

# I. ANALÝZA PROTEOMU

## A) DVOUROZMĚRNÁ ELEKTROFORÉZA

Dr. Hana Konečná

Dvourozměrná elektroforéza slouží k separaci směsí proteinů.

**Prvním rozměrem je izoelektrická fokusace**, tj. separace proteinů podle jejich izoelektrických bodů (pI) v polyakrylamidovém gelu. K rozdělení dochází v elektrickém poli v prostředí ionizovaných látek, které vytvářejí pH gradient.

**Druhý rozměr** tvoří polyakrylamidový gel s obsahem dodecylsulfátu sodného, ve kterém dochází k rozdělení proteinů podle molekulové hmotnosti (MW).

Po provedení dvourozměrné elektroforézy jsou proteiny detekovány Coomassie Brilliant Blue, stříbrem, fluorescenčně, popř. autoradiograficky.

Protein se vyřízne z gelu, enzymaticky naštěpí na peptidové fragmenty, které jsou analyzovány hmotnostní spektrometrií. K příslušnému MS-spektru je identifikace proteinu dohledána z databáze.

### Praktická část:

Vzorky se připraví acetonovou extrakcí z listů *Arabidopsis thaliana*

- a) wild type *Columbia*
- b) *amp 1* – mutantní linie nadprodukuje rostlinné hormony cytokininy

#### 1, Extrakce proteinů z listů:

- listy se rozdrtí v třecí misce v tekutém dusíku
- přidá se roztok aceton/TCA (k. trichloroctová) – vysrážení proteinu
- centrifugace, pelet se promyje roztokem acetonu (s obsahem EDTA a inhibitorů proteáz)
- centrifugace, vysušení peletu (tj. proteinový prášek)

#### 2, Solubilizace proteinů:

- rozpuštění proteinů - 1h třepat při 37 °C v solubilizačním pufu
- centrifugace, filtrace, změření koncentrace proteinu

#### 3, Rehydratace IPG proužku se vzorkem

- Proužky se dodávají v dehydratovaném stavu opatřené ochrannou fólií. Všeobecně lze použít dva postupy přípravy:
  - 1) rehydratace bez vzorku – po odstranění fólie se proužek nechá rehydratovat rehydratačním pufrem 9-16 hodin, vzorek se nanese před samotnou fokusací.
  - 2) rehydratace se vzorkem – po odstranění fólie se proužek nechá rehydratovat v roztoku rehydratačního pufu obsahujícím vzorek. Tímto způsobem lze dosáhnout nanesení velkého množství proteinu (až 1 mg) bez rizika vysrážení.
    - 2.1) rehydratace se vzorkem **pasivní** – bez působení elektrického proudu
    - 2.2) rehydratace se vzorkem **aktivní** – 50 V, 20°C, 10–12 hodin

- V našem případě použijeme postup **pasivní rehydratace se vzorkem**. Do drážky rehydratační vaničky nanese 500 µg vzorku ředěného rehydratačním pufrem. Z IPG proužku opatrně sloupneme ochrannou fólii a položíme jej GELEM DOLŮ do vzorku (případné bubliny je třeba odstranit!). Zalijeme 2 ml minerálního oleje. Rehydratace proužku bude probíhat 9 hodin.

**S proužky manipulujeme výhradně pinzetou a v rukavicích !!!**

#### 4, Izoelektrická fokusace (1. rozměr)

- Fokusační podmínky závisí na složení vzorku, jeho komplexitě a na pH rozmezí IPG proužku. Následující podmínky proto berte pouze jako doporučené. Na elektrody fokusační vaničky opatrně pinzetou položíme čtverečky speciálního papíru a navlhčíme je 8 µl deionizované vody. Z rehydratační vaničky vyjmeme proužek a necháme odkapat olej. Proužek položíme do fokusační vaničky gelem dolů. JEMNĚ jej přitlačíme na elektrody. Zalijeme 2 ml minerálního oleje. Po vložení všech proužků uzavřeme vaničku víkem – pozor na orientaci! – a vložíme ji do přístroje.

Podmínky fokusace (pro proužek délky 17 cm):

- krok: odstranění nadbytečných solí  
startovní napětí: 200 V  
čas: 30 min  
teplota: 20 °C
- krok: zvyšování napětí  
startovní napětí: 200 V  
konečné napětí: 1500 V  
čas: 3 h  
teplota: 20 °C
- krok: zvyšování napětí  
startovní napětí: 1500 V  
konečné napětí: 5 000 V  
celkový počet volthodin: 60 000 Vh (může se pohybovat i v rozmezí 25 000 – 100 000 Vh)  
teplota: 20 °C
- krok: závěrečný udržovací krok  
napětí: 500 V  
čas: 15 hodin  
teplota: 20 °C

Po ukončení fokusace proužky vyjmeme z oleje, necháme okapat a zamrazíme na –20 °C v hermeticky uzavřené nádobce. Takto lze proužky uchovat až tři měsíce.

#### 5, SDS-PAGE (2. rozměr)

- Ekvilibrace proužků: Před provedením SDS-PAGE je nezbytné ekvilibrovat proužky v pufru obsahujícím dodecylsulfát sodný (SDS). Proužky po rozmrazení umístíme do rehydratační vaničky obsahující 4 ml ekvilibračního roztoku 1 (obs. DTT) a 10 minut jemně promícháváme. Po deseti minutách přemístíme proužek do ekvilibračního roztoku 2 (obs. jodoacetamid) a opět mírně promícháváme. Jodoacetamid je fotocitlivý, ekvilibrační roztok 2 proto chráníme před světlem alobalem.
- Po ekvilibraci přeneseme IPG proužek na koncentrační gel druhé dimenze a zalijeme 0.8 % agarosou v elektroforetickém pufru s obsahem 0,002% bromfenolové modři. Necháme proběhnout standardní SDS-PAGE, gely obarvíme Coomassie Brilliant Blue. Pro dosažení vyšší citlivosti lze použít barvení stříbrem, pro které je uveden návod. V rámci praktika nebude z časových důvodů prováděno.

#### Roztoky pro 2D elektroforézu:

##### **Solubilizační pufr (totožný s rehydratačním pufrem)**

9M urea, 2% CHAPS, 60 mM DTT, 0.8% ampholyte, 0.003% BPB

##### **Ekvilibrační roztoky**

- 6 M močovina, 0,375 M Tris/Cl, pH 8,8, 2% SDS, 20% glycerol, 2% (w/v) DTT
- 6 M močovina, 0,375 M Tris/Cl, pH 8,8, 2% SDS, 20% glycerol, 2,5% (w/v) jodoacetamid

##### **Agarosa na zalití IPG stripu**

0.8 % agarosa v PAGE elektroforetickém pufru

### **Elektroforetický pufr**

0,025 M Tris, 0,192 M glycin, 0,1 % SDS

### **Složení gelu pro druhý rozměr 2-D elektroforézy:**

Druhý rozměr 2-D elektroforézy provádíme v kontinuálním gelu:

9,9 ml zásobního roztoku akrylamidu G30

12 ml H<sub>2</sub>O

7,5 ml 4x koncentrovaného pufru pro dělicí gel

0,3 ml 10 % (w/v) SDS

150 µl 10% (w/v) APS

10 µl TEMEDu

### **Barvení gelů Coomassie modří (Coomassie Brilliant Blue R 250)**

Barvení Coomassie modří patří mezi nescifické metody vizualizace proteinů. Při obvyklém způsobu barvení Coomassie dochází zároveň k fixaci proteinu do gelu, a to působením 40% methanolu v prostředí 10% kyseliny octové. Barvení trvá přibližně 2 – 8 hodin, v závislosti na množství proteinu naneseného na gel, na tloušťce gelu a na koncentraci Coomassie.

