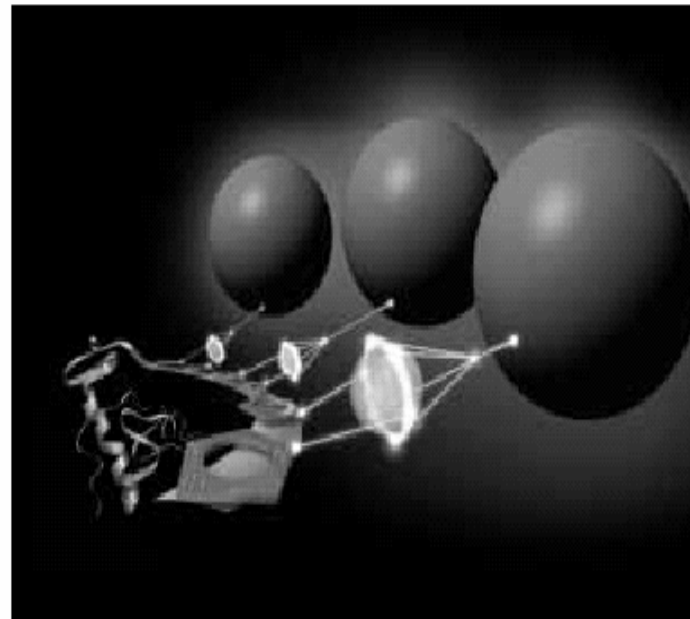
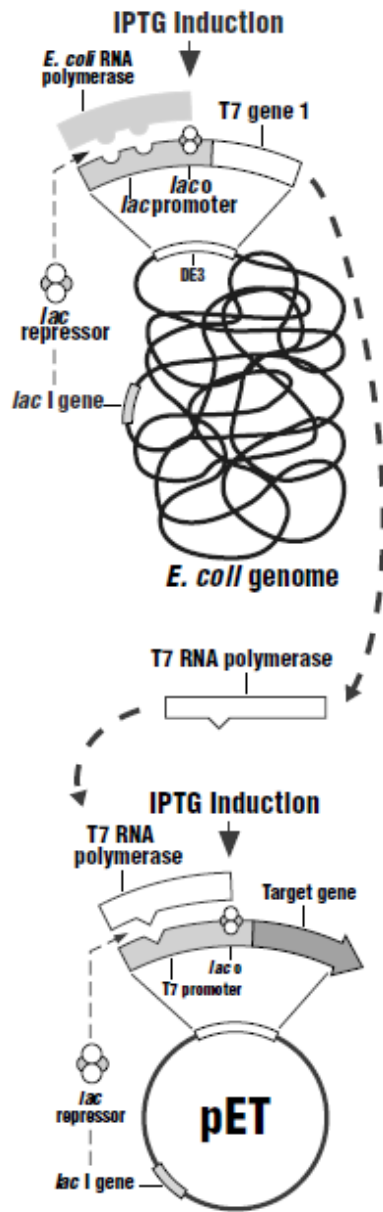


Expresa a purifikace rekombinantních proteinů



Radka Dopitová



Rekombinantní proteiny

Rekombinantní DNA je arteficiální DNA sekvence, která vznikla novou kombinací různých DNA sekvencí.

Rekombinantní proteiny jsou proteiny získané vnesením rekombinantní DNA do heterologního hostitele (např. mikroorganismus, kvasinky), ve kterém dojde k expresi genu.

Využití rekombinantních proteinů

Nadprodukce a purifikace rekombinantních proteinů jsou nezbytným předpokladem pro:

- **Biochemickou funkční charakteristiku proteinu** (určení přesných kinetických parametrů K_m , k_{cat} pro enzymy se substrátem, K_i pro enzymy s inhibítorem, K_d pro protein - proteinové interakce či ligand -proteinové interakce)
- **Strukturní analýzu** (NMR, krystalografie)
- **Proteinové inženýrství** (zlepšení vlastnosti proteinů – aktivita, stabilita)
- **V průmyslovém měřítku jsou produkovány léky, vakcíny a potravinové doplňky.**

Cíl: Vysoký výtěžek homogenního proteinu (mg – kg proteinu)

Zachování biologické aktivity

Proč vyrábět rekombinantní proteiny?

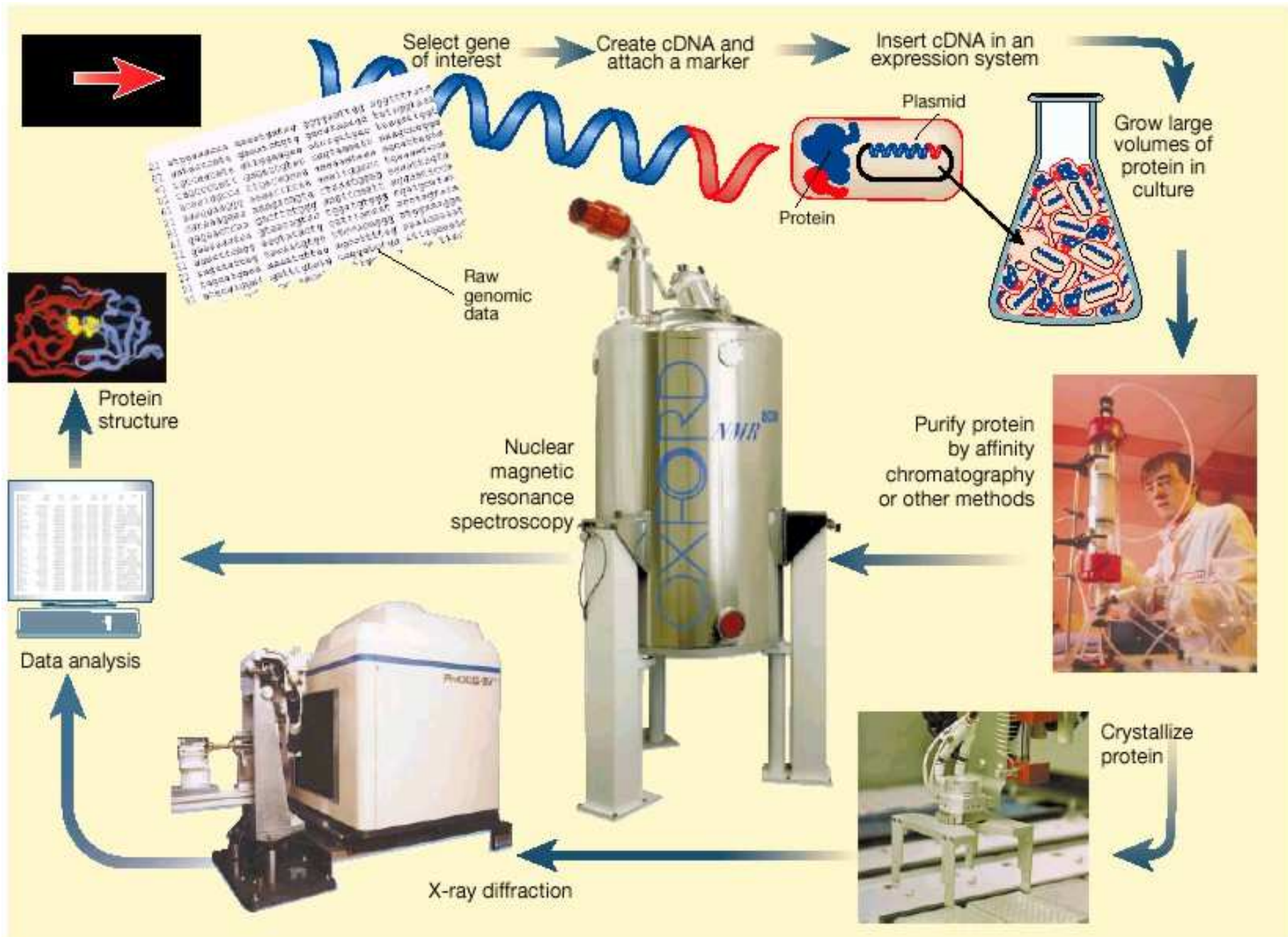
- Přirozený zdroj:**
- Obtížně se získává (tkáně, orgány).
 - Obtížně se kultivuje (bakterie, viry, tkáňové kultury).
 - Limitovaná exprese
 - Často obtížná purifikace proteinu

