مقدمه

است. از جمله علل این ناکارآمدی می‌توان به ناکافی بودن تعداد اپی‌توب‌های CTL محافظ (Protective) در یک آنتی ژن (۱۳) یا موتاسیون و در نتیجه فرار ویروس (۱۴-۱۶) اشاره کرد. به علاوه در مواردی اپی‌توب‌های غیرمرتبط و سرکوب کننده موجود در آنتی ژن به علت تداخل با اپی‌توب‌های محافظت کننده می‌تواند مانع از ایجاد پاسخ مناسب گشته و حتی موجب برانگیختن پاسخ‌های ناخواسته در اثر واکسیناسیون گردد (۱۷). به طور مشخص در مورد ویروس HCV اثر سرکوب کننده گی سیستم ایمنی در مورد برخی از آنتی ژن‌های ویروس مانند E1، E2، Core، NS3 و مکانیسمی برای تضعیف عملکرد برخی از سلول‌ها مانند سلول‌های T، NK و دندربیتیک ذکر می‌شود (۱۸-۲۱). همین امر استفاده از ساختار طبیعی این آنتی ژن‌ها را به منظور واکسیناسیون محدود می‌سازد. واکسن‌های DNA چند اپی‌توبی یا پلی‌توب (Polytope DNA) (Vaccines) به عنوان یک استراتژی جایگزین این امکان را فراهم ساخته‌اند که با انتخاب اپی‌توب‌های نامتغیر و محافظ میکرووارگانیسم و کنار هم قرار دادن توالي نوکلئوتیدی سازنده آنها در یک ساختار ساده، ضمن برانگیختن هم‌زمان پاسخ اینمی‌علیه چندین اپی‌توب مهم و موثر، با حذف نواحی ناخواسته از ایجاد پاسخ‌های سرکوب کننده اینمی و

نقش کلیدی لنفوسيت‌های T سیتو‌توكسیک (Cytotoxic T-Lymphocytes; CTL) در دفاع علیه عفونت‌های ویروسی به ویژه ویروس‌های غیرسایتوپاتیک، مانند ویروس هپاتیت سی (Hepatitis C Virus; HCV) (۱-۴). اخیراً بررسی موارد درمان شده عفونت HCV نیز حاکی از اهمیت پاسخ قوی و چند جانبه لنفوسيت‌های T CD8+ علیه اپی‌توب‌های مهم و نامتغیر ویروس و توانایی این سلول‌ها در پاکسازی عفونت در بد و شروع است (۵-۷). با این حال به دلیل وجود سویه‌های مختلف ویروس HCV و تنوع ساختار آنتی ژنیک آنها (۸-۹) و هم‌چنین توانایی منحصر به فرد ویروس در تغییر سریع ساختار اپی‌توبی (موتاسیون) که منجر به فرار آن از دست سیستم ایمنی می‌گردد (۱۰، ۱۱)، کاربرد واکسن‌های درمانی برای ایجاد چنین پاسخی در سلول‌های T CD8+ تاکنون موثر واقع نشده است. در حال حاضر واکسن‌های DNA کلایسیک (DNA Vaccine) که از آنتی ژن کامل میکرووارگانیسم جهت تحریک سیستم ایمنی استفاده می‌کنند، به عنوان یکی از راههای القا پاسخ Th1 و تحریک سلول‌های CTLs پذیرفته شده‌اند (۱۱، ۱۲). این نوع واکسن اگرچه در مورد برخی از پاتوژن‌ها موفق بوده است، اما کارایی چشم‌گیری را در پاکسازی عفونت‌های ویروسی مزمن مانند HCV از خود نشان نداده

مواد و روش‌ها

پلاسمیدهای چندپایی توبی

شناسایی و ارزیابی ابی توب‌های CTL ویروس HCV با توجه به ویژگی اتصال آنها به مولکول HLA، تشابه توالی آنها در ژنوتیپ‌های مختلف و ارتباط آنها با پاکسازی ویروس صورت گرفت. برای این منظور از میان ۱۶۱ نمونه متعلق به ۱۸ ژنوتیپ مختلف HCV که در Los Alamos HCV Immunology Database پایگاه اطلاعاتی (۳۴) ثبت شده است، ابی توب‌های CTL برگرفته از آنتی‌ژنهای Core، E2 و NS3 که میل اتصال بالاتری برای HLA-A2.1 داشته و توالی آسید‌آمینه‌ای آنها بیشترین شباهت را به دو ژنوتیپ شایع ویروس یعنی 1a و 1b داشتند، برای ارزیابی بیشتر انتخاب شدند. در قدم بعد با توجه به گزارش‌های موجود مبنی بر ارتباط احتمالی پاسخ ایمنی ایجاد شده علیه ابی توب‌ها با پاکسازی عفونت، سه ابی توب نهایی پیش‌بینی اتصال پیشید به H2-D^d و قابل ارزیابی در موش BALB/c می‌باشد) برای گنجانده شدن در ساختارهای چند ابی توبی این تحقیق در نظر گرفته شد (جدول ۱). سپس با کمک شیوه‌سازی کامپیوتری و استفاده از الگوریتم‌های پیش‌بینی اتصال پیشید به HLA (http://bio.dfci.harvard.edu/) (RANKPEP) و نیز پردازش پروتئازوم (http://paproc.de) سه توالی پلی توب مشکل از چهار ابی توب مذکور به گونه‌ای طراحی شد که کمترین ابی توب‌های پیش‌بینی در حد فاصل آنها ایجاد شود و دیگر آنکه شرایط برای پردازش ابی توب‌ها توسط پروتئازوم و در نتیجه عرضه آنها ایده‌آل باشد. این ویژگی‌ها با جایه‌جایی محل قرارگیری ابی توب‌ها نسبت به هم کنترل شده و سرانجام با توجه به جدول فراوانی tRNA برای کodon‌های انسانی (www.kazusa.org.jp/codon) سه توالی نوکلئوتیدی مربوطه طراحی و به روش SOEing PCR (۳۵) ساخته شدند. برای ساخت این سه توالی، سه جفت الیگونوکلئوتید ۸۰-۸۴ بازی که در باز ناحیه ۲۱ هم‌پوشانی (Overlap) داشتند، با خلوص HPLC از کمپانی (MWG Biotech Germany) تهیه شدند. به عنوان نمونه یک جفت الیگوی طراحی شده برای ساخت ترادف شماره ۱ (Polytope1) عبارت بوند از ODN^f با توالی ۵'-ACCATGGATCCGACCTGTGGCTACATCCCTC TGGTGGCGCCTCCGGCCCTTCCCAGAAGATCCA GCTGGTGCGGCT-3' و^f ODN^b با توالی ۵'-ATGAATTCTTACACGGCGTTCAAGGCCAGGCCG GACAGCTTATGGTGCAGGGTAGTGCCACAGCC GCACCAAGCTGGATCTTC-3' که نواحی هم‌پوشان آنها با خط زیر مشخص شده است. با استفاده از آنزیم (Fermentas) dNTP, Pfu DNA polymerase و اعمال یک سیکل حرارتی ۹۵، ۷۰ و ۷۲ درجه سانتی‌گراد (هریک به مدت ۵ دقیقه)، پس از جفت شدن الیگونوکلئوتیدها در ناحیه هم‌پوشان، نواحی انتهایی از روی الگوی رشته مقابله ساخته شد. در مرحله بعد قطعه کامل به عنوان الگو در یک واکنش PCR با افروزن پرایمرهای P_f (5'-TAGGATCCACCATGGACCTGTGGCTAC-3'), P_r (5'-ATGAATTCTTACACGGCG-3') که حاوی توالی برش آنزیم‌های EcoRI و BamHI (نواحی پر رنگ)، کodon‌های شروع و ختم ترجمه و توالی Kozak (نواحی italic) بودند، تکثیر شده (توالی پرایمرهای نشان داده شده مربوط به Polytope1 می‌باشد) و

