

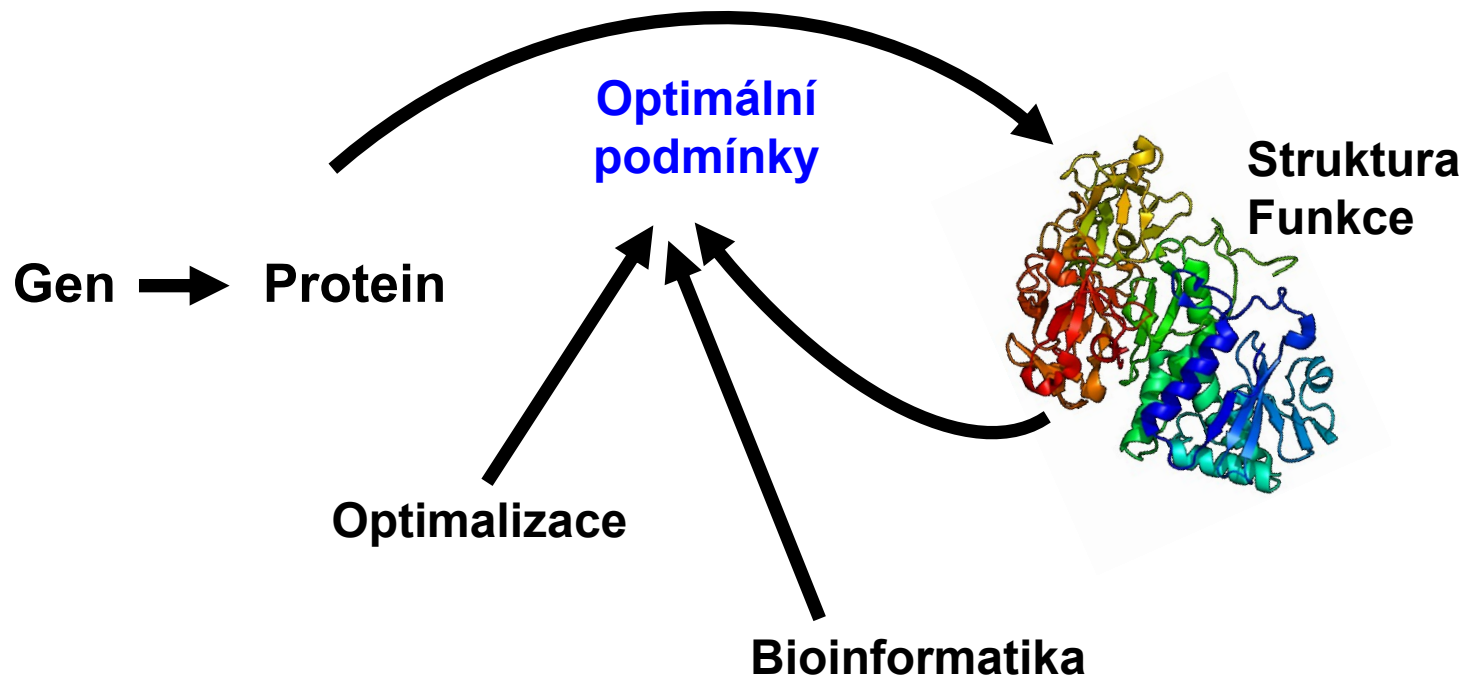
Produkce rekombinantních proteinů

Teoretický úvod

Aplikovaná bioinformatika, Jaro 2013

Práce s proteiny – Zisk proteinů

Protein je správně sbalený, aktivní, v dostatečném množství a koncentraci



Zisk proteinů

- Izolace *nativních* proteinů z přirozeného zdroje



**Krev a další
tělní tekutiny**

<http://www.fnbrno.cz/darcovstvi-krve/k1570>



<http://www.laboratorni-mysi.cz>



**Buňky různých
tkání a orgánů**

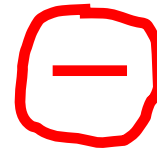


Získ proteinů

- Izolace *nativních* proteinů z přirozeného zdroje



- Je možné získat velké množství proteinu.
- Může být levná.
- Nemusíme řešit správné sbalování (folding) proteinů a posttranslační modifikace.



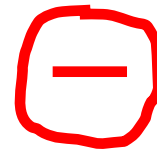
- Organismus může obsahovat velmi málo cílového proteinu, navíc pouze za specifických podmínek a po omezenou dobu.
- Organismus může být nebezpečný (viry) nebo obtížně kultivovatelný/chovatelný.

Získ proteinů

- Izolace *nativních* proteinů z přirozeného zdroje



- Je možné získat velké množství proteinu.
- Může být levné.
- Nemusíme řešit správné sbalování (folding) proteinů a posttranslační modifikace.



- Získ a zpracování materiálu může být velmi drahé a časově a technologicky náročné. Nebo trestné.



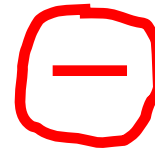
<http://www.zoovienna.at/>

Získání proteinů

- Izolace *nativních* proteinů z přirozeného zdroje



- Je možné získat velké množství proteinu.
- Může být levné.
- Nemusíme řešit správné sbalování (folding) proteinů a posttranslační modifikace.



- Problémem je rovněž složitost přírodního materiálu. Je nutné využívat množství purifikačních a separačních metod!

C4830 Instrumentální biochemické metody
C7030 Separací metody
C6260 Metody separace proteinů
C6200 Biochemické metody

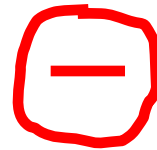
Zisk proteinů

- **Komercialně dostupné proteiny**



- **Jednoduché a (někdy) rychlé.**
- **Definované složení.**

Výhodné, když používáme proteiny jako **NÁSTROJE** v běžných metodách (enzymy, stabilizátory).



- **Může být dost drahé.**
- **Omezené množství (za hodně peněz málo proteinu).**
- **Dostupná forma nemusí být vhodná pro náš účel.**

Zisk proteinů

- Komerčně dostupné proteiny

[LOGIN](#) [REGISTER](#) [CHANGE COUNTRY](#)

SIGMA-ALDRICH®

albumin



**SAVE TIME,
EFFORT, AND COST
WITH PHARMACEUTICAL
SECONDARY STANDARDS**

Human albumin

Albumin from bovine serum

Albumin human

Albumin solution from bovine serum

Albumin from chicken egg white

[VIEW ALL SEARCH RESULTS](#)

○○●○○○ ||

<http://www.sigmaaldrich.com/czech-republic.html>



Zisk proteinů

- Komerčně dostupné proteiny

Price and Availability

SKU-Pack Size	Availability	Price (EUR/CZK)	Quantity		
A2153-10G	✓ Estimated Delivery 09.04.2013 - FROM	1,708.20	<input type="text" value="0"/>	★	i
A2153-50G	✓ Estimated Delivery 09.04.2013 - FROM	6,383.00	<input type="text" value="0"/>	★	i
A2153-100G	✓ Estimated Delivery 09.04.2013 - FROM	11,024.00	<input type="text" value="0"/>	★	i
A2153-500G	✓ Estimated Delivery 09.04.2013 - FROM	43,940.01	<input type="text" value="0"/>	★	i
A2153-1KG	✓ Estimated Delivery 09.04.2013 - FROM	66,040.00	<input type="text" value="0"/>	★	i

Bulk orders?

 ADD TO CART 

Práce s proteiny

- Většina savčích proteinů začíná denaturovat již při teplotách nad 40 °C. Při teplotě 95 °C dochází k úplné denaturaci téměř všech proteinů během několika minut. K výrazné destabilizaci a denaturaci může docházet již za laboratorní teploty (25 °C).

S proteiny pracujeme „na ledu“.



Práce s proteiny

- Při práci s nízkými koncentracemi proteinů (< 1 mg/ml) se může výrazně projevit ztráta způsobená vazbou na stěny použité nádoby (zkumavky).

Pokud je to možné, lze použít inertní proteiny (BSA, cca 2 mg/ml), které vazbě zabrání.



Zisk proteinů

- Koměrně dostupné proteiny

+33 (0)4 76 40 71 61

Home About ELICITYL About OligoTech® Plant Health News Contact

OligoTech®

Natural polysaccharides and Oligosaccharides extracted from Biomass

Glycan Oligosaccharides

Glycobricks®


Glycosaminoglycans

Aminoglycoside derivatives

Human & Bacterial Lectins

ELICITYL Research and production of highly purified oligosaccharides for agriculture, pharmacy, nutraceuticals and cosmetics.
ELICITYL has two commercial offers:

- ▶ [OligoTech®](#): a bank of tailor-made complex sugars
- ▶ [PEL101GV®](#): Complex sugars for Plant health




OligoTech®


A library of tailor-made complex sugars for biomedical, cosmetic, nutraceutical and agriculture applications :

- ▶ [Catalogue](#)
- ▶ [Customized delivery](#)
- ▶ [Analysis services](#)

Plant Health

 Frost protection for vineyard: [PEL101GV®](#)

 Aide protection gel pour la vigne: [PEL101GV®](#)



Získ proteinů

- **Chemická syntéza**
- **Chemická syntéza peptidů** – karbodiimidová metoda, produkce převážně kratších řetězců (syntéza na nosičích, nutnost aktivace funkčních skupin, blokování, odblokování)
- **Chemická syntéza proteinů** – metodický rozvoj umožnil úplnou chemickou přípravu i proteinů o délce cca 200 aminokyselin.

Chcete vědět víc?

