

مقاله پژوهشی

همسانه سازی، بررسی بیان و تخلیص ژن کد کننده پروتئین نوترکیب متشکل از زیرواحدهای اتصال آنتی ژن های سطحی CS1 و CS2 از/شرشیا کلی انتروتوکسیژنیک (ETEC)

درنا خوب بخت^۱، جعفر امانی^{۲*}، شهره زارع^۳، زهرا نورمحمدی^۱

۱- گروه ژنتیک، دانشکده علوم پایه، دانشگاه آزاد اسلامی واحد علوم تحقیقات تهران، ایران

۲- مرکز تحقیقات میکروبیولوژی کاربردی، انستیتو سیستم بیولوژی و مسمومیت ها، دانشگاه علوم پزشکی بقیه الله (عج)، تهران، ایران

۳- گروه ژنتیک و بیوتکنولوژی، دانشکده علوم زیستی، دانشکده آزاد اسلامی واحد ورامین، ایران

تاریخ دریافت مقاله: ۱۳۹۷/۰۴/۰۶

تاریخ پذیرش مقاله: ۱۳۹۷/۰۹/۱۹

چکیده

زمینه و هدف: باکتری/شرشیا کلی انتروتوکسیژنیک از عوامل شایع اسهال است. فاکتورهای کلونیزاسیون و انتروتوکسین ها از عوامل اصلی حدت زای در این ارگانیسم هستند. باکتری مذکور از طریق فاکتورهای کلونیزاسیون به سطح سلول های اپیتلیال روده متصل می شود و انتروتوکسین ها را تولید می کند که این سموم باعث ترشح بیش از حد مایعات و الکترولیت ها در لومن روده می شوند که در نهایت منجر به اسهال می گردند. به دلیل درمان مشکل و شیوع بالای این بیماری طراحی واکسن علیه این ارگانیسم یکی از اهداف سازمان بهداشت جهانی است. پروتئین CooD - CotD به عنوان زیر واحدهای رأسی CS1 و CS2 نقش مهمی را در اتصال باکتری به سلول های اپیتلیال روده ایفا می کنند. در این مطالعه بیان و تخلیص ژن کد کننده پروتئین کایمیریک CooD - CotD به عنوان کاندیدای واکسن های زیرواحدهای انجام شد.

مواد و روش ها: در این مطالعه، بهینه سازی کدونی ژن کایمیریک *cooD - cotD* با نرم افزار Gene Designer انجام شد. ژن موردنظر با روش PCR تکثیر و در وکتور کلونینگ pJET1.2/blunt همسانه سازی گردید و به منظور بیان در وکتور بیانی pET28a زیرهمسانه سازی شد. پروتئین با روش کروماتوگرافی نیکل تخلیص و با وسترن بلات ارزیابی شد.

نتایج: حضور باند ۸۲ کیلو دالتونی در ژل SDS-PAGE ۱۰ درصد بیان پروتئین کایمیریک CooD - CotD را نشان داد که با روش وسترن بلات تأیید گردید. میزان پروتئین تخلیص شده در این تحقیق ۱۲۱ میکروگرم در میلی لیتر بود.

نتیجه گیری: مطالعات بیان و تخلیص پروتئین نشان داد که این پروتئین دارای بیان در میزبان همولوگ است.

کلمات کلیدی: انتروتوکسیژنیک/شرشیا کلی، CS1، CS2، بیان نوترکیب

مقدمه

دسته های *E. coli* متمایز می کند (۲) و به ارگانیسم اجازه می دهد تا با اتصال ساختارهای پروتئینی (CFs) به گیرنده اختصاصی گلیکولیپید یا گلیکو پروتئین سطح سلول های اپیتلیال، روده ای کوچک میزبان کلونیزه شده و منجر به اسهال شود (۳). به دنبال مصرف آب و غذای آلوده باکتری ETEC پس از اتصال، انتروتوکسین های LT (سم حساس به حرارت) و ST (سم مقاوم به حرارت) را ترشح می کند. این سموم باعث افزایش بیش از حد ترشح مایعات و الکترولیت ها و در نتیجه اسهال می شوند (۴). کاهش آب بدن منجر به خشکی دهان، تند شدن

/شرشیا کلی انتروتوکسیژنیک (ETEC) یکی از علل عمده ای اسهال عفونی نوزادان و مسافران کشورهای در حال توسعه است. شیوع اسهال ناشی از سویه های /شرشیا کلی در سراسر جهان به ویژه در مناطقی که از سطح بهداشت پایین تری برخوردار هستند بالا است (۱). عوامل بیماری زای خاص از جمله، انتروتوکسین ها و عوامل کلونیزه کننده، ETEC را از سایر

*نویسنده مسئول: جعفر امانی، مرکز تحقیقات میکروبیولوژی کاربردی، انستیتو سیستم بیولوژی و مسمومیت ها، دانشگاه علوم پزشکی بقیه الله (عج)، تهران، ایران

Email: jafar.amani@gmail.com
https://orcid.org/0000-0002-5155-4738

ادهسین‌های ETPA برای ساخت یک ادهسین رأسی MEFA استفاده کردند که در نتیجه‌ی ایمن‌سازی حیوان مدل، پاسخ آنتی‌بادی IgG به تمام ۹ ادهسین مرتبط به ETEC ایجاد شد (۱۷). لذا در این تحقیق همسانه سازی و بیان ژن کایمیریک *cooD - cotD* به منظور تولید پروتئین نو ترکیب بررسی می‌شود.

مواد و روش‌ها

۱- سویه‌ی *Enterotoxigenic E. coli* BL21(DE3)، *E. coli* TOP10 از دانشگاه علوم پزشکی بقیه‌الله (عج) و محیط لوریا برتونی (LB) مایع و آگار (تکاپو زیست) جهت کشت استفاده شد.

۲- بهینه‌سازی ژن کایمیریک *cooD - cotD* و واکنش زنجیره‌ای پلیمرازی (PCR)

بهینه‌سازی کدونی ژن کایمیریک *cooD - cotD* با نرم‌افزار Gene designer انجام گرفت و توالی ژن توسط شرکت Shign gene چین سنتز شد. سپس بر اساس توالی سنتز شده آغازگرهای رفت و برگشت طراحی شد. آغازگر رفت دارای جایگاه برش آنزیم *EcoRI*:

(۳'-ATCATA GAATTC ATGGGCCGTTATCCGGAAC-۵') و آغازگر برگشت واجد جایگاه برش آنزیم *HindIII*:

(۳'-ATCATAT AAGCTT TTACAGGCTCGATGAGGACG-۵') بود.

دمای ذوب آغازگر رفت و برگشت به ترتیب ۶۶/۹۳ و ۶۷ درجه سانتی‌گراد در هنگام طراحی تنظیم گردید و از نظر عدم تشکیل حلقه (loop) و جفت شدن (Dimer) بررسی شدند. آغازگرهای مورد نظر توسط شرکت سیناکلون سنتز شدند. به منظور تکثیر ژن کایمیر و واکنش PCR با آنزیم *Pfu* دارای خاصیت تصحیح کنندگی (شرکت Fermentas) در شرایط غلظت ۱۰ پیکومول از هر آغازگر، ۲۰۰ ماکرومولار از dNTP، ۱ ماکرولیتر از پلاسمید pBAD حاوی سازه مورد نظر و بافر PCR (1X) به همراه کوفاکتور $MgSO_4$ در دمای اتصال ۶۵ درجه سانتی‌گراد بهینه‌سازی شد. محصول واکنش با DNA نشانگر 1Kb روی ژل آگارز ۱٪ الکتروفورز گردید.

