

Evaluation of Modification in M2 gene of Influenza H1N1 virus in expression in BL21 E-coli

Fatemeh Jafarinejad¹, Mojgan Bandehpour^{2*}, Shiva Sadat Gheflat³, Bahram Kazemi^{4,5}

1. Department of Biology, Azad University of Ahar, Ahar, Iran

2. Department of Biochemistry, School of Advanced Technologies in Medicine, Shahid Beheshti University of Medical Sciences, Tehran, Iran

3. Cellular & Molecular Biology Research Center, Shahid Beheshti University of Medical Sciences, Tehran, Iran

4. Cellular & Molecular Biology Research Center, Shahid Beheshti University of Medical Sciences, Tehran, Iran

5. Biotechnology Department, School of Advanced Biotechnologies, Shahid Beheshti University of Medical Sciences, Tehran, Iran

(Received: 2015/10/20 Accept: 2016/2/3)

Abstract

Background: This research was carried out for a by considering gene sequence and each amino acid codon in host, which express protein in order of probable vaccine production against influenza A, a major cause of mortality in a year. M2 protein is conserved and it can be a proper candidate vaccine for influenza infection.

Materials and Methods: Present research was an experimental study. The sequence of M2 protein of Iran influenza virus H1N1 strain was modified and synthesized. It was subcloned into pET22b vector recombinant protein and expressed in BL21 E-coli and confirmed with specific antibody by western blot technique.

Results: The modified M2 gene was expressed in E-coli. The concentration of it was 300µg/ml and it was confirmed by western blotting with specific antibody.

Conclusion: Influenza M2 protein with modification in sequence could be expressed in BL21 E-coli host.

Keywords: Cloning, Influenza virus, Protein expression, M2 protein, genetic modification, pET22b

* Corresponding author: Mojgan Bandehpour
m. bandehpour@sbmu. ac. ir

بررسی تغییر ژن پروتئین M2 ویروس آنفلوانزا H1N1 در بیان آن در باکتری Ecoli سویه BL21

فاطمه جعفری نژاد^۱، مژگان بنده پور^{۲*}، شیوا سادات غفلت^۳، بهرام کاظمی^۴

- ۱- دانشجوی کارشناسی ارشد، گروه زیست‌شناسی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد اهر، اهر، ایران
- ۲- دانشیار، بخش بیوتکنولوژی، دانشکده فناوری‌های نوین پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی، تهران، ایران
- ۳- مرکز تحقیقات بیولوژی سلولی و مولکولی، دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی، تهران، ایران
- ۴- استاد، مرکز تحقیقات بیولوژی سلولی و مولکولی، دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی، تهران، ایران
- ۵- بخش بیوتکنولوژی، دانشکده فناوری‌های نوین پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی، تهران

تاریخ پذیرش مقاله: ۱۳۹۴/۱۱/۱۴

تاریخ دریافت مقاله: ۱۳۹۴/۷/۲۸

چکیده

مقدمه: با توجه به اهمیت توالی ژن و کدون‌های مربوط به هر اسید آمینه در میزان بیان کننده پروتئین، همچنین برای تولید احتمالی واکسن علیه آنفلوانزا A، یکی از عوامل اصلی مرگ و میر سالانه در جهان، این تحقیق انجام گرفته است. پروتئین M2 حفاظت شده است و بعد از تغییر در توالی آن به نظر می‌رسد هدف مناسبی برای تولید واکسن آنفلوانزا در نظر گرفته شود.

روش بررسی: تحقیق به روش تجربی انجام شد. توالی ژن M2 از ویروس سویه H1N1 ایران انتخاب و بعد از اعمال تغییر برای بیان بهتر در باکتری *E. coli* سنتز شد. سپس در وکتور pET22b ساب کلون شد. پروتئین نو ترکیب در باکتری *E. coli* سویه BL21DE3 بیان و از آنتی بادی اختصاصی در روش وسترن بلات برای تأیید آن استفاده شد.

یافته‌ها: *E. coli* با تغییر اعمال شده قادر به بیان پروتئین M2 با غلظت ۳۰۰ میکروگرم در هر میلی لیتر بود و با آنتی بادی اختصاصی نیز ماهیت آن تأیید شد.