Lukáš Žídek

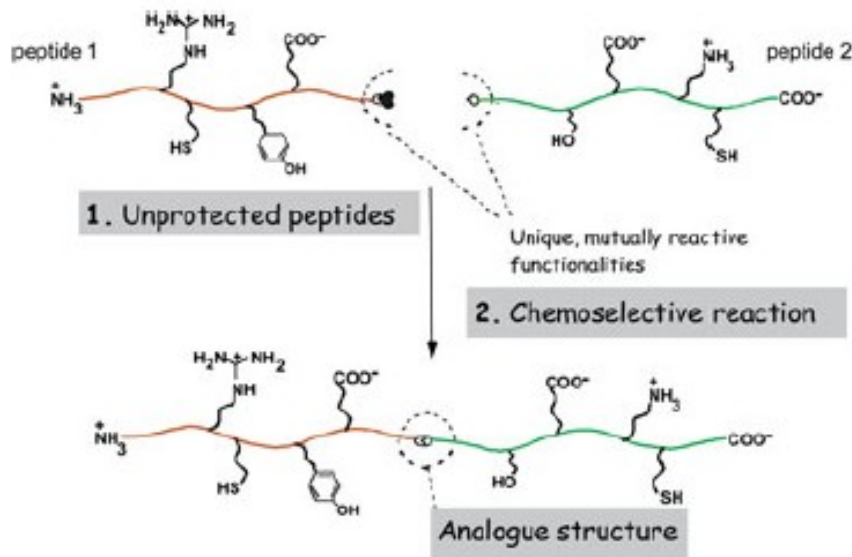
Skripta předmětu C9530 Strukturní biochemie

Zisk proteinů

- Chemická syntéza

Through the looking glass – a new world of proteins enabled by chemical synthesis[†]

Stephen Kent,* Youhei Sohma, Suhuai Liu, Duhee Bang, Brad Pentelute and Kalyaneswar Mandal

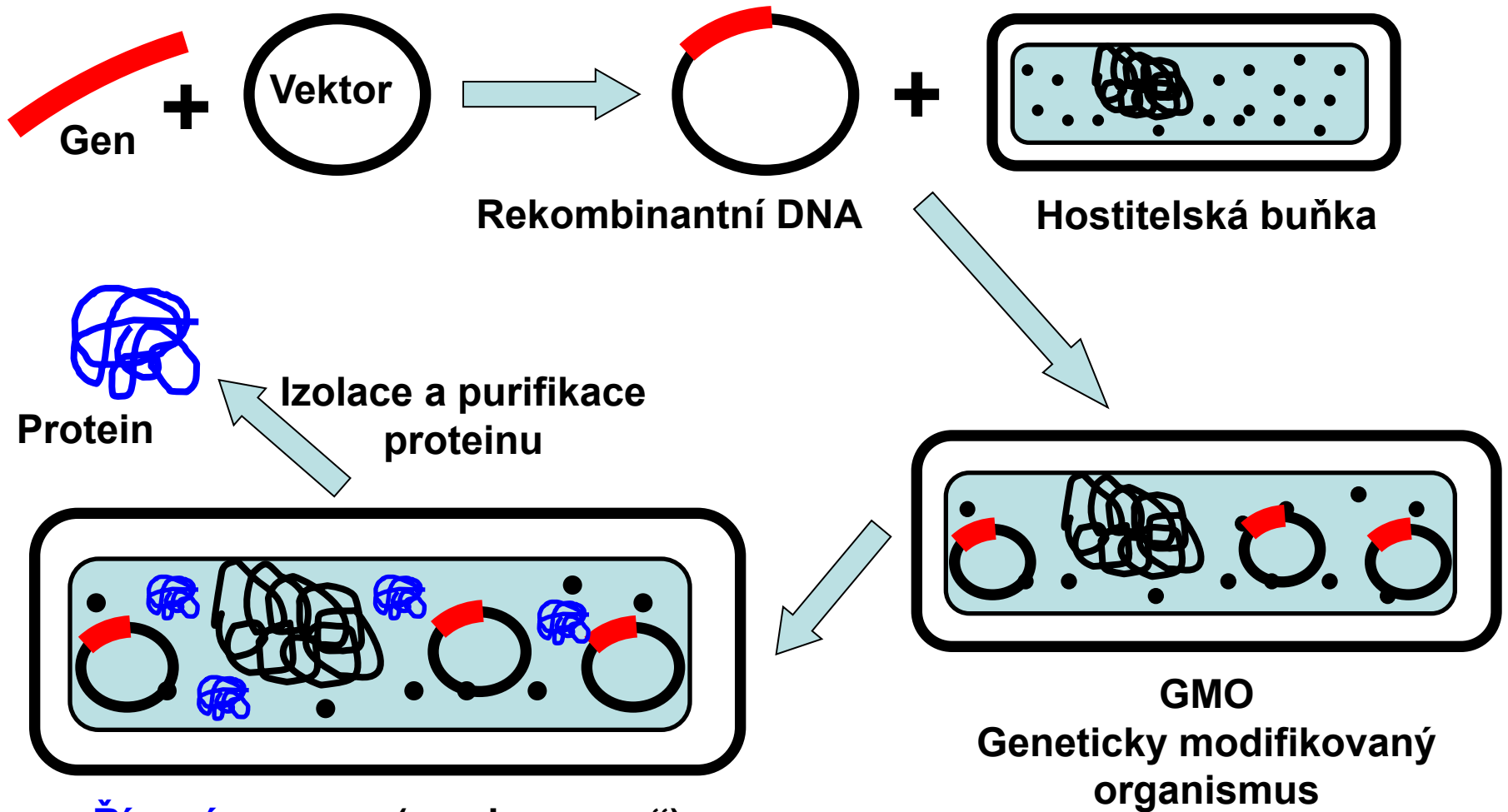


"The chemical ligation approach... breaks the conceptual shackles imposed by the peptide bond, frees us from the linear paradigm of the genetic code, and opens the world of proteins to the entire repertoire of chemistry."

S. Kent and associates [31]

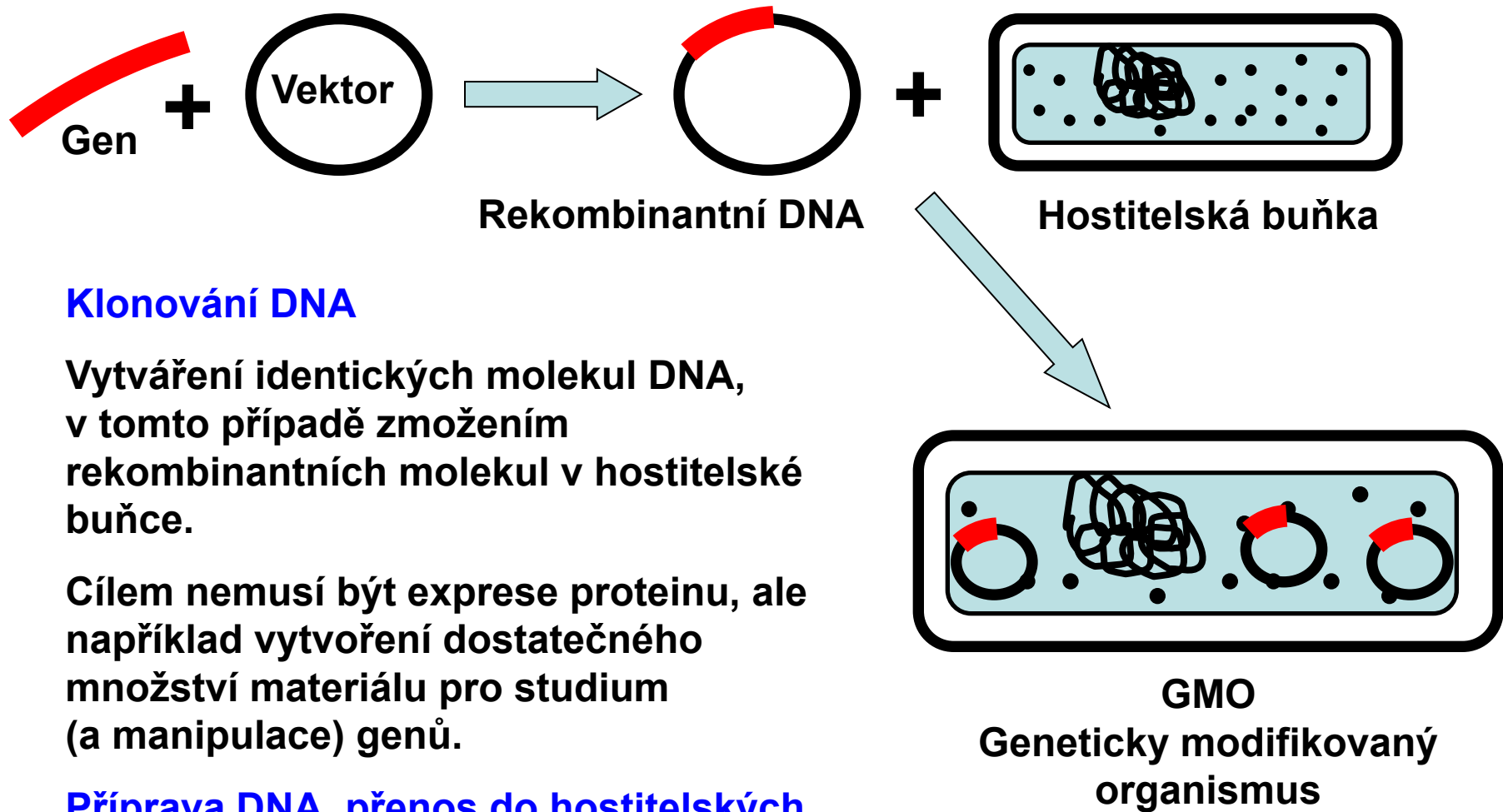
Total protein synthesis based on modern chemical ligation methods enables the reproducible preparation of protein molecules of a size that less than 20 years ago was considered to be inaccessible to chemistry. Key to this ability is the covalent chemical condensation of unprotected peptide segments by means of an *unnatural* link between the two reacting segments. In the native chemical ligation refinement of this approach, the initial thioester-linked intermediate rearranges to give a native amide bond at the ligation site.

Produkce rekombinantních proteinů



Řízená exprese („nadexprese“) našeho genu: „Začni ho dělat teď a hodně a nepřestávej!“

Produkce rekombinantních proteinů



Klonování DNA

Vytváření identických molekul DNA, v tomto případě zmožením rekombinantních molekul v hostitelské buňce.

Cílem nemusí být exprese proteinu, ale například vytvoření dostatečného množství materiálu pro studium (a manipulace) genů.