۳- همسانه سازی ژن کایمیریک *cooD - cotD* در ناقل pJET1.2/blunt

برای محصول PCR و ناقل pJET/ blunt به مدت ۲ ساعت در دمای ۲۲ درجه‌ی سانتی‌گراد طبق کیت PCR cloneJET cloning (شرکت Thermo scientific) واکنش الحاق تنظیم

نبض، کاهش فشارخون، گرفتگی عضلات و در موارد شدید منجر به شوک می‌شود (۵). تاکنون تعداد زیادی از آنتی‌ژن‌های عوامل کلونیزاسیون (CFAs) شناخته شده است که شامل: CFA/ I، CFA/II، CFA/ IV، CFA/II است (۶). گروه CFA/II دارای ۳ آنتی‌ژن سطحی کولی متفاوت از جمله: CS1، CS2، CS3 است (۷). بیان ۴ ژن *cooABCD* برای سرهم کردن فیمبریه‌ی CS1 ضروری است (۸). ژن‌های *coo* روی یک پلاسمید بزرگ pcoo واقع شده‌اند (۸). آنتی‌ژن سطحی CS1 متشکل از صدها زیر واحد اصلی CooA (۹)، یک پروتئین چاپرون پری پلاسمیک (CooB)، پروتئین خارج غشایی (CooC) و پروتئین رأسی CooD است (۱۰) که این زیر واحد رأسی برای چسبندگی مورد نیاز است (۱۱). آنتی‌ژن سطحی CS2 یکی از شایع‌ترین عوامل کلونیزاسیون مرتبط با ETEC است که اپرون آن برخلاف عوامل کلونیزاسیون دیگر روی کروموزوم ETEC قرار گرفته است (۸). بیان ۴ ژن *cotABCD* برای تولید پیلی CS2 مورد نیاز است. به علاوه جستجوی پایگاه داده با نرم‌افزار Blast نشان داده که *cotD*، *cotC*، *cotA*، *cotB* شباهت قابل توجهی با محصولات ژنی دسته‌های CS1 و CFA/I دارند (۱۲). چهارمین ژن در چارچوب خوانش (ORF) که به عنوان زیر واحد فرعی در رأس قرار داشته و به پروتئین CotD ترجمه می‌شود، دارای ۳۶۴ اسید آمینه است؛ که ۱۸ اسید آمینه ابتدایی آن را پپتید راهنما تشکیل می‌دهد (۱۳). CotD با پروتئین کد شده توسط ژن‌های چهارم از دسته‌ی CS1 (CooD)CFA/I و (CfaE)CFA/I همسان است (۱۴). از آنجایی که اتصال ETEC به روده برای ایجاد بیماری لازم است، جلوگیری از اتصال باکتری و فعال‌سازی سم‌زدایی از طریق گیرنده اتصالی راهکار اصلی برای پیشگیری و کنترل بیماری ETEC است (۱). نتایج تحقیقات نشان می‌دهد که یکی از چالش‌های موجود در توسعه‌ی واکسن علیه ETEC، وجود سویه‌های مختلف با عوامل کلونیزاسیون متنوع است که کارایی ایمونوژن‌های مجزا را کاهش می‌دهد (۱۵). در مطالعات پیشین برای ایجاد پاسخ ایمنی هم‌زمان علیه عوامل اتصالی CFA/I و CS2 اپرون هیبریدی متشکل از ژن‌های *cotA* و *cafB* را طراحی کردند که در نتیجه ایمنی‌زایی از طریق خوراکی تولید آنتی‌بادی اختصاصی علیه هر دو آنتی‌ژن‌های CFA/I و CS2 مشاهده شده است (۱۶). همچنین در مطالعه‌ای دیگر از رویکرد MEFA (آنتی‌ژن ترکیبی چند اپی تویی) برای ادغام اپی‌توپ‌ها از زیرواحدهای اتصالی CS1، CS2، CS3، CS4، CS6، CFA/I، CS21 و

القا با استفاده از IPTG (۱ میلی‌مولار) (Fermentas) انجام و دردمای ۳۷ درجه سانتی‌گراد به مدت ۲ و ۴ ساعت انکوباسیون صورت گرفت.

۶- بررسی محلول بودن پروتئین بیانی یا تجمع پروتئین به شکل اجسام انکلوژن

در این مرحله به منظور تخریب دیواره‌ی سلولی روش‌های: شیمیایی (بافر لیز کننده)، مکانیکی (freeze-thaw, glass beads) و آنزیمی (لیزوزیم) اعمال شد. سپس رسوب سلولی حاصل از بیان را با ۲ میلی‌لیتر از بافر A (کلرید سدیم ۳۰۰ میلی‌مولار، سدیم دی‌هیدروژن فسفات ۵۰ میلی‌مولار) (pH:8) و آنزیم لیزوزیم (غلظت ۱ mg/ml) حل شد و به مدت ۱ ساعت در ۳۷ درجه سانتی‌گراد با سرعت ۱۸۰ دور در دقیقه قرار داده شد و پس ورتکس با glass beads و شکسته شدن سلول‌ها، نمونه‌ها به مدت ۳ دقیقه با حداکثر سرعت سانتریفیوژ و محلول رویی به‌عنوان فاز محلول (Native) جمع‌آوری شدند. سپس به رسوب حاصل از مرحله قبل بافر B (بافر حاوی اوره ۸ مولار، تریس - HCL ۱۰ میلی‌مولار، سدیم دی‌هیدروژن فسفات ۱۰۰ میلی‌مولار) (pH:8) اضافه شد. یک ساعت در ۳۷ درجه سانتی‌گراد انکوباسیون انجام شد سپس محلول رویی به‌عنوان فاز نامحلول (Denature) پس از ۳ دقیقه با حداکثر سرعت سانتریفیوژ جمع‌آوری شد. هر ۲ نمونه روی ژل SDS-PAGE ۱۰ درصد الکتروفورز شد.

۷- تخلیص پروتئین نوترکیب

به‌منظور تخلیص پروتئین بیان ژن در مقیاس بالاتر (۵۰ میلی‌لیتر) انجام شد. تخلیص پروتئین نوترکیب به‌وسیله ستون کروماتوگرافی میل ترکیبی Ni-NTA با روش دناتوره (Qaigen) با کمک His-tag انتهایی آمینی (که به دنبال کلون کردن ژن در جایگاه آنزیم‌های HindIII/EcoRI در ناقل pET28a به ابتدای آمینی پروتئین اضافه می‌شود، انجام گرفت. شرایط دناتوره با استفاده از بافرهای حاوی اوره‌ی ۸ مولار با شیب pH اعمال شد.