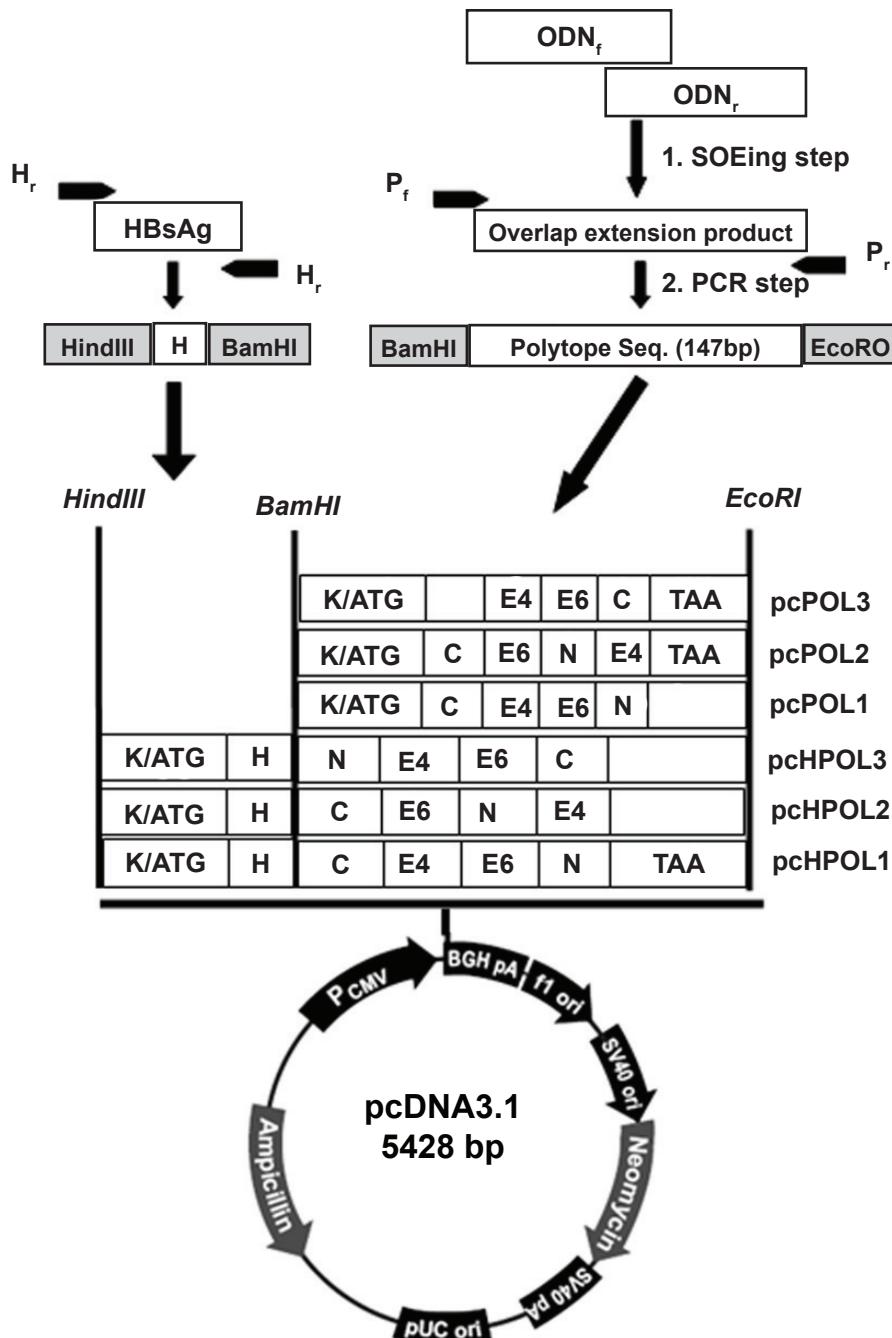
مضر نیز جلوگیری گردد (۲۲، ۲۳). به این ترتیب واکسن‌های مذکور که پاسخ ایمنی ایجاد شده نسبت به آنها در مورد برخی عفونت‌های ویروسی و تومورها به خوبی نشان داده است (۲۴-۲۶)، به عنوان نسل جدیدی از واکسن‌های DNA کارآمد و بی‌خطر مطرح می‌باشند. با این وجود توسعه این نوع واکسن نیازمند یافتن راه حل‌های مناسب برای افزایش بیان این توالی‌های مصنوعی، افزایش ایمنی زایی آنها و پایه‌گذاری روش‌های ماناسب سنجش کارایی واکسن در حیوان آزمایشگاهی می‌باشد. لازم به ذکر است که پیشیدهای پلی توب به علت فقدان ساختمان دوم و سوم عموماً پایداری کمی داشته و نسبت به پروتولیز در حین ترجمه حساس می‌باشد (۲۳، ۲۷، ۲۸). از آنجا که بیان محدود این پیشیدهای می‌تواند به طور غیرمستقیم بر ایمنی زایی آنها تاثیر بگذارد، ارزیابی آزمایشگاهی بیان این نوع واکسن در مقایسه با واکسن‌های DNA کلاسیک از اهمیت بیشتری برخوردار می‌باشد. هم‌چنین در حال حاضر اطلاعات ضد و نقیضی در مورد تاثیر محل قرارگیری و ترادف ابی توب‌ها، اینیتی اتصال آنها به مولکول MHC و وجود یا عدم وجود ابی توب‌های کمکی (Th) بر ایمنی زایی واکسن‌های پلی توب در دست است (۲۷، ۲۹، ۳۰) که تکمیل آنها نیازمند انجام تحقیقات بیشتر می‌باشد. در نهایت اشاره به این نکته ضروری است که بررسی ایمنی زایی واکسن‌های پلی توب انسانی به دلیل نیاز به استفاده از حیوانات تاریخته دارای (HLA) Human Leukocyte Antigen نوع حیوان، هزینه‌بر بوده و به راحتی واکسن‌های کلاسیک نمی‌باشد (۳۱). با توجه به موارد فوق می‌توان نتیجه گرفت که توسعه استراتژی پلی توب نیازمند تحقیق‌های بیشتر بوده و در این راستا طراحی هرچه دقیق‌تر و نیز اطمینان اولیه از بیان ایمنی زایی واکسن قبل از انجام آزمایشات تحت بالینی بر روی حیوان تاریخته، می‌تواند به کاهش زمان و هزینه‌ها منجر شود.

آنچه زایی E2 و NS3 و Core می‌باشد (به عنوان مهم‌ترین پاتوژن عامل هپاتیت مزمن) به علت دارا بودن ویژگی‌های نظری نامتغیر بودن و دخالت در بیماری زایی (Core)، در دسترس بودن اتصال ویروس به سلول‌های کبد (E2) هم‌چنین دخالت در تکثیر ویروس و مشاهده ارتباط پاسخ ایمنی ایجاد شده با پاکسازی عفونت (NS3)، همواره به عنوان آنتی‌ژنهای مناسب برای استفاده در واکسن‌های درمانی مورد توجه بوده‌اند (۳۲، ۳۳).

هدف از تحقیق حاضر اثبات کارایی استراتژی واکسن‌های چند ابی توبی در ایجاد پاسخ ایمنی علیه چهار ابی توب CTL برگرفته از سه ناحیه مذکور و هم‌چنین بررسی برخی مجهولات مرتبط با این نوع واکسن مانند تاثیر ترادف ابی توب‌ها و نیز اثر افزایش آنتی‌ژن کوچک سطحی ویروس هپاتیت بی (HBsAg-S) بر ایمنی زایی آنها می‌باشد. برای این منظور با بهره‌گیری از آنالیزهای ایمونوافورماتیک شش پلاسمید چند ابی توبی حاوی سه ترادف مختلف ابی توب‌های مذکور (دو ابی توب انسانی وابسته به H2-D^d، یک ابی توب موشی وابسته به HLA-A2) و یک ابی توب مشترک بین موش و انسان (طراحی و در دو حالت متصل به HBsAg-S و به تنها ساخته شده و بیان ژن مورد نظر با روش‌های مختلف آزمایشگاهی مورد ارزیابی قرار گرفت. همچنین به منظور اطمینان از کارایی پلاسمیدهای مذکور پیش از انجام آنالیزهای دقیق ایمونولوژیکی در موش تاریخته، ایمنی زایی اولیه آنها بر اساس ابی توب‌های موشی گنجانده شده، در موش BALB/c بررسی شد.

در نهایت هر سه ژن سنتز شده که سه ترتیب مختلف از اپی‌توب‌های چندابی توپی pcPOL3، pcPOL2 و pcPOL1 بودند (شکل ۱).

موردنظر بحث را بیان می‌کردند، به طور جداگانه در ناقل یوکاریوتی



شکل ۱: نمایش مرحله ساخت پلاسمیدهای پلی‌توب کد کننده سه تراز مختلف اپی‌توب‌های CTL به صورت متصل و غیرمتصل به ژن HBsAg-S. شکل شماتیک SOEing PCR در اینجا برای یک تراز مختلف نشان داده شده است. برای ساخت سه تراز مختلف این روش به صورت جداگانه سه بار با الیگونوکلئوتیدهای ۸۰-۸۴ بازی متفاوت به کار گرفته شد. در مرحله SOEing در الیگونوکلئوتید همپوشان ODN_f و ODN_r در نتیجه اعمال سیکل حرارتی تشکیل یک هیبرید داده و نواحی مکمل همانندسازی شد. در مرحله PCR قطعه حاصل تکثیر شده و توالی برش آنژیم، کدون‌های شروع، ختم و توالی Kozak به آن اضافه شدند. ژن HBsAg-S نیز به وسیله دو پرایمر Hr و Hf تکثیر شده و توالی‌های لازم برای ترجمه و برش آنژیمی بر روی آن ایجاد شد. در نهایت توالی‌های پلی‌توب به تنهایی یا به صورت متصل و در قالب قرائت ژن HBsAg-S در پلاسمید pcDNA3.1 کلون شدند. K, ATG/H, E4, E6, N, C, TAA و Neomycin به ترتیب نشانه کدون شروع ترجمه و توالی Kozak. ژن HBsAg-S و کدون ختم ترجمه هستند. E6, E405, E614, N1406 و C132 می‌باشند.

جدول ۱: اپیتوپ‌های CTL به کار رفته در طراحی واکسن چند اپیتوپی علیه HCV

اپی توپ	توالی آمینو اسیدی	توالی آنکتی زن مرجع	# توپ	آنکتی زن در سویه HCV-H	محل اپی توپ به MHC	وابستگی به MHC	درصد پوشش زنونیپ		افینیتی اتصال به MHC (%) Score [§]	مرجع
							1a†	1b‡		
C132	DLMGYIPLVGA*	Core		۱۳۲-۱۴۲	A2.1/H-2 ^d	۱۰۰	۹۶/۱	۶۶/۷-۶۳/۶	(۴۵-۴۷)	
E614	RLWHYPCTI	E2		۶۱۴-۶۲۲	A2.1	۷۵	۲	۵۰	(۴۷,۴۴)	
N1406	KLSGLGLNAV	NS3		۱۴۰-۶-۱۴۱۵	A2.1	۰	۲۵/۲	۵۸/۵	(۴۹,۴۷)	
E405	SGPSQKIQLV	E2		۴۰۵-۴۱۴	H-2 ^d	۰	۲/۹	۵۲/۹	(۴۸)	

محل پروتئین‌ها بر اساس توالی سویه جدا شده توسط HCV-H (FDA) نشان داده شده است.

^a یکسانی توالی آمینو اسیدی در ۸ نمونه بررسی شده متعلق به ژنوتیپ ۱a.

٪ یکسانی توالی آمینو اسیدی در 10^3 نمونه بررسی شده متعلق به ژنوتیپ ۱b.

\$ درصد ذکر شده با توجه به نزدیکی توالی این توپ به توالی MHC مشخص شده بیشترین افینیتی را دارد) توسط نرم افزار محاسبه consensus (که برای محدوده مخصوص شده بیشترین افینیتی را دارد) شده است.

• پیتید 132 دو اپی توپ وابسته به HLA-A2.1 (فناحیه ای که زیر آن خط کشیده شده است) و H2-D^d (کل توالی فوشته شده) را در خود جای داده است.