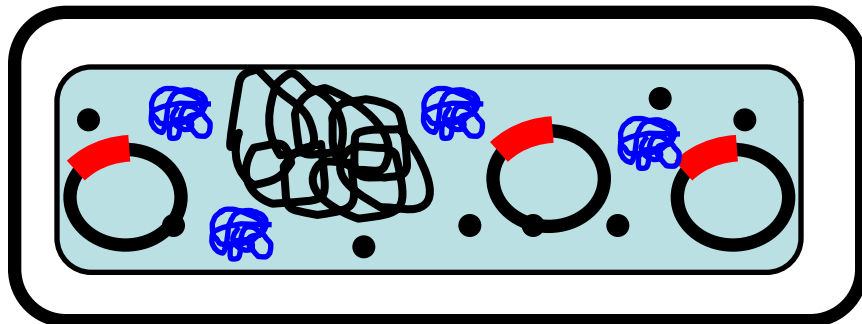
Příprava DNA, přenos do hostitelských buněk, selekce transformovaných buněk.

Produkce rekombinantních proteinů

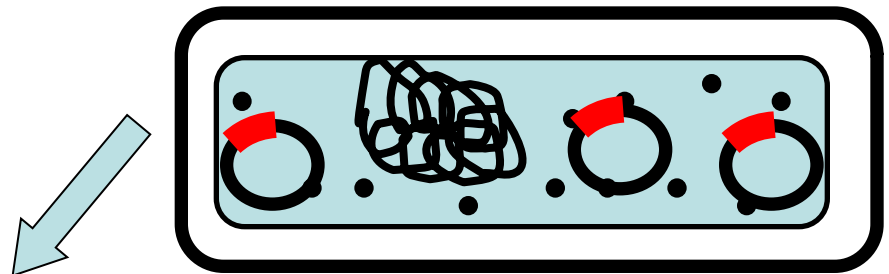
Exprese genu

Cílem je získání aktivního (správně sbaleného) proteinu v co největším množství. Produkce cizího proteinu buňky zatěžuje, proto je exprese genu indukovatelná – syntéza proteinu je vyvolána až po zmnožení a nárůstu buněčné kultury.

Optimalizace exprese je náročná, je nutné brát v úvahu množství parametrů, např. hustotu buněčné kultury, teplotu, koncentraci induktoru, složení média, pH, dobu indukce...



Řízená exprese („nadexprese“) našeho genu: „Začni ho dělat teď a hodně a nepřestávej!“

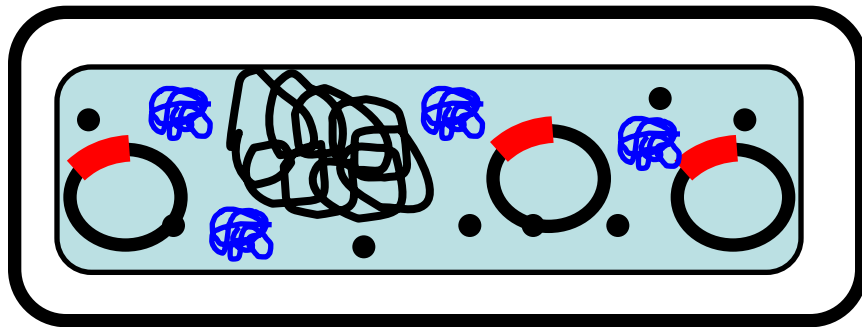


GMO
Geneticky modifikovaný organismus

Produkce rekombinantních proteinů

Purifikace proteinů

Zahrnuje množství metodik, které je nutné kombinovat a optimalizovat. Výběr závisí na vlastnostech proteinu (stabilita, rozpustnost) a rovněž důvodu proč protein purifikujeme.



Řízená exprese („nadexprese“)
našeho genu: „Začni ho dělat teď
a hodně a nepřestávej!“

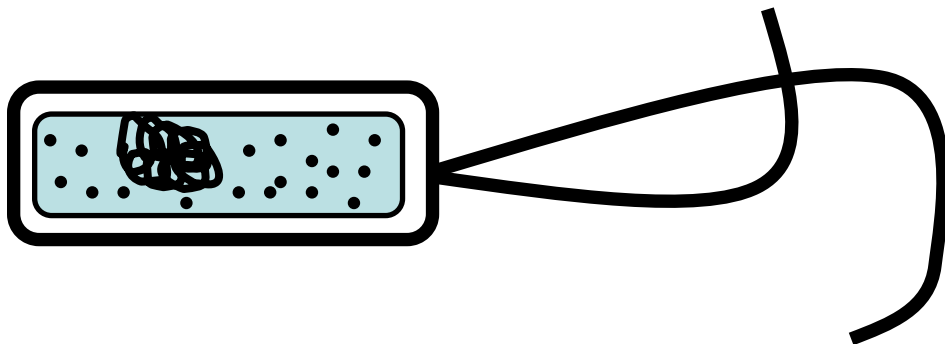
Při charakterizaci nových proteinů není často zisk aktivního proteinu koncem, ale teprve **začátkem** vlastního výzkumu...

C8202 Základy proteomiky

Bi8202c Základy proteomiky - cvičení

Hostitelský organismus

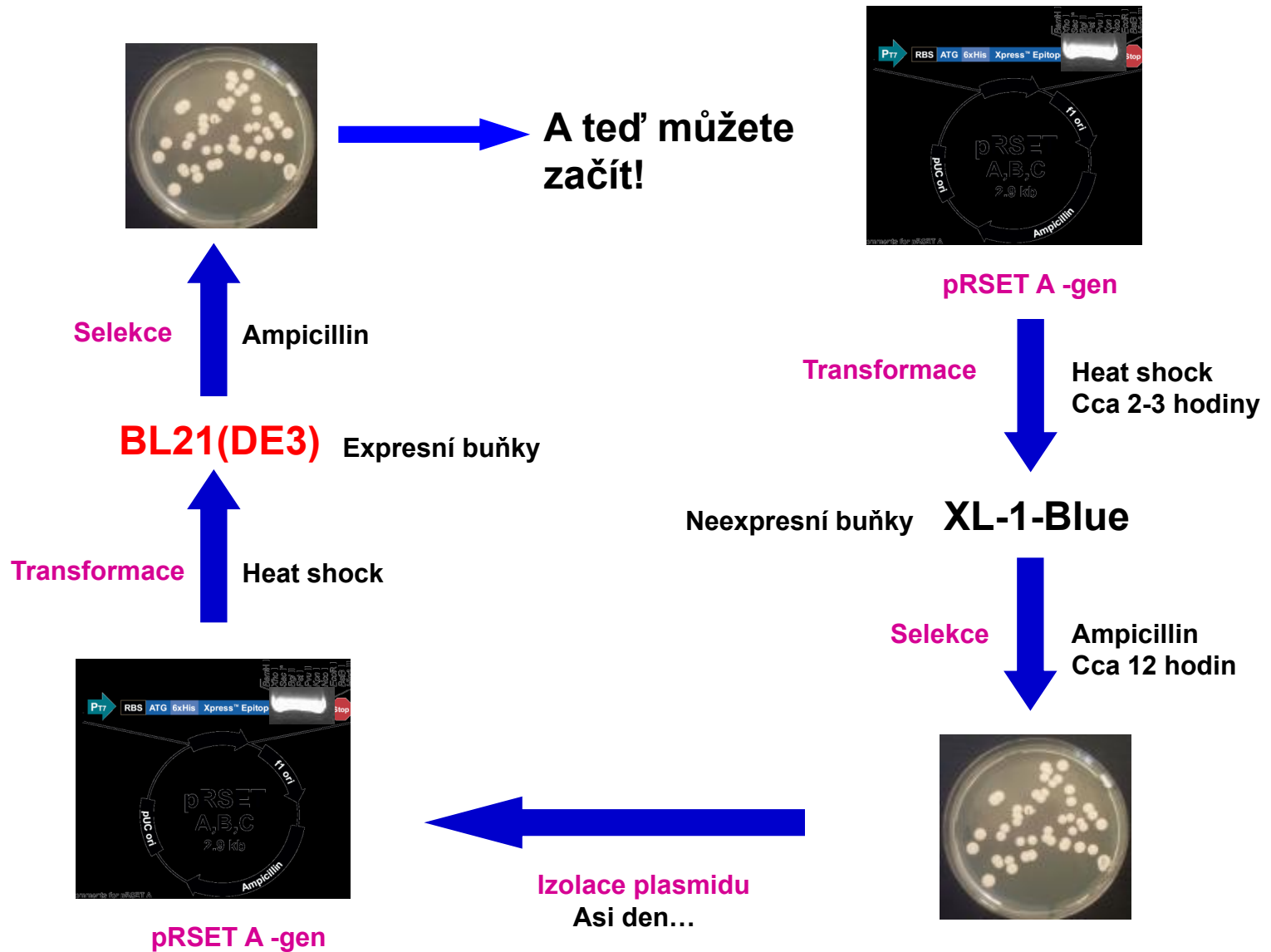
- Známý (tj. dobře prostudovaný) organismus
- Ochoťně akceptující cizorodou DNA
- Bezpečný (tj. neohrožující zdraví, nepatogenní)
- Krátká generační doba
- Snadná kultivace/pěstování/chov
- Nenáročný („levný“), přizpůsobivý
- Vysoká produkce cizorodých proteinů
- Možnost různých modifikací



Bakterie

E. coli

Klonování DNA



Vektory, enzymy, buňky, kity, induktoři...

...jsou komerčně dostupné, a to v široké nabídce.