۸- بهینه‌سازی تخلیص پروتئین نوترکیب

در این روش کشت باکتری در مقیاس زیاد انجام شد و مقادیر متفاوت اوره ۸ مولار و گرادیان pH مربوط به بافر D (بافر شستشو) مورد استفاده در ستون Ni-NTA به کار گرفته شد: رسوب حاصل از سانتریفیوژ سوسپانسیون باکتری با ۲ میلی‌لیتر اوره ۸ مولار (pH:8) همگن‌سازی شد و بعد از ورتکس با glass beads محلول رویی با بافر شستشو (pH:5.7) روی ستون Ni-

گردید. سپس سازه نوترکیب (pJET-cooD-cotD) طبق روش شوک حرارتی به سلول‌های مستعد/شرشیاکلی سویه TOP10 انتقال داده شد و کلونی‌ها روی پلیت‌های LB حاوی آمپی‌سیلین (غلظت ۱۰۰ میکروگرم در هر میلی‌لیتر) ظاهر شدند. برای تأیید همسان‌سازی ژن *cooD - cotD* از کلونی‌های تشکیل‌شده با استفاده از آغازگرهای اختصاصی کلونی PCR انجام شد و از کلون‌های مثبت تخلیص پلاسمید با روش لیز قلیایی طبق پروتکل کیت استخراج پلاسمید (شرکت Genet bio) انجام شد و به‌عنوان الگو در واکنش PCR و هضم آنزیمی با EcoRI و HindIII مورد استفاده قرار گرفت.

۴- زیر همسان‌سازی ژن کایمریک *cooD - cotD* در ناقل pET28a

به‌منظور انجام زیرهمسان‌سازی ابتدا واکنش هضم آنزیمی بروی پلاسمید نوترکیب pJET-cooD-cotD و ناقل بیانی pET28a تخلیص شده توسط دو آنزیم محدودالتر EcoRI و HindIII به مدت ۲ ساعت در ۳۷ درجه سانتی‌گراد انجام گرفت. قطعه جداشده از pJET با استفاده از کیت تخلیص DNA از ژل خالص‌سازی شد و برای محصول و pET28a هضم شده به مدت یک ساعت و ۳۰ دقیقه در دمای ۲۲ درجه‌ی سانتی‌گراد واکنش الحاق انجام گرفت. سپس با روش شوک حرارتی به میزبان /شرشیاکلی سویه TOP10 انتقال داده شد. بر روی کلونی‌های TOP10 تراریخت شده با pET28a نوترکیب واکنش کلونی PCR در دمای ۵۸ درجه سانتی‌گراد با آغازگرهای T7 انجام شد، (توالی آغازگر رفت: ۳'-TAATACGACTCACTATAGGG-۵' و توالی آغازگر برگشت: ۳'-CCGCTGAGCAATAACTAGC-۵') و به منظور تأیید صحت زیر همسان‌سازی از کلون‌های تأییدی تخلیص پلاسمید نوترکیب صورت گرفت و به‌عنوان الگو در واکنش PCR و هضم آنزیمی با EcoRI و HindIII مورد استفاده قرار گرفت. سپس پلاسمید نوترکیب *cooD-cotD*-pET28a به‌منظور بیان ژن کایمریک به میزبان بیانی *E.coli* BL21(DE3) انتقال داده شد و با استفاده از آغازگرهای اختصاصی واکنش کلونی PCR انجام شد.

۵- بیان پروتئین کایمریک

کلونی‌های نوترکیب حاوی ژن کایمر در ۵ میلی‌لیتر محیط LB مایع حاوی کانامایسین (غلظت ۵۰ μg/ml) در ۳۷ درجه سانتی‌گراد به مدت ۱۶ ساعت کشت داده شد. پس‌ازاینکه میزان رشد باکتری به جذب نوری ۰/۷ در طول موج ۶۰۰ نانومتر رسید

با بافر PBST (بافر PBS واجد ۰/۰۵٪ توئین ۲۰) شستشو داده شد. در مرحله بعد آنتی‌بادی مونوکلونال Anti-His tag (شرکت سیگما) با رقت ۱:۲۰۰۰ در داخل بافر PBS(1X) تهیه گردید و روی غشای PVDF اضافه شد و به مدت یک ساعت در دمای ۳۷ درجه سانتی‌گراد قرار گرفت. سپس (۳۰٪) H_2O_2 به‌عنوان کاتالیزور و محلول DAB (دی آمینو بنزیدین) به‌عنوان سوپسترا روی غشای نیتروسولوز اضافه شد و پس از ظهور باندها واکنش با آب مقطر مهار گردید.

نتایج

ژن کایمریک کدکننده‌ی زیر واحد رأسی آنتی‌ژن‌های سطحی کولی CS1 و CS2 با استفاده از آغازگرهای رفت و برگشت سنتز شده تکثیر شد. محصول PCR روی ژل با اندازه‌ی ۲۱۴۲ جفت باز مشاهده شد. ژن موردنظر در ناقل pJET/blunt همسان‌سازی شد و به میزبان /شریشیا کلی TOP10 انتقال یافت. سپس به‌منظور تأیید همسان‌سازی ژن کایمریک *cooD* - *cotD* واکنش کلونی PCR با آغازگرهای اختصاصی انجام شد. به‌منظور تأیید

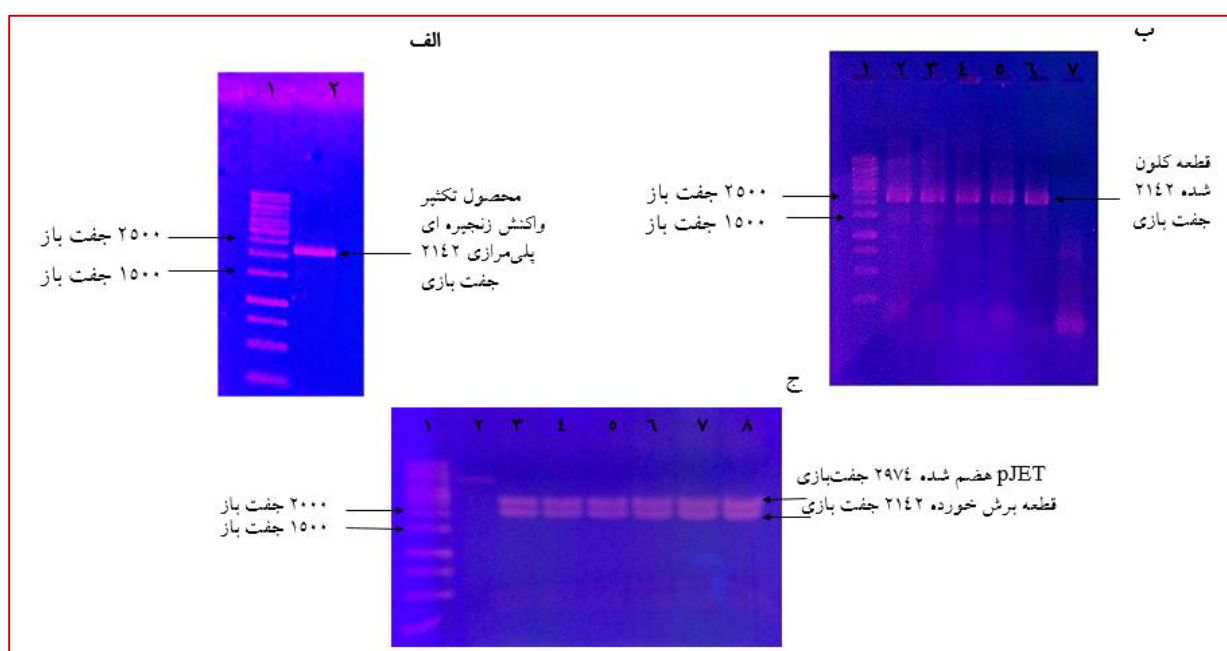
NTA انتقال داده شد. مراحل بعد نیز مشابه مرحله ذکرشده اعمال گردید، با این تفاوت که ۴ میلی‌لیتر از بافر حاوی اوره ۸ مولار استفاده شد و محلول رویی به ترتیب با بافر شستشو (pH:5.6) و (pH:5.6) روی ستون نیکل منتقل شد.