ترانس فکت و تهیه لیزات سلولی

کشت و نگهداری رده سلولی Cos-7 که منشأ آن از کلیه میمون سبز آفریقایی می‌باشد، در محیط کشت DMEM حاوی ۲ میلی مolar ال-گلوتامین، ۱۰۰ واحد در میلی لیتر پنی سیلین، ۱۰۰ میلی گرم در میلی لیتر استرپتومایسین و ۱۰ درصد سرم جین گاو (FCS)، CO₂ صورت در دمای ۳۷ درجه سانتی گراد و اتمسفر ۵ درصد CO₂ در میانی ۳۷ درجه سانتی گراد و اتمسفر ۵ درصد CO₂ صورت گرفت. این سلول به روش لیپوفکشن و با استفاده از کیت تجاری PolyFect (Qiagen) به صورت موقت (Transient) با پلاسمیدهای پلی توپ ترانس فکت شد. برای این منظور کمپلکس ترانس فکت مشکل از مقادیر مناسب پلاسمید و محلول پلی فکت طبق دستور العمل کیت تهیه شده و در فاز لگاریتمی به کشت سلول اضافه شد. ۷۲ ساعت بعد خدمن جمع آوری و نگهداری محیط کشت رویی، سلول‌ها تحت رنگ آمیزی ایمونوکلورسانس قرار گرفته و یا به منظور تهیه لیزات سلولی، پنج بار با فواصل زمانی ۱ دقیقه و هر بار به مدت ۳۰ ثانیه بر روی یخ تحت اثر اولتراسونیکاسیون قرار گرفتند. لیزات حاصل به مدت ۲۰ دقیقه در ۴۰۰۰ سانتریفیوژ شده و مایع رویی جهت آنالیز جمع آوری شد. سلول‌های ترانس فکت شده با پلاسمیدهای فاقد قطعه پلی توپ یعنی pcDNA3.1 و pCH (HBSAg) ترانس فکت نشده به عنوان کنترل منفی در نظر و نیز سلول‌های Cos-7 کشت نشده به عنوان کنترل منفی در نظر گرفته شدند.

بررسی بیان پپتیدهای پلی‌توپ

الف. وسترن بلاط: پروتئین های موجود در لیزات سلولی پس از جداسازی بر روی ژل ۱۵ درصد SDS-PAGE بر اساس یک روش استاندارد (۳۷) به غشا نیتروسلولز منتقل شده و باند مریبوط به پروتئین HBs-polytope با استفاده از آنتی بادی مونو کلونال ضد هیربید HBsAg (Cedarlane, Canada) و آنتی بادی ثانویه کثرو گه با HRP (Sigma, USA) افزودن محلول نگاه دار DAB قابا وست شد.

ب. ایمونوفلورسانس: سلول‌های کشت داده شده بر روی لام‌های مخصوص شیشه‌ای (Glass Cover Slips)، ۷۲ ساعت پس از ترانس‌فکت در مجاورت پارافورمالدئید ۴ درصد به مدت ۲۰ دقیقه

به منظور بررسی تاثیر HBsAg-S بر اینمی‌زایی توالی‌های چند‌پایی توپی، ژن

HBsAg-S (GenBank accession X02496, REGION: 157-837) با استفاده از دو پرایمر

که حاوی توالی برش آنزیم‌های *Hind*III و *Bam*HI (نواحی دارای خط زیر) و نیز کدون‌های Kozak، شروع و ختم ترجمه (نواحی Italic) بودند تکثیر شده و در یک قالب قرات (ORF) با هریک از سه توالی پلی‌توب، در پلاسمید pcDNA3.1+ کلون شد. به این ترتیب سه پلاسمید دیگر pcHPOL2، pcHPOL1 و pcHPOL3 که پروتئین هیربید متشکل از اتصال پپتید پلی‌توب به انتهای کربوکسیل HBsAg-S را بیان می‌کردند نیز ساخته شدند (شکل ۱). کلیه شش پلاسمید فوق پس از اطمینان از صحبت توالی نوکلئوتیدی با استفاده از ستون‌های تخلیص پلاسمید NucleoBond Giga (Macherey-Nagel, Germany) اندوتوکسین و مطابق دستورالعمل کت تخلص شدند.

تهیه آنتی سرم پلی کلونال از خرگوش

امکان تهیه آنتی بادی علیه پپتیدهای پلی توپ این تحقیق ابتدا به صورت *in silico* و با استفاده از الگوریتم شناسایی اپی توپ های سلول B (<http://bio.dfci.harvard.edu/tools/antigenic.html>) بررسی شده سپس با اعمال یک روش استاندارد (۳۶)، آنتی بادی پلی کلونال خر گوشی علیه هریک از پپتیدها به طور جداگانه تهیه شد. به طور خلاصه ۱ میلی لیتر از مخلوط ایمونوژن شامل ۱ میلی گرم از پپتید سنتیک (سترن شده توسط انسیتو بیوشیمی دانشگاه لوزان سوئیس) مخلوط شده با حجم مساوی اجوان ناقص فروند خر گوش ۳ ماهه تزریق شد. به دنبال تزریق یادآور پس از یک ماه، نمونه خون خر گوش در فواصل زمانی مختلف جهت یافتن بیشترین عیار آنتی بادی با روش الایزی غیر مستقیم مورد بررسی قرار گرفت.

ایمنسازی موش‌ها

موش‌های BALB/c (H-2^d) ماده با ۶-۸ هفته سن از مرکز پرورش و نگهداری حیوانات آزمایشگاهی انتستیتو پاستور ایران در کرج تهیه و گروه‌های ۶-۹ تایی آنها بر اساس "اصول بین المللی نگهداری و کار با حیوان آزمایشگاهی" (۴۱) و همچنین مطابق با مصوبات کمیته اخلاق انتستیتو پاستور ایران "با میزان ۱۰۰ میکروگرم پلasmid (در حجم ۵۰ میکرولیتر) به صورت زیرجلدی در تاچیه کف پای چپ ایمن شدن." تزریقات در زمان‌های ۰، ۳، و ۶ هفته صورت گرفته و دو گروه دریافت کننده پلاسمیدهای فاقد ژن پلی‌توب (pCNA3.1) و pCH به عنوان کنترل منفی در نظر گرفته شدند.

(DTH)

طبق روش گزارش شده قبلی (۴۲)، ۳ هفته پس از آخرین ایمن‌سازی موش‌ها میزان ۱۰ میکروگرم از پیتید سنتیک پلی‌توب متناظر با هر E614+N1406 C132+E405 یا (شامل حجم مساوی هریک از آنها) و یا یک پیتید غیر مرتبط، در حجم کلی ۴۰ میکرولیتر به صورت زیر جلدی به کف پای راست گروه‌های ایمن شده تزریق شد. مقدار مساوی سرم فیزیولوژی نیز به عنوان شاهد به کف پای چپ موش‌ها تزریق و پس از گذشت ۱۸، ۲۴، ۴۸ و ۷۲ ساعت مقدار بر جستگی پای راست در مقایسه با پای چپ موش‌ها در گروه‌های مختلف توسط ریزسنج (Mitutoyo, Japan) اندازه گیری شد.

یافته‌ها

انتخاب اپی‌توب‌ها و طراحی پلاسمیدهای پلی‌توب
توالی آمینو اسیدی اپی‌توب‌های CTL مربوط به نمونه‌های جدا شده HCV در پایگاه اطلاعاتی که برای این منظور راهاندازی شده است (<http://hcv.lanl.gov/content/immuno/immuno-main.html>) موجود می‌باشد که برای این منظور راه اندازی شده است. در قدم اول بر اساس واپستیکی به سوپرتایپ شایع HLA-A2 (۴۳) از نواحی E2، NS3 و Core ایش از ۶۰ اپی‌توب شناسایی شدند که از میان آنها در نهایت ۳ اپی‌توب غالب بر اساس واپشکی‌هایی نظیر ثبات تووالی آمینو اسیدی در بین نمونه‌های جدا شده از دو ژنتوتیپ شایع و مقاوم به درمان ۱a و ۱b (۹)، ارتباط پاسخ ایمنی ایجاد شده با پاکسازی ویروس و افینیتی اتصال آنها به HLA-A2.1 HLA-A2.1 انتخاب شدند (جدول ۱). در بین این اپی‌توب‌ها، C132 علاوه بر HLA-A2.1 (ناحیه ۱۴۰-۱۲۲) توسط H-2^d (ناحیه ۱۴۲-۱۳۲) نیز شناخته و عرضه می‌شد. به منظور فراهم کردن امکان مطالعه این زایی واکسن در حیوان معمول آزمایشگاهی (موس BALB/c) نیز که وابسته به H-2^d بود به مجموع اپی‌توب‌های انتخابی افزوده شد. همان‌طور که در جدول ۱ نشان داده شده است پاسخ ایمنی غالب نسبت به این اپی‌توب‌ها در تحقیقات مختلف گزارش شده (۴۴-۴۹) و در این میان N1406 به عنوان یکی از اپی‌توب‌های اصلی (۵۰) با بهره گیری از پیش‌بینی‌های منظور کاهش پدیده ایمونودومینانس (۵۰) به مولکول MHC in silico مربوط به اتصال اپی‌توب‌ها به (Score) (۴۹). همچنین به اپی‌توب‌های انتخابی همگی دارای افینیتی اتصال (Score) بالاتر از ۵۰ درصد باشند. از جمله نکات قابل توجه در طراحی واکسن‌های پلی‌توب، ترتیب قرار گیری اپی‌توب‌ها نسبت به یکدیگر است. این