ALL CATEGORIES

Biobanking

DNA and RNA Quantitation, DNA Extraction for Biobanks, Sample ID and Mixed Sample Detection

Biochemicals and Labware

Biochemical Buffers and Reagents, Nucleic Acids, Nucleic Acids Purification Accessories, Tips and Accessories

Biologics

Bioanalytical Tools, Bioassays for Biologics, Protein Manipulation Tools

Cell Health Assays

ADME Assays, Apoptosis Assays, Cell Viability Assays, Cytotoxicity Assays, View All

Cell Signaling

AMP Detection System, GPCR Assays, Growth Factors, Histone Deacetylase Assays, View All

Cloning and DNA Markers

Cloning Tools and Competent Cells, Molecular Weight Markers, PCR Cloning, Restriction Enzymes

DNA and RNA Purification

DNA and RNA Quantitation, DNA Fragment Purification, Genomic DNA Purification Kits, High-Throughput DNA and RNA Purification, View All

Drug Discovery

ADME Assays, Apoptosis Assays, Cell Viability Assays, Custom Assay Materials, View All



Molecular Diagnostics

Maxwell® Research Systems, Systems for Molecular Diagnostics Research, Reagents for Molecular Diagnostics Labs, View All

PCR

Hot-Start PCR, Long PCR, PCR Cloning, qPCR and RT-qPCR, View All

Protein Expression and Mass Spectrometry

Eukaryotic Cell-Free Protein Expression, Prokaryotic Cell-Free Protein Expression, Cell-Based Protein Expression, Glycosidases, View All

Protein Purification and Interactions

HaloTag® Protein Purification, GST Protein Purification, Magnetic Systems for Purification of Antibodies and Affinity-Tagged Proteins, Protein Interactions, View All

Reporter Assays and Transfection

In vivo Imaging, Reporter Assays, Reporter Vectors and Cell Lines, Transfection Reagents

<https://www.neb.com>

APPLICATIONS ▾

PRODUCTS ▾

TOOLS & RESOURCES ▾

SUPPORT ▾

Tools & Resources Overview

FAQs

Protocols

Selection Charts

Troubleshooting Guides

Usage Guidelines/Tips

Interactive Tools

Tutorials

Popular Tools

Enzyme Finder

Double Digest Finder

NEBcutter

REBASE

DNA Sequences and Maps Tool

TM Calculator

PCR Selection Tool

<http://worldwide.promega.com/products/>



Vektory, enzymy, buňky, kity, induktry...

...jsou komerčně dostupné, a to v široké nabídce.

Cloning

<http://www.lifetechnologies.com>



Get Started With Cloning

Life Technologies offers powerful and versatile Invitrogen™ cloning and expression vectors, GeneArt® gene synthesis and assembly tools, and molecular biology essentials for that critical first step in your experiment. Unsure where to start? [Which cloning method is right for me?](#)

[An Introduction to Cloning](#)

Trust is the most important ingredient

<http://www.qiagen.com/>



New! *mericon* Horse Kit —
trust is the most important ingredient

[Discover more](#)

II. Getting Started

A. Overview of the pET System Process

Novagen • *pET System Manual* •

Choose a pET Vector (page 37)

- Application of the expressed protein
- Specific information known about target protein
- Cloning strategy
 - Solubility and cellular localizations
 - Fusion tags; need for tag removal
 - Regulation of protein expression, (i.e., promoter and expression strain)

Prepare pET Vector (page 7)

- Digest with restriction enzyme(s) and dephosphorylate (or use LIC vector)
- Gel-purify (or use LIC vector)

Prepare Insert DNA (page 9)

- Plasmid and/or PCR DNA
- Restriction digest or generate LIC overhangs
- Gel-purify

Clone Insert into pET Vector (page 10)

- Ligate or anneal insert with pET vector
- Transform into non-expression host (e.g., NovaBlue)
- Identify positive clones; colony PCR, prepare plasmid DNA, verify reading frame by sequencing

Transform into Expression Host (page 10)

- Transform host carrying T7 RNA polymerase gene (λ DE3, lysogen page 49) or non-DE3 host compatible with λ CE6 infection (page 19)

Induce and Optimize Expression of Target Protein (page 19)

- Determine time course and temperature for expression in total cell and subcellular fractions; analyze solubility and activity (page 19)
- Detect target protein by SDS-PAGE, Western blot, quantitative assay (page 34)

Scale-up culture size

Extract Target Protein (page 25)

- Detergent methods
- Mechanical methods

Purify Target Protein

- Affinity purification (page 36)
- Cleave tags and remove protease (if desired) (page 44)

I. About the System	3
A. Description	3
B. Licensing and Use Agreement	3
C. System Components	4
II. Getting Started	5
A. Overview of the pET System Process	5
B. Growth Media and Antibiotics	6
Growth media	6
Antibiotics and stock solutions	7
C. Vector Preparation	7
D. Insert Preparation	9
III. Cloning Inserts in pET Vectors	10
A. Ligation	10
B. Transformation	10
Handling tips	
Procedure	
Plating techniques	
ColiRollers™ Plating Beads	
Standard spreader	

READ
INSTRUCTIONS
ČTĚTE NÁVOD
LESEN
INSTRUKTION

Stabilita proteinu

- N-koncové pravidlo - ProtParam

Amino acid	Mammalian	Yeast	E. coli
Ala	4.4 hour	>20 hour	>10 hour
Arg	1 hour	2 min	2 min
Asn	1.4 hour	3 min	>10 hour
Asp	1.1 hour	3 min	>10 hour
Cys	1.2 hour	>20 hour	>10 hour
Gln	0.8 hour	10 min	>10 hour
Glu	1 hour	30 min	>10 hour
Gly	30 hour	>20 hour	>10 hour
His	3.5 hour	10 min	>10 hour
Ile	20 hour	30 min	>10 hour
Leu	5.5 hour	3 min	2 min
Lys	1.3 hour	3 min	2 min
Met	30 hour	>20 hour	>10 hour
Phe	1.1 hour	3 min	2 min

Jak stabilní je můj protein?

- In vivo* half-life

In vivo half-life

The half-life is a prediction of the time it takes for half of the amount of protein in a cell to disappear after its synthesis in the cell. ProtParam relies on the "N-end rule", which relates the half-life of a protein to the identity of its N-terminal residue; the prediction is given for 3 model organisms (human, yeast and E. coli). The N-end rule (for a review see [5],[6]) originated from the observations that the identity of the N-terminal residue of a protein plays an important role in determining its stability in vivo ([2],[3],[4]). The rule was established from experiments that explored the metabolic fate of artificial beta-galactosidase proteins with different N-terminal amino acids engineered by site-directed mutagenesis. The beta-gal proteins thus designed have strikingly different half-lives in vivo, from more than 100 hours to less than 2 minutes, depending on the nature of the amino acid at the amino terminus and on the experimental model (yeast in vivo, mammalian reticulocytes in vitro, Escherichia coli in vivo). In addition, it has been shown that in eukaryotes, the association of a destabilizing N-terminal residue and of an internal lysine targets the protein to ubiquitin-mediated proteolytic degradation [6]. Note that the program gives an estimation of the protein half-life and is not applicable for N-terminally modified proteins.



Pro	>20 hour	>20 hour	?
Ser	1.9 hour	>20 hour	>10 hour
Thr	7.2 hour	>20 hour	>10 hour
Trp	2.8 hour	3 min	2 min
Tyr	2.8 hour	10 min	2 min
Val	100 hour	>20 hour	>10 hour

Protein = problém pro hostitelskou buňku

- **Produkce toxických proteinů.**
- **Problémem může být i nadprodukce primárně netoxického proteinu – narušení metabolických drah.**
- **Produkce proteinů s hydrofobními oblastmi – mohou se vázat na/do membrány.**

E. coli BL21(DE3) strains, like Lucigen's *E. coli*® EXPRESS Competent Cells (see the announcement on p. 8), provide reliable expression of many proteins cloned into T7 expression vectors (e.g., pET or Lucigen's pSMART®-cDNA vectors). However, in some cases expression is minimal or not detectable because the recombinant protein, when expressed, is deleterious or lethal to these standard BL21 strains. Examples of such toxic proteins include many membrane proteins, some cytoplasmic proteins, and nucleases. Unfortunately, successful expression of one or more toxic proteins is often important to the experimental goal.

Protein = problém pro hostitelskou buňku

- **Produkce toxických proteinů.**
- **Problémem může být i nadprodukce primárně netoxického proteinu – narušení metabolických drah.**
- **Produkce proteinů s hydrofobními oblastmi – mohou se vázat na/do membrány.**



BLAST, PubMed, ProtParam, Jpred, TMpred

Protein = problém pro hostitelskou buňku

- Produkce toxických proteinů.
- Problémem může být i nadprodukce primárně netoxického proteinu – narušení metabolických drah.
- Produkce proteinů s hydrofobními oblastmi – mohou se vázat na/do membrány.
- **Řešením je vysoká kontrola exprese nebo použití speciálních kmenů hostitelských buněk.**

³ The strain C41(DE3) was derived from BL21(DE3) [*E. coli* F⁺ *ompT hsdS_B* (*r_B* - *m_B* -) *gal dcm* (DE3)]. This strain has at least one uncharacterized mutation that prevents cell death associated with expression of many toxic recombinant proteins. The strain C43(DE3) was derived from C41(DE3) by selecting for resistance to a different toxic protein. It can express a different set of toxic proteins than C41(DE3).¹

eLucidations Archive

[Issue 8](#)

- [Expression of Recombinant *Aspergillus fumigatus* Antigens Using OverExpress™ C43\(DE3\) Cells](#)
- [BigEasy® Long PCR Cloning Kit](#)
- [Competent Cell Strains & Custom Competent Cells](#)
- [CopyRight® v2.0 BAC Cloning Kits](#)

[Issue 7](#)