۹- تعیین غلظت پروتئین

غلظت پروتئین بیان‌شده به روش برادفورد و با استفاده از آلبومین سرم گاوی (BSA) به‌عنوان پروتئین استاندارد انجام گرفت.

۱۰- وسترن بلات

بیان پروتئین تولیدشده با روش وسترن بلات و با استفاده از آنتی‌بادی Anti-His tag متصل با HRP (شرکت سیگما) تأیید شد. پروتئین طی الکتروفورز و با استفاده از بافر انتقال (گلیسین ۳۹ میلی‌مولار، تریس ۴۸ میلی‌مولار، اتانول ۲۰ درصد) بر روی غشای نیتروسولوز منتقل شدند. به‌منظور پوشش نواحی آزاد و فاقد پروتئین، کاغذ نیتروسولوز در داخل بافر بلوکه‌کننده (۵ گرم skim milk در ۱۰۰ میلی‌لیتر PBS (1X)) به مدت ۱ ساعت در ۳۷ درجه سانتی‌گراد مجاور شد، کاغذ نیتروسولوز در هر مرحله

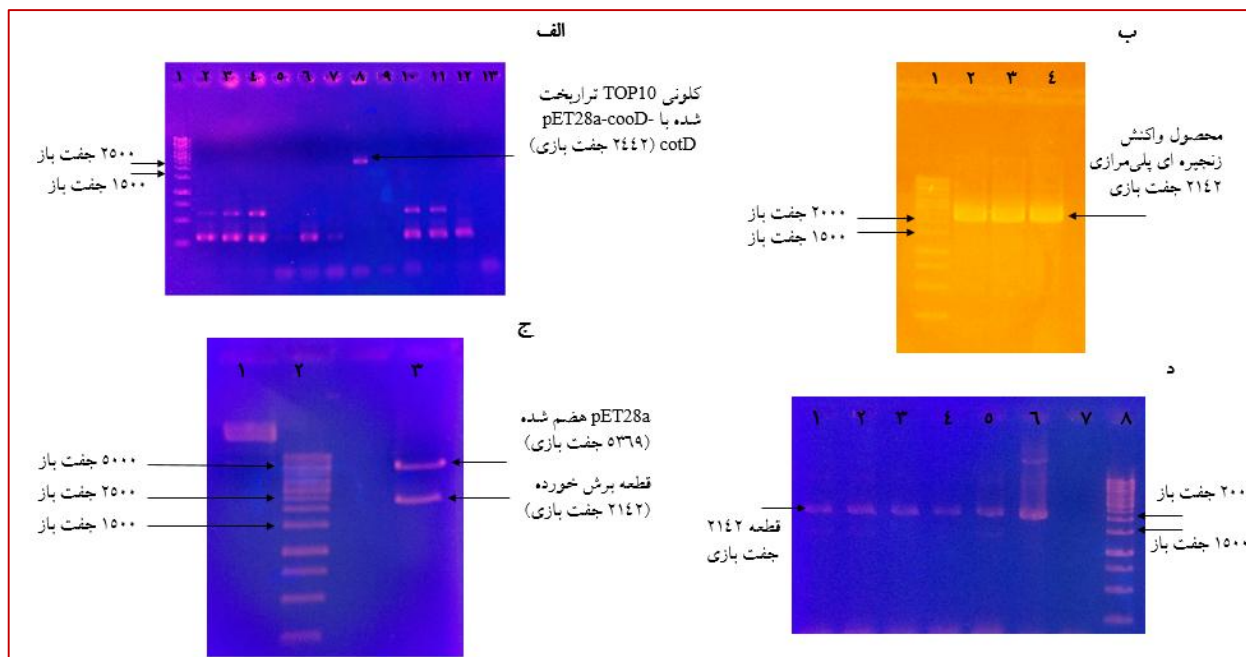


شکل ۱- محصول واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراس ژن کایمریک *cotD* - *cooD* آنالیز اولیه کلون، واکنش هضم آنزیمی

الف: محصول واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراس ژن کایمریک *cotD* - *cooD* با آنزیم *Pfu* (ستون ۱) نشانگر اندازه DNA (1kb Ladder، ستون ۲) محصول PCR ۲۱۴۲ جفت بازی *cotD* - *cooD*. ب: آنالیز اولیه کلون‌ها توسط آزمایش کلونی PCR: ستون (۱) نشانگر اندازه DNA (1kb Ladder، ستون ۲ تا ۵) واکنش PCR کلونی‌های نوترکیب واجد ژن *cotD* - *cooD*، ستون (۶) کنترل مثبت (پلاسمید pBAD حاوی ژن *cotD* - *cooD*)، ستون (۷) کنترل منفی (فاقد DNA الگو). ج: واکنش هضم آنزیمی برای تأیید کلونی‌های نوترکیب: ستون (۱) نشانگر اندازه DNA (1kb Ladder، ستون ۲) پلاسمید pET28a هضم شده، ستون ۳ تا ۸) هضم پلاسمید نوترکیب *cotD* - *cooD* pJET.

زیرهمسانه سازی قطعه ۲۱۴۲ جفت بازی در ناقل pET28a تأیید شد، پلاسمید نو ترکیب به میزبان/شرشیا کلی سویه BL21(DE3) انتقال یافت. روی کلونی های تراریخت شده حاوی pET28a-*cooD-cotD* PCR انجام گردید (شکل ۲).

همسانه سازی، روی کلونی های نو ترکیب واکنش هضم با دو آنزیم *EcoRI* و *HindIII* انجام شد (شکل ۱). سپس قطعه جدا شده از پلاسمید pJET خالص سازی شد. همان طور که در قسمت ج از شکل ۱ مشاهده می شود، کلون-



شکل ۲- واکنش کلونی PCR کلونی های TOP10 تراریخت شده و تأیید آن به دو روش PCR و هضم آنزیمی و واکنش کلونی PCR از سویه های *E. coli* BL21(DE3) الف: واکنش کلونی PCR کلونی های TOP10 و ناقل ناقل نو ترکیب *pET28a-cooD-cotD* (ستون ۱) نشانگر اندازه DNA (1kb Ladder، ستون ۸) و ناقل ناقل نو ترکیب *pET28a-cooD-cotD* (ستون ۱) نشانگر منفی (فاقد DNA الگو). ب: تأیید کلونی های تراریخت با استفاده از واکنش زنجیره ای پلی مرز: ستون ۱) نشانگر اندازه DNA (1kb Ladder، ستون ۲ تا ۴: محصولات واکنش زنجیره ای پلی مرز از پلاسمید نو ترکیب *pET28a-cooD-cotD*. ج: تأیید کلون های به دست آمده با استفاده از هضم آنزیمی پلاسمید نو ترکیب *pET28a-cooD-cotD* (ستون ۱) تخلیص پلاسمید *pET28a* (ستون ۲) نشانگر اندازه DNA (1kb Ladder، ستون ۳) قطعه ۲۱۴۲ جفت بازی و ناقل هضم شده. د: مشاهده کلونی PCR از سویه *E. coli* BL21(DE3) حاوی *pET28a-cooD-cotD* (ستون ۱ تا ۵) کلونی های مثبت *coli* (BL21(DE3)، ستون ۶) کنترل مثبت (حاوی الگو پلاسمید استخراج شده *pET28a-cooD-cotD*، ستون ۷) کنترل منفی (فاقد DNA الگو)، ستون ۸: نشانگر اندازه DNA (1kb Ladder).