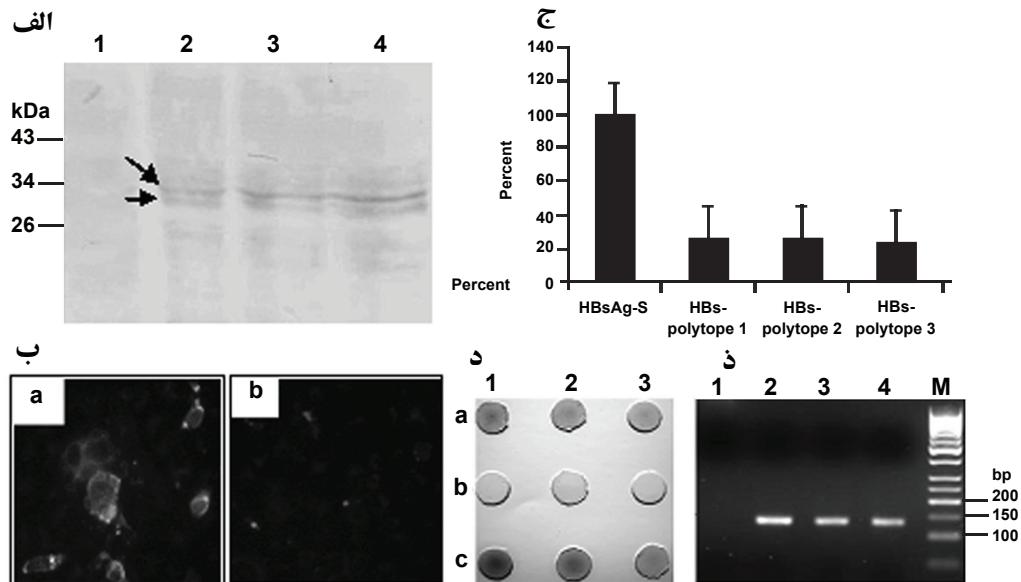
در دمای اتفاق فیکس شدند. پس از شست و شو در بافر فسفات (PBS) به منظور کاستن از فلوئورسانس زمینه، لاملاً به مدت ۱۰ دقیقه در محلول ۵۰ میلی‌مولار کلرور آمونیوم قرار گرفته و به دنبال شست و شوی مجدد، سلول‌ها ابتدا توسط محلول ۰/۰ درصد تریتون ۱۰۰-X نفوذ پذیر شده و پس از شست و شو به مدت ۴۵ دقیقه به ترتیب در مجاورت با آنتی‌بادی ضد HBsAg و سپس آنتی‌بادی ثانویه کنثوگه با FITC (Sigma) در دمای ۴ درجه سانتی گراد انکوبه شدند. قبل و بعد از افودن هر آنتی‌بادی سلول‌های ترانس‌فکت شده در مقایسه با سلول‌های میزان فلوئورسانس سلول‌های ترانس‌فکت شده در مجاورت با سلول‌های ترانس‌فکت نشده (به عنوان کنترل منفی) توسط میکروسکوپ Zeiss Axioskop مورد بررسی قرار گرفت.

ج. دات بلات: به منظور کاستن از میزان انتشار نمونه‌های لکه گذاری شده و داشتن نقاط یک دست، غشا نیتروسلولوز ابتدا به اندازه قطعات ۴ میلی‌متری پانچ شده و پس از قراردادن قطعات در چاهه‌های یک پلیت الایز، لیزات سلولی و یا پیتیدهای سنتیک طبق روش استاندارد (۳۸) بر روی غشا نمونه گذاری شدند. پلیت به مدت ۱ ساعت در دمای ۳۷ درجه سانتی گراد انکوبه شده و قطعات درون چاهه‌که‌ها ابتدا توسط آلبومین سرم گاوی (BSA) ۳ درصد بلاک شده و سپس به مدت ۳۰ دقیقه با آنتی‌سرم خرگوشی تهیه شده علیه پیتیدهای پلی‌توب و به دنبال آن با آنتی‌بادی ثانویه کنثوگه با HRP مجاور شدند. پس از ظهره لکه‌ها به وسیله محلول DAB قطعات پانچ شده را بر روی یک صفحه سفید قرار داده و توسط دوربین دیجیتال عکس برداری شدند. در نهایت وضوح و شفافیت عکس حاصل با نرم افزار فتوشاپ تنظیم شد. پیتیدهای سنتیک پلی‌توب و لیزات سلول‌های ترانس‌فکت نشده به ترتیب به عنوان کنترل مثبت و منفی استفاده شدند.

د. RT-PCR: به دنبال تخلیص RNA سلولی به وسیله محلول تجاری Trizol ساخت Invitrogen ابتدا cDNA مربوطه با استفاده از پراپرmer Random Hexamer ساخته شد (۳۹). جهت اطمینان از عدم آلودگی RNA با پلاسمیدی نمونه کنترل بدون افزودن آنزیم RT نیز تهیه شد. سپس ۲ میکرولیتر از محصول هریک از دو لوله تست و کنترل در کنار cDNA مربوط به سلول‌های ترانس‌فکت شده با پلاسمید بدون قطعه (pcDNA3.1) در یک واکنش استاندارد PCR حاوی ۲۰ پیکومول از پرایمرهای اختصاصی ژن‌های پلی‌توب طبق سیکل برنامه حرارتی (۲۰-۳۰ ثانیه ۹۵ و ۳۰-۳۰ ثانیه ۷۲ درجه سانتی گراد) تکثیر گردید. محصول PCR پس از الکتروفورز بر روی ژل ۲ درصد آگارز به وسیله سیستم UV BioDoc-It (Cambridge, UK) مشاهده شد.

ه) الایزا: به منظور بررسی میزان ترشح ذرات -HBs-poly-tope، ۷۲ ساعت پس از ترانس‌فکت سلول‌ها محیط کشت رویی جمع‌آوری شده و تا میزان ده برابر توسط لوله‌های تغليظ کننده Vivaspin 2, 3000 MWCO (Sartorius) تغليظ شدند. سپس با استفاده از کیت تجاری اندازه گیری HBsAg به روش الایزا (tika, Biomérieux, France) مقدار ذرات هیبرید ترشح شده در محیط کشت اندازه گیری شد. لازم به ذکر است که جهت یکنواخت‌سازی میزان ترانس‌فکت پلاسمیدهای پلی‌توب از ترانس‌فکت هم‌زمان پلاسمید-pcDNA3.1/LacZ و سنجش آنزیم بتا‌گالاکتوزیلیاز در لیزات سلولی استفاده شده (۴۰) و نتایج الایزا پس از اعمال ضرایب یکنواختی در مقایسه با میزان ترشح ذرات هیبرید ترشح شده از سلول‌های Wild Type (Wild Type) به صورت درصد بیان شدند.

مقایسه با پپتیدهای پلی‌توب ۲ و ۳ نشان داد (نتایج نشان داده نشده است). آنتی‌سرم‌های تهیه شده علیه سه پپتید پلی‌توب و آنتی‌بادی مونوکلونال تجاری علیه HBsAg در آزمایشات مختلف به منظور شناسایی محصول ژن‌های پلی‌توب به کار برده شدند. نتایج نشان داد که ژن‌های پلی‌توب به خوبی در رده سلولی Cos-7 که با داشتن آنتی‌ژن SV40 امکان تکثیر اپی‌زومال پلاسمید (pcDNA3.1) را فراهم می‌کند، بیان شده‌اند (شکل ۲). علاوه بر این با استفاده از تکنیک استاندارد وسترن بلاط باند مربوط به بیان پروتئین‌های نوترکیب هیرید با HBsAg-S در اندازه مورد انتظار مشاهده شد (شکل ۲ الف). وزن مولکولی پروتئین‌های هیرید HBs-polytope طبق توالی آمینواسیدی آن ۲۹/۸ کیلو‌ Dalton می‌باشد و در نتایج وسترن بلاط این باند در کار باز دیگری با وزن مولکولی حدود ۳۳ کیلو‌ Dalton به صورت یک باند دوگانه (doublet) مشاهده شد که بر اساس مطالعات قبلی باند سنگین‌تر می‌تواند مربوط به گلیکوزیل‌ اسیون پروتئین HBsAg در محل اسید‌آmine آسپارژین ۱۴۶ آن باشد (۵۴، ۵۵). ایمونوفلورسانس غیرمستقیم با استفاده از آنتی‌بادی علیه HBsAg نیز بیان پروتئین‌های HBs-polytope را در سلول‌های Cos-7 ترانس‌فکت شده اثبات کرد (شکل ۲ ب). هم چنین بررسی محیط کشت این سلول‌ها با روش الایزاکاکی از ترشح ذرات هیرید HBsAg به محیط کشت سلول بود (شکل ۲ ج).

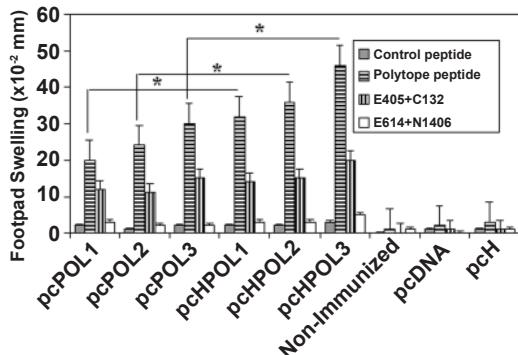


شکل ۲: بیان و ترشح پپتیدهای پلی‌توب در سلول‌های Cos-7. بررسی بیان پروتئین‌های هیرید HBs-polytope در لیزات سلولی با استفاده از آنتی‌بادی مونوکلونال علیه HBsAg با دو روش وسترن بلاط، (الف) و ایمونوفلورسانس غیرمستقیم، (ب) انجام شد. در ستون‌های ۲-۴ ۲-۶ غشا بلاط شده بازندگانه با اندازه ۳۳ و ۳۰ کیلو‌ Dalton که تشانه اشغال گلیکوزیله و غیرگلیکوزیله پروتئین حاصل از ترانس‌فکت سه پلاسمید پلی‌توب می‌باشند به ترتیب با دو فلش بالا و پایین مشخص شده‌اند. سلول‌های غیرترانس‌فکته‌هایه تنها باند مربوطه را در غشا وسترن بلاط نشان ندادند (ستون ۱ در (الف) بلکه فاقد فلورسانس قابل رویت در روش ایمونوفلورسانس نیز بودند (ب) در (ب). این در حالی است که مشاهده نور فلورسانس در سلول‌های ترانس‌فکت شده (در این مکس با pcHPOL1) نشانه بیان پروتئین مورد نظر بود (ا) در (ب). با روش الایزاکاکی درصد ترشح ذرات هیرید HBsAg-S بیشتر هیرید HBs-polytope در مقایسه با HBsAg-S در نتایج فکت سلول‌ها بررسی شد، (ج) ستون‌ها نمایانگر میانگین \pm انحراف معیار حاصل از سه ترانس‌فکت مختلف می‌باشند.