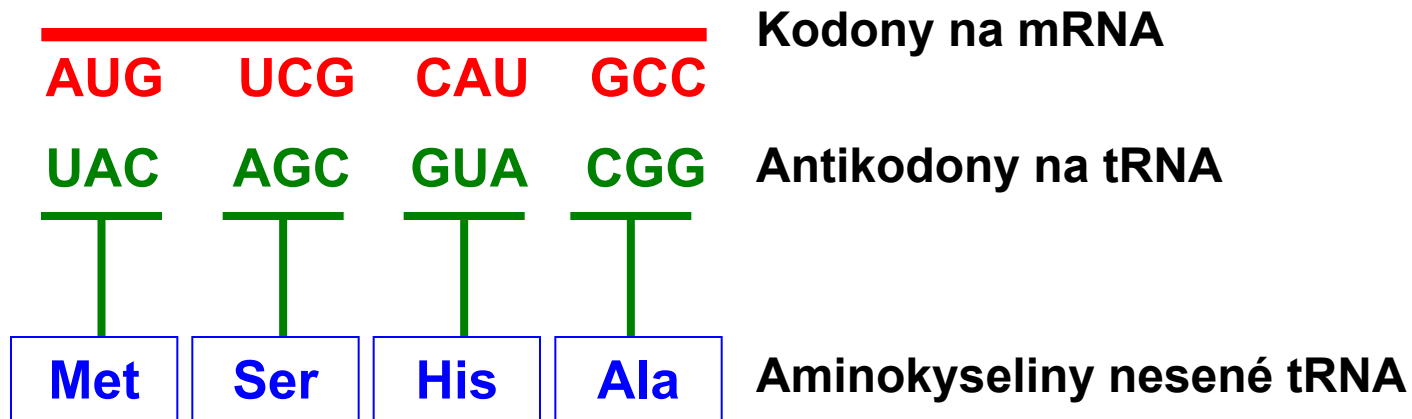
- [Genotyping with EconoTaq® PLUS GREEN 2X Master Mix](#)
- [Construction of genomic libraries from *Neurospora crassa* with the BigEasy® v2.0 Linear Cloning System](#)
- [Random Shear BAC Library Construction](#)
- [CopyRight® v2.0 Fosmid Cloning Kit](#)

[Issue 6](#)

- [Construction of genomic libraries from *Flavobacterium clauumare* using Lucigen's BigEasy Linear Cloning System](#)
- [High Efficiency Expression of Toxic Proteins](#)
- [PCR: Achieving Better Results at a Lower Cost](#)
- [The Importance of RNase I Treatment in DNA Cloning](#)

E. coli – využití kodonů

- Využití kodonů odráží dostupnost jejich tRNA.
- **Vzácné** kodony jsou využívány zřídka a **navíc** jsou rozeznávány tRNA dostupnou v malých množstvích.
- Kodony vzácné v *E. coli* jsou velmi často obvyklé v eukaryotických organismech.
- **PROBLÉMY S TRANSLACÍ!**



E. coli – využití kodonů

- Využití kodonů odráží dostupnost jejich tRNA.
- **Vzácné** kodony jsou využívány zřídka a **navíc** jsou rozeznávány tRNA dostupnou v malých množstvích.
- Kodony vzácné v *E. coli* jsou velmi často obvyklé v eukaryotických organismech.
- **PROBLÉMY S TRANSLACÍ!**

Gene Ther Mol Biol Vol 10, 1-12, 2006

Low-usage codons and rare codons of *Escherichia coli*

Mini Review

Dequan Chen* and Donald E. Texada

Department of Ophthalmology, Louisiana State University Health Sciences Center, Shreveport, LA 71130

E. coli – využití kodonů

The 8 least used codons in *E. coli*, yeast, *Drosophila*, and primates

<i>E. coli</i>	yeast	<i>Drosophila</i>	primates	amino acid
AGG	AGG			arginine
AGA		AGA		arginine
AUA		AUA		isoleucine
CUA				leucine
CGA	CGA	CGA	CGA	arginine
CGG	CGG	CGG	CGG	arginine
CCC				proline
UCG			UCG	serine

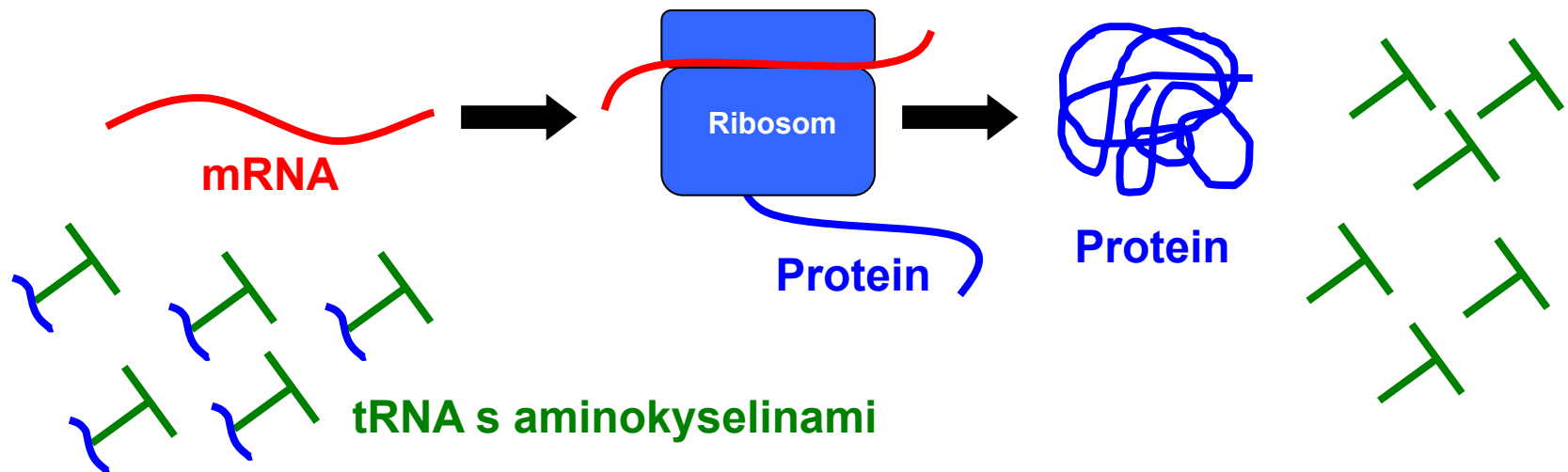
Další vzácné kodony:

GGA, GGG (glycin), AAG (lysin), ACA (threonin), UGU, UGC (cystein)...

http://www.embl.de/pepcore/pepcore_services/protein_expression/ecoli/codons1/index.html

E. coli – využití kodonů

- Využití kodonů odráží dostupnost jejich tRNA.
- **Vzácné** kodony jsou využívány zřídka a **navíc** jsou rozeznávány tRNA dostupnou v malých množstvích.
- Kodony vzácné v *E. coli* jsou velmi často obvyklé v eukaryotických organismech.
- **PROBLÉMY S TRANSLACÍ!**



E. coli – využití kodonů

- Využití kodonů odráží dostupnost jejich tRNA.
- **Vzácné** kodony jsou využívány zřídka a **navíc** jsou rozeznávány tRNA dostupnou v malých množstvích.
- Kodony vzácné v *E. coli* jsou velmi často obvyklé v eukaryotických organismech.
- **PROBLÉMY S TRANSLACÍ!**

Předčasné ukončení translace, záměna aminokyselin (místo argininu je začleněn lysin u kodonu AGA), změna čtecího rámce, vynechání aminokyselin.

E. coli – využití kodonů

- **Problém vzácných kodonů lze vyřešit využitím speciálních kmenů hostitelských buněk (upravené, produkují větší množství tRNA pro vzácné kodony).**

BL21 (DE3) CodonPlus-RIL	arginine (AGG, AGA), isoleucine (AUA) and leucine (CUA)
BL21 (DE3) CodonPlus-RP	arginine (AGG, AGA) and proline (CCC)
Rosetta or Rosetta (DE3)	AGG/AGA (arginine), CGG (arginine), AUA (isoleucine) CUA (leucine)CCC (proline), and GGA (glycine)

http://www.embl.de/pepcore/pepcore_services/protein_expression/ecoli/optimisation_expression_levels/index.html

BL21-CodonPlus (DE3)-RIPL – extra kopie genů pro tRNA rozeznávající vzácné kodony argininu, isoleucinu, prolinu a leucinu

***E. coli* – využití kodonů**

- Další možností je změna sekvence genu – cílená mutagenese. Vzácné kodony změníme na běžné. Problém: časová náročnost!
- Alternativa – **SYNTETICKÝ GEN** s optimalizovaným využitím kodonů.

Drahé, ale ve výsledku se dnes vyplatí.

Lze samozřejmě navrhnout i jiné modifikace než „pouhou“ optimalizaci kodonů.

I SE SYNTETICKÝM GENEM LZE DÁLE PRACOVAT A DODATEČNĚ HO „DOMA“ UPRAVOVAT!

Tvorba disulfidických můstků (vazeb)

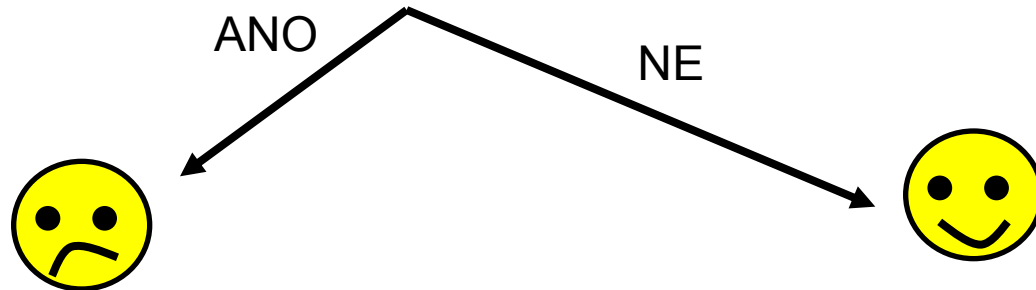
- V cytoplasmě *E. coli* je **redukční** prostředí – „wild-type“ kmeny **netvoří** v cytoplasmě disulfidické můstky!
- Jsou disulfidické můstky pro správné sbalení proteinu důležité?

BLAST

Predikce
struktury

Obsah
cysteinů

Původ
proteinu/genu



Musíte použít speciální kmeny *E. coli*.

Vyzkoušejte cílenou produkci do periplasmy.

Výborně! Můžete řešit jiné problémy.