بیان ژن کایمیریک *cooD-cotD* پس از کشت کلونی های واجد پلاسمید نو ترکیب و القای آن توسط IPTG روی ژل SDS-PAGE ۱۰ درصد بررسی شد (شکل ۳). نتایج بیان پروتئین روی ژل SDS-PAGE نشان دهنده حضور یک باند در محدوده ۸۲ کیلو دالتون بود که با اندازه ی قطعه ی ۲۱۴۲ جفت بازی و همچنین با احتساب بخش الحاقی (حدود ۴ کیلو دالتون) مربوط به *pET28a* مطابقت داشت. سپس با استفاده از بافرهای لیزکننده ی فاقد ایمیدازول (بافر A) و واسرشت کننده حاوی اوره ۸ مولار، محلول بودن یا تجمع آن در اجسام انکلوژنی مشخص شد که به دلیل عدم مشاهده ی باند قوی در نمونه حاصل از بافر A و وجود پروتئین *CooD-CotD* بیشتر در نمونه مرتبط با بافر

های حاوی ناقل نو ترکیب *pJET-cotD-cooD* در اثر هضم آنزیمی دو باندی (باند ناقل و قطعه الحاقی) دیده می شوند که نشان دهنده جدا شدن قطعه الحاقی از پلاسمید است. قطعه خارج شده از وکتور با اندازه ژن *cotD-cooD* مطابقت دارد. واکنش اتصال بر روی محصول هضم تخلیص شده و پلاسمید *pET28a* برش خورده اعمال شد و محصول الحاق به میزبان TOP10 انتقال یافت. واکنش کلونی PCR روی کلونی های TOP10 تراریخت شده با ناقل نو ترکیب *pET28a-cooD-cotD* انجام شد. جهت تأیید زیرهمسان سازی واکنش PCR با آغازگرهای اختصاصی و واکنش هضم با دو آنزیم *EcoRI* و *HindIII* روی پلاسمید نو ترکیب اعمال شد. پس از آنکه

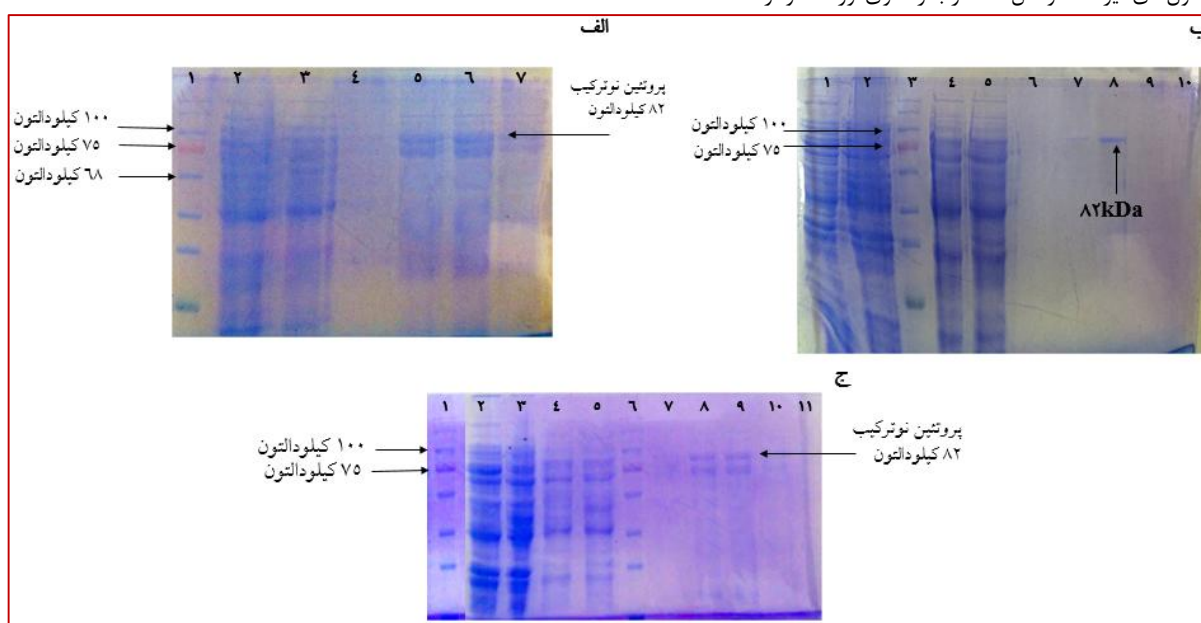
حاوی اوره ۸ مولار، تخلیص پروتئین نوترکیب با استفاده از ستون کروماتوگرافی Ni-NTA در گرادیان pH بافر شستشو به منظور حذف باندهای غیراختصاصی انجام شد و نمونه‌های خروجی از

B، غیر محلول بودن پروتئین بیانی نشان داده شد از این رو بیانگر آن است که پروتئین مورد نظر تشکیل اجسام انکلوژی می‌دهد (شکل ۳). پس از لیز سلول‌ها با مقدارهای متفاوت بافر لیزکننده



شکل ۳- بررسی بیان پروتئین CooD-CotD بر روی ژل SDS-PAGE ۱۰ درصد

الف: الکتروفورز بیان نمونه‌های ۵ ساعت: ستون (۱) نمونه قبل از القا، ستون ۲ تا ۵) کلون‌های القا شده با IPTG (ستون ۶) نشانگر اندازه پروتئین. ب: بررسی حلالیت پروتئین نوترکیب: ستون (۱) نشانگر اندازه پروتئین، ستون (۲) پروتئین نوترکیب بیان شده در فاز محلول، ستون (۳) محلول رویی حاصل از سانتریفیوژ سلول‌های لیز شده و حل شده در بافر حاوی اوره ۸ مولار.



شکل ۴- بررسی تخلیص پروتئین‌های نوترکیب CooD-CotD بر روی ژل SDS-PAGE ۱۰ درصد

الف: لیز سلول‌ها با ۲ میلی‌لیتر اوره ۸ مولار و ستون میل ترکیبی Ni-NTA روی ژل SDS-PAGE: ستون (۱) نشانگر اندازه پروتئین، ستون (۲) نمونه خروجی از ستون قبل از شستشو، ستون (۳) نمونه خروجی از ستون پس از شستشو با بافر D (pH:5.7)، ستون ۴ تا ۷) پروتئین تخلیصی خارج شده از ستون با بافر استخراج E.