بیان و رونویسی پلاسمیدهای پلی‌توب غیر هیرید با HBsAg-S، (د) و RT-PCR با دو روش دات ایمونوبلات، (د) و mRNAs با دو روش دات ایمونوبلات، (د) و میکرولیتر از لیزات سلول‌های ترانس‌فکت شده (در این شکل با (pcPOL1) در دات بلاط (ردیف a، به ترتیب ستون‌های ۲، ۱ و ۳) تفاوت واضحی را با لکه‌های مربوط به سلول‌های غیرترانس‌فکته (ردیف b نشان داده اما شباهت نزدیکی با لکه‌های ناشی از ۱۰۰، ۲۰۰ و ۴ نانوگرم پپتید سنتیک (ردیف c، به ترتیب ستون‌های ۲، ۱ و ۳) که به عنوان کنترل مثبت در نظر گرفته شد، داشت. تکثیر mRNA سلول‌های ترانس‌فکت شده در RT-PCR نیز حضور باند ۱۵۰ نوکلئوتندی مربوط به بیان صحیح ژن‌های پلی‌توب ۲، ۱ و ۳ (به ترتیب ستون‌های ۲-۴) را نشان داد، در حالی که نمونه کنترل (ستون ۱) متعلق به سلول‌های ترانس‌فکت شده با پلاسمید بدون قطعه (pcDNA3.1) باند مربوطه را نداشت. ستون M نمایانگر باندهای پروتئینی با وزن مشخص است.

ویژگی که به واسطه پیدایش اپی‌توب‌های جدید بینایینی (Junc-tional) و نیز تاثیر بر پردازش اپی‌توب‌ها توسط پروتئازوم می‌تواند بر کارآیی پاسخ ایمنی موثر واقع شود (۵۱)، به کمک روش‌های ایمونو انفورماتیک قابل پیش‌بینی است. بر این اساس با استفاده از دو الگوریتم موجود در برنامه‌های Rankpep (۵۲) (جهت پیش‌بینی لیگاندهای MHC) و PAPProC (۵۳) (جهت پیش‌بینی برش پروتئازوم) از بین ۲۴ ترکیب موجود برای ۴ اپی‌توب در نظر گرفته شده در این تحقیق، ۳ ترکیب (شکل ۱) که اپی‌توب بینایینی کمتر و پردازش بهتری را نشان می‌دادند، انتخاب شدند. توالي‌های مذکور علاوه بر اینکه به تنهایی در وکتور ۱ می‌باشد، فیوژن آنها با ژن HBsAg-S نیز به طور جداگانه در این پلاسمید کلون شدند. کلیه شش پلاسمید ساخته شده توسط آنالیزهای آنژیمی و در نهایت تعیین توالي، مورد تایید قرار گرفتند.

بررسی بیان ژن‌های پلی‌توب
آنالیز پپتیدهای پلی‌توب به وسیله الگوریتم کامپیوتري وجود یک شاخص آنتی‌ژنیک سلول‌های B در پلی‌توب ۲ و ۳ و دو شاخص در پلی‌توب ۱ را مشخص کرد. نتایج الایزا نیز همسو با این پیش‌بینی، عبار بالاتر آنتی‌سرم پلی‌کلون خرگوشی علیه پلی‌توب ۱ را در سرم خرگوش‌های ایمن شده با پپتید سنتیک متناظر با این پلی‌توب در



شکل ۳: پاسخ DTH موش‌های این شده با سازه‌های ژنی پلی‌توب. سازه‌های BALB/c با پلاسمیدهای دکننده تراویف‌های مختلف توالي پلی‌توب متصل یا غیرمتصل به HBsAg-S این شدن. سه گفته بعد از آخرين تزریق موش‌ها توسط ۱۰ میکروگرم پیتید پلی‌توب صناعی و یا مخلوط سساوی از پیتیدهای اپی‌توبی E405 + C132 یا E614 + N1406 (شکل ۲ذ) به ترتیب در سطح ترجمه و رونویسی mRNA نشان داده شد. در دات بلات شباهت شدت رنگ لکه‌های مربوط به سلول‌های ترانس‌فکت شده با لکه‌های نمونه گذاری شده از پیتیدهای سنتیک (کترل مثبت) و تفاوت مشخص آنها با لکه‌های سلول‌های غیرترانس‌فکته (کترل منفی) حاکی از این پلاسمیدهای پلی‌توب در این سلول‌ها بود. هم‌چنین وجود باند ۱۵۰ نوکلئوتیدی ناشی از انجام RT-PCR بر روی RNA سلول‌های ترانس‌فکت شده با پلاسمیدهای پلی‌توب و عدم مشاهده این باند در نمونه سلول‌های ترانس‌فکت شده با پلاسمید بدون قطعه و نیز نمونه کترول فاقد آنزیم RT (در شکل نشان داده نشده است)، تایید کننده رونویسی از ژن‌های پلی‌توب مورد نظر بود.

بحث

واکسن‌های DNA پلی‌توب را می‌توان به عنوان نسل جدیدی از واکسن‌ها که دارای مزایای بالقوه زیادی می‌باشد، در نظر گرفت. اما از آنجا که در جریان جذب، پردازش و عرضه اپی‌توب‌های یک آنتی‌ژن، جزئیات مربوط به نحوه اثر و برش پروتئاز در درون سلول و نیز تاثیر اسیدهای آمینه مجاور بر پردازش یک اپی‌توب هنوز کاملاً مشخص نیست (۲۲)، و از طرف دیگر بیان پیتیدهای اپی‌توب به علت سنتیک بودن و فقدان ساختمان‌های دوم و سوم ضعیف می‌باشد (۲۳، ۲۷، ۲۸)، طراحی مناسب و به کارگیری تمهدیاتی جهت افزایش بیان و اینزای این نوع واکسن بسیار حائز اهمیت است. با توجه به موارد فوق نتایج این تحقیق نشان داد که در طراحی سازه‌های اپی‌توب علیه HCV، پیش‌بینی‌های ایمونونفورماتیک و نیز استفاده از راهکارهایی جهت بهینه‌سازی بیان و اینزای سازه‌ها می‌تواند به بیان مناسب و افزایش اینزای اپی‌توب‌های گنجانده شده در واکسن منجر شود. از جمله نکات در نظر گرفته شده در طراحی سازه‌های اپی‌توب، بهینه‌سازی کدون‌های ژنتیکی به منظور افزایش ترجمه در سلول‌های جانوری بود که می‌تواند در افزایش اینزای واکسن‌های DNA موثر باشد (۵۶). برای این منظور سکانس نوکلئوتیدی متاظر با سه توالي پلی‌توب طراحی شده با استفاده از برنامه Sequence Manipulation Suite (http://bio.dfci.harvard.edu/Tools/SMS/rev_trans.html)

و بر اساس جدول فراوانی کدون‌های انسانی (www.kazusa.org.jp/codon/) تعیین شد. تغییر کدون‌های ژنتیکی به کدون‌های رایج در سلول‌های جانوری بدون ایجاد تغییر در توالي اسیدهای آینه حاصله ابتدا به عنوان یکی از راههای افزایش بیان در سازه‌های حاوی ژن‌های باکتریائی مطرح بود و با توجه به اینکه ژن‌های ویروسی به طور طبیعی از ماشین

اگرچه تولید ذرات هیبرید HBs-polytope به مقدار زیاد در درون سلول صورت گرفته و با روش‌های وسترن‌بلاط و ایمونوفلورسانس تایید شد اما در مقایسه با ذرات HBsAg طبیعی (تولید شده توسط پلاسمید) pCH میزان ترشح ذرات هیبرید به محیط کشت کمتر بود (حدود ۳۰ درصد).

از آنجا که پیتیدهای پلی‌توب غیرهیبرید با اندازه HBsAg کوچک داشته (۴۰ آسید آمینه با وزن مولکولی حدود ۴ کیلو دالتون) و آنتی‌بادی مونوکلونال تجاری علیه آنها نیز در اختیار نبود، بیان آنها با استفاده از تکنیک‌های دات‌بلاط (شکل ۲ذ) و RT-PCR (شکل ۲ذ) به ترتیب در سطح ترجمه و رونویسی mRNA نشان داده شد. در دات بلات شباهت شدت رنگ لکه‌های مربوط به سلول‌های ترانس‌فکت شده با لکه‌های نمونه گذاری شده از پیتیدهای سنتیک (کترل مثبت) و تفاوت مشخص آنها با لکه‌های سلول‌های غیرترانس‌فکته (کترل منفی) حاکی از این پلاسمیدهای پلی‌توب در این سلول‌ها بود. هم‌چنین وجود باند ۱۵۰ نوکلئوتیدی ناشی از انجام RT-PCR بر روی RNA سلول‌های ترانس‌فکت شده با پلاسمیدهای پلی‌توب و عدم مشاهده این باند در نمونه سلول‌های ترانس‌فکت شده با پلاسمید بدون قطعه و نیز نمونه کترول فاقد آنزیم RT (در شکل نشان داده نشده است)، تایید کننده رونویسی از ژن‌های پلی‌توب مورد نظر بود.

پاسخ DTH در موش BALB/c

ارزیابی اولیه پاسخ اینتی‌بادی اپی‌توب‌های CTL DTH گنجانده شده در سازه‌های اپی‌توب با استفاده از آزمون پوستی *in vivo* (۴۲) - که یک روش استاندارد بررسی اینمی سلولی در - صورت گرفت. برای این منظور پس از تزریق پیتیدهای سنتیک پلی‌توب متناظر با تراویف‌های مختلف، مخلوط پیتیدهای متاظر با دو اپی‌توب موشی (H-2^d) یا مخلوط پیتیدهای متاظر با دو اپی‌توب (HLA-A2) به کف پای راست موش‌ها، پس از ۲۴ ساعت میزان تورم سرمه‌ای فیزیولوژی تزریق شده بود (شکل ۳).

در هر گروه واکسینه بین موش‌های تحریک شده با پیتید پلی‌توب یا مخلوط دو اپی‌توب موشی (E405+C132) و موش‌های تحریک شده با پیتید کترول (غیرمرتبط) تفاوت معنی‌داری مشاهده شد (p<0.01) که نشانه اختصاصی بودن پاسخ سلولی ایجاد شده اعلیه پیتید‌بلی توب و نیز مخلوط اپی‌توب‌های موشی بود. این در حالی بود که افزایش بر جستگی معنی‌دار در موش‌های تحریک شده با مخلوط اپی‌توب‌های انسانی (E614+N1406) مشاهده نشد. همچنین در مقایسه با گروه‌های کترول (واکسینه با پلاسمید pcDNA3.1، pCH و یا غیرواکسینه، با میانگین تورم ۰-۰.۰۳ میلی‌متر) گروه‌های درمان تحریک شده با پیتیدهای اپی‌توب یا مخلوط دو اپی‌توب موشی (با میانگین تورم ۰.۰۴/۰.۴۶ و ۰.۰۲/۰.۱۱ میلی‌متر) افزایش بر جستگی معنی‌داری را نشان دادند (p<0.01). نکه جالب توجه اینکه میانگین افزایش بر جستگی پا در گروه‌های اینمی شده با پلاسمیدهای pcHPOL1 (۰.۳۳ میلی‌متر)، pcHPOL2 (۰.۳۶ میلی‌متر) و pcHPOL3 (۰.۴۶ میلی‌متر) در مقایسه با گروه‌های واکسینه با پلاسمیدهای پلی‌توب مربوطه که فاقد ژن HBsAg-S بودند (۰.۰۳ میلی‌متر) نیز تفاوت معنی‌داری داشت (p<0.05).