نتیجه‌گیری: پروتئین M2 ویروس آنفلوانزا با تغییرهایی در توالی آن در باکتری *E. coli* سویه BL21 قابل بیان است.

واژگان کلیدی: کلونینگ، ویروس آنفلوانزا، بیان پروتئین، پروتئین M2، تغییر ژنتیکی، pET22b

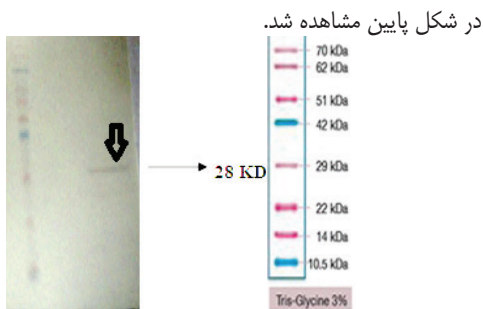
مقدمه

ارگانسیم آنالیز شد که زمان مکس هر کدون در ترجمه و اثر ترافیک ریبوزوم‌ها را شامل می‌شود. بنابراین یک ارتباط معنادار بین غلظت tRNA و زمان مکس کدون‌ها هم در پروکاریوت‌ها و هم در یوکاریوت‌ها در شرایط طبیعی وجود دارد (۳، ۴، ۵). با این توضیح‌ها در این مقاله برای بیان بالای پروتئین نو ترکیب M2 ویروس آنفلوانزا تغییرهایی برای کدون‌های قابل شناسایی در باکتری *E. coli* داده شد. چرا که بیماری‌های تنفسی در جهان بیش از نیمی از موارد بیماری‌های حاد را تشکیل می‌دهند. در این میان ارتو میکزوویروس (ویروس آنفلوانزا) عامل مهمی در ایجاد بیماری و مرگ ناشی از بیماری‌های تنفسی به شمار می‌آید (۶). این پروتئین به‌عنوان هدفی برای تهیه واکسن‌های مؤثر است که توانایی القای ایمنی در برابر سویه‌های مختلف آنفلوانزا را دارد. پروتئین ماتریکس ۲ (M2) یک پروتئین بین‌غشایی با ۹۷ اسید آمینه به شکل هموترامر با پیوندهای دی سولفید است که در غشای پلاسمایی سلول‌های آلوده به ویروس با چگالی بالا که شبیه مولکول HA است بیان

امروزه تولید پروتئین‌های نو ترکیب در علم بیولوژی، پزشکی و داروسازی یکی از ابعاد مهم را به خود اختصاص داده است. استفاده از سیستم‌های مختلف یوکاریوتیک و پروکاریوتیک به این منظور مورد بهره‌برداری قرار گرفته‌اند. یکی از سیستم‌های پروکاریوت در بیان پروتئین نو ترکیب، استفاده از باکتری اشریشیا کولای با موتاسیون‌های متفاوت است. بین پدیده‌هایی چون درصد GC در DNA ژنومی، کدون‌های شناسایی شونده در هر میزبان و سطح بیان ژن ارتباط قوی وجود دارد. محققان به نام Knight و همکاران روی الگوی استفاده کدون در تعداد زیادی از گونه‌ها (۳۱۱ پروکاریوت، ۲۸ آرکی و ۲۵۷ یوکاریوت) تحقیق کردند و مدل قابل پیش‌بینی از بیان پروتئین نو ترکیب را به‌دست آوردند (۱، ۲). انتخاب صحیح کدون‌ها براساس میزبان هدف از نظر نوع tRNAهای موجود نیز اهمیت دارد. در تحقیقی که از سوی Alexander Tamir Tuller و Dana انجام شد داده‌هایی براساس پروفایل ریبوزوم برای چهار

نویسنده مسئول: دکتر مژگان بنده‌پور

m.bandehpour@smbu.ac.ir



شکل ۵: باند ۲۸ KD حاصل از تأیید پروتئین با آنتی بادی اختصاصی بحث:

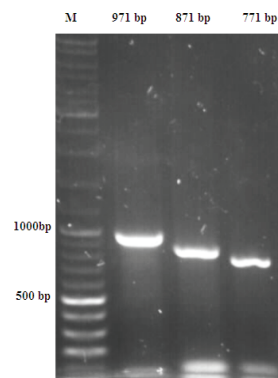
برای بیان پروتئین نوترکیب به طور معمول از سلول‌های باکتریایی مشخصی استفاده می‌شود که علاوه بر بیان بالا هیچ‌گونه تغییری در ساختار آن ایجاد نکنند. متداول‌ترین میزبان بیانی از سویه‌های E. coli، BL21 است. این سویه از B. E. coli دارای مزایای زیادی برای تولید پروتئین نوترکیب است. بین پدیده‌هایی چون درصد GC در DNA ژنومی، کدون‌های شناسایی شونده در هر میزبان و سطح بیان ژن ارتباط قوی وجود دارد. محققین به نام Knight و همکاران روی الگوی استفاده کدون در تعداد زیادی از گونه‌ها (۳۱۱ پروکاریوت، ۲۸ آرکی و ۲۵۷ یوکاریوت) تحقیق کردند و مدل قابل پیش‌بینی از بیان پروتئین نوترکیب را به دست آوردند. (۱، ۲، ۳) انتخاب صحیح کدون‌ها براساس میزبان هدف از نظر نوع tRNAهای موجود نیز اهمیت دارد. در تحقیقی که از سوی Alexander Dana و Tamir Tuller انجام شد داده‌هایی براساس پروفایل ریبوزوم برای چهار ارگانیزم آنالیز شد که زمان تأخیر هر کدون در ترجمه و اثر ترافیک ریبوزوم‌ها را شامل می‌شود. بنابراین یک ارتباط معنادار بین غلظت tRNA و زمان تأخیر کدون‌ها هم در پروکاریوت‌ها و هم در یوکاریوت‌ها در شرایط طبیعی وجود دارد. (۴، ۵) بنابراین در این تحقیق با تغییر توالی ژن کدکننده پروتئین M2 و کلون آن در پلاسمید pET22b با پروموتور lac T7 کدون‌های ژن M2 را براساس codon usage باکتری E. coli تنظیم کرده و میزان بیان پروتئین به ۳۰۰ میکروگرم در میلی لیتر رسید که در مقایسه با پروژه دیگر نویسنده که این تغییرها در آن اعمال نشده بود این میزان به سه برابر افزایش یافته است. (۱۱)

پروتئین نوترکیب حاصل در این سیستم طراحی شده به راحتی با سیستم کروماتوگرافی تمایلی قابل خالص‌سازی است که قبل از آن با آنتی بادی اختصاصی M2 تأیید شد. چنان‌که در تحقیق‌های مشابه این سیستم، بیان بالا و خلوص قابل توجهی از سوی نویسنده به اثبات رسیده است. در تحقیقی که در سال ۲۰۱۴ به چاپ رسیده این سیستم برای بیان پروتئین NS1 همین سویه از ویروس از وکتور pQE30 در سلول BL21 (DE3) استفاده شده است. میزان بیان پروتئین در مقایسه با سیستم مورد استفاده در این مقاله کارایی کمتری داشت و میزان بیان پروتئین نسبت به حجم کشت باکتری مورد مطالعه کمتر به دست آمد. (۱۱)

به تازگی توجه دانشمندان و فارماکولوژیست‌ها نیز روی پروتئین M2 معطوف شده است، چرا که در بین همه ویروس‌های آنفلوانزای A حفاظت شده بوده و همچنین ایمونوژن است، بنابراین یکی از اهداف مناسب برای تولید واکسن آنفلوانزا با ایمنی وسیع الطیف است. (۱۲) در این تحقیق به دنبال پروتئینی مناسب به این منظور از ژن ویروس گزارش شده از اپیدمی آنفلوانزا در ایران استفاده شد که بعد از کلون آن در وکتور مناسب و دستیابی به پروتئین خالص در مرحله بعد با طراحی کمپلکسی مناسب ایمونوژنیسیته آن در موش بررسی شود.

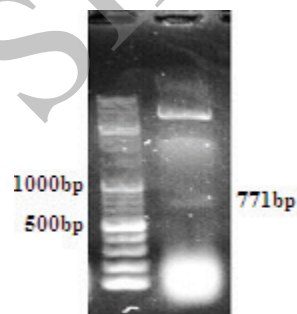
قدردانی و تشکر:

این تحقیق در آزمایشگاه مرکز تحقیقات بیولوژی سلولی و مولکولی دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی انجام شده است. تأمین بودجه آن مشترک بین این مرکز و مرکز ژنومیک دانشگاه بوده است. به این وسیله از مسئولان محترم این مراکز تشکر و قدردانی می‌شود. همچنین از راهنمایی آقای مهندس ولایی در تدوین این مقاله تشکر می‌شود.