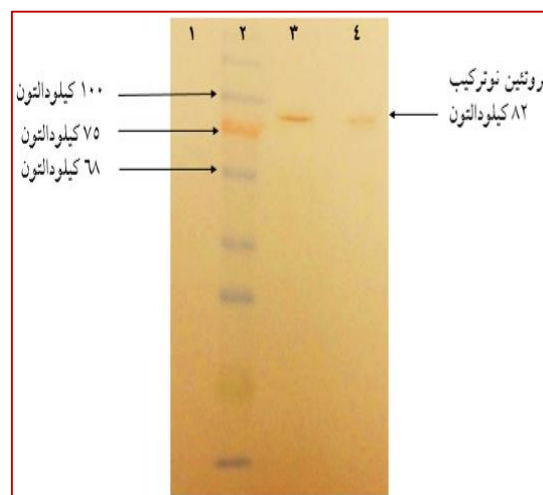
ب: لیز سلول‌ها با ۴ میلی‌لیتر اوره ۸ مولار: ستون (۱) نمونه‌ی قبل از القا، ستون (۲) پروتئین تولید شده توسط باکتری *E. coli* BL21(DE3) قبل از تخلیص. ستون (۳) نشانگر اندازه پروتئین، ستون (۴) نمونه خروجی از ستون قبل از شستشو، ستون (۵) نمونه خروجی از ستون پس از شستشو با بافر D (pH:5.5)، ستون ۶ تا ۹) پروتئین تخلیصی خارج شده از ستون با بافر استخراج E، ستون (۱۰) نمونه خارج شده از ستون با بافر MES.

ج: لیز سلول‌ها با ۴ میلی‌لیتر اوره ۸ مولار: ستون ۱ و ۶) نشانگر اندازه پروتئین، ستون (۲) نمونه‌ی قبل از القا، ستون (۳) نمونه‌ی شاهد، ستون (۴) نمونه خروجی از ستون قبل از شستشو، ستون (۵) نمونه خروجی از ستون پس از شستشو با بافر D (pH:5.6)، ستون ۷ تا ۱۰) پروتئین تخلیصی خارج شده از ستون با بافر استخراج E، ستون (۱۱) نمونه خارج شده از ستون با بافر MES.

در این راستا است تا واکسن‌هایی طراحی شود که طیف وسیعی از سویه‌ها را پوشش داده و بتواند علیه آن‌ها ایمنی ایجاد کند (۲۰). واکسن‌های آزمایشی شامل سویه‌های تمام سلولی *E. coli* که یک توکسین و یک آنتی‌ژن چسبنده یا ترکیب هر دو آنتی‌ژن را به‌عنوان واکسن زیرواحدی بیان می‌کنند، ایمنی ضد عامل چسبنده و ضد توکسین را در میزبان دریافت‌کننده ایجاد می‌کنند (۲۱). در طراحی کاندیدای واکسن توجه بسیاری به پروتئین‌های کایمر می‌شود. پروتئین‌های کایمر دارای زیرواحدهای پروتئینی، لینکرها و توالی‌هایی با خاصیت ادجوانتی هستند که نه تنها سبب افزایش ایمونوژنیسیته پروتئین نوترکیب می‌شود، بلکه منجر به بروز پاسخ ایمنی سلولی و هومورال می‌شود (۲۲). معصومه آل رسول و همکاران عملکرد آنتی‌ژن CS3 ترکیب‌شده با توکسوئید LT را مورد بررسی قرار دادند که در مطالعه آن‌ها توالی‌های کدکننده *cstH* و *eltB* توسط یک لینکر مناسب با یکدیگر ترکیب شدند. یافته‌های معصومه آل رسول و همکاران نشان داد که پروتئین کایمر شامل *CstH* و *LTB* پاسخ ایمنی بهتری را نسبت به *CstH* به تنهایی ایجاد می‌کند که در نتیجه پروتئین نوترکیب باعث ایجاد آنتی‌بادی ضد چسبندگی علیه ETEC می‌شود (۲۳). نرگس زینال‌زاده در مطالعه‌ی خود از استراتژی آنتی‌ژن فیوژن به‌منظور ساخت یک پروتئین نوترکیب چهار ظرفیتی به نام 3CL تشکیل‌شده از *cfaB* واحد ساختاری CFA/I و زیر واحد ساختاری CS6، توکسوئید *LTB* و *StA* از ETEC استفاده کرد و بعد از آن ایمنی‌زایی ضد CF و ضد توکسین را بررسی کرد. نتایج نشان داد که آنتی‌بادی‌های القاء شده ضد چسبندگی (*anti-cfaB*) و ضد سم (*anti-LT* و *anti-StA*) نه تنها خنثی‌کننده هستند بلکه در برابر اسهال ETEC محافظ هستند (۱۹). مولکول *cooD* و *cotD* به‌عنوان زیرواحدهای رأسی فیمبریه‌های CS1 و CS2 در تعامل این ساختارهای سطحی با گیرنده روی سلول هدف نقش مهمی دارند. از این‌رو در این مطالعه توالی کدکننده دو پروتئین *CooD* به‌منظور جلوگیری از تداخل شکل فضایی هریک از پروتئین‌ها توسط یک لینکر به هم متصل شدند. در این مطالعه با مورد توجه قرار دادن استراتژی تولید یکی از کاندیدای واکسن‌های زیرواحدی، روند انجام کار با دو رویکرد همسانه سازی و زیرهمسانه‌سازی به‌منظور بررسی بیان ژن کایمریک صورت پذیرفت. در اولین رویکرد به‌منظور همسانه سازی قطعه مورد نظر، پس از سنتز ژن کایمریک *cotD-cooD* و طراحی

ستون جمع‌آوری گردید (شکل ۴). صحت پروتئین نوترکیب تولیدشده با روش وسترن بلات و آنتی‌بادی ضد هیستیدین بررسی شد (شکل ۵).

بعد از انجام مراحل تخلیص، تعیین غلظت پروتئین به روش برادفورد صورت گرفت که بر اساس نمودار استاندارد برادفورد میزان پروتئین تخلیص شده ۱۲۱ میکروگرم در میلی‌لیتر محاسبه گردید. صحت پروتئین نوترکیب تولیدشده و عدم مشاهده باند غیراختصاصی با روش وسترن بلات بررسی شد. آنتی‌بادی ضد هیستیدین توالی شش آمینواسیدی هیستیدین پروتئین نوترکیب را شناسایی و با آن واکنش داد (شکل ۵).



شکل ۵- تأیید پروتئین نوترکیب به روش وسترن بلاتینگ با استفاده از anti-His-Tag
ستون (۱) نمونه‌ی قبل از القا، ستون (۲) نشانگر اندازه پروتئین، ستون ۳ و (۴) نمونه‌ی بعد از القا

بحث و نتیجه‌گیری

در میان سویه‌های متفاوت *E. coli*، ETEC علت عمده‌ی اسهال کودکان کشورهای در حال توسعه و اسهال مسافرتی است که سالانه منجر به مرگ حدود ۳۸۰۰۰۰ نفر می‌شود که معمولاً از طریق خوراکی یا تماس با مدفوع آلوده به عفونت مبتلا شده‌اند (۱۸). از این‌رو، جهت کنترل عفونت ETEC ۲ روش مسدود کردن اتصال باکتری‌ها به گیرنده‌های CF و حذف فعالیت‌های انتروتوکسین در سلول‌های اپیتلیال روده وجود دارد (۱۹). از آنجایی که ETEC دارای سویه‌های مختلفی است که عوامل کلونیزاسیون نمایان شده در سطح آن متفاوت است، لذا تلاش