Tvorba disulfidických můstků (vazeb)



Origami(DE3) (Novagen)

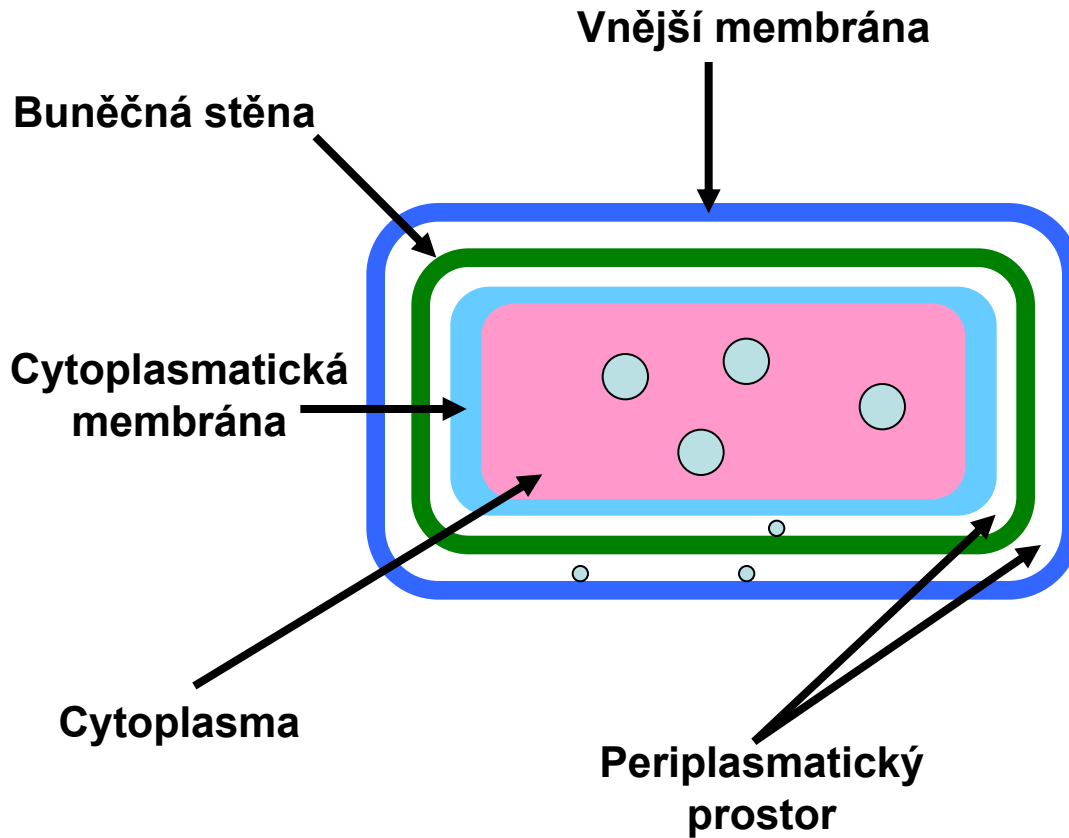
*Origami™ host strains are K-12 derivatives that have mutations in both the thioredoxin reductase (*trxB*) and glutathione reductase (*gor*) genes, which greatly enhance disulfide bond formation in the *E. coli* cytoplasm. Studies have shown that expression in Origami(DE3) yielded 10-fold more active protein than in another host even though overall expression levels were similar. The original Origami strains are compatible with ampicillin-resistant plasmids and are ideal for use with pET-32 vectors, since the thioredoxin fusion tag further enhances the formation of disulfide bonds in the cytoplasm. The *trxB* and *gor* mutations are selectable on kanamycin and tetracycline, respectively; therefore, these strains cannot be used with plasmids that can only be selected with kanamycin or tetracycline. To reduce the possibility of disulfide bond formation between molecules, strains containing mutations in *trxB* and *gor* are recommended only for the expression of proteins that require disulfide bond formation for proper folding.*

Rosetta-Gami2(DE3)pLySRare (Novagen)



*Rosetta-gami 2 host strains combine the advantages of Rosetta 2 and Origami 2 strains to alleviate codon bias and enhance disulfide bond formation in the cytoplasm when heterologous proteins are expressed in *E. coli*. These *trxB/gor* mutants are compatible with kanamycin-resistant vectors, and carry the chloramphenicol-resistant pRARE2 plasmid, which supplies seven rare tRNAs. pLysS strains express T7 lysozyme, which further suppresses basal expression of T7 RNA polymerase prior to induction, thus stabilizing pET recombinants encoding target proteins that affect cell growth and viability.*

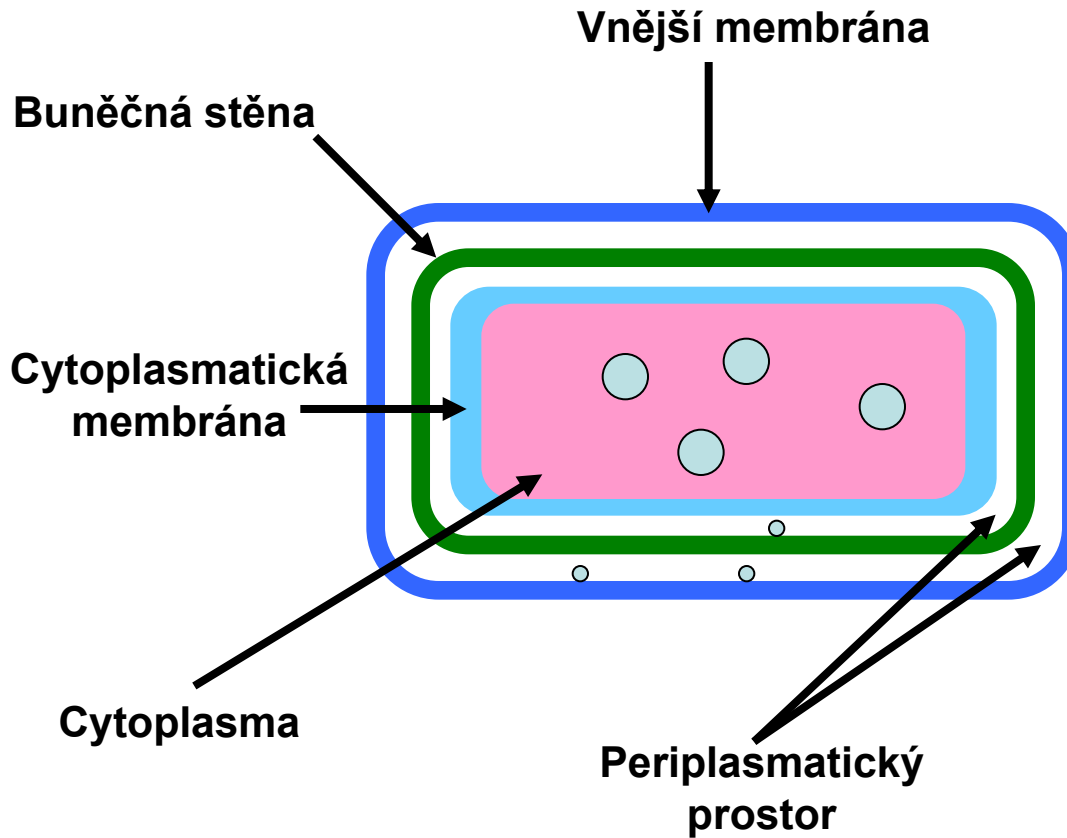
Tvorba disulfidických můstků (vazeb)



Jak donutíte protein jít do periplasmy?

- Oxidační prostředí v periplasmě umožňuje tvorbu -S-S- vazeb.
- Obsahuje enzymy, které vznik -S-S- katalyzují.

Tvorba disulfidických můstků (vazeb)



Jak donutíte protein jít do periplasmy?



Signální peptid (sekvence)

- Oxidační prostředí v periplasmě umožňuje tvorbu -S-S- vazeb.
- Obsahuje enzymy, které vznik -S-S- katalyzují.

Posttranslační modifikace

Molekulová hmotnost - M_w

Note: It is not possible to specify post-translational modification for your protein, nor will ProtParam know whether your mature protein forms dimers or multimers. If you do know that your protein forms a dimer, you may just duplicate your sequence (i.e. append a second copy of the sequence to the first), as all computations performed by ProtParam are based on either compositional data, or on the N-terminal amino acid.

- ProtParam nebere v úvahu možné posttranslační modifikace a oligomerizaci proteinů.
- Pro predikci PTM a oligomerizace existují specializované nástroje.
- Problematika PTM není stále dořešená, především u prokaryot.
- Glykosylace proteinů, dříve považovaná za proces probíhající pouze u eukaryot, byla již prokázána i u prokaryot.
Databáze prokaryotických glykoproteinů: ProGlycProt
Predikce glykosylace u prokaryot: GlycoPP

Izoelektrický bod - pI

- **Izoelektrický bod = pH, při kterém má protein nulový sumární náboj.**

Protein pI is calculated using pK values of amino acids described in Bjellqvist et al., which were defined by examining polypeptide migration between pH 4.5 to 7.3 in an immobilised pH gradient gel environment with 9.2M and 9.8M urea at 15%^{v/v} or 25%^{v/v} G. Prediction of protein pI for highly basic proteins is yet to be studied and it is possible that current Compute pI/Mw predictions may not be adequate for this purpose.

- Problémem jsou opět posttranslační modifikace!!!
- Použité hodnoty pK jednotlivých aminokyselin – různí autoři, různé hodnoty...

<http://wwwchem.csustan.edu/chem4400/pppl.htm>
<http://isoelectric.ovh.org/>

Stabilita
Struktura
Funkce
Interakce
Lokalizace

Reviews

C. T. Walsh et al.

Protein Chemistry

DOI: 10.1002/anie.200501023

Protein Posttranslational Modifications: The Chemistry of Proteome Diversifications

Christopher T. Walsh, Sylvie Garneau-Tsodikova, and Gregory J. Gatto, Jr.*

Posttranslační modifikace

Molekulová hmotnost - M_w

Note: It is not possible to specify post-translational modification for your protein, nor will ProtParam know whether your mature protein forms dimers or multimers. If you do know that your protein forms a dimer, you may just duplicate your sequence (i.e. append a second copy of the sequence to the first), as all computations performed by ProtParam are based on either compositional data, or on the N-terminal amino acid.