در مقایسه با پروتئین طبیعی به میزان قابل توجهی (حدود ۷۰ درصد) کاهش یافته بود (شکل ۲ ج). این یافته با گزارش دیگری که میزان ترشح ذرات هیرید HBsAg-S متصل به پتید ۹۸ اسید آمینه‌ای را معادل HBsAg-S طبیعی یافته بود (۶۵) در تضاد است. بنابراین می‌توان نتیجه گرفت که احتمالاً میزان ترشح بیش از آنچه به اندازه نسبی قطعه متصل شده وابسته باشد، به انعطاف‌پذیری و انطباقی HBsAg-S با توالی افزوده شده ارتباط دارد.

در مجموع این نتایج احتمال تشکیل ذرات شبه ویروسی هیرید از پتید پلی‌توب با HBsAg-S، ولو به مقدار کم را مطرح می‌کند. این حال دست یابی به اطلاعات بیشتر در مورد کیفیت و کمیت تشکیل این نانو ذرات، مستلزم بررسی بیشتر آنها با استفاده از میکروسکوپ الکترونی است (۷۲).

انجام تست پوستی DTH در موش‌های BALB/c ایمن شده با سازه‌های پلی‌توب حاکی از کارایی این پلاسمیدها در تحریک سیستم ایمنی بود (شکل ۳). پاسخ DTH که تقریباً ۱۸ الی ۲۴ ساعت پس از تحریک شروع شده و تا ۹۶ ساعت ادامه یافت در حقیقت نشانه یک واکنش یادآور (Recall) بوده و از حساس شدن اختصاصی سلول‌های T قبل از تحریک با پتید سنتیک حکایت می‌کرد. بنابراین پاسخ مثبت DTH تایید دیگری بر بیان *in vivo* پلاسمیدهای پلی‌توب و نیز ایمنی زایی اولیه آنها بود. به علاوه پاسخ مثبت در قبال تحریک با مخلوط اپی‌توب‌های موشی (پتیدهای ۹-۱۱ اسید آمینه‌ای) پردازش این اپی‌توب‌های CTL به دنبال واکسیناسیون موش‌ها با DNA پلاسمیدی پلی‌توب را نشان داد. همان طور که انتظار می‌رفت فقدان پاسخ معنی دار در مقابله تحریک با اپی‌توب‌های انسانی نیز ناشی از ناتوانی موش‌های H-2^d (BALB/c) در شناسایی و عرضه اپی‌توب‌های HLA-A2 بود. نکته جالب توجه اینکه بر خلاف چشم‌گیر بودن میزان ترشح ذرات هیرید HBs-polytope در این مطالعه، در تایید گزارش‌های قبلی مبنی بر اثر افزایشی S HBsAg بر پاسخ آنتی‌بادی و CTL علیه آنتی‌ژن‌های کامل (۶۵، ۷۳) افزایش معنی دار پاسخ ایمنی (p<0.05) علیه سازه‌های پلی‌توب متعلق به HBsAg-S مشاهده شد (شکل ۳) که تاکیدی بر کارایی بهتر آمیزه دو تکنولوژی پلی‌توب و VLP است. این افزایش ایمنی زایی می‌تواند به علت تحریک سلول‌های Th علیه اپی‌توب‌های کمکی HBsAg و کمک آنها به پاسخ سلول‌های CTL اختصاصی و با بیان بیشتر پلی‌توب‌های هیرید باشد. اضافه بر آنکه همان مقدار کم ترشح ذرات هیرید نیز موجب برداشت و عرضه بهتر اپی‌توب‌ها توسط سلول‌های عرضه کننده آنتی‌ژن خواهد بود.

اگرچه نتایج آزمون DTH ایمنی زایی پیشتر پلاسمیدهای بیان کننده تراالف ۳ پلی‌توبی (pcPOL3) و (pcHPOL3) را نسبت به دو تراالف دیگر نشان داد ولی نتیجه گیری قطعی در این باره نیازمند انجام ارزیابی‌های دقیق‌تر با استفاده تکنیک‌های نوین می‌باشد.

نتیجه گیری

مطالعه حاضر مراحل گام به گام تهیه یک واکسن چند اپی‌توبی را از مرحله انتخاب اپی‌توبها و طراحی *in silico* تا ساخت و ارزیابی‌های *in vitro* و *in vivo* نشان داده و با توجه به هزینه و مشکلات کار با حیوان ترا ریخته، که مدل مناسب برای سنجش این نوع واکسن است، بر استفاده از روش‌های ارزیابی آزمایشگاهی و نیز سنجش اولیه این نوع واکسن در حیوان معمول (موش BALB/c) تکیه می‌کند. هم‌چنین نتایج این تحقیق نشان می‌دهد که با توجه به مشکلات ناشی

ترجمه سلول‌های جانوری استفاده می‌کنند، این بهینه‌سازی کدون در مورد ژن‌های ویروسی، ضروری به نظر نمی‌رسید. اما اخیراً اثر افزایشی این روش در مورد بیان توالی‌های نوکلوتیدی با منشأ ویروسی نیز به اثبات رسیده است (۵۷، ۵۸).

استفاده از پرومومتر قارتمند CMV که برتری آن در مقایسه با پرموموتراهای مختلف جانوری قبل نشان داده شده است (۵۹-۶۱) و نیز طراحی توالی Kozak ACCATGG (۶۲) در ابتدای هر ژن از دیگر تمیه‌های کار رفته برای افزایش بیان بوده‌اند. هم‌چنین با هدف بررسی اثر افزاینده توالی‌های سازنده ذرات شبه ویروسی (VLP) بر اینمی‌زایی پتیدهای پلی‌توب از اتصال ژن HBsAg-S با توالی HBsAg-S با این خود می‌تواند افزایش بیان پلی‌توب در برخی از سازه‌ها استفاده شد که این تفاوت بیان در مطالعه حاضر برسی نشده است. گزارش‌ها نشان می‌دهد که استفاده از ذرات هیرید VLP به عنوان ناقلين آنتی‌ژنی با مکانیسم‌های مختلف از جمله عرضه بهتر آنتی‌ژن توسط سلول‌های عرضه کننده (APC) می‌تواند موجب افزایش پاسخ ایمنی گردد (۶۴، ۶۳). HBsAg-S با داشتن ذخیره غنی از اپی‌توب‌های کمکی (Th)، قابلیت ترشح بیشتر و طولانی‌تر و نیز داشتن مجوز استفاده برای واکسیناسیون جهانی علیه بیماری هپاتیت بی (۶۵، ۶۶)، در بین توالی‌های سازنده ذرات شبه ویروسی، گزینه مناسبی را به منظور انتقال و عرضه اپی‌توب‌های خارجی به سیستم ایمنی ارایه می‌کند. لوب هیدروفیل خارجی موجود در ساختمان سه بعدی این ذرات - که اپی‌توب اصلی مناسب برای را نیز در خود جای داده است - اگرچه به عنوان محلی مناسب برای افزودن آنتی‌ژن‌های خارجی استفاده شده (۶۷، ۶۸) اما بیشتر باعث تحریک پاسخ هومورال علیه این آنتی‌ژن‌ها شده است. به علاوه آنتی‌ژن‌های افزوده شده به این ناحیه و نیز انتهای آمینی پروتئین اغلب باعث کاهش ترشح ذرات شده‌اند (۷۱-۶۹). بنابراین طراحی مطالعه حاضر طوری صورت گرفت که با اتصال توالی‌های پلی‌توب به انتهای ژن HBsAg-S پتیدهای پلی‌توب در قالب قرائت ژن HBsAg-S به صورت متصل به انتهای کربوکسیل آن بیان شوند.

مطالعات قبلی نشان داده‌اند که بیان ذرات نوترکیب HBsAg در سلول‌های جانوری، برخلاف بیان آنها در مخمر موجب گلیکوزیله شدن نسبی پروتئین و پیدایش یک باند دو گانه (Doublet) در وسترن بلاست می‌گردد که شاخص بیان HBsAg بوده و باند سنگین تر با اختلاف وزن حدود ۳ کیلو Dalton به دنبال تیمار با آنزیم اندو گلیکوزیلیاز از بین می‌رود (۵۴). در نتیجه وسترن بلاست این مطالعه، مشاهده شاخص باند دو گانه مذکور با اختلاف اندازه حدود ۳ کیلو Dalton نشان داد که همانند HBsAg طبیعی، احتمالاً پروتئین هیرید HBs-polytope نیز تحت عمل گلیکوزیلایسیون قرار گرفته و به این ترتیب اتصال پتید پلی‌توب به انتهای کربوکسیل پروتئین سطحی ویروس هپاتیت بی، در اختلال و روند اصلاحات پس از ترجمه این ذرات ایجاد اختلال نکرده است.

در برخی گزارش‌ها نشان داده شده بود که افزایش طول پروتئین HBsAg می‌تواند مانع از شکل‌گیری ذرات VLP گردد و به این ترتیب طول قطعه اضافه شده به عنوان عامل اصلی تعیین کننده میزان ترشح ذرات معرفی شده بود (۶۶، ۷۰). با توجه به این موارد در تحقیق حاضر سعی شد که با کاهش طول قطعه پلی‌توب به ۴۰ اسید آمینه کمترین تداخل با روند طبیعی تشکیل ذرات و ترشح آنها ایجاد شود. اما در کمال تعجب علیرغم بیان درون سلولی پروتئین هیرید و تائید آن با روش‌های مختلف (شکل ۲ الف و ب)، ترشح ذرات هیرید

موجود در واکسن با هدف به دست آوردن دیدگاه عمیق تر نسبت به پردازش و عرضه اپی توپ‌ها و تاثیر ترادف آنها، بر روی موش ترا ریخته دارای HLA-A2.1 در حال انجام است.