- Po skončení SDS-PAGE označit orientaci gelu odkrojením jednoho z rožků a opatrně přenést gel do 0,1% Coomassie R 250. Ponechat třepat na třepačce přes noc.
- Následující den vyměnit Coomassie za odbarvovací roztok č. 1. Ponechat na kývačce 30 minut.
- Vyměnit odbarvovací roztok 1 za odbarvovací roztok 2. Ponechat na kývačce do odbarvení; odbarvovací roztok 2 je nutné několikrát vyměnit. V tomto roztoku je gel možné v chladu uchovat i několik týdnů.
- Uchovávání gelů:
  - vysušení mezi celofány
  - vysušení na papíře pod celofánem
  - naskenování a uchování v elektronické podobě (pokud se gel uchovává pro pozdější analýzu, uchovávat ve formátu tiff, nekomprimovaném)

### **Roztoky:**

#### **Barvicí roztok Coomassie**

0,1% Coomassie Brilliant Blue R 250

10% kyselina octová

40% methanol

#### **Odbarvovací roztok 1**

7% kyselina octová

40% methanol

#### **Odbarvovací roztok 2**

10% kyselina octová

5% metanol

### **Sušení gelů mezi celofány**

- Odbarvovací roztok 2 vyměníme za 2% glycerol a gel v roztoku ponecháme aspoň 15 minut.
- Ustříhneme celofán (Biometra, BioRad), namočíme a ponecháme ve vodě 10 minut.
- Poskládáme sendvič a ten vložíme do sušárny gelů.
- Sušíme 4 hodiny.

### **2% (w/v) glycerol**

2g glycerolu doplnit na objem 100 ml destilovanou vodou

## **B) HMOTNOSTNÍ SPEKTROMETRIE PROTEINŮ**

Dr. Zbyněk Zdráhal

Hmotnostní spektrometrie bude použita pro identifikaci vybraných proteinů po jejich separaci 2-D elektroforézou (MALDI-TOF MS), resp. po on-line separaci kapalinovou chromatografií (ESI-IT MS). Studenti se seznámí s metodou analýzy proteinů pomocí hmotnostní spektrometrie včetně proteolytického štěpení a budou samostatně identifikovat vybrané proteiny na základě srovnání získaných dat s proteinovými databázemi.

### **Teoretický úvod**

#### **MALDI-TOF MS**

Hmotnostní spektrometrie s ionizací za přítomnosti matrice a detekcí iontů v průletovém analyzátoru (Matrix-assisted Laser Desorption/Ionization – Time-of-flight Mass Spectrometry, MALDI-TOF MS) je v současné době jedna z nejrozšířenějších metod identifikace proteinů resp. určení jejich primární struktury. V našem případě bude použita metoda založená na srovnání hmotností peptidů vzniklých proteolýzou analyzovaného proteinu s proteinovými databázemi (peptide mapping, peptide mass fingerprinting).

Obarvené skvrny vybraných proteinů jsou nejprve vyříznuty z gelů připravených 2-D elektroforézou. Vyříznuté kousky gelu s proteiny jsou odbarveny střídavým promýváním v acetonitrilu a roztoku hydrouhličitanu amonného. Po odbarvení jsou dithiothreitem redukovány disulfidické můstky mezi cysteiny a následně jsou -SH skupiny alkylovány jodacetamidem s cílem zabránit opětovnému vytvoření těchto můstků. Po alkylování je ke vzorkům přidána proteáza (obvykle trypsin) a jsou inkubovány přes noc. Působením proteázy jsou proteiny specificky štěpeny na sadu peptidů. Již zmíněný trypsin štěpí protein za lysinem nebo argininem směrem k C-konci peptidu. Soubor takto vzniklých peptidů je specifický pro daný protein (tzv. peptidová mapa). Po ukončení inkubace jsou peptidy extrahovány kyselým vodným roztokem acetonitrilu.

Extrakt peptidů je pak smíchán s matricí, nanesen na terčík a po krystalizaci je analyzován pomocí MALDI-TOF MS. Pro analýzu bude použit přístroj REFLEX IV (Bruker, Brémy, Německo). Výsledkem hmotnostně spektrometrické analýzy jsou přesné hmotnosti peptidů. Soubor naměřených hmotností peptidů je pak srovnáván pomocí prohlédávacích programů (např. Mascot, MS Fit) s proteinovými databázemi, resp. s peptidovými mapami vytvořenými *in silico* počítačovým programem pro jednotlivé proteiny uložené ve zvolené databázi. Na základě tohoto srovnání lze protein identifikovat s velkou pravděpodobností, případně určit jeho homology.

#### **LC- MS/MS**

Hmotnostní spektrometrie s ionizací elektrosprejem a iontovou pastí jako hmotnostním analyzátozem iontů je další velmi rozšířenou metodou identifikace. Výhodou je možnost on-line spojení tohoto typu hmotnostního spektrometru s vhodnou separační technikou (HPLC, CE). V tomto případě bude identifikace proteinů založená na srovnání hmotností fragmentů jednotlivých peptidů vzniklých proteolýzou proteinů v analyzované směsi s proteinovými databázemi.

Směs proteinů je podrobena proteolytické digesci (postup je popsán v předchozím odstavci). Směs vzniklých peptidů je pak separována na kapilární koloně kapalinového chromatografu (Ultimate, LC Packings). K dávkování vzorků bude použit autosampler (Famos, LC Packings). MS/MS analýza separovaných peptidů bude provedena na přístroji Esquire 2000 (Bruker, Brémy, Německo). Pro identifikaci jsou pak srovnávány soubory naměřených hmotností fragmentů jednotlivých peptidů pomocí prohlédávacích programů (např. Mascot, Protein Prospector) s proteinovými databázemi.

## Proteolytické štěpení

### 1. Vyříznutí proteinových skvrn z gelu

- deionizovaná voda
- skalpel
- mikrozkušavky (0,5 ml)

Gel opláchneme vodou a pak skalpelem vyřezeme vybrané skvrny gelu. Vyříznutý gel s daným proteinem pak rozkrájíme na kostičky o velikosti 1 mm a vložíme do mikrozkušavek.

### 2. Odbarvení gelu

- deionizovaná voda
- 50 mM  $\text{NH}_4\text{HCO}_3$ /acetonitril (1:1, v/v)
- acetonitril
- 50 mM  $\text{NH}_4\text{HCO}_3$

Gel proplachujeme uvedenými roztoky, promytí roztokem pufru a acetonitrilu opakujeme 2x, po promytí acetonitrilem nakonec gel usušíme ve vakuové centrifuze.

### 3. Redukce a alkylace

- 10 mM dithiothreitol/25 mM  $\text{NH}_4\text{HCO}_3$  – redukční činidlo
- 55 mM jodacetamid/25 mM  $\text{NH}_4\text{HCO}_3$  – alkylační činidlo
- 50 mM  $\text{NH}_4\text{HCO}_3$ /acetonitril (1:1, v/v)
- acetonitril

K částicím gelu přidáme redukční činidlo a inkubujeme 1 hodinu při 56 °C, pak roztok odstraníme a přidáme na 30 minut alkylační činidlo (lab. teplota, temno). Odstraníme roztok alkylačního činidla a propláchneme roztokem pufru v acetonitrilu a pak samotným acetonitrilem, opět roztok odpaříme.

### 4. Proteolytické štěpení

- trypsin (5 ng/μl) v 25 mM  $\text{NH}_4\text{HCO}_3$

Přidáme roztok enzymu, tak aby zakrýval kousky gelu, a inkubujeme při 37°C přes noc.

### 5. Extrakce peptidů

- 50 % acetonitril/1% trifluoroctová kyselina

Po 10 minutách v ultrazvukové lázni odpipetujeme původní inkubační roztok, pak přidáme roztok acetonitrilu a opět dáme na deset minut do ultrazvukové lázně a odpipetujeme supernatant (tento krok opakujeme). Jednotlivé supernatanty spojíme.

## MALDI-TOF MS analýza

### 1. Příprava peptidového extraktu k analýze

- matrice - nasycený roztok kyseliny hydroxy  $\square$ -kyano skořicové v 50 % acetonitrilu s 0,1 % trifluoroctovou kyselinou

Peptidový extrakt smícháme 1:1 s matricí a výsledný roztok (0,5  $\square$ l) nanese na terčík. Po vykrystalizování je vzorek připraven k analýze.

### 2. Vlastní analýza

Peptidy měříme v reflektroновém modu a za použití externí kalibrace na směs standardních peptidů.

## **LC-MS/MS analýza**

### **1. LC analýza**

- kapilární kolona s reversní fází C18
- mobilní fáze acetonitril/voda s přídavkem kyseliny mravenčí (0,1%), gradientová eluce

### **2. Vlastní analýza**

Iontová past pracuje v MS/MS modu.

## **Identifikace proteinů**

### ***Základy práce s databázemi***

Seznámíme se s nejdůležitějšími zdroji dat a nástroji pro studium proteinů přístupných na Internetu. Použití si vyzkoušíme na několika praktických příkladech v počítačové učebně a studenti vypracují několik praktických úkolů.

### **Typy zdrojů informací a nástrojů**

Dr. Zbynek Zdrahal ([zdrahal@sci.muni.cz](mailto:zdrahal@sci.muni.cz))  
<http://www.sci.muni.cz/LMFR/Proteomika.html>

#### **1. Základní data**

– sekvence

- NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>)
- Entrez (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Entrez/>)
- Expasy (<http://www.expasy.ch/>)
- SwissProt (<http://www.expasy.ch/sprot/>)

– struktura

- PDB (<http://www.rcsb.org/pdb/>)

#### **2. Nástroje**

- analýza sekvence, srovnávání více sekvencí
  - odkaz na Biology Workbench (<http://workbench.sdsc.edu/>)
  - CLUSTAL
  - BLAST
  - PHYLIP
- zobrazení struktury
  - PDB Java Viewer
  - Cn3D (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/CN3D/cn3d.shtml>)
  - Swiss Pdb Viewer (<http://www.expasy.ch/spdbv/mainpage.htm>)
  - Chime (<http://www.mdli.com/support/chime>)
- předpovídání struktury
  - Swiss Model (<http://www.expasy.ch/swissmod/SWISS-MODEL.html>)
- komplexní
  - Biology WorkBench (<http://workbench.sdsc.edu/>)
  - SwissProt Tools (<http://www.expasy.ch/tools/>)

### 3. Odvozená a speciální data

- podobnosti mezi druhy  
COG (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/COG/>)
- domény  
PROSITE (<http://www.expasy.ch/prosite/>)
- typy skládání  
SCOP (<http://scop.mrc-lmb.cam.ac.uk/scop/>)
- fosforylační místa  
PhosphoBase (<http://www.cbs.dtu.dk/databases/PhosphoBase/>)
- hmotnostní spektra pro MALDI-TOF, 2-D gely, identifikace z gelu  
SwissProt 2-D PAGE (<http://www.expasy.ch/ch2d/>)  
PeptideSearch (<http://www.mann.embl-heidelberg.de/GroupPages/PageLink/peptidesearchpage.html>)  
ProteinProspector (<http://prospector.ucsf.edu/>)
- nomenklatura enzymů  
SwissProt ENZYME (<http://www.expasy.ch/enzyme/>)
- pohyby proteinů  
MolMovDB (<http://bioinfo.mbb.yale.edu/MolMovDB/>)

#### Vyhodnocení MS dat (samostatná práce)

Po seznámení se s nejdůležitějšími zdroji dat a nástroji pro studium proteinů přístupných na Internetu data získaná MALDI-TOF MS analýzou (hmoty peptidů) zadáme do prohlídacího programu Mascot (Matrix Science) s příslušnými parametry a identifikujeme proteiny z jednotlivých skvrn.

#### **Poznámka:**

Proteolytické štěpení a MALDI-TOF MS analýza bude provedena z části demonstrační formou z časových a kapacitních důvodů. Studenti obdrží seznam hmot peptidů pro každý analyzovaný vzorek a vlastní identifikaci proteinů si každý student provede sám.

## II. TECHNOLOGIE REKOMBINANTNÍCH PROTEINŮ

Nedostupnost dostatečných množství homogenních preparátů biologicky významných eukaryontních proteinů byla jedním ze základních omezení jejich studia. Tento limitující faktor byl odstraněn rozvojem molekulárně biologických technik, umožňujících produkci studovaných eukaryontních proteinů v dostatečném množství. Důležitým předpokladem bylo vypracování technik jejich produkce v heterologních, převážně bakteriálních expresních systémech. Protože prokaryontní transkripční aparát nedokáže odstranit nekódující oblasti eukaryontních genů, je nezbytné získat nejprve DNA komplementární k mRNA genu pro daný protein (cDNA) metodami založenými na reverzní transkripci mRNA. Pro účely nadprodukce rekombinantních proteinů lze využít řadu expresních plazmidů se silnými promotory pro kmeny *Escherichia coli*. Inzerce cDNA do vektoru je usnadněna přítomností mnohočetného klonovacího místa za promotorem, který má být použit k řízení exprese cDNA.

### A) Příprava bakteriální kultury pro izolaci plazmidové DNA

Do bakteriální zkumavky obsahující 5 ml sterilního LB media s ampicilinem (100 mg/l) inokulujte pomocí bakteriální kličky expresní kulturu (kmen BL21 (DE3) pLys nesoucí expresní konstrukt pRSETA::*Zm-p60.r*) a nechte inkubovat přes noc při 37°C za stálého třepání.

### Izolace plazmidové DNA z obou bakteriálních kultur pomocí QIAprep Miniprep kitu

Dr. Eliška Nejedlá

1. centrifugujeme 3 ml (2 x 1,5 ml) narostlé bakteriální kultury 5 min 4500 rpm
2. pelet resuspendujeme ve 250  $\mu$ l činidla P<sub>1</sub>
3. přidáme 250  $\mu$ l činidla P<sub>2</sub> a jemným překlápěním (4- 6 x) zamícháme do zprůhlednění roztoku (nenechat déle než 5 minut)
4. přidáme 350  $\mu$ l činidla N<sub>3</sub>
5. centrifugujeme 10 min (14000rpm/4°C)
6. supernatant přeneseme opatrně do kolonky a centrifugujeme 30 s při 14000 rpm
7. kolonku po odstranění roztoku promyjeme 500  $\mu$ l činidla PB a opět centrifugujeme 30s
8. kolonku promyjeme 750  $\mu$ l činidla PE a opět centrifugujeme
9. opakovanou centrifugací (viz. bod 8) odstraníme zbytky PE
10. po přidání 50  $\mu$ l deionizované sterilní vody necháme stát 1 min na stole
11. eluci plazmidové DNA provedeme centrifugací při 14000 rpm (1 min)
12. změříme koncentraci plazmidové DNA spektrofotometricky při  $\lambda = 260\text{nm}$ .



# SEKVENAČNÍ ANALÝZA DNA

Mgr. Eva Paděrová

Cílem práce je ověřit čtecí rámec klonovaného genu Zm-p60.1 v expresním vektoru pRSET A. Informace o používaném plazmidu pRSET A jsou dostupné na stránkách [www.invitrogen.com](http://www.invitrogen.com). Pro sekvenování se použije univerzální sekvenační primer T7. S využitím dat o klonovacích místech plazmidu se určí, které restriktázy byly využity pro subklonování genu Zm-p60.1 a ověří se čtecí rámec.

## Teoretický úvod

Sekvenační analýza bude provedena metodou značených terminátorů za použití Genetického analyzátoru ABI PRISM 310, který pracuje na bázi gelové kapilární elektroforézy. V praxi to znamená, že se nejprve s daným plazmidem, neznačeným primerem a sekvenačním kitem provede sekvenační reakce (cycle sequencing). Používaný kit (ABI PRISM BigDye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit v3.1) obsahuje enzym AmpliTaq polymerázu FS, směs nukleotidtrifosfátů a fluorescenčně značených terminátorů. Každý ze čtyř terminátorů (ddNTPs-dideoxynukleotidtrifosfátů) přítomných v reakci nese jinou fluorescenční značku. Při sekvenační reakci jsou tyto terminátory do rostoucích řetězců průběžně inkorporovány, řetězec je ukončen a zároveň označen značkou příslušnou k dané bázi.

Vzniklé fragmenty jsou rozděleny gelovou kapilární elektroforézou. CCD kamera analyzátoru pak snímá fluorescenci excitovanou laserovým paprskem ze všech čtyř použitých značek současně (protože emisní maxima jsou při rozdílných vlnových délkách, je možné analyzovat všechny fragmenty současně).

## Příprava sekvenační reakce

Na sekvenační reakci napipetujeme pro každý zkoumaný plazmid do PCR zkumavky:

plazmidovou DNA (do reakce celkem 1130 ng )	4 $\mu$ l*
deio voda	1 $\mu$ l*
primer (konc. 10 pmol/ $\mu$ l)	0.5 $\mu$ l
BD kit	4,2 $\mu$ l
5X BD sekvenační pufr	2,1 $\mu$ l*

*\* údaj je orientační, závisí na koncentraci plazmidové DNA. Pokud je koncentrace nižší než 100 ng/ $\mu$ l, je potřeba vzorek zahustit.*

Obsah protřepeme, centrifugujeme a vložíme do PCR cyklieru.

## Sekvenační reakce

Na PCR cyklieru nastavíme následující program:

Teplotní rampa na 96°C  
Cyklus 35x: 96°C 10s  
50°C 5s  
60°C 4 min

Teplotní rampa na 4°C, výdrž.

Celková doba je asi 3 hodiny.

## **Přečištění produktů sekvenační reakce**

Do eppendorfky 1,5 ml napipetujeme:

3M octan sodný	2 µl
95% ethanol (ledový -20°C)	50 µl
celý obsah PCR zkumavky	

Protřepeme na Vortexu a necháme DNA 15 minut na ledu vysrážet.

Centrifugujeme 30 min při maximální rychlosti (14000 rpm).

Opatrně pipetou odsajeme ethanolovou vrstvu, aniž bychom poškodili pelet (pozor, pelet není vidět!!)

Pelet opláchneme 250 µl 70% ethanolu, protřepeme v ruce.

Krátce (5 minut) centrifugujeme při maximální rychlosti (14000 rpm).

Odsajeme ethanol.

Sraženinu krátce dosušíme (2-3 minuty) ve vakuové centrifuze nebo 20 sec v termobloku na 95 °C.

## **Příprava vzorku pro automatický sekvenátor**

Vzorek pro sekvenátor připravíme následovně:

- Pelet v eppendorfce rozpustíme ve 20 µl TSR reagentu (Template Suppression Reagent).
- Důkladně protřepeme na Vortexu a krátce centrifugujeme.
- Denaturujeme 3 minuty při 95°C v termobloku.
- Rychle zchladíme na ledu.
- Znovu protřepeme a centrifugujeme.
- Celý obsah opatrně přeneseme do vialky (0,5 ml) určené pro automatický dávkovač sekvenátoru.
- Uzavřeme septem.

## **Elektroforéza na ABI PRISM 310**

- Zkumavky se vzorky vložíme do automatického dávkovače analyzátoru.
- Otevřeme program pro sběr dat (Data Collection).
- Podle pokynů vyplníme příslušné informace o vzorku (Sample sheet) – název vzorku, typ kitu a matrice.
- Vyplníme informace o pořadí a způsobu nástřiku (Injection list).
- Spustíme automatickou analýzu (přibližně 2.5 hodiny na jeden vzorek).

## **Vyhodnocení dat**

Otevřeme program pro analýzu sekvenačních dat (Sequence Analysis).

Vyhledáme příslušný vzorek a data vložíme ke zpracování (Sample Manager).

Prohlédneme získanou sekvenci, případně korigujeme podmínky analýzy (upřesníme počátek a případně i konec).

Výsledky vytiskneme a vyhodnotíme požadované informace.

## Vyhodnocení sekvencí v programu Work Bench

Dr. Eliška Nejedlá

### Proč vlastně sekvenovat?

Při práci s rekombinantními proteiny je naprosto nezbytné mít klon, který je zcela bez chyby – tedy konkrétněji – bez mutací a ve správném čtecím rámci. Názornou ukázkou, co může způsobit záměna JEDNÉ aminokyseliny, uvidíte sami v praktiku.

Proto je nutné každý klon, se kterým pracujete, **ověřit – tj. osekvenovat a sekvence zkontrolovat**. Obzvláště pak v případech, kdy provádíte PCR (chyba polymerasy) nebo vzorek od někoho dostanete.

Praktická rada: nevěřte nikomu!

K ověření lze využít programy volně dostupné na internetu, jako je např. program Workbench (<http://workbench.sdsc.edu/>). V praktiku si ukážeme, jak sekvence pomocí tohoto programu kontrolovat. Sekvence lze sice kontrolovat i manuálně, ale tento způsob rozhodně nelze doporučit: nemůžete vyloučit chybu a je to pracné a zdlouhavé.

### Obecný postup při ověřování správnosti vzorku:

*vzorek → izolace DNA → sekvenace → sekvence → Workbench: srovnání se známou, BEZCHYBNOU sekvencí → vyhodnocení.*

Výstup z programu Workbench může vypadat například takto:

(při srovnání se vzorovou sekvencí zcela jasně vidíte, zda je sekvence ověřovaného vzorku v pořádku)

```
CKI_jap9wtT7      -----GAGATATACCATGGGCAGCAGC
CKI1_dna          CAAAGGGAATCATTGCTGAGACATTCTTTTGTTCAGAGAGATCACCAAACATAAAGTC
                                     ***** * * * * *

CKI_jap9wtT7      CATCATCATCATC--ATCACAGCAGC-GGCCTGGTGCCGCGCGGCAGCCATATGGCTAGC
CKI1_dna          CAAGAAGAGGGGCCAAGCTCAATGTTTAAACAAAAAATTAGGTAAGAGGATAATGGCATCA
** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

CKI_jap9wtT7      ACAGATTCAGAGAGTGTGAGACTAGGGTCAAGTCAGTGCCTACCGGTCGAAAGCCTATTGGG
CKI1_dna          ACAGATTCAGAGAGTGTGAGACTAGGGTCAAGTCAGTGCCTACCGGTCGAAAGCCTATTGGG
*****

CKI_jap9wtT7      AACCCAGAGGACGAGCAAGAGACTTCCAAGCCGAGTGACGATGAATTCTTAAGAGGAAAG
CKI1_dna          AACCCAGAGGACGAGCAAGAGACTTCCAAGCCGAGTGACGATGAATTCTTAAGAGGAAAG
*****
```

Program Workbench lze využít nejen ke kontrole DNA sekvencí; mimo jiné tu lze srovnávat zadané sekvence proti databázím, překládat DNA sekvence do proteinových, vyhledávat primery... Dále lze Workbench použít i pro práci s proteinovými sekvencemi – taktéž srovnávání navzájem či přes databáze, zjišťovat pI, ext. koeficienty... A spousta dalších věcí, které si vlastnoručně vyzkoušíte. Vaším úkolem totiž bude zkontrolovat sekvence vzorků, se kterými budete pracovat. Výstupy z Workbenche přiložíte k protokolu. Vzhledem k časové náročnosti praktika a finanční náročnosti sekvenování nebudete ovšem sekvenovat a kontrolovat celý klon, ale pouze jeho začátek. Pro ovládnutí základů práce se sekvencemi to však bude zcela postačující.

# B) EXPRESE A PURIFIKACE REKOMBINANTNÍCH PROTEINŮ

Mgr. Radka Fohlerová

Častým průvodním jevem nadprodukce eukaryontních proteinů je vytváření nerozpustných útvarů v bakteriální cytoplazmě, složených obvykle z nekorektních konformerů rekombinantního proteinu, označovaných jako inkluzní tělíska. Důvodem jejich tvorby může být absence eukaryontních chaperonů nebo post-translačně modifikačních systémů a někdy i toxicita rekombinantních eukaryontních proteinů pro bakteriální buňky. Rozsah akumulace rozpustného rekombinantního proteinu může být pak silně negativně ovlivněn. Řadu obtíží se podařilo vyřešit translačními fúzeми rekombinantního proteinu a přirozených (obvykle bakteriálních) proteinů (např. thioredoxin, maltózu vázající protein, glutathion-S-transferasa atd.), které své pozitivní fyzikálně-chemické vlastnosti (zejména vysokou rozpustnost při zvýšených intracelulárních koncentracích) rozšiřují na celý fúzní protein. Další možností, kterou lze ovlivnit správné skládání proteinu, je změna podmínek exprese proteinu. Optimalizuje se teplota růstu buněk, teplota indukce exprese požadovaného genu, koncentrace IPTG při indukci, prodloužení doby indukce nebo růstu buněk. Lze i specificky obohacovat růstové médium.

Podmínkou pro většinu analýz rekombinantních proteinů je získání rekombinantních proteinů v homogenní formě účinnou purifikací z komplexních bakteriálních lyzátů. Purifikaci lze usnadnit řízeným směřováním syntetizovaného proteinu např. do periplazmatického nebo vnějšího prostoru *Escherichia coli* užitím specifických signálních sekvencí, ale tato technologie může být spojena s nižším výtěžkem. Proto byly vyvinuty metody purifikace, jež používají nově získané afinity fúzované domény, která může mít podobu přirozených polypeptidů nebo krátkých arteficiálních oligopeptidů, které neovlivňují profil exprese - mají pouze funkci afinitní značky (His<sub>n</sub>, Asp<sub>n</sub>, Phe<sub>n</sub> atd.).

## Expresе rekombinantních derivátů β-glukozidázy Zm-p60.r

Pro expresi budou použity dva druhy konstruktů pRSET A :: Zm.p60.r, z nichž jeden je WT a druhý nese záměnu jedné aminokyseliny. Studenti nebudou předem obeznámeni, zda jim byl přidělen Wt nebo mutant. Během cvičení však mohou postupně přijít na to, se kterou formou pracují.

Tyto konstrukty náhodně označíme jako X a Y .

Liché skupiny budou pracovat s proteinem X a sudé skupiny s proteinem Y.

### Experiment:

- Do 1 l LB média s ampicilinem (100 mg/l) zaočkujeme bakteriální kulturu (BL21(DE3)pLysS buňky obsahující již zmíněný konstrukt pRSETA :: Zm.p60.r.) zamraženou na - 80°C v 10% glycerolu. Necháme růst při 37 °C do OD<sub>600</sub> 0,5-0,6.
- Poté zahájíme 3 hodinovou indukci exprese rekombinantního proteinu přidavkem 0,1 mM IPTG a současně snížíme teplotu na 22 °C.
- Kultury sklízíme centrifugací (4000rpm/20min). Pelety resuspendujeme v sonikačním pufru a zamrazíme na -20°C.

Roztoky: Sonikační pufr: 20 mM fosfát pH 7,9  
0,5 M NaCl  
0,1 % Triton X-100

## Purifikace proteinu

Čistota proteinových preparátů je jedním z kritérií pro přesnost výsledků při následné analýze purifikovaných proteinů, proto je nutné provést purifikaci proteinu z bakteriálních lyzátů. Použité fúzní proteiny obsahují na N-konci sekvenci šesti histidinů nebo thioredoxin, které umožňují použít **metalochelatační afinitní chromatografii (MAC)**.

Metoda byla poprvé využita v roce 1975 (Porath a kol.) pro frakcionaci sérových proteinů na polymerní matici s funkční skupinou chelatující ionty přechodných iontů (Cu, Ni, Zn, Co). Funkční skupinou na matici je obvykle iminodiocetová (IDA) nebo nitrilotriocetová (NTA) kyselina. Interakce proteinu s maticí je zprostředkována neobsazenými d-orbitaly iontů přechodných kovů, které vážou volné elektronové páry převážně z dusíkového atomu imidazolových skupin histidinových zbytků v proteinu. Tohoto principu bylo využito ke konstrukci umělých oligohistidinových domén (afinitních značek) na C- nebo N-konci rekombinantního proteinu. Značky vykazují ve srovnání s izolovanými zbytky histidinu v polypeptidech vysokou afinitu k vázaným přechodným kovům. Metalochelatační afinitní chromatografie se tak stala jedním ze základních purifikačních postupů pro rekombinantní proteiny.

Optimalizovaný purifikační protokol není vždy zcela přenosný na jiné proteiny z důvodů různé fyzikálně-chemické charakteristiky proteinu a také vazebné dostupnosti oligohistidinové domény. Obecně lze navrhnout pro vazbu rekombinantního proteinu pufr s pH = 7 – 8, zajišťující optimální interakci domény s kovovým iontem. V pufrch je vhodné použít vysoké koncentrace solí (0,5 – 1 M NaCl) a tím snížit nežádoucí elektrostatické interakce proteinů s maticí. Eluce proteinů může být provedena změnou pH do kyselé oblasti, kdy dochází k protonaci imidazolových skupin, případně použitím kompetitivních činidel (imidazol, některé aminokyseliny) nebo silných chelatorů (EDTA, EGTA). Použitím nižších koncentrací uvedených látek lze dosáhnout eluce balastních proteinů, které rovněž interagují s iontem přechodného kovu.

### Experiment:

## Příprava bakteriálního lyzátu pro purifikaci

- Rozmrazíme exprimované kultury
- Lyzáty sonikujeme 3 krát 1 min
- VYVÁŽÍME ZKUMAVKY S PŘESNOSTÍ NA 0,1 g a centrifugujeme 30 minut (20000 rpm/4°C)
- Pro odstranění nerozpustných zbytků se lyzát protlačí přes filtr o průměru 0,22 μm
- Přefiltrovaný supernatant použijeme na purifikaci proteinu na kolonkách.
- Zhruba 200 μl lyzátu uschováme na ledu pro následné měření koncentrace proteinů a strukturní a funkční analýzu.

## Purifikace fúzních derivátů Zm-p60.1 na Sepharose Ni<sup>2+</sup>-NTA

Pro získání čistého proteinu je nutné optimalizovat podmínky vymývání balastních proteinů. Změna složení promývacích pufrů ovlivní eluci balastních proteinů interagujících s iontem kovu. Jako matrice bude použita Ni NTA sepharosa a jako promývací pufr P1 a P2 lišící se koncentrací kompetitivního činidla imidazolu.



# ANALÝZA REKOMBINANTNÍCH PROTEINŮ

Analýza rozsahu produkce rekombinantních proteinů v rozpustné formě a stupně purifikace bude provedena elektroforeticky v polyakrylamidových gelech. Obecně lze říci, že elektroforéza proteinů využívá jejich přirozeného nebo upraveného povrchového náboje v polymerních materiálech. Nejpoužívanějším separačním materiálem se stal síťovaný polyakrylamid umožňující vysokou reprodukovatelnost metody. Jistou nevýhodou polyakrylamidových gelů (PAGE) je vysoká **neurotoxicita** monomerů akrylamidu a metylenbisakrylamidu (slouží jako síťovací prvek). Při přípravě je tedy nutné pracovat v dobře větraných digestořích a v rukavicích. K iniciaci polymerace (přípravě radikálů) lze použít riboflavin ozářený UV nebo častěji persíran amonný (APS), jako stabilizátor radikálů se používá tetramethyldiamin (TEMED).

Každá skupina si připraví jeden 10% SDS-PAGE gel s 12 jamkami

<b>DĚLICÍ GEL</b>	2x multigel
Acrylamid G30	<b>6,6 ml</b>
4x dělicí pufr	<b>5 ml</b>
dd voda	<b>8 ml</b>
10% SDS	<b>0,2 ml</b>
10% APS	<b>100 µl</b>
TEMED	<b>6,6 µl</b>
<b>KONCENTRAČNÍ GEL</b>	
Acrylamid G30	<b>0,88 ml</b>
4x separační pufr	<b>1,66 ml</b>
dd voda	<b>4,06 ml</b>
10% SDS	<b>66 µl</b>
10% APS	<b>33,4 µl</b>
TEMED	<b>10 µl</b>

4x dělicí pufr (1,5 M Tris-Cl pH 8,8)

4x koncent. pufr (0,5 M Tris-Cl pH 6,8)

Polymerace dělicího gelu musí probíhat bez přístupu vzdušného kyslíku, proto je nutno polymerační směs po nalití mezi skla přelit izobutanolem syčeným vodou. Konec polymerace se projeví vytvořením dvojvrstvy voda/izobutanol. Po odstranění izobutanolu nalijeme směs pro koncentrační gel, vsuneme hřebínek a necháme polymerovat.

## Kontrola čistoty purifikovaného proteinu

### SDS-PAGE

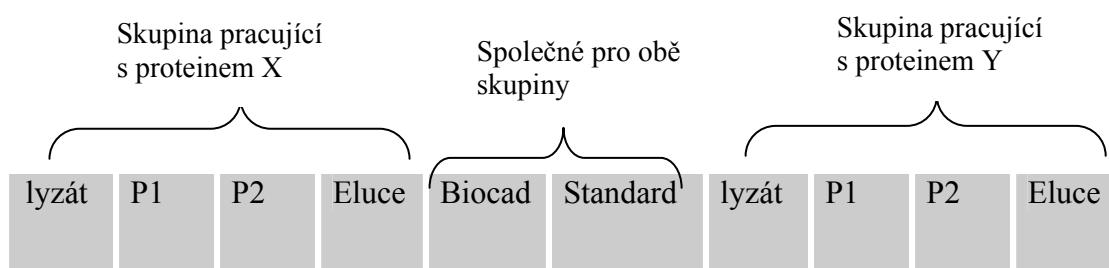
Nejvýznamnější aplikací polyakrylamidové elektroforézy (PAGE) je diskontinuální separace v přítomnosti dodecylsulfátu sodného (SDS) jako silného detergentu. SDS se váže na proteiny v konstantním poměru k jejich hmotnosti (1,4 g SDS na 1g proteinu) a umožňuje tak určit  $M_r$  proteinů s využitím hmotnostních standardů. Úplné maskování původního náboje však není zcela zachováno u silně bazických nebo kyselých proteinů, kde je k přesnému určení  $M_r$  nezbytné použít dalších technik.

Diskontinuální uspořádání zahrnuje krátký koncentrační gel a dlouhý separační gel. Koncentrační gel má nižší pH (6,8), dochází zde k zakoncentrování proteinů do úzkých zón mechanismy izotachofórey (glycin zde není zcela ionizován a slouží jako terminátorový ion). V separačním gelu o pH 8,8 dochází k ionizaci glycinu, zóny proteinů se tak oddělují a proteiny se rozdělí podle molekulových hmotností. Metoda tak umožňuje detekovat v proteinovém preparátu kontaminující proteiny a slouží k testování úspěšné optimalizace purifikace proteinu z komplexních směsí.

Separované proteiny lze vizualizovat některou z nescifických technik barvení proteinů (Coomassie Brilliant Blue, barvení stříbrem), nebo lze použít specifické techniky (detekce enzymů pomocí chromogenních substrátů, Western blotting).

#### Experiment:

Naším cílem bude ověřit čistotu izolovaného proteinu. Na připravený denaturační gel nanese postupně frakce eluované z kolonky během purifikace :



Každá skupina pracuje s přiděleným rekombinantním proteinem X nebo Y. Jednotlivé purifikační frakce nanese na gel pouze orientačně, tzn. nebudeme měřit proteinovou koncentraci. Příprava jednotlivých vzorků je znázorněna v tabulce. Připravený vzorek nanese celý do jamky.

označení vzorek	objem vzorku ( $\mu\text{l}$ )	4 x koncentrovaný SDS nanášecí pufr ( $\mu\text{l}$ )
lyzát	9 $\mu\text{l}$	3 $\mu\text{l}$
P1	21 $\mu\text{l}$	7 $\mu\text{l}$
P2	21 $\mu\text{l}$	7 $\mu\text{l}$
Eluce	42 $\mu\text{l}$	14 $\mu\text{l}$

Pozn: Vzorek proteinu purifikovaného automaticky na Biocadu dostanete připravený stejně jako standard.

Elektroforézu necháme běžet při 15 – 30 mA za konstantního napětí po dobu 1-2 hod. Gel obarvíme roztokem Coomassie Brilliant Blue (Nescifické barvení proteinů – viz. 2-D elektroforéza).

Elektroforetický pufr : 25 mM Tris-Cl, pH 8,3  
192 mM glycin  
0,1% SDS



# Analýza obrazu – stanovení čistoty purifikovaného proteinu

Denzitometr GS 800, Bio-Rad

Software pro analýzu 1-D gelů: Quantity One, Bio-Rad

Adobe Photoshop

Provedením samotného experimentu práce zdaleka nekončí. Získaná data je potřeba ještě správně vyhodnotit a interpretovat.

V našem případě bude vyhodnocení spočívat v určení **čistoty proteinu (eluční frakce)**.

## 1. Skenování gelu

- zapnout denzitometr 10 minut před vlastním měřením; restartovat počítač;
- na sklo přístroje nakapat stříčkou destilovanou vodu (skenujete-li membránu, sklo nenámáčíte);
- vložit gel, odstranit případné bubliny a zavřít přístroj.
- spustit program Quantity One;
- z nabídky vybrat **File** → **GS-800**
- v menu vybrat, jaké médium skenujete:

**Select** → **Gel** → **Coomassie Blue** nebo

**Select** → **Blot** → **AP-substrate (BCIP/NBT)**

a podle toho vybrat filtr: pro gel (skenuje se při  $\lambda=520-570$  nm) se použije filtr zelený, pro blot (skenuje se při  $\lambda=595-750$  nm) červený.

**Filter** → **Green, Red**

- **Preview scan**
- Orámovat žádanou plochu, spustit skenování ikonkou **Acquire**

## 2. Vyhodnocení gelu:

Sledujete zastoupení daného proteinu ve směsi ostatních proteinů bakteriálního lyzátu. Tento poměr se vyjadřuje jako *čistota vzorku*.

- v programu Quantity One otevřít příslušný soubor: **File** → **Open**
- pokud je obraz nakřivo a chcete jej narovnat, nebo pokud jej chcete otočit o libovolný úhel či ořezat, vyberte příslušný pokyn z nabídky **Image**

• **Korekce pozadí:** buď lze odstranit pozadí v rámci jednotlivých drah, nebo se ode všech drah odečítá průměrné pozadí celého gelu. Jaký typ korekce zvolit, závisí na vzhledu a druhu konkrétního gelu (gradientový gel, přebarvení, smír, nečistoty...)

**Background box** – pozadí se definuje tím způsobem, že se zvětší a vybere reprezentativní oblast gelu (**box**), která neobsahuje data. Průměrná hustota tohoto reprezentativního kousku gelu se potom odečítá od hodnot dat

**Background strip** – používá se pro gely, kde se pozadí na horním konci dráhy liší od pozadí na spodním konci dráhy. Jako reprezentativní kus pozadí se vybere pruh shora dolů přes celý gel. Průměrná intenzita horizontální řady pixelů v dráze pozadí se potom odečte z každého pixelu dat ve stejné horizontální řadě v rámci celého gelu.

**Filtrace obrazu:** podle vzhledu gelu zvolíme také typ filtrace:

*Pepper, Salt, Gaussian, Uniform, Outlier*

Pepper/Salt: šum a nečistoty jsou tmavší/světlejší než okolní pozadí. Tento druh šumu je častý u el. kamer; může být způsoben také škrábanci na negativu

Gaussian: skvrny mají gaussovský profil. Obvykle “elektronický artefakt” nebo rozptyl světla na objektech

Uniform: je-li svinčik po celém gelu (šmouhy, smíry a pod.)

Outlier: sem patří i Pepper a Salt. Jde zejména o nečistoty vnějšího původu: prach na skle skeneru, skvrny na gelu a pod.

**Velikost filtru:** od 3x3 do 9x9 pixelů. Nutno vybrat takovou velikost filtru, aby byla větší než průměrná velikost pozadí ale menší než průměrná velikost dat. Jednoduše řečeno, není dobré si odfiltrovat spolu s pozadím i bendy.

Ve vašem případě pravděpodobně použijete:

korekce *Pepper, Gaussian noise, Filter size 3x3 pixels*

z nabídky *Image* → *Filter Wizard*

**Filtrování obrazu je nevratná operace, původní – nefiltrovaný – obraz si proto pro jistotu uložte.**

#### • **Definování drah:**

Pro vyhodnocení zastoupení proteinu je nutné definovat jednotlivé dráhy. Pokud se srovnávají bendy vzájemně mezi dráhami, musí být linie, definující jednotlivé dráhy, stejně dlouhé; toto je *obzvláště* důležité v případě, srovnávají-li se *mobility* bendů vůči standardům.

Dráhy lze definovat buď jednotlivě nebo jako síť po celém gelu, manuálně nebo automaticky. Dráhy je vhodné nastavit o něco širší, než jsou bendy. Veškeré operace s dráhami najdete v nabídce *Lane*.

Nejrychlejší způsob, jak dráhy definovat, je automatické vyhledávání: *Lane* → *Auto Frame Lanes*; případné nedostatky lze poté napravit manuálně – např. přidat či odebrat dráhu, zakřivit dráhu podle zakřivení gelu a pod:

*Lane* → *Edit Frame* → *Stretch Frame*

→ *Move Frame*

→ *Rotate Frame*

→ *Resize Frame*

→ *Add/adjust Anchors...*

#### • **Definování bendů**

Také bendy lze vyhledat automaticky i manuálně. Každé uspořádání má své výhody i nevýhody. Opět nejrychlejší způsob je vyhledat bendy automaticky a poté manuálně přidat, upravit nebo odstranit bendy. Příkazy pro operace s bendy najdete pod nabídkou *Band*.

• Pokud je detekce bendů hotová, pro zobrazení výsledků použijete povely z nabídky *Report*. Lze zobrazit výsledky ze všech drah najednou nebo zobrazovat dráhy po jedné. Výsledky lze také exportovat do textového souboru.

Převedení obrázku z formátu tif na formát jpg:

*File* → *Save As* → z nabídky formátů zvolit jpg.

Popsané obrázky naskenovaného gelu budou součástí protokolu.

## C) Strukturní a funkční analýza proteinů

Místně řízená mutagenese spolu s určením kinetických parametrů enzymů se stala klíčovou metodou pro studium vztahů mezi strukturou a funkcí proteinů. Pomocí tohoto přístupu lze v molekule proteinu detekovat aminokyselinové zbytky podílející se na katalýze přeměny substrátu, na rozpoznání a vazbě substrátu a také ty aminokyseliny, které hrají důležitou roli pro poskládání proteinu do správné kvartérní konformace, která je často podmínkou pro funkci proteinu. Proto se může stát, že záměna jediné aminokyseliny má katastrofické důsledky, které vedou ke zborcení struktury a tím i ztráty funkce proteinu. Jindy je vliv mutace na strukturu a funkci mírnější, vedoucí ke změně aktivity enzymu (a nemusí se vždy jednat o negativní změnu), v některých případech je vliv nulový.

Analýzu struktury a funkce enzymu je možno provést již v nativních bakteriálních lyzátech, čímž se ušetří spousta experimentální práce spojené s izolací proteinu. Jedinou podmínkou je mít po ruce dostatečně specifický detekční systém pro daný protein. V této části si ukážeme, jak lze analyzovat strukturu a funkci Zm: p60.1 v bakteriálních lyzátech pomocí nativní elektroforézy a jaký dopad má záměna jedné aminokyseliny na kvartérní strukturu a následně pak i funkci proteinu.

### Nativní PAGE

Tato elektroforéza se provádí v nepřítomnosti SDS a za důsledného chlazení aparatury, abychom udrželi protein v nativním a tedy aktivním stavu. K separaci proteinu nativní PAGE dochází na základě velikosti, náboje a také na tvaru proteinu. Elektrický náboj proteinu závisí na aminokyselinovém složení proteinu a jeho posttranslačních modifikacích. Celkový povrchový náboj proteinu se může měnit podle pH použitého elektroforetického pufru. Pokud se provede nativní elektroforéza za neutrálního pH, je pak tato metoda použitelná pro studium procesů, při kterých se mění náboj (např. při chemické degradaci proteinu – deamidace) nebo pro studium konformace proteinu (oligomerizace, tvorba agregátů, rozvolnění struktur, protein-protein nebo protein-ligand interakce).

Využívá se opět diskontinuálního průběhu separace (viz SDS PAGE).

Vizualizace proteinu můžeme provést specificky např. barvení na základě aktivity enzymu pomocí chromogenních substrátů (v případě naší  $\beta$ -glukosidasy : 6-bromo-2-naftyl- $\beta$ -D-glukopyranosid – BNGP, 4-methylumbelliferyl- $\beta$ -D-glucopyranoside - MUG) nebo po přenesení na membránu Western blottingem a následnou detekcí pomocí série protilátek. Lze požit také nespecifického barvení Coomassie Brilliant Blue.

### Experiment:

K ověření katalytické schopnosti  $(\text{His})_6\text{Zm.p60.rm}$  (rekombinantní derivát  $\beta$ -glukosidasy a jeho mutantní formy) proteinů X a Y použijeme aktivní barvení na nativní PAGE s využitím substrátu 4-methylumbelliferyl- $\beta$ -D-glucopyranoside (MUG). V místě bendu odpovídajícímu  $\beta$ -glukosidase dojde ke štěpení glukosidické vazby v molekule substrátu za tvorby fluorescenčního produktu viditelného působením UV záření. Kvartérní strukturu budeme analyzovat pomocí western blottingu.

Na nativní gely nanese se nativní lyzáty proteinu X a Y. Podle stanovené koncentrace proteinů v těchto lyzátech si každá skupina připraví dva vzorky. Vzorek, který bude nanesen na gel a následně použit na aktivní barvení bude obsahovat 100  $\mu\text{g}$  na jamku (viz obrázek níže gel č. 1) proteinu a vzorek použitý pro western blotting a následnou detekci pomocí protilátek 20  $\mu\text{g}$  na jamku (viz obrázek níže gel č. 2). Vzorky označte X nebo Y, podle proteinu, s kterým pracujete a číslem skupiny.

Gel č. 1 : Aktivitní barvení pomocí MUGu - substrátu beta glukosidasy – **FUNKČNÍ ANALÝZA**

X skup. č.1	Y skup. č.2	-	X skup. č.3	Y skup. č.4	-	X skup. č.5	Y skup. č.6	-	-

Gel č. 2 : specifická detekce beta-glukosidasy pomocí série dvou protilátek po přenesení na membránu (více viz. Western blotting)- **STRUKTURNÍ ANALÝZA**

X skup. č.1	Y skup. č.2	-	X skup. č.3	Y skup. č.4	-	X skup. č.5	Y skup. č.6	-	-

Elektroforézu necháme běžet při 15 – 30 mA za konstantního napětí po dobu 1-2 hod.

Elektroforetický pufr : 25 mM Tris-Cl, pH 8,3  
192 mM glycin

Gel č.1: aktivitní barvení:

- Po dokončení elektroforézy ekvilibrujeme gel 2 x 30 min v 50 mM citrát/fosfátovém pufru (pH 5,5) při 4°C.
- Gel vložíme na cca 5- 15 min do barvicího roztoku
- Detekce bendů na transluminátoru, focení.

Barvicí roztok: 50 mM citrát/fosfátový pufr  
0,8 mM polyvinylpyrrolidon  
3 mM MUG

Gel č.2: Western blotting

## Western blotting

Jednou z hojně používaných specifických technik detekce proteinů na polyakrylamidovém gelu je Western blotting. Pro některé účely (hmotnostní spektrometrie, imunoanalýza apod.) je výhodné převést separované proteiny z gelu na membránu. Mezi nejčastěji používané materiály membrán patří nitrocelulóza (má však špatné mechanické vlastnosti) a polyvinylidendifluorid (PVDF). PVDF membrány jsou mechanicky velmi odolné a vykazují vysokou vazebnou kapacitu.

Používané techniky přenosu zahrnují kapilární a elektrický transfer, pro svou časovou nenáročnost je zvláště rozšířen polosuchý (semi-dry) Western blotting.

Imunochemická detekce proteinu na membráně se provádí pomocí série dvou protilátek.

První protilátka reaguje imunochemicky s detekovaným proteinem za tvorby komplexu. Takto vytvořený komplex je rozpoznán druhou protilátkou značenou detekovatelnou sondou (např. vázaná alkalická fosfatáza, atom izotopu atd.).

- připravit membránu PVDF, 4 papíry Whatman 3MM podle rozměru gelu
- ekvilibrace ponořením PVDF do MeOH (snížení hydrofobicity membrány)
- inkubace PVDF membrány v dd H<sub>2</sub>O (5 minut)
- ekvilibrace papírů, gelu i membrány v transferovém pufru (10 minut)
- semi-dry elektro transfer 30 min. (proudová hustota = 5 mA na 1 cm<sup>2</sup>)
- inkubace 45 min s blokačním pufrem
- 45 min inkubovat s primární protilátkou
- promývat 3x 5 min TBST
- inkubace se sekundární protilátkou (45 min)
- promývat 3x 5 min TBST
- inkubace s detekčním pufrem (10 min)
- detekce inkubací s roztokem chromogenního substrátu (max. 5min.)
- opláchnout vodou a usušit

### Roztoky : **transferový pufr**

25 mM Tris-Cl, pH 8,3  
150 mM glycin  
10 % methanol

### **TBST**

20 mM Tris-Cl, pH 7,6  
100 mM NaCl  
0,1 % Tween-20

### **detekční pufr**

100 mM Tris-Cl, pH 9,5  
100 mM NaCl  
5 mM MgCl<sub>2</sub>

### **blokační pufr**

5 % sušené mléko v TBST

### **barvicí roztok:** 100 mM Tris-Cl, pH 9,5

100 mM NaCl  
5 mM MgCl<sub>2</sub>  
100 µg.ml<sup>-1</sup> NBT  
80 µg.ml<sup>-1</sup> BCIP

Primární protilátka:

Polyklonální králičí Anti-Zm.p60.1 (LMFR-VÚVEL); 10 000 x ředěno v 5% BSA v TBST

Sekundární protilátka:

Kozí IgG proti králičímu séru; 30000 x ředěno v 5% mléku v TBST

Chromogenní substrát: NBT (nitrobenzentetrazolium), BCIP(5-bromo-4-chloro-3- indolylfosfát).

## Schéma praktické části Technologie rekombinantních proteinů