- ProtParam nebere v úvahu možné posttranslační modifikace a oligomerizaci proteinů.
- Pro predikci PTM a oligomerizace existují specializované nástroje.
- Problematika PTM není stále dořešená, především u prokaryot.
- Glykosylace proteinů, dříve považovaná za proces probíhající pouze u eukaryot, byla již prokázána i u prokaryot.
Databáze prokaryotických glykoproteinů: ProGlycProt
Predikce glykosylace u prokaryot: GlycoPP

Izoelektrický bod - pI

- Izoelektrický bod = pH, při kterém má protein nulový sumární náboj.

Protein pI is calculated using pK values of amino acids described in Bjellqvist et al., which were defined by examining polypeptide migration between pH 4.5 to 7.3 in an immobilised pH gradient gel environment with 9.2M and 9.8M urea at 15%¹⁴C or 25%¹⁴C. Prediction of protein pI for highly basic proteins is yet to be studied and it is possible that current Compute pI/Mw predictions may not be adequate for this purpose.

- Problémem jsou opět posttranslační modifikace!!!
- Použité hodnoty pK jednotlivých aminokyselin – různí autoři, různé hodnoty...

<http://wwwchem.csustan.edu/chem4400/pppl.htm>
<http://isoelectric.ovh.org/>

Stabilita
Struktura
Funkce
Interakce
Lokalizace

The diversity of distinct covalent forms of proteins (the proteome) greatly exceeds the number of proteins predicted by DNA coding capacities owing to directed posttranslational modifications. Enzymes dedicated to such protein modifications include 500 human protein kinases, 150 protein phosphatases, and 500 proteases. The major types of protein covalent modifications, such as phosphorylation, acetylation, glycosylation, methylation, and ubiquitylation, can be classified according to the type of amino acid side chain modified, the category of the modifying enzyme, and the extent of reversibility.

- ***E. coli* je prokaryotický organismus = prokaryota**
PROVÁDĚJÍ
POSTTRANSLAČNÍ
MODIFIKACE MNOHEM
MÉNĚ NEŽ EUKARYOTA...

Posttranslační modifikace



ELSEVIER

Available online at www.sciencedirect.com



Current Opinion in
Structural Biology

Not just for Eukarya anymore: protein glycosylation in Bacteria and Archaea

Mehtap Abu-Qarn¹, Jerry Eichler¹ and Nathan Sharon²



CSIR-IMTECH

GLYCOPP v 1.0

A webserver for glycosites prediction in prokaryotes

[HOME](#) [SUBMIT](#) [BLAST](#) [HELP](#) [DOWNLOADS](#) [TEAM](#) [CONTACT](#)

<http://www.imtech.res.in/raghava/glycopp/>

PROGLYCPROT

A Repository of Experimentally Characterized
Glycoproteins of Prokaryotes

<http://www.proglycprot.org/>



CSIR-IMTECH

Home

ProGlycProtDb

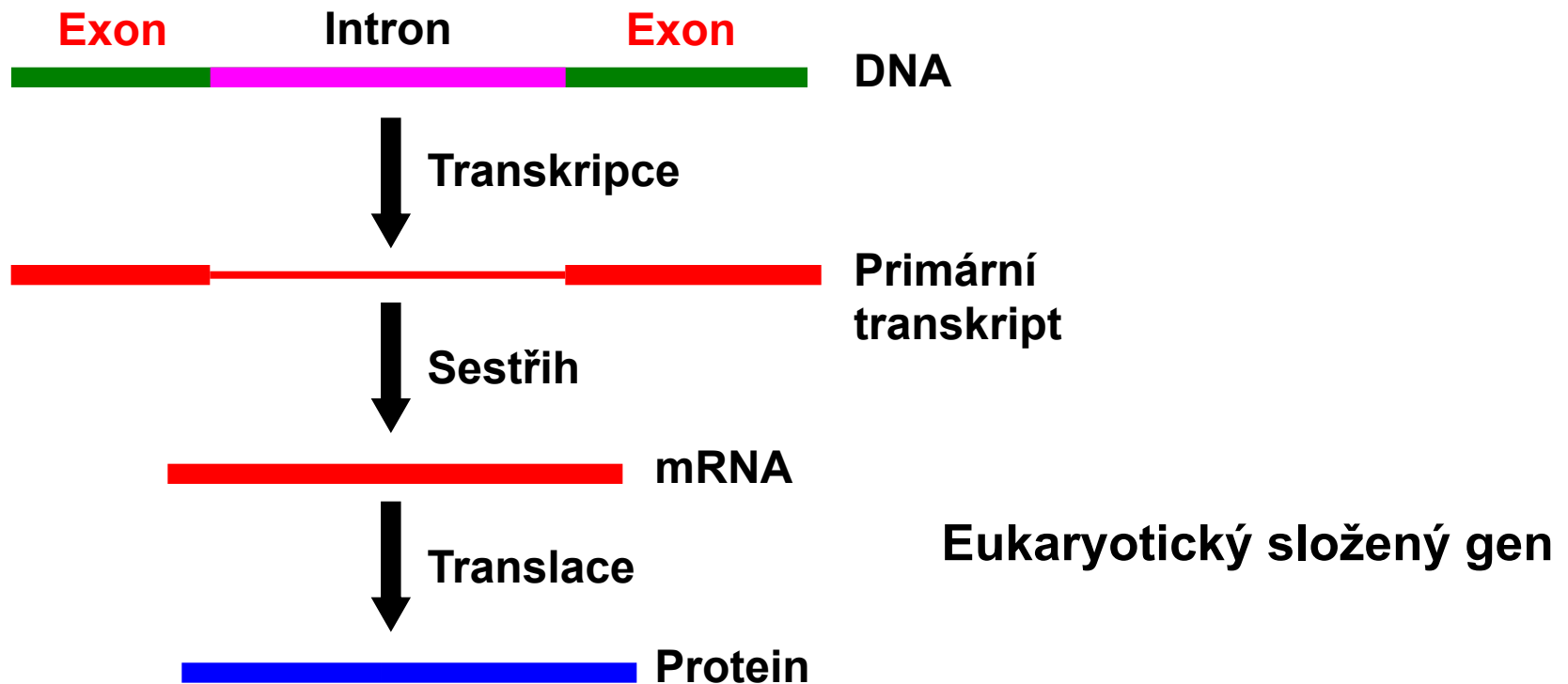
Structure Gallery

Tools

Links

Problém s introny!

- *E. coli* je prokaryotický organismus = prokaryota **NEPROVÁDĚJÍ SESTRŽIH!**



Problém s introny!

- *E. coli* je prokaryotický organismus = prokaryota **NEPROVÁDĚJÍ SESTRŮH!** Dobře, dělají sestřih, ale mnohem řidčeji než eukaryota a většinou u nekódující RNA (tRNA).

JOURNAL OF BACTERIOLOGY, July 1995, p. 3897–3903
0021-9193/95/\$04.00+0
Copyright 1995, American Society for Microbiology

Vol. 177, No. 14

MINIREVIEW

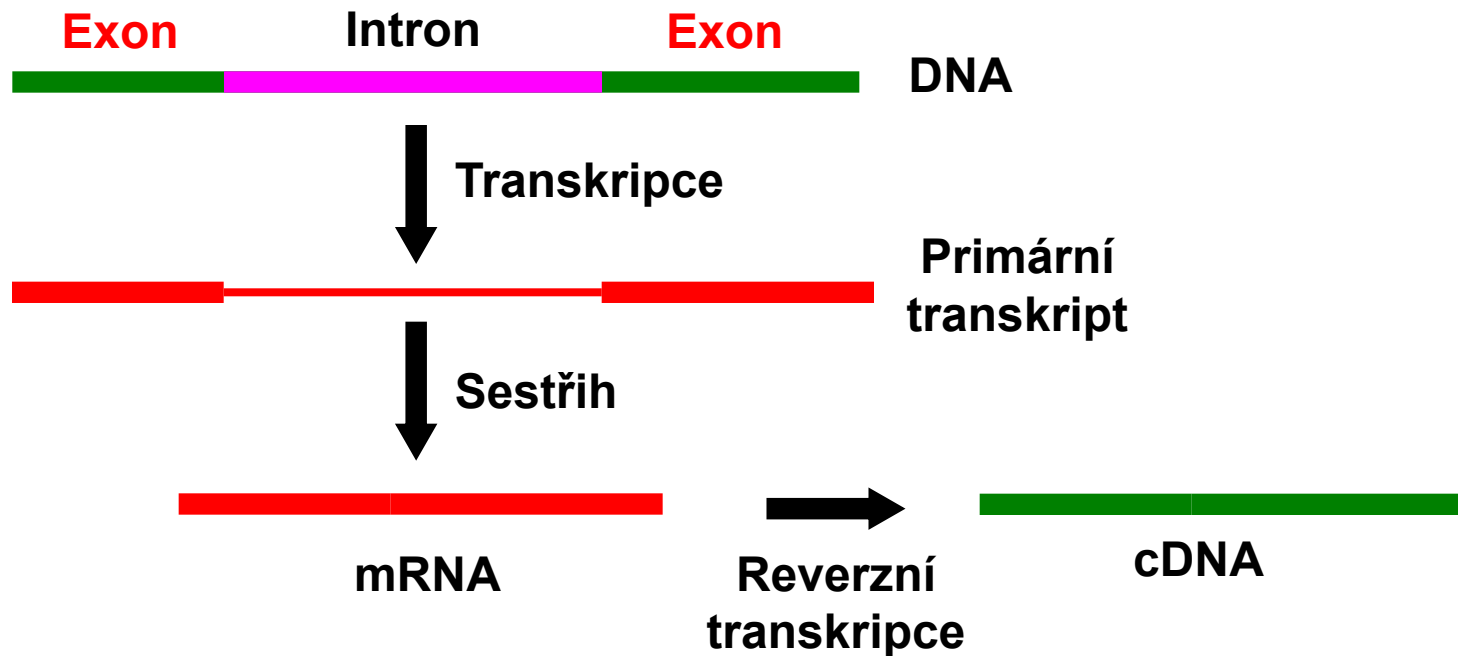
Prokaryotic Introns and Inteins: a Panoply of Form and Function