به ستون با گنجاندن ایمیدازول در بافر (D) شستشو داد و در روش دیگر به دنبال اتصال پروتئین‌های نامحلول نشان‌دار شده، کاهش pH بافر شستشو نسبت به بافر اتصالی می‌تواند باعث حذف اتصال پروتئین‌های غیراختصاصی شود (۲۶). در این مطالعه نیز به منظور حذف باندهای غیراختصاصی از گرایان pH مربوط به بافر شستشو حاوی اوره استفاده شد و با اعمال تغییر pH از ۵.۷ به ۵.۵ باندهای غیراختصاصی حذف شدند. از آنجایی که بیان و تخلیص پروتئین نقش مهمی را در زیست‌شیمی دارد و سیستم *E. coli* میزبان مناسب برای بیان پروتئین نو ترکیب است با این حال بیان پروتئین‌های غشایی و پروتئین‌هایی با وزن مولکولی بیش از ۶۰ کیلودالتون در آن دشوار است (۲۷)؛ بنابراین بیان بالای پروتئین از طریق بررسی پارامترهای متعدد از جمله شرایط مولکولی و فیزیولوژیکی حاصل می‌شود که شایع‌ترین روش‌ها برای افزایش بیان پروتئین نو ترکیب در *E. coli* عبارت‌اند از: انتخاب و طراحی پروموتور مناسب، مهندسی تنظیم‌کننده رونویسی و پروموتور، تنظیم تعداد کپی وکتور، افزایش طول عمر mRNA، بهینه‌سازی کدون است (۲۸). در این مطالعه بیان پروتئین نو ترکیب CotD-CooD با استفاده از *E. coli* BL21(DE3)، وکتور pET28-a مبنی بر پروموتور کارآمد T7، بهینه‌سازی کدون DNA سنتزی مورد بررسی قرار گرفت که با توجه به داده‌های حاصل از این مطالعه، پروتئین CooD-CotD به خوبی بیان و خالص‌سازی گردید و همچنین با توجه به عدم مشاهده باند غیراختصاصی در آزمون وسترن بلات، به نظر می‌رسد که این پروتئین می‌تواند آماده بهره‌برداری در زمینه‌ی ایمنی‌زایی باشد و به عنوان جزئی از کاندیدای واکسن علیه عفونت ETEC استفاده شود.

تشکر و قدردانی

تحقیق حاضر بخشی از پایان‌نامه کارشناسی ارشد رشته ژنتیک (با کد اخلاق IR.IAU.SRB.REC.1397.065) مصوب دانشگاه آزاد اسلامی واحد علوم و تحقیقات است.

تعارض منافع

نویسندگان هیچ گونه تعارض منافی را اعلام نکرده اند.

پرایمر اختصاصی آن، به منظور تکثیر ژن، واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز (PCR) با استفاده از آنزیم *pfu* انجام شد. قطعات حاصل از واکنش PCR با آنزیم *pfu* دارای انتهای صاف هستند که همسانه سازی مستقیم آن‌ها را به ناقل کلونینگ pJET1.2/blunt مقدور می‌سازد. مزیت کیت pJET1.2/ blunt این است که می‌توان هر قطعه‌ای را با انتهای صاف (blunt) یا چسبنده (Sticky) در آن کلون کرد. این وکتور دارای یک ژن کشنده *eco47IR* است که با اتصال قطعه‌ی مورد نظر به داخل جایگاه کلونینگ مختل می‌شود. در این تحقیق پس از طی مراحل زیرهمسانه سازی در ناقل بیانی pET28a به منظور بیان پروتئین نو ترکیب CooD-CotD از میزبان /شرشیا کلی سویه بیانی BL21(DE3) استفاده گردید. سویه‌ی بیانی BL21(DE3) به دلیل عدم وجود پروتئازهای سلولی *ompT* و *Lon* و کاهش فعالیت پروتئازی برای تولید پروتئین نو ترکیب مناسب است. وکتورهای سری خانواده pET به نوعی پیشرفته‌ترین وکتورهایی هستند که در زمینه‌ی کلونینگ و بیان در سیستم پروکاریوتی مورد استفاده قرار می‌گیرند. در این سیستم توالی کدکننده پروتئین مورد نظر در پایین دست پروموتور T7 کلون می‌شود که ناقل بیانی با داشتن پروموتور T7 قادر به بیان توالی ژنی پایین دست است و بعد از بیان پروتئین نو ترکیب به انتهای آمین آن نشانگر 6HisTag را می‌افزاید سپس به سویه *E. coli* انتقال می‌یابد. این نشانگر همراه قطعه‌ی پروتئینی به ستون نیکل متصل می‌شود و هیچ گونه تغییر در ساختار پروتئین ایجاد نمی‌کند و موجب تسهیل در تشخیص و خالص‌سازی پروتئین‌ها می‌شود؛ اما یک مشکل بالقوه در تخلیص پروتئین عدم دسترسی نشانگر پروتئین به دلیل مسدود شدن در پروتئین پیچ خورده است (۲۴). مسئله‌ی دیگر در استفاده از نشانگرهای پلی‌هیستیدین اتصالات غیراختصاصی پروتئین فاقد برچسب است. اگرچه تنها ۲٪ از اسیدآمینه‌های پروتئین دارای هیستیدین هستند، اما برخی از پروتئین‌های سلولی دارای ۲ یا بیشتر از اسیدآمینه‌های هیستیدین مجاور می‌باشند (۲۵). لذا به دنبال اتصال پروتئین‌های محلول نشان‌دار شده می‌توان ستون نیکل را به منظور حذف پروتئین‌های غیراختصاصی دارای اتصالات ضعیف