TABLE 1.2. Examples of low-abundance proteins and peptides isolated from natural biological sources

Protein	Source	Yield (μg)	Reference
Multipotential colony-stimulating factor	pokeweed mitogen-stimulated mouse spleen-cell-conditioned medium (10 liters)	1	Cutler et al. (1985)
Human A33 antigen	human colon cancer cell lines (10 ¹⁰ cells)	2.5	Catimel et al. (1996)
Platelet-derived growth factor (PDGF)	human serum (200 liters)	180	Heldin et al. (1981)
Granulocyte-colony-stimulating growth factor (G-CSF)	mouse lung-conditioned medium (3 liters)	40	Nicola et al. (1983)
Granulocyte-macrophage colony-stimulating growth factor (GM-CSF)	mouse lung-conditioned medium (3 liters)	12	Burgess et al. (1986)
Coelenterate morphogen	sea anemone (200 kg)	20	Schaller and Bodenmuller (1981)
Peptide YY (PYY)	porcine intestine (4000 kg)	600	Tatemoto (1982)
Tumor necrosis factor (TNF)	HL60 tissue culture medium (18 liters)	20	Wang and Creasy (1985)
Murine transferrin receptor	NS-1 myeloma cells (10 ¹⁰ cells)	20	van Driel et al. (1984)
Fibroblast growth factor (FGF)	bovine brain (4 kg)	33	Gospodarowicz et al. (1984)
Transforming growth factor-β (TGF-β)	human placenta (8.8 kg)	47	Frolik et al. (1983)
Human interferon	human leukocyte-conditioned medium (10 liters)	21	Rubinstein et al. (1979)
Muscarinic acetylcholine receptor	porcine cerebrum (600 g)	6	Haga and Haga (1985)
β ₂ -adrenergic receptor	rat liver (400 g)	2	Graziano et al. (1985)

Adapted, with permission, from Simpson and Nice (1989).

Technologie rekombinantních proteinů



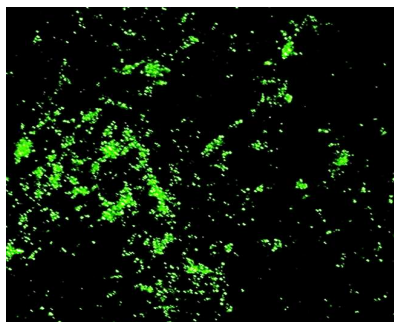
Hostitelský organismus pro expresi rekombinantních proteinů

- Bakterie
- Kvasinky
- Rostliny
- Savčí buňky
- Hmyzí buňky s bakuloviry

- In vitro transkripce a translace

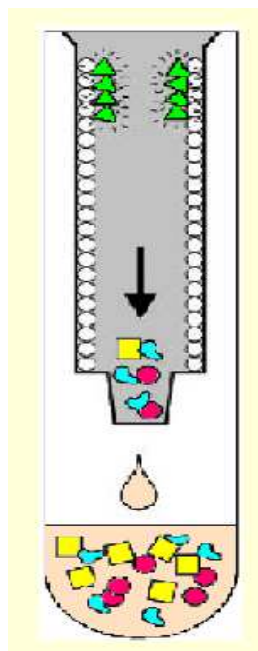
Obsah přednášky

1. část: Expresa rekombinantních proteinů v *E.coli*



Expresa proteinů fúzovaných s GFP v *E. coli*

2. část: Purifikace rekombinantních proteinů



Purifikace proteinů fúzovaných s GFP pomocí hydrofóbní matrice

Produkce heterologních proteinů v *E. Coli*

VÝHODY :

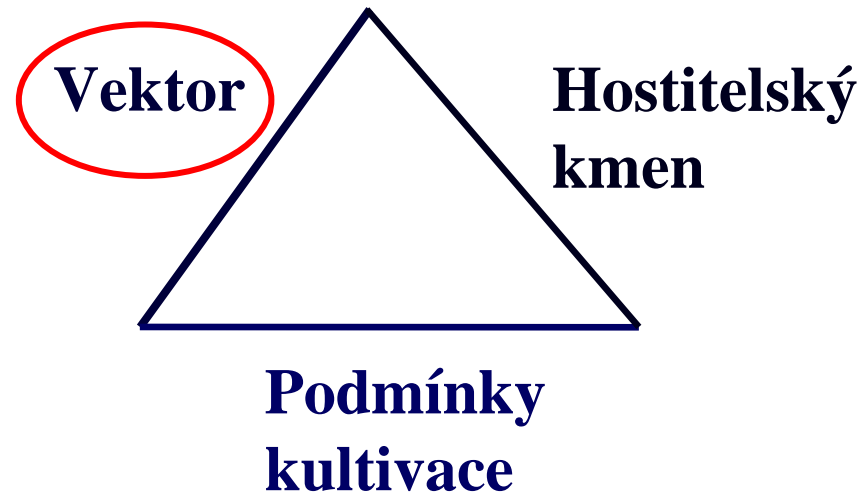
- Vysoká produkce rekombinantních proteinů
- Dobře prostudovaný genom a proteom-usnadnění genových manipulací
- Design řady vektorů usnadňuje klonování a expresi cizích genů
- Rychlý růst v poměrně levném médiu
- Přizpůsobivost systému

Produkce heterologních proteinů v *E. Coli*

NEVÝHODY:

- Potřeba cDNA zkoumaného proteinu
- Absence eukaryotických posttranslačních systémů (posttranslační modifikace)
- Tvorba nerozpustných inkluzních tělísek
- Omezená schopnost tvorby disulfidických vazeb
- Chybí sekreční mechanismus pro účinné uvolňování proteinu do kultivačního média