تقدیر و تشکر

کلیه هزینه‌های این تحقیق توسط انتستیتوپاستور ایران تامین شده است.

References

- Gruener NH, Gerlach JT, Jung MC, Diepolder HM, Schirren CA, Schraut WW, et al. Association of hepatitis C virus-specific CD8+T cells with viral clearance in acute hepatitis C. *J Infect Dis.* 2000; 181: 1528-1536.
- Lechner F, Wong DK, Dunbar PR, Chapman R, Chung RT, Dohrenwend P, et al. Analysis of successful immune responses in persons infected with hepatitis C virus. *J Exp Med.* 2000; 191: 1499-1512.
- Cooper S, Erickson AL, Adams EG, Kansopon J, Weiner AJ, Chien DY, et al. Analysis of a successful immune response against hepatitis C virus. *Immunity.* 1999; 10: 439-449.
- Kundig TM, Bachmann MF, Oehen S, Hoffman UW, Simard JJL, Kalberer CP, et al. On the role of antigen in maintaining cytotoxic T-cell memory. *Proc Natl Acad Sci USA.* 1996; 93: 9716-9723.
- Shoukry NH, Grakoui A, Houghton M, Chien DY, Ghayreab J, Reimann KA, et al. Memory CD8+ T cells are required for protection from hepatitis C virus infection. *J Exp Med.* 2003; 197:1645-1655.
- Vertuani S, Bazzaro M, Gualandi G, Micheletti F, Maraston M, Fortini C, et al. Effect of interferon-alpha therapy on epitope-specific cytotoxic T lymphocyte responses in hepatitis C virus-infected individuals. *Eur J Immunol.* 2002; 32: 144-154.
- Gremion C, Cerny A. Hepatitis C virus and the immune system: a concise review. *Rev Med Virol.* 2005; 15: 235-268.
- Simmonds P. Viral heterogeneity of the hepatitis C virus. *J Hepatol.* 1998; 31: 54-60.
- Zein NN. Clinical significance of HCV genotypes. *Clin Microbiol Rev.* 2000; 13(2): 223-235.
- Erickson AL, Kimura Y, Igarashi S, Eichelberger J, Houghton M, Sidney J, et al. The outcome of hepatitis C virus infection is predicted by escape mutations in epitopes targeted by cytotoxic T lymphocytes. *Immunity.* 2001; 15: 885-895.
- Fynan EF, Webster RG, Fuller DH, Haynes JR, Santoro JC, Robinson HL. DNA vaccines: protective immunization by parenteral, mucosal and gene-gun inoculations. *Proc Natl Acad Sci USA.* 1993; 90: 11478-11482.
- Cui Z. DNA vaccine. *Adv Genet.* 2005; 54: 257-289.
- Li X, Yang X, Jiang Y, Liu J. A novel HBV DNA vaccine based on T cell epitopes and its potential therapeutic effect in HBV transgenic mice. *Int Immunol.* 2005; 17(10): 1293-1302.
- Chen M, Sallberg M, Sonnerborg A, Weiland O, Mattsson L, Jin L, et al. Limited humoral immunity in hepatitis C virus infection. *Gastroenterology.* 1999; 116:135-43.
- Kleinerman P, Zinkernagel RM. Original antigenic sin impairs cytotoxic T lymphocyte responses to viruses bearing variant epitopes. *Nature.* 1998; 394(6692): 482-485.
- Rimmelzwaan GF, Boon AC, Voeten JT, Berkhoff EG, Fouchier RA, Osterhaus AD. Sequence variation in the influenza A virus nucleoprotein associated with escape from cytotoxic T lymphocytes. *Virus Res.* 2004; 103(1-2): 97-100.
- Takada A, Kawaoka Y. Antibody-dependent enhancement of viral infection: molecular mechanisms and in vivo implications. *Rev Med Virol.* 2003; 13(6): 387-398.
- Yao ZQ, Eisen-Vandervelde A, Waggoner SN, Cale EM, Hahn YS. Direct binding of hepatitis C virus core to gC1qR on CD4+ and CD8+ T cells leads to impaired activation of Lck and Akt. *J Virol.* 2004; 78(12):6409-6419.
- Sarobe P, Lasarte JJ, Casares N, Lopez-Diaz de CA, Baixeras E, Labarga P, et al. Abnormal priming of CD4(+) T cells by dendritic cells expressing hepatitis C virus core and E1 proteins. *J Virol.* 2002; 76(10): 5062-5070.
- Crotta S, Still A, Wack A, D'Andrea A, Nuti S, D'Oro U, et al. Inhibition of natural killer cells through engagement of CD81 by the major hepatitis C virus envelope protein. *J Exp Med.* 2002; 195(1): 35-41.
- Dolganuc A, Kodys K, Kopasz A, Marshall C, Do T, Romics L, Jr. et al. Hepatitis C virus core and nonstructural protein 3 proteins induce pro- and anti-inflammatory cytokines and inhibit dendritic cell differentiation. *J Immunol.* 2003; 170(11): 5615-5624.
- Suhrbier A. Polytope vaccines for the co delivery of multiple CD8 T-cell epitopes. *Expert Rev Vaccines.* 2002; 1(2): 207-213.
- Woodberry T, Gardner J, Mateo L, Eisen D, Medveczky J, Ramshaw IA, et al. Immunogenicity of a human immunodeficiency virus (HIV) polytope vaccine containing multiple HLA A2 HIV CD8+ cytotoxic T-cell epitopes. *J Virol.* 1999; 73(7): 5320-5325.
- Doan T, Herd K, Ramshaw I, Thomson S, Tindle RW. A polytope DNA vaccine elicits multiple effector and CTL responses and protects against human papillomavirus 16 E7-expressing tumour. *Cancer Immunol Immunother.* 2005; 54: 157-71.
- Wilson CC, McKinney D, Anders M, MaWhinney S, Forster J, Crimi C, et al. Development of a DNA vaccine designed to induce cytotoxic T lymphocyte responses to multiple conserved epitopes in HIV-1. *J Immunol.* 2003; 171: 5611-23.
- Shinoda K, Xin KQ, Jounai N, Kojima Y, Tamura Y, Okada E, et al. Polygene DNA vaccine induces a high level of protective effect against HIV-vaccinia virus challenge in mice. *Vaccine.* 2004; 22: 3676-3690.
- Thomson SA, Khanna R, Gardner J, Burrows SR, Coupar B, Moss DJ, et al. Minimal epitopes expressed in a recombinant polyepitope protein are processed and presented to CD8+ cytotoxic T cells: Implications for vaccine design. *Proc Natl Acad Sci USA.* 1995; 92:

- 5845-5849.
28. Thomson SA, Elliott SL, Sherritt MA, Sproat KW, Coupar BE, Scalzo AA, et al. Recombinant polyepitope vaccines for the delivery of multiple CD8 cytotoxic T cell epitopes. *J Immunol.* 1996; 157: 822-826.
 29. Bergmann CC, Yao Q, Ho CK, Buckwold SL. Flanking residues alter antigenicity and immunogenicity of multi-unit CTL epitopes. *J Immunol.* 1996; 157: 3242-3249.
 30. Shirai M, Chen M, Arichi T, Masaki T, Nishioka M, Newman M, et al. Use of an intrinsic and extrinsic helper epitopes for in vivo induction of anti-hepatitis C virus cytotoxic T lymphocytes (CTL) with CTL epitope peptide vaccines. *J Infect Dis.* 1996; 173: 24.
 31. Wentworth PA, Vitiello A, Sidney J, Keogh E, Chesnut RW, Grey H, et al. Differences and similarities in the A2.1-restricted cytotoxic T cell repertoire in humans and human leukocyte antigen-transgenic mice. *Eur J Immunol.* 1996; 26: 97.
 32. Leroux-Roels G. Development of prophylactic and therapeutic vaccines against hepatitis C virus. *Expert Rev Vaccines.* 2005; 4(3): 351-371.
 33. Martin P, Inchauspé G. Hepatitis C vaccines. *Drug Disco Today: Therap Strategies.* 2006; 3(2): 203-209.
 34. Yusim K, Richardson R, Tao N, Szinger JJ, Funkhouser R, Korber B, et al. The Los Alamos Hepatitis C Immunology Database. *Appl Bioinformatics.* 2005; 4: 217-225.
 35. Horton RM, Hunt HD, Ho SN, Pullen JK, Pease LR. Engineering hybrid genes without the use of restriction enzymes: gene splicing by overlap extension. *Gene.* 1989; 77(1): 61-68.
 36. Carter JM. Production of anti-peptide antisera. In: Coligan J, Bierer B, Margulies D, Shevach E, Strober W, editors. *Current protocols in immunology.* New York: John Wiley & Sons Inc. 2006; P 9.3.1-9.3.16.
 37. Towbin H, Staehelin T, Gordon J. Electrophoretic transfer of proteins from polyacrylamide gels to nitrocellulose sheets: procedure and some applications. *Bio-technology.* 1992; 24: 145-149.
 38. Loi PK, McGraw HF, Tublitz NJ. Peptide detection in single cell using a dot immunoblot assay. *Peptides.* 1997; 18: 749-753.
 39. Radhakrishnan S, Abraham P, Sridharan G. Improved sensitivity of reverse transcriptase polymerase chain reaction for hepatitis C virus using random hexamer primers. *Diagn Microbiol Infect Dis.* 1999; 33: 153-156.
 40. Sambrook J, Russell DW. Analysis of gene expression in cultured mammalian cells. In: Sambrook J, Russell DW, editors. *Molecular cloning, a laboratory manual.* Third ed. New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press. 2001; 17: 48-17.51.
 41. Leenars PPAM, Hendriksen CFM, de Leeuw WA, Carat F, Delahaut P, Fischer R. The production of polyclonal antibodies in laboratory animals, the report and recommendations of ECVAM workshop 35. ATLA abstracts. 1999; 27: 79-102.
 42. Kundig TM, Althage A, Hengartner H, Zinkernagel RM. Skin test to assess virus-specific cytotoxic T-cell activity. *Proc Natl Acad Sci USA.* 1992; 89: 7757-7761.
 43. Gulukota K, DeLisi C. HLA allele selection for designing peptide vaccines. *Genet Anal.* 1996; 13: 81-86.
 44. Sarobe P, Huarte E, Lasarte JJ, de Cerio L, Garcia N, Borràs-Cuesta F, et al. Characterization of an immunologically conserved epitope from hepatitis C virus E2 glycoprotein recognized by HLA-A2 restricted cytotoxic T lymphocytes. *J Hepatol.* 2001; 34: 321-329.
 45. Shirai M, Arichi T, Nishioka M, Nomura T, Ikeda K, Kawanishi K, et al. CTL responses of HLA-A2.1-transgenic mice specific for hepatitis C viral peptides predict epitopes for CTL of humans carrying HLA-A2.1. *J Immunol.* 1995; 154: 2733-2742.
 46. Lohr HF, Schmitz D, Arenz M, Weyer S, Gerken G, Meyer zum Büschenfelde KH. The viral clearance in interferon-treated chronic hepatitis C is associated with increased cytotoxic T cell frequencies. *J Hepatol.* 1999; 31: 407-415.
 47. Himoudi N, Abraham JD, Fournillier A, Lone YC, Joubert A, De Beeck AO, et al. Comparative vaccine studies in HLA-A2.1-transgenic mice reveal a clustered organization of epitopes presented in hepatitis C virus natural infection. *J Virol.* 2002; 76(24): 12735-12746.
 48. Park SH, Yang SH, Lee CG, Youn JW, Chang J, Sung YC. Efficient induction of T helper 1 CD4+ T-cell responses to hepatitis C virus core and E2 by a DNA prime-adenovirus boost. *Vaccine.* 2003; 21: 4555-4564.
 49. Thimme R, Oldach D, Chang KM, Steiger C, Ray SC, Chisari FV. Determinants of viral clearance and persistence during acute hepatitis C virus infection. *J Exp Med.* 2001; 19: 1395-1406.
 50. Yewdell JW. Confronting complexity: real-world immunodominance in antiviral CD8+ T cell responses. *Immunity.* 2006; 25: 533-543.
 51. Sette A, Livingston B, McKinney D, Appella E, Fikes J, Sidney J, et al. The development of multi-epitope vaccines: epitope identification, vaccine design and clinical evaluation. *Biologicals.* 2001; 29: 271-276.
 52. Reche PA, Glutting JP, Reinherz EL. Prediction of MHC class I binding peptides using profile motifs. *Hum Immunol.* 2002; 63: 701-709.
 53. Kuttler C, Nussbaum AK, Dick TP, Rammensee HG, Schild H, Hadeler KP. An algorithm for the prediction of proteasomal cleavages. *J Mol Biol.* 2000; 298: 417-429.
 54. Yu D, Amano C, Fukuda T, Yamada T, Kuroda S, Tanizawa K, et al. The specific delivery of proteins to human liver cells by engineered bio-nanocapsules. *FEBS J.* 2005; 272(14): 3651-3660.
 55. Sureau C, Fournier-Wirth C, Maurel P. Role of N glycosylation of hepatitis B virus envelope proteins in morphogenesis and infectivity of hepatitis delta virus. *J Virol.* 2003; 77: 5519-5523.
 56. Ulmer JB, Wahren B, Liu MA. Gene-based vaccines: recent technical and clinical advances. *Trends Mol Med.* 2006; 12(5): 216-222.
 57. Andre S, Seed B, Erberle J, Schraut W, Bultmann A, Haas J. Increased immune response elicited by DNA vaccination with a synthetic gp 120 sequence with optimized codon usage. *J Virol.* 1998; 72: 1497-1503.
 58. Deml L, Bojak A, Steck S, Graf M, Wild J, Schirmbeck R, et al. Multiple effects of codon usage optimization on expression and immunogenicity of DNA candidate vaccines encoding the human immunodeficiency virus type 1 Gag protein. *J Virol.* 2001; 75(22): 10991-11001.
 59. Galvin TA, Muller J, Khan AS. Effect of different promoters on immune responses elicited by HIV-1 gag/env multigenic DNA vaccine in Macaca mulatta and Macaca nemestrina. *Vaccine.* 2000; 18: 2566-2583.
 60. Xiang ZQ, Spitalnik SL, Cheng J, Erickson J, Wojcik B, Ertl HCG. Immune responses to nucleic acid vaccines to rabies virus. *Virology.* 1995; 209: 569-579.
 61. Xu Z-L, Mizuguchi H, Ishii-Watabe A, Uchida E, Mayumi T, Hayakawa T. Optimization of transcriptional

- regulatory elements for constructing plasmid vectors. *Gene.* 2001; 272: 149-156.
62. Garmory HS, Brown KA, Titball RW. DNA vaccines: improving expression of antigens. *Genet Vaccines Ther.* 2003; 1(1): 2-14.
63. Jin H, Xiao W, Xiao C, Yu Y, Kang Y, Du X, et al. Protective immune responses against foot-and-mouth disease virus by vaccination with a DNA vaccine expressing virus-like particles. *Viral Immunol.* 2007; 20(3): 429-440.
64. Wong SB, Siliciano RF. Contribution of virus-like particles to the immunogenicity of human immunodeficiency virus type 1 Gag-derived vaccines in mice. *J Virol.* 2005; 79(3): 1701-1712.
65. Baez-Astua A, Herraez-Hernandez E, Garbi N, Pasaolli HA, Juarez V, Zur HH, et al. Low-dose adenovirus vaccine encoding chimeric hepatitis B virus surface antigen-human papillomavirus type 16 E7 proteins induces enhanced E7-specific antibody and cytotoxic T-cell responses. *J Virol.* 2005; 79(20): 12807-12817.
66. Woo WP, Doan T, Herd K, Netter HJ, Tindle R. Hepatitis B surface antigen vector delivers protective cytotoxic T-lymphocyte responses to disease-relevant foreign epitopes. *J Virol.* 2006; 80(8): 3975-3984.
67. Netter HJ, Macnaughton TB, Woo WP, Tindle R. Antigenicity and immunogenicity of novel chimeric hepatitis B surface antigen particles with exposed hepatitis C virus epitopes. *J Virol.* 2001; 75(5): 2130-2141.
68. Michel ML, Mancini M, Sobczak E, Favier V, Guetard D, Bahraoui EM et al. Induction of anti-human immunodeficiency virus (HIV) neutralizing antibodies in rabbits immunized with recombinant HIV-hepatitis B surface antigen particles. *Proc Natl Acad Sci USA.* 1988; 85: 7957-7961.
69. Lee IH, Kim CH, Ryu WS. Presentation of the hydrophilic domains of hepatitis C viral E2 envelope glycoprotein on hepatitis B surface antigen particles. *J Med Virol.* 1996; 50(2): 145-151.
70. Delpeyroux F, Chenciner N, Lim A, Lambert M, Malpice Y, Streeck RE. Insertions in the hepatitis B surface antigen. Effect on assembly and acretion of 22-nm particles from mammalian cells. *J Mol Biol.* 1987; 195: 343-350.
71. Delpeyroux F, Van Wezel F, Blondel B, Crainic R. Structural factors modulate the activity of antigenic poxvirus sequences expressed on hybrid hepatitis B surface antigen particles. *J Virol.* 1990; 64: 6090-6100.
72. Berkower I, Raymond M, Muller J, Spadaccini A, Aberdeen A. Assembly, structure and antigenic properties of virus-like particles rich in HIV-1 envelope gp120. *Virology.* 2004; 321: 75-86.
73. Wunderlich G, Moura IC, del Portillo HA. Genetic immunization of BALB/c mice with a plasmid bearing the gene coding for a hybrid merozoite surface protein 1-hepatitis B virus surface protein fusion protects mice against lethal Plasmodium chabaudi chabaudi PC1 infection. *Infect Immun.* 2000; 68(10): 5839-5845.

Original Article

Designing, Constructing and Immunogenic Evaluation of Polytope DNA Constructs by the Application of Hepatitis C Virus Immunodominant Epitopes in BALB/c Mice

Arash Memarnejadian, Ph.D., Farzin Roohvand, Ph.D.*¹, Arash Arashkia, Ph.D.,
Farideh Berjisian, B.Sc., Mohammad Reza Aghasadeghi, Ph.D.

Hepatitis and AIDS Department, NRGB Lab, Pasteur Institute of Iran, Tehran, Iran

* Corresponding Address: P.O.Box: 1316943551, Hepatitis and AIDS Department, NRGB Lab, Pasteur Institute of Iran,
Tehran, Iran
Email: rfarzin@pasteur.ac.ir

Received: 26/May/2008, Accepted: 11/Nov/2008

Abstract

Objective: Polytope DNA vaccines, capable of focusing the cytotoxic T lymphocyte (CTL) response on critical epitopes, represent a promising approach in HCV immunotherapy. Nevertheless, due to controversial rules governing epitope processing and the low level expression/immunogenicity of recombinant polytope peptides, designing and primary expression/immunogenicity analysis of these vaccine types should be the first consideration prior to costly transgenic animal studies.

Materials and Methods: Four HLA-A2 and H-2^d restricted CTL epitopes were selected and designed in three appropriate sequential tandems based on epitope and proteasomal cleavage predictions. The related nucleotide sequences were synthesized using SOEing PCR method and cloned into a pcDNA3.1 vector, either alone or fused to the small hepatitis B surface antigen (HBsAg-S) gene. Following the preparation of polyclonal anti-sera, expression/secretion of polytopes was evaluated in Cos-7 cells by using immunofluorescence, Western-blot, dot blot, ELISA and RT-PCR techniques. The immunogenicity of the plasmids was also assessed through the delayed-type hypersensitivity (DTH) assay in BALB/c mice.

Results: Due to in silico designs and optimizations, the polytope products of constructed plasmids were efficiently detected *in vitro* through common techniques and HBsAg-S-based particles were shown to be secreted into the culture media (up to 30%). Moreover, all plasmids were able to efficiently induce a positive DTH response while HBsAg-S fusion constructs indicated a significant immunopotential effect towards the incorporated mouse epitopes.

Conclusion: Designed polytope constructs of this study are efficiently expressed and processed. They have the required initial potency for further immunogenicity analysis in transgenic mice.

Keywords: Epitope, Hepatitis C Virus, DNA Vaccine, Cytotoxic T-Lymphocytes

Yakhteh Medical Journal, Vol 11, No 2, Summer 2009, Pages: 122-133