References

1. Qadri F, Svennerholm A-M, Faruque A, Sack RB. Enterotoxigenic *Escherichia coli* in developing countries: epidemiology, microbiology, clinical features, treatment, and prevention. *Clinical microbiology reviews*. 2005;18(3):465-83.
2. Fleckenstein JM, Hardwidge PR, Munson GP, Rasko DA, Sommerfelt H, Steinsland H. Molecular mechanisms of enterotoxigenic *Escherichia coli* infection. *Microbes and Infection*. 2010;12(2):89-98.
3. Jansson L, Tobias J, Jarefjäll C, Lebens M, Svennerholm A-M, Teneberg S. Sulfatide recognition by colonization factor antigen CS6 from enterotoxigenic *Escherichia coli*. *PloS one*. 2009;4(2):e4487.
4. Johnson TJ, Nolan LK. Pathogenomics of the virulence plasmids of *Escherichia coli*. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*. 2009;73(4):750-74.
5. Marchou B. Traveller's diarrhea: epidemiology, clinical practice guideline for the prevention and treatment. *Presse medicale* (Paris, France: 1983). 2013;42(1):76-81.
6. Liaqat I. Biofilm formation and binding specificities of CFA/I, CFA/II and CS2 adhesions of enterotoxigenic *Escherichia coli* and Cfae-R181A mutant. *Brazilian Journal of Microbiology*. 2012;43(3):969-80.
7. Cravioto A, Gross R, Scotland S, Rowe B. Mannose-resistant haemagglutination of human erythrocytes by strains of *Escherichia coli* from extraintestinal sources: lack of correlation with colonisation factor antigen (CFA/I). *FEMS Microbiology Letters*. 1979;6(1):41-4.
8. Perez-Casal J, Swartley JS, Scott JR. Gene encoding the major subunit of CS1 pili of human enterotoxigenic *Escherichia coli*. *Infection and immunity*. 1990;58(11):3594-600.
9. Galkin VE, Kolappan S, Ng D, Zong Z, Li J, Yu X, et al. The structure of the CS1 pilus of enterotoxigenic *Escherichia coli* reveals structural polymorphism. *Journal of bacteriology*. 2013;195(7):1360-70.
10. Voegelé K, Sakellaris H, Scott JR. CooB plays a chaperone-like role for the proteins involved in formation of CS1 pili of enterotoxigenic *Escherichia coli*. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 1997;94(24):13257-61.
11. Sakellaris H, Penumalli VR, Scott JR. The level of expression of the minor pilin subunit, CooD, determines the number of CS1 pili assembled on the cell surface of *Escherichia coli*. *Journal of bacteriology*. 1999;181(5):1694-7.
12. Jordi BJ, van Vliet AH, Willshaw GA, van der Zeijst BA, Gastra W. Analysis of the first two genes of the CS1 fimbrial operon in human enterotoxigenic *Escherichia coli* of serotype O139: H28. *FEMS microbiology letters*. 1991;80(2-3):265-70.
13. Froehlich BJ, Karakashian A, Sakellaris H, Scott JR. Genes for CS2 pili of enterotoxigenic *Escherichia coli* and their interchangeability with those for CS1 pili. *Infection and immunity*. 1995;63(12):4849-56.
14. roehlich BJ, Karakashian A, Meisen LR, Wakefield JC, Scott JR. CooC and CooD are required for assembly of CS1 pili. *Molecular microbiology*. 1994;12(3):387-401.
15. Nazarian S, Amani J. Pathogenesis and Vaccines against Enterotoxigenic *Escherichia Coli*. *JBUMS*. 2017;19(6):13-21.
16. Tobias J, Svennerholm A-M, Holmgren J, Lebens M. Construction and expression of immunogenic hybrid enterotoxigenic *Escherichia coli* CFA/I and CS2 colonization fimbriae for use in vaccines. *Applied microbiology and biotechnology*. 2010;87(4):1355-65.
17. Nandre RM, Ruan X, Duan Q, Sack DA, Zhang W. Antibodies derived from an enterotoxigenic *Escherichia coli* (ETEC) adhesin tip MEFA (multiepitope fusion antigen) against adherence of nine ETEC adhesins: CFA/I, CS1, CS2, CS3, CS4, CS5, CS6, CS21 and EtpA. *Vaccine*. 2016;34(31):3620-5.
18. Hayat S-MG, Gargari S-LM, Nazarian S. Construction and immunogenic properties of a chimeric protein comprising CfaE, CfaB and LTb against Enterotoxigenic *Escherichia coli*. *Biologicals*. 2016;44(6):503-10.
19. Zeinalzadeh N, Salmanian AH, Goujani G, Amani J, Ahangari G, Akhavan A, et al. A Chimeric protein of CFA/I, CS6 subunits and LTb/STa toxoid could protect immunized mice against enterotoxigenic *Escherichia coli*. *Microbiology and Immunology*. 2017;61(7):272-9.
20. Svennerholm A-M, Lundgren A. Recent progress toward an enterotoxigenic *Escherichia coli* vaccine. *Expert review of vaccines*. 2012;11(4):495-507.
21. Zhang W, Zhang C, Francis DH, Fang Y, Knudsen D, Nataro JP, et al. Genetic fusions of heat-labile (LT) and heat-stable (ST) toxoids of porcine enterotoxigenic *Escherichia coli* elicit neutralizing anti-LT and anti-STa antibodies. *Infection and immunity*. 2010;78(1):316-25.
22. Berzofsky JA, Ahlers JD, Belyakov IM. Strategies for designing and optimizing new generation vaccines. *Nature Reviews Immunology*. 2001;1(3):209-19.
23. Alerasol M, Gargari SLM, Nazarian S, Bagheri S. Immunogenicity of a fusion protein comprising coli surface antigen 3 and labile B subunit of enterotoxigenic *Escherichia coli*. *Iranian biomedical journal*. 2014;18(4):212.
24. Crowe J, Dobeli H, Gentz R, Hochuli E, Stiiber D, Henco K. 6xHis-ni-nta chromatography as a superior technique in recombinant protein expression/purification. *Protocols for gene analysis*. 1994;31:371-87.
25. Schmitt J, Hess H, Stunnenberg HG. Affinity purification of histidine-tagged proteins. *Molecular biology reports*. 1993;18(3):223-30.
26. Bornhorst JA, Falke JJ. Purification of proteins using polyhistidine affinity tags. *Methods in enzymology*. 2000;326:245-54.



27. Rosano GL, Ceccarelli EA. Recombinant protein expression in *Escherichia coli*: advances and challenges. *Frontiers in microbiology*. 2014;5:172.

28. Choi T-J, Geletu TT. High level expression and purification of recombinant flounder growth hormone in *E. coli*. *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology*. 2018;in press, doi.org/10.1016/j.jgeb.2018.03.006.



Original Article

Cloning and the Evaluation of Gene Expression and Purification of Gene Encoding Recombinant Protein Containing Binding Subunit of Coli Surface Antigens CS1 and CS2 from Enterotoxigenic *Escherichia coli*

Khobbakht D¹, Amani J^{2*}, Zare S³, NourMohammadi Z¹

1. Department of Genetics, Faculty of Basic Sciences, Islamic Azad University, Research Branch, Tehran, Iran

2. Applied Microbiology Research Center, Systems Biology and Poisonings Institute, Baqiyatallah University of Medical Sciences, Tehran, Iran

3. Department of Genetics and Biotechnology, School of Biological Science, Varamin-Pishva, Branch Islamic Azad University, Varamin, Iran

Received: 27 Jun 2018

Accepted: 10 Dec 2018

Abstract

Background & Objective: Enterotoxigenic *Escherichia coli* (ETEC) is a major causative agent of diarrhea. Enterotoxins and the colonization factors (CFs) are major virulence factors in ETEC infections. The bacterium binds to the intestinal epithelial cell surface through colonization factors and produces enterotoxins that cause excessive fluid and electrolyte secretion in the lumen of the intestine, which ultimately leads to diarrhea. Due to the difficulty of treatment and the high prevalence of this disease, the design of the vaccine against this organism is one of the goals of the World Health Organization. The CooD-CotD protein, as adhesion tip subunits of CS1 and CS2, plays an important role in bacterial attachment to the intestinal epithelial cells. In this study, the expression and purification of chimeric protein CooD-CotD was carried out with the aim of investigating as candidate vaccine.

Materials & Methods: In this study, codon optimization of *cooD-cotD* chimeric gene was performed by Gene Designer software. The gene was amplified by PCR and cloned into pJET1.2 / blunt then it was subcloned into pET28a to express chimeric protein. Recombinant protein was purified following expression, using Ni-NTA affinity chromatography and confirmed by western blotting analysis.

Results: The presence of 82kDa in the SDS-PAGE gel showed that expression of CooD-CotD chimeric protein and confirmed by western blotting analysis. Yield of purified protein was 121 mg/ml.

Conclusions: Expression and protein purification studies showed that this protein has expression in the homologous host.

Keywords: Enterotoxigenic *Escherichia coli*, CS1, CS2, Recombinant expression

*Corresponding Author: : Amani Jafar, Applied Microbiology Research Center, Systems Biology and Poisonings Institute, Baqiyatallah University of Medical Sciences, Tehran, Iran
Email: jafar.amani@gmail.com
<https://orcid.org/0000-0002-5155-4738>