Expresní systém pro produkci rekombinantních proteinů v *E.coli*



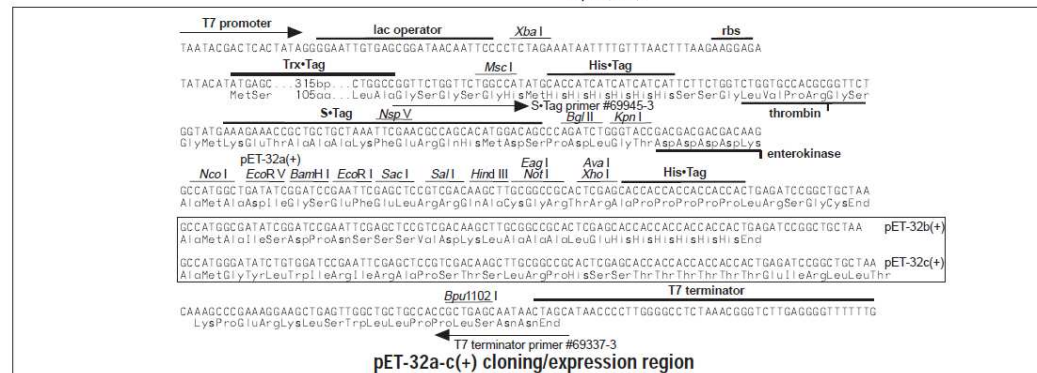
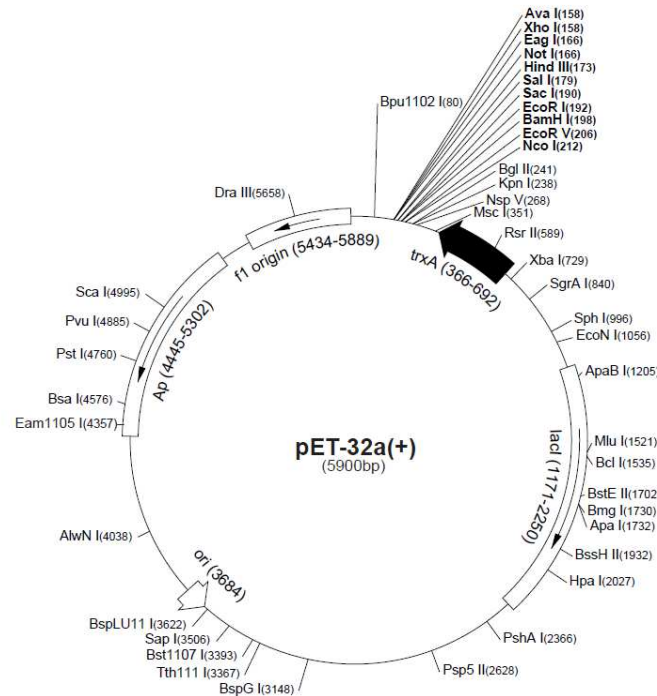
Expresní vektor

= klonovací vektor, který obsahuje nezbytné regulační sekvence k tomu, aby podporoval expresi inzertů cizích genů.

pET-32a(+) sequence landmarks

T7 promoter	764-780
T7 transcription start	763
Trx•Tag coding sequence	366-692
His•Tag coding sequence	327-344
S•Tag coding sequence	249-293
Multiple cloning sites (<i>Nco</i> I - <i>Xho</i> I)	158-217
His•Tag coding sequence	140-157
T7 terminator	26-72
<i>lacI</i> coding sequence	1171-2250
pBR322 origin	3684
<i>bla</i> coding sequence	4445-5302
f1 origin	5434-5889

The maps for pET-32b(+) and pET-32c(+) are the same as pET-32a(+) (shown) with the following exceptions: pET-32b(+) is a 5899bp plasmid; subtract 1bp from each site beyond *Bam*HI at 198. pET-32c(+) is a 5901bp plasmid; add 1bp to each site beyond *Bam*HI at 198 except for *Eco*R V, which cuts at 209.

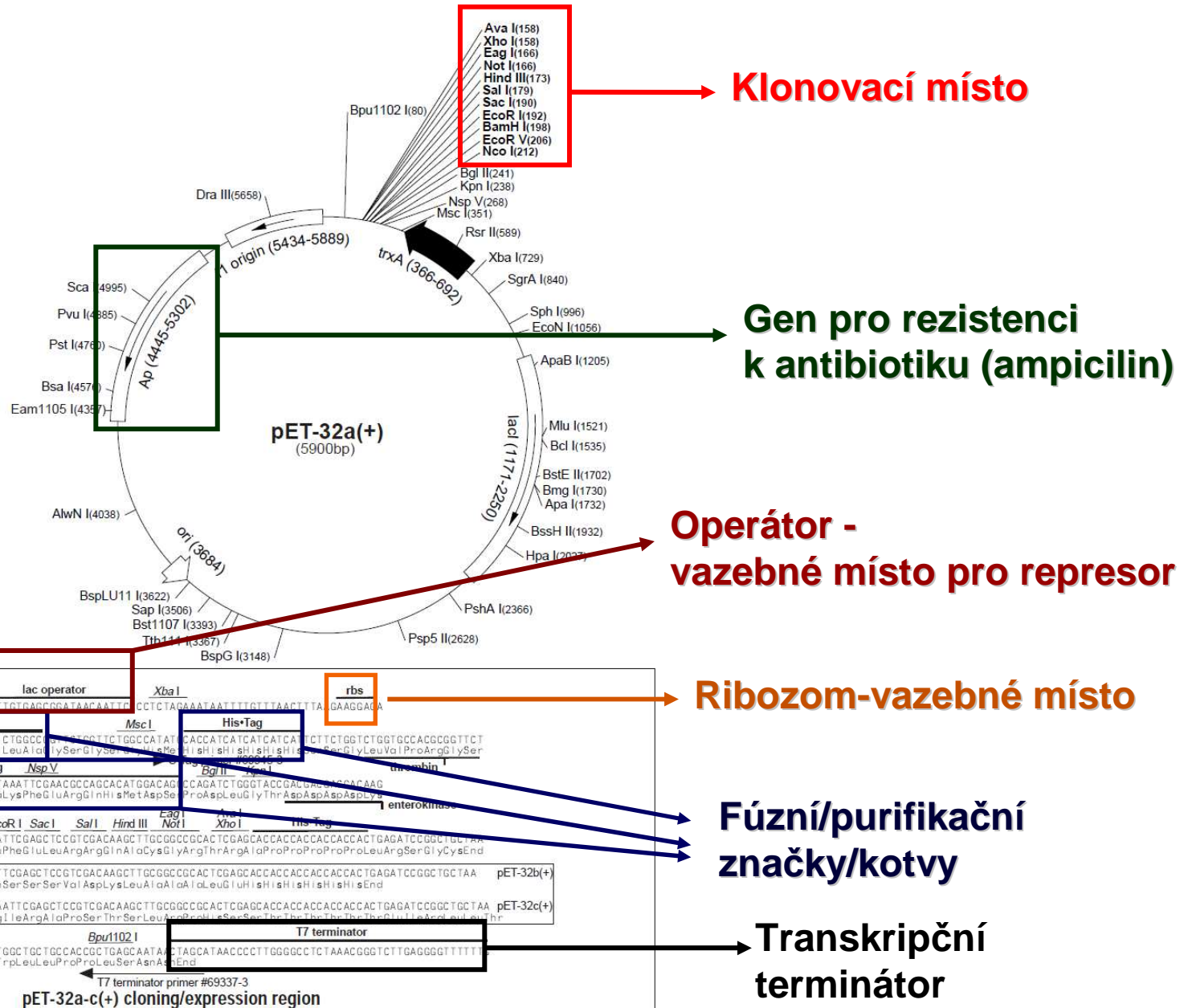


Struktura vektoru pro účinnou expresi rekombinantních proteinů v *E.coli*

pET-32a(+) sequence landmarks

T7 promoter	764-780
T7 transcription start	763
Trx*Tag coding sequence	366-692
His*Tag coding sequence	327-344
S*Tag coding sequence	249-293
Multiple cloning sites (<i>Nco</i> I - <i>Xho</i> I)	158-217
His*Tag coding sequence	140-157
T7 terminator	26-72
<i>lac</i> I coding sequence	1171-2250
pBR322 origin	3684
<i>bla</i> coding sequence	4445-5302
<i>f1</i> origin	5434-5889

The maps for pET-32b(+) and pET-32c(+) are the same as pET-32a(+) (shown) with the following exceptions: pET-32b(+) is a 5899bp plasmid; subtract 1bp from each site beyond *Bam*HI at 198. pET-32c(+) is a 5901bp plasmid; add 1bp to each site beyond *Bam*HI at 198 except for *Eco*R V, which cuts at 209.

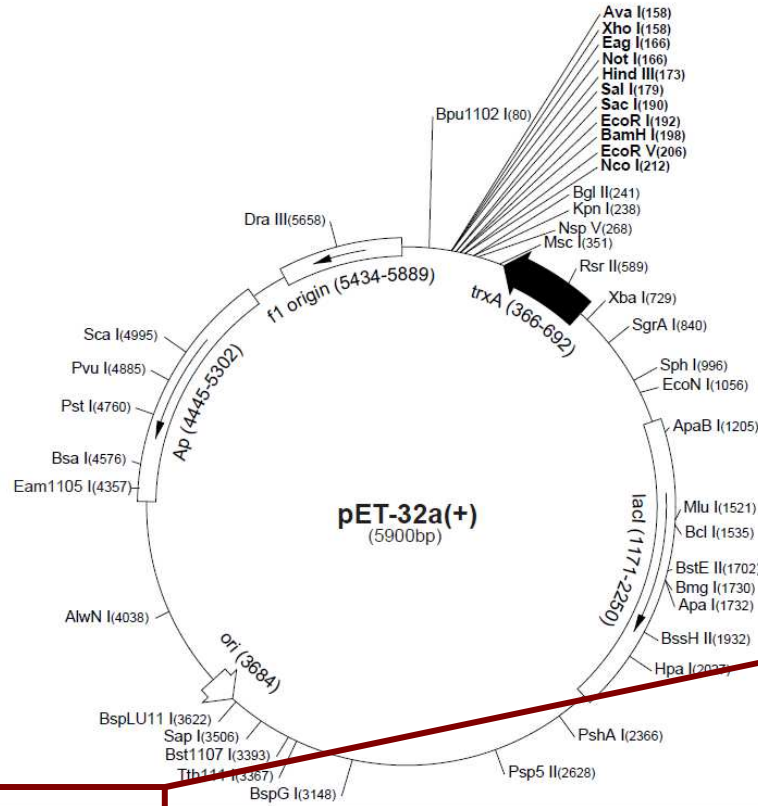


Struktura vektoru pro účinnou expresi rekombinantních proteinů v *E.coli*

pET-32a(+) sequence landmarks

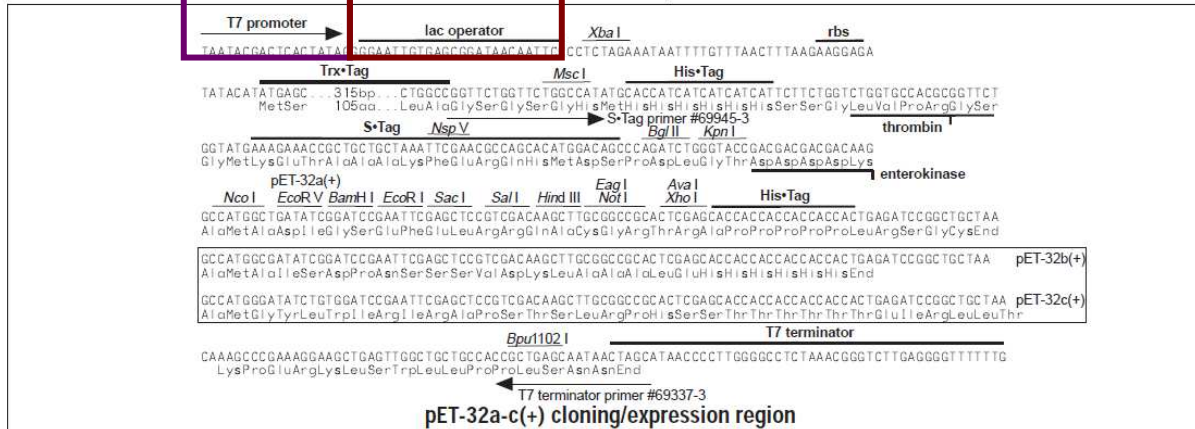
T7 promoter	764-780
T7 transcription start	763
Trx*Tag coding sequence	366-692
His*Tag coding sequence	327-344
S*Tag coding sequence	249-293
Multiple cloning sites	
(<i>Nco</i> I - <i>Xho</i> I)	158-217
His*Tag coding sequence	140-157
T7 terminator	26-72
<i>lac</i> I coding sequence	1171-2250
pBR322 origin	3684
<i>bla</i> coding sequence	4445-5302
f1 origin	5434-5889

The maps for pET-32b(+) and pET-32c(+) are the same as pET-32a(+) (shown) with the following exceptions: pET-32b(+) is a 5899bp plasmid; subtract 1bp from each site beyond *Bam*H I at 198. pET-32c(+) is a 5901bp plasmid; add 1bp to each site beyond *Bam*H I at 198 except for *Eco*R V, which cuts at 209.



promotor

**Operátor -
vazebné místo pro represor**



Vlastnosti promotoru:

- **Silný promotor** (ptac, ptrp, λ pL, pT₇)

- Protein zájmu by měl tvořit 10-30% a více z celkového bakteriálního proteinu.

- **Přenositelný do různých kmenů *E.coli***

- **Vykazuje minimální hladinu bazální exprese**

- Pokud jsou proteiny netoxické dosahuje se vysokých výtěžků proteinů růstem buněk do vysokých hustot s následnou indukcí aktivity promotoru.

- U toxických proteinů pro je nutná minimalizace bazální transkripce před přidavkem indukčního činidla pomocí vhodného represoru.

- **Jednoduše a levně inducibilní**

- Teplotní indukce (λ pL)

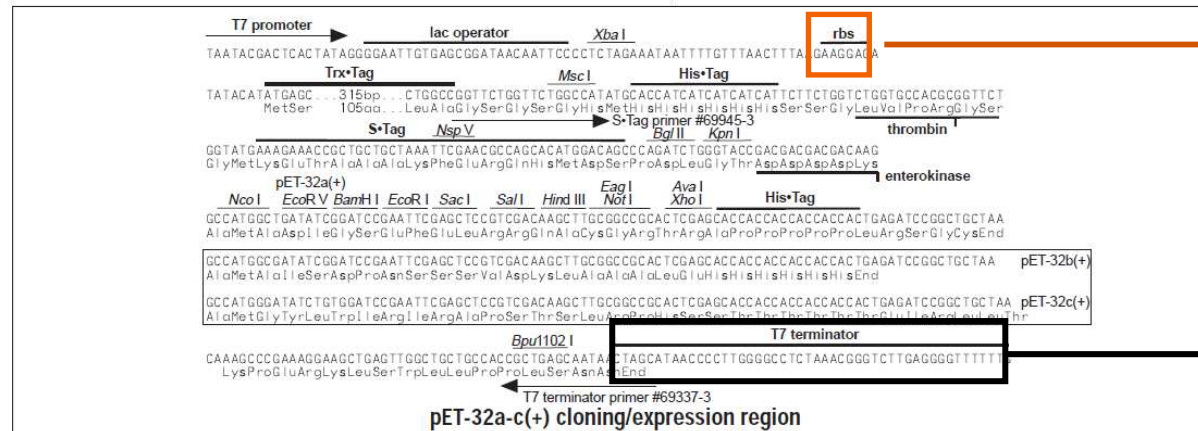
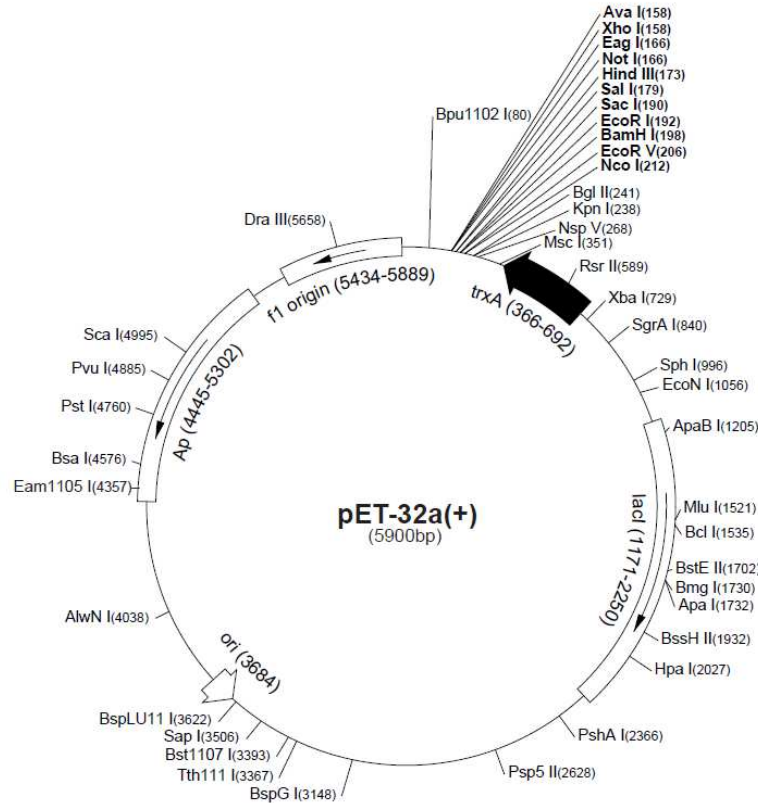
- Chemická indukce (ptac, ptrp, pT7): IPTG (isopropyl- β -D-thiogalaktopyranozid)

Struktura vektoru pro účinnou expresi rekombinantních proteinů v *E.coli*

pET-32a(+) sequence landmarks

T7 promoter	764-780
T7 transcription start	763
Trx*Tag coding sequence	366-692
His*Tag coding sequence	327-344
S*Tag coding sequence	249-293
Multiple cloning sites (<i>Nco</i> I - <i>Xho</i> I)	158-217
His*Tag coding sequence	140-157
T7 terminator	26-72
<i>lacI</i> coding sequence	1171-2250
pBR322 origin	3684
<i>bla</i> coding sequence	4445-5302
f1 origin	5434-5889

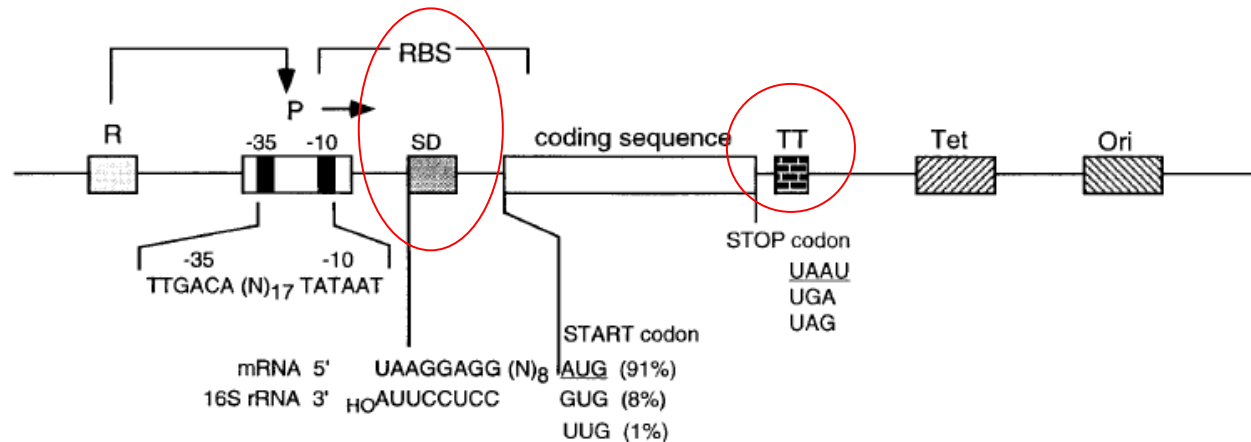
The maps for pET-32b(+) and pET-32c(+) are the same as pET-32a(+) (shown) with the following exceptions: pET-32b(+) is a 5899bp plasmid; subtract 1bp from each site beyond *Bam*H I at 198. pET-32c(+) is a 5901bp plasmid; add 1bp to each site beyond *Bam*H I at 198 except for *Eco*R V, which cuts at 209.



Ribozom-vazebné místo

Transkripční terminátor

Struktura vektoru pro účinnou expresi rekombinantních proteinů v *E.coli*



Ribozom-vazebné místo: zahrnuje Shine-Dalgarnova (SD) sekvenci a translační iniciační kodon

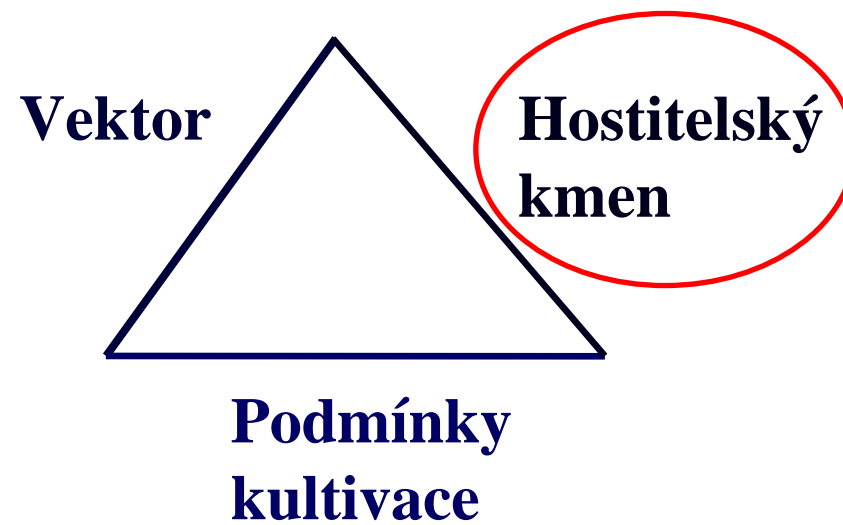
Vzdálenost mezi SD sekvencí a iniciačním kodonem AUG je 4-13 nukleotidů, tato vzdálenost ovlivňuje účinnost iniciace translace (**optimální vzdálenost je 4-8 nukleotidů**), oblast bohatá na AT páry.

Transkripční terminátor

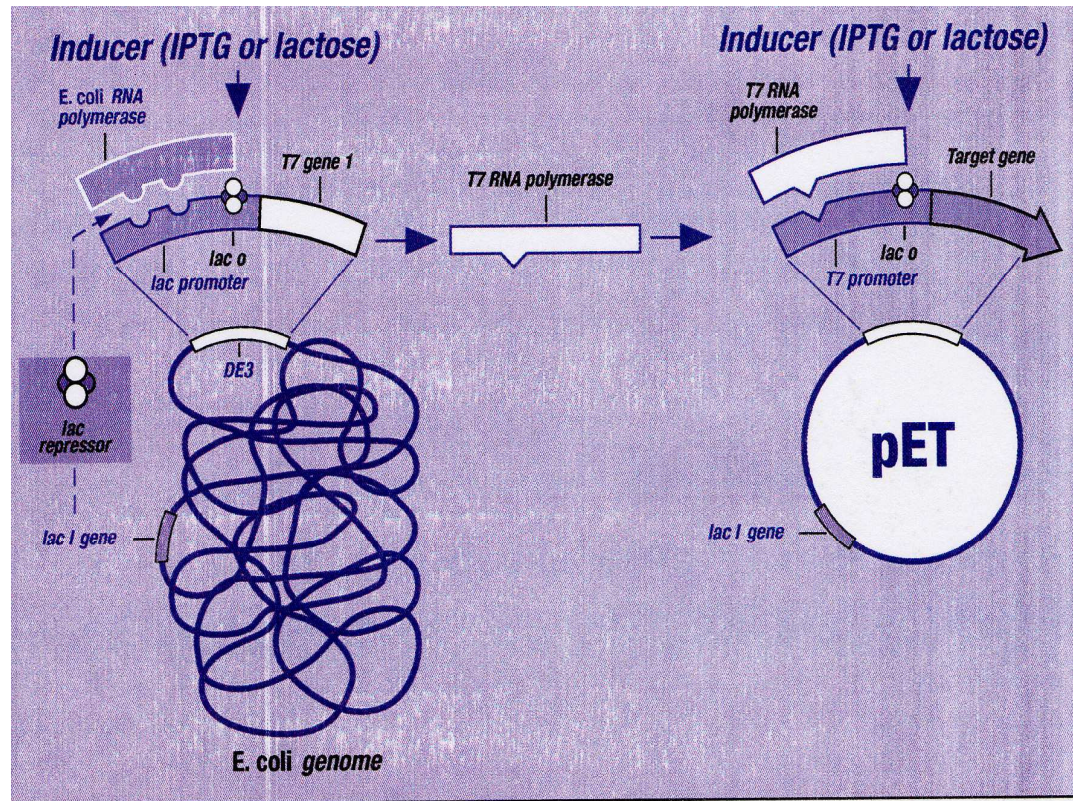
T₇ term, rrnT1,T2

(zabraňuje okluzi promotoru, zvyšuje stabilitu mRNA)

Výběr hostitelského kmene *E.coli*



Expresa rekombinantního proteinu v hostitelském kmeni *E. coli*



Toxicita rekombinantního proteinu pro hostitelský kmen

- Není omezena na pouhý fakt, že je protein je pro buňku cizí, ale může být způsobena i tím, že je nadprodukován určitý nativní gen.

Pro hostitele jsou smrtelné:

- Rekombinantní proteiny s hydrofóbními oblastmi mají toxický účinek - asociují s membránou nebo se inkorporují do membránového systému buňky (porušení membránového potenciálu).
- Proteiny, které inaktivují ribozomy.

Výběr hostitelského kmene *E.coli* s ohledem na toxicitu proteinu pro hostitele



- Nutná přísná regulace expresního systému

Komerčně dostupné bakteriální kmeny s různými úrovněmi regulace exprese, zajišťujícími minimalizaci bazální exprese.

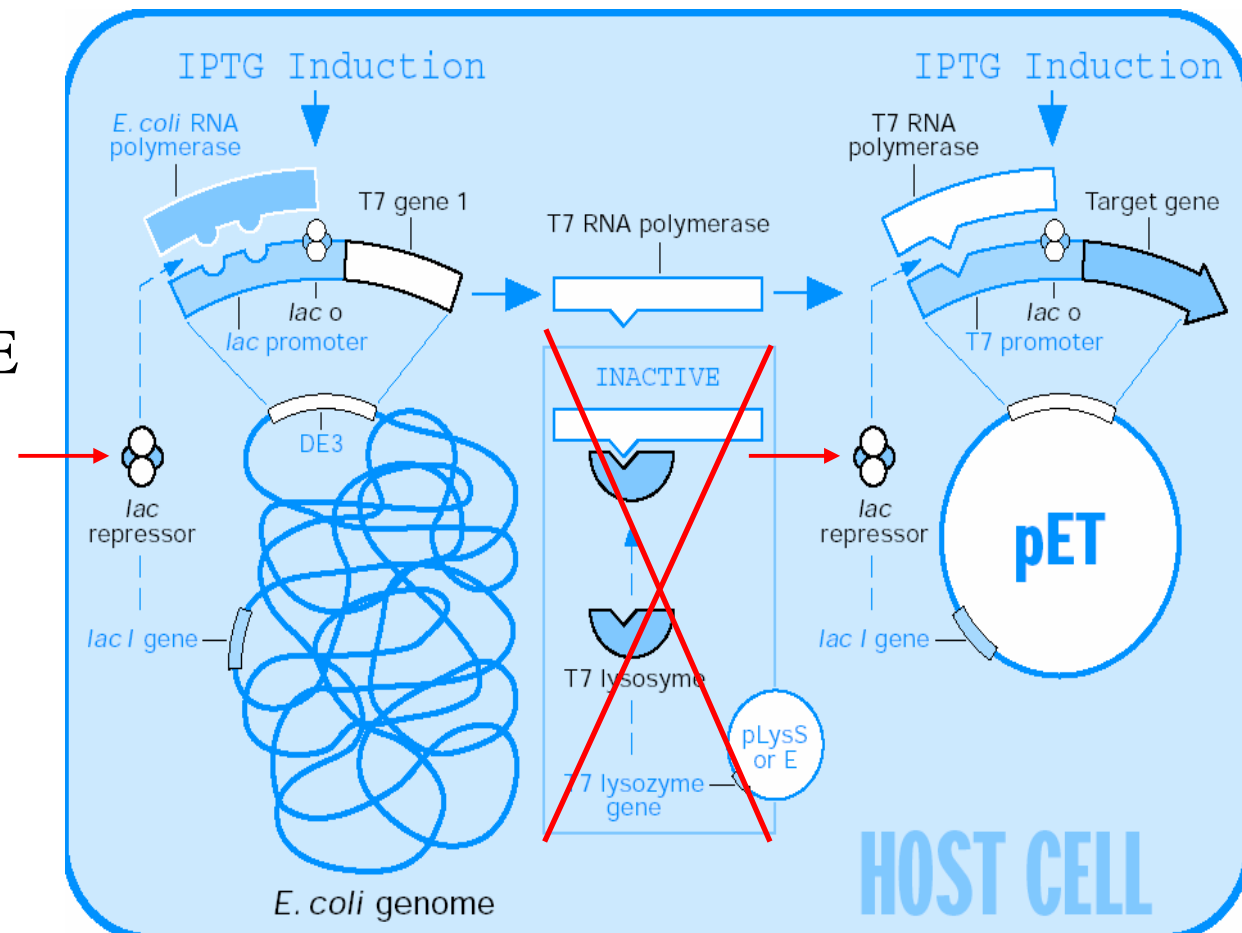
BL21(DE3)	firma Novagen
BL21(DE3)pLysS	firma Novagen

Různé úrovně minimalizace bazální exprese

✓ **BL21(DE3)**

BL21(DE3)pLysS/E

BL21



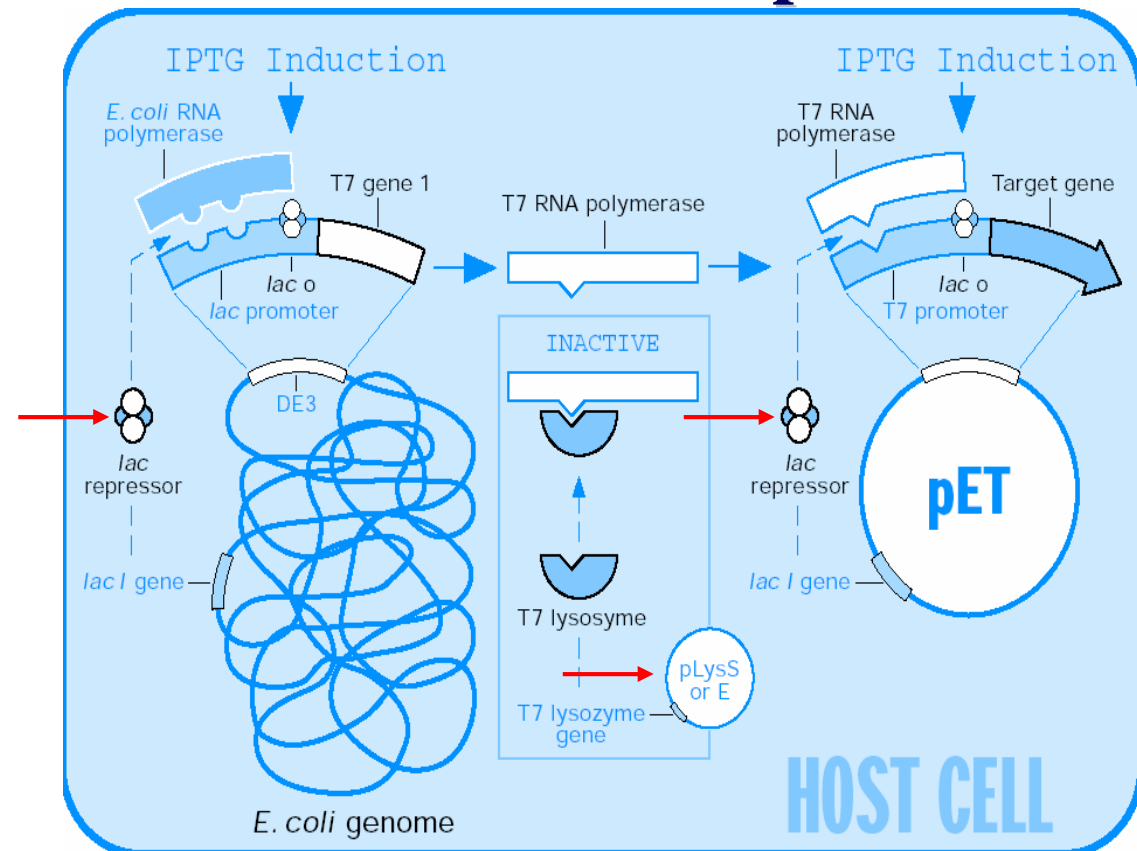
Cca 10 % hladina bazální exprese (před indukcí exprese) klonovaného genu.

Různé úrovně minimalizace bazální exprese

BL21(DE3)

✓ **BL21(DE3)pLysS/E**

BL21



- Expresní kmen obsahující plazmidy pLysS nebo pLysE umožňující přísnou regulaci expresního systému využívající T7 promotor. Tyto plazmidy kódují lysozym, který se váže na T7 RNA polymerasu a inaktivuje ji a minimalizuje se tak bazální exprese.

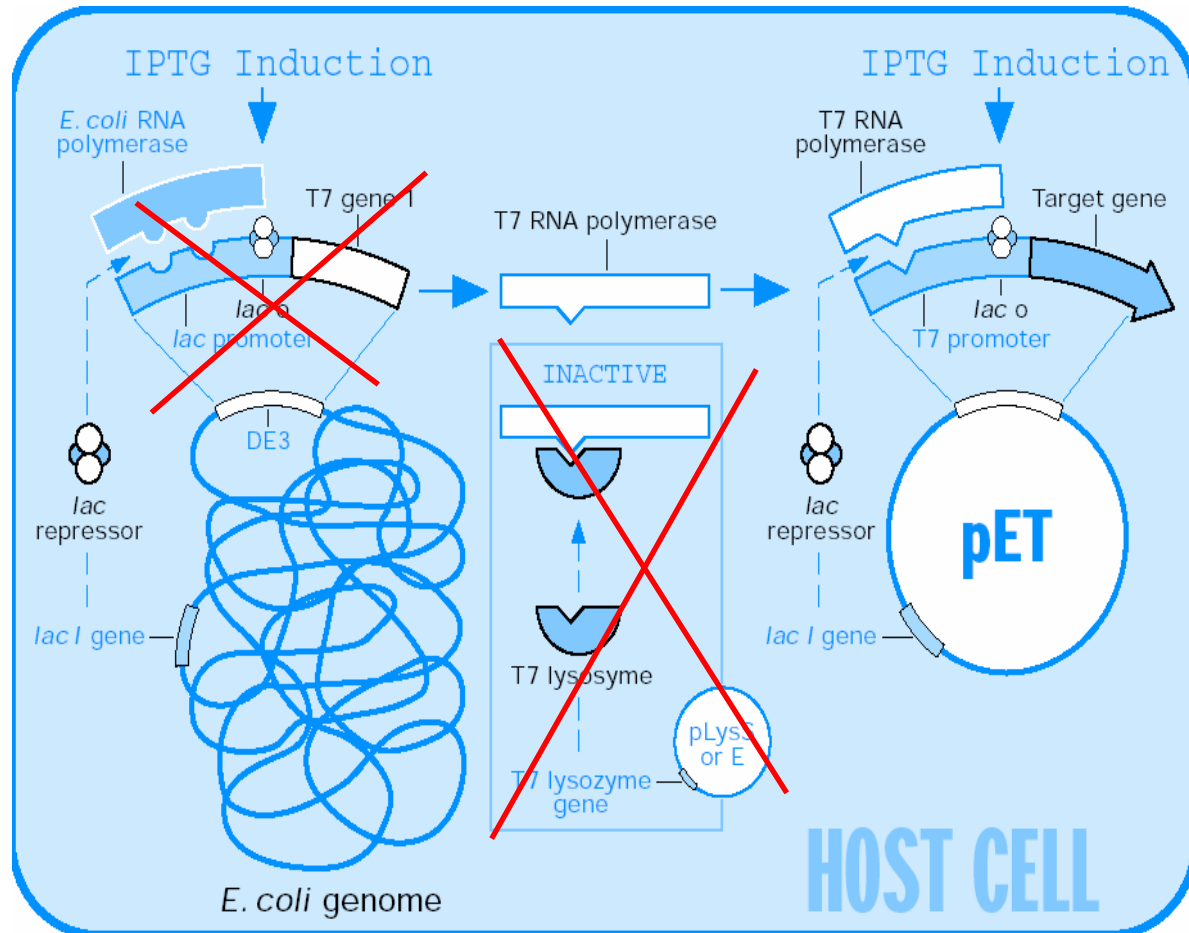
Cca 1-3% hladina bazální (před indukci exprese) exprese klonovaného genu.

Různé úrovně minimalizace bazální exprese

BL21(DE3)

BL21(DE3)pLysS/E

✓ **BL21**

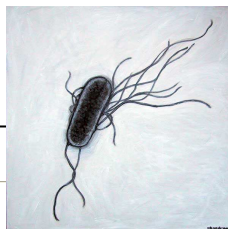


- Indukce exprese infekcí bakteriofágem CEG (gen pro T7 RNA polymerasu)

Nejvyšší úroveň represe!!

Využívání kodonů *E.coli* (codon usage)

- Geny u prokaryot a eukaryot se vyznačují nenáhodným využíváním synonymních kodonů.
- Kodony zřídka využívané u *E. Coli* se mohou hojně vyskytovat u heterologních genů pocházejících z eukaryot, archebakterií aj.
- Frekvence využití synonymních kodonů obvykle odráží zastoupení jejich tRNA v cytoplazmě.



<i>Escherichia coli</i> K12 [gbbet]: 14 CDS's (5122 codons)									<i>Arabidopsis thaliana</i> [gbpln]: 80395 CDS's (31098475 codons)																						
fields: [triplet] [frequency: per thousand] ([number])									fields: [triplet] [frequency: per thousand] ([number])																						
UUU 19.7(101)	UCU 5.7(29)	UAU 16.8(86)	UGU 5.9(30)	UUC 15.0(77)	UCC 5.5(28)	UAC 14.6(75)	UGC 8.0(41)	UUA 15.2(78)	UCA 7.8(40)	UAA 1.8(9)	UGA 1.0(5)	UUG 11.9(61)	UCG 8.0(41)	UAG 0.0(0)	UGG 10.7(55)	UUU 21.8(678320)	UCU 25.2(782818)	UAU 14.6(455089)	UGU 10.5(327640)	UUC 20.7(642407)	UCC 11.2(348173)	UAC 13.7(427132)	UGC 7.2(222769)	UUA 12.7(394867)	UCA 18.3(568570)	UAA 0.9(29405)	UGA 1.2(36260)	UUG 20.9(649150)	UCG 9.3(290158)	UAG 0.5(16417)	UGG 12.5(388049)
CUU 11.9(61)	CCU 8.4(43)	CAU 15.8(81)	CGU 21.1(108)	CUC 10.5(54)	CCC 6.4(33)	CAC 13.1(67)	CGC 26.0(133)	CUA 5.3(27)	CCA 6.6(34)	CAA 12.1(62)	CGA 4.3(22)	CUG 46.9(240)	CCG 26.7(137)	CAG 27.7(142)	CGG 4.1(21)	CUU 24.1(750114)	CCU 18.7(580962)	CAU 13.8(428694)	CGU 9.0(280392)	CUC 16.1(500524)	CCC 5.3(165252)	CAC 8.7(271155)	CGC 3.8(117543)	CUA 9.9(307000)	CCA 16.1(502101)	CAA 19.4(604800)	CGA 6.3(195736)	CUG 9.8(305822)	CCG 8.6(268115)	CAG 15.2(473809)	CGG 4.9(151572)
AUU 30.5(156)	ACU 8.0(41)	AAU 21.9(112)	AGU 7.2(37)	AUC 18.2(93)	ACC 22.8(117)	AAC 24.4(125)	AGC 16.6(85)	AUA 3.7(19)	ACA 6.4(33)	AAA 33.2(170)	AGA 1.4(7)	AUG 24.8(127)	ACG 11.5(59)	AAG 12.1(62)	AGG 1.6(8)	AUU 21.5(668227)	ACU 17.5(544807)	AAU 22.3(693344)	AGU 14.0(435738)	AUC 18.5(576287)	ACC 10.3(321640)	AAC 20.9(650826)	AGC 11.3(352568)	AUA 12.6(391867)	ACA 15.7(487161)	AAA 30.8(957374)	AGA 19.0(589788)	AUG 24.5(762852)	ACG 7.7(240652)	AAG 32.7(1016176)	AGG 11.0(340922)
GUU 16.8(86)	GCU 10.7(55)	GAU 37.9(194)	GGU 21.3(109)	GUC 11.7(60)	GCC 31.6(162)	GAC 20.5(105)	GGC 33.4(171)	GUA 11.5(59)	GCA 21.1(108)	GAA 43.7(224)	GGA 9.2(47)	GUG 26.4(135)	GCG 38.5(197)	GAG 18.4(94)	GGG 8.6(44)	GUU 27.2(847061)	GCU 28.3(880808)	GAU 36.6(1139637)	GGU 22.2(689891)	GUC 12.8(397008)	GCC 10.3(321500)	GAC 17.2(535668)	GGC 9.2(284681)	GUA 9.9(308605)	GCA 17.5(543180)	GAA 34.3(1068012)	GGA 24.2(751489)	GUG 17.4(539873)	GCG 9.0(280804)	GAG 32.2(1002594)	GGG 10.2(316620)
Coding GC 52.35% 1st letter GC 60.82% 2nd letter GC 40.61% 3rd letter GC 55.62%									Coding GC 44.59% 1st letter GC 50.84% 2nd letter GC 40.54% 3rd letter GC 42.38%																						

<http://www.kazusa.or.jp/codon/>

Málo preferované kodony u *E.coli*

Codon(s)	Amino acid
AGA, AGG, CGA, CGG.....	Arg
UGU, UGC.....	Cys
GGA, GGG.....	Gly
AUA.....	Ile
CUA, CUC.....	Leu
CCC, CCU, CCA.....	Pro
UCA, AGU, UCG, UCC	Ser
ACA	Thr

Makrides, 1996

Expres heterologní genů obsahujících málo preferované kodony vede k translačním chybám !

- Předčasné ukončení translace (zkrácený produkt)
- Posunutí čtecího rámce (posun až o 2 AK v místě kodonu AGA)
- Záměna aminokyseliny - často arginin (kodon AGA) za lyzin