شکل ۲: قطعه برش خورده با آنزیم‌های کم اثر SacI و SalI و محصول اولیه در کنار مارکر ۱۰۰ bp

تأیید ساب کلونینگ قطعه M2 در وکتور pET22b:
هضم آنزیمی پلاسمید نوترکیب حاصل با آنزیم‌های SalI و SacI انجام شد که نتیجه به صورت خروج ژن M2 از پلاسمید نوترکیب کنار مارکر روی ژل ۱/۵ درصد در شکل زیر مشاهده می‌شود.

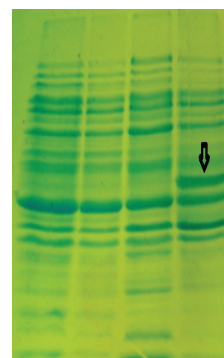


شکل ۳: ۷۷۱ bp ژن M2 بعد از هضم آنزیمی کنار مارکر ۱۰۰ bp

بیان پروتئین M2

لیزات باکتری‌های القا شده در زمان‌های متفاوت به همراه لیزات سلول بدون پلاسمید، روی ژل 12SDS-PAGE درصد بررسی شدند. باند ۲۸ پروتئین M2 در مقایسه با موارد کنترل در شکل زیر مشاهده می‌شود.

D C B A



شکل ۴: ژل 12% SDS-PAGE حاصل از الکتروفورز پروتئین M2
ستون A: سلول BL21 بدون پلاسمید نو ترکیب، ستون B: نمونه ساعت صفر، ستون C: ۳ ساعت پس از القا، ستون D: ۵ ساعت پس از القا
برای تأیید باند M2 از تکنیک وسترن بلاتینگ استفاده شد. پس از مراحل آشکارسازی با آنتی‌بادی ثانویه کوئوگه با آلکان فسفاتاز باند پروتئین بیان شده

منابع:

1. Tuller T and Zur H, Multiple roles of the coding sequence 5' end in gene expression regulation, 2015; *Nuc Ac Res* 43: 13-28.
2. Angov E, Codon usage: Nature's road map to expression and folding of proteins, 2011; *Biotech J* 6: 650-659.
3. Xia X, A major controversy in codon-anticodon adaptation resolved by a new codon usage index, 2015; *Genetics* 199: 573-579.
4. Sabi R and Tuller T, Modelling the efficiency of codon-tRNA interaction based on codon usage bias, 2014; *DNA Res* 21: 511-525.
5. Dana A and Tuller T, The effect of tRNA levels on decoding times of mRNA codons, 2014; *Nuc Ac Res* 42: 9171-9181.
6. Filettea M, Joua WM, Birkett b B, Lyons b K, Schultz b B, Tonkyro b A,
7. Resch b S, Fiersa W. Universal influenza A vaccine Optimization of M2-based constructs. 2005; *Viro J* 337: 149 – 161.
8. Mishra N, Emerging influenza A/H1N1: Challenges and development. *The Health* 2011; 2: 16-22.
9. Staneková Z, Varečková E. Conserved epitopes of influenza A virus inducing protective immunity and their prospects for universal vaccine development. *Viro J* 2010; 7: 351-357.
10. Wenbin L, Cady SD, Hu F, Hong M. Structure and Function of the Influenza A M2 Proton Channel. *Biochem* 2009; 48: 7356–7364.
11. Bandehpour M, Khodabandeh M, Mosaffa N, Sharifnia Z, Ghazanfari T, Kazemi B. An efficient procedure for purification of recombinant human β heat shock protein 90. *DARU* 2010; 18 (1): 64-68.
12. Sadeghi M, Bandehpour M, Yarian F, Yassae V, Torbati E, Kazemi B. Cloning and Expression of Influenza H1N1 NS1 Protein in Escherichia Coli BL21, *Iran J Biotech* 2014; 12 (1): e12625
13. Betakova T. M2 Protein–A Proton Channel of Influenza A Virus. *Curr Pharma Design* 2007; 13)31 (: 3231-3235.

Archive of SID