MARLENE BELFORT, MARY E. REABAN, TIMOTHY COETZEE,[†] AND JACOB Z. DALGAARD[‡]

*Molecular Genetics Program, Wadsworth Center and School of Public Health, State University of New York at Albany,
New York State Department of Health, P.O. Box 22002, Albany, New York 12201-2002*

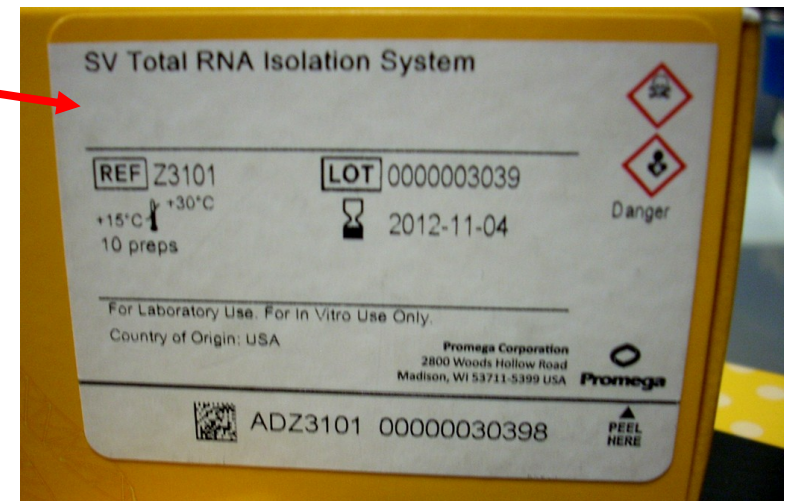
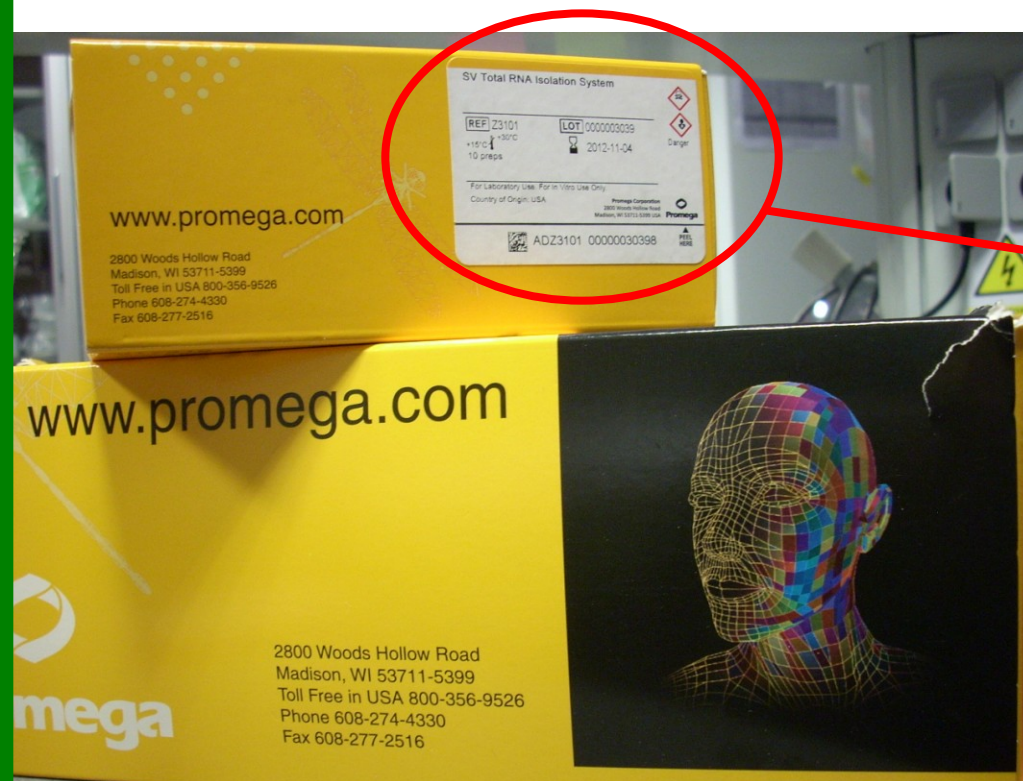
Problém s introny!

- *E. coli* je prokaryotický organismus = prokaryota **NEPROVÁDĚJÍ SESTŘIH!**
- Pro produkci eukaryotických proteinů v *E. coli* vycházíme z **komplementární DNA – cDNA**. Což je DNA získaná zpětnou transkripcí z mRNA.



Problém s introny!

- *E. coli* je prokaryotický organismus = prokaryota **NEPROVÁDĚJÍ SESTRŮHI!**
- Pro produkci eukaryotických proteinů v *E. coli* vycházíme z **komplementární DNA – cDNA**. Což je DNA získaná zpětnou transkripcí z mRNA.



Buze na RNA!

Buze na RNA!

Genuine
AXYGEN
Quality



Problém s introny!

- *E. coli* je prokaryotický organismus = prokaryota **NEPROVÁDĚJÍ SESTRŽIH!**
- Pro produkci eukaryotických proteinů v *E. coli* vycházíme z **komplementární DNA – cDNA**. Což je DNA získaná zpětnou transkripcí z mRNA.
- Nebo si necháme připravit **syntetický gen**. Pozor! Musíme vědět (nebo dostatečně přesně predikovat), kde jsou introny/exony!

Bioinformatics Reverse Translation Tool (Translate Polypeptide to DNA codons)

Use this tool to convert a Protein Sequence into it's complementary DNA (cDNA - DNA without introns) sequence

Enter a Protein Sequence below (e.g. ABABAEEDBDE)

```
NCWCCVLSDIMMHTSDCKDECWQFYVTSVLRAMCRQPTCCCCATHYCLLSICRIIVKNCG  
HCCPCHHVCMCKMCKRVWQTYTNMVMVWCHYYEHICWMCGHTIACQENEFYPQCFVIKSCEK  
CGPLPRNTGDCPRKYPCDPCLNLTYGDFEFCGECCWFDQMGEAKCNFCGQDCVSAQACIF  
CARSCYKCCENACFNSLWFS
```

Inkluzní tělíka

- Proteinová inkluzní tělíka = **nerozpustné** proteinové agregáty
- Špatně sbalené proteiny (problém disulfidických můstků, hydrofobních proteinů, posttranslačních modifikací)
- Toxické proteiny
- Proteiny, které se tvoří až příliš dobře – moc rychle a ve velkém množství
- Proteiny, které tvoří inkluzní tělíka z neznámých důvodů...

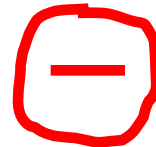


Mohou se tvořit ve velkém množství.

Vysoká čistota.

Někdy lze protein renaturovat.

Možné řešení produkce toxických proteinů.



Nesbalený protein!

Nevýhody *E. coli* jako expresního systému

- Rozdílné využívání kodonů u *E. coli* a eukaryot
- Problém s tvorbou disulfidických můstků
- Problémy s posttranslačními modifikacemi
- Neprovádí sestřih
- Tvorba inkluzních tělísek

Analýza genu/proteinu (i základní = rychlá) před vlastní expresí nám může uspořit spoustu času!

Stabilita? Aminokyselinové složení?

Homologní proteiny? Funkce? Hydrofobní oblasti?

Důležité posttranslační modifikace?

Použitá a doporučená literatura

Stránky Sigma-Aldrich: <http://www.sigmaaldrich.com>

Stránky ELICITYL: <http://www.elicityl-oligotech.com>

Stephen Kent *et al.* Through the looking glass – a new world of proteins enabled by chemical synthesis, *Journal of Peptide Science* 18: 428-436, 2012.

Michael Andrew Quail. DNA Cloning, in Encyclopedia of Life Sciences (ELS), John Wiley & Sons, Ltd: Chichester, 2005.

Karthikeyan Kandavelou *et al.* Ligation: Theory and Practice, in Encyclopedia of Life Sciences (ELS), John Wiley & Sons, Ltd: Chichester, 2005.

Mala Mani *et al.* Restriction Enzymes, in Encyclopedia of Life Sciences (ELS), John Wiley & Sons, Ltd: Chichester, 2007.

Stránky Promega: <http://worldwide.promega.com>

Stránky New England BioLabs: <https://www.neb.com>

Stránky Life Technologies: <http://www.lifetechnologies.com>

Použitá a doporučená literatura

Stránky QIAGEN: <http://www.qiagen.com/>

Dokumentace k pET vektoru: pET System Manual (Novagen)

High Efficiency Expression of Toxic Proteins, eLucidations, Issue 6:
<http://lucigen.com/store/elucidations-archive.html>

Dequan Chen and Donald E. Texada. Low-usage codons and rare codons of *Escherichia coli*, *Gene Therapy and Molecular Biology* 10: 1-12, 2006.

EMBL Protein Expression and Purification Core Facility:
http://www.embl.de/pepcore/pepcore_services/index.html

Dokumentace k Origami(DE3) a Rosetta-Gami2(DE3)pLySRare (Novagen)

Christopher T. Walsh et al. Protein Posttranslational Modifications: The Chemistry of Proteome Diversifications, *Angewandte Chemie* (International ed. in English) 44: 7342-7372, 2005.

Použitá a doporučená literatura

Jagat S. Chauhan et al. GlycoPP: A Webserver for Prediction of N- and O- Glycosites in Prokaryotic Protein Sequences, *PLoS ONE* 7(7): 1-13, 2012.

Stránky GlycoPP: <http://www.imtech.res.in/raghava/glycopp/>

Stránky ProGlycProt: <http://www.proglycprot.org/>

Marlene Belfort et al. Prokaryotic Introns and Inteins: a Panoply of Form and Function, *Journal of Bacteriology* 177(14): 3897-3903, 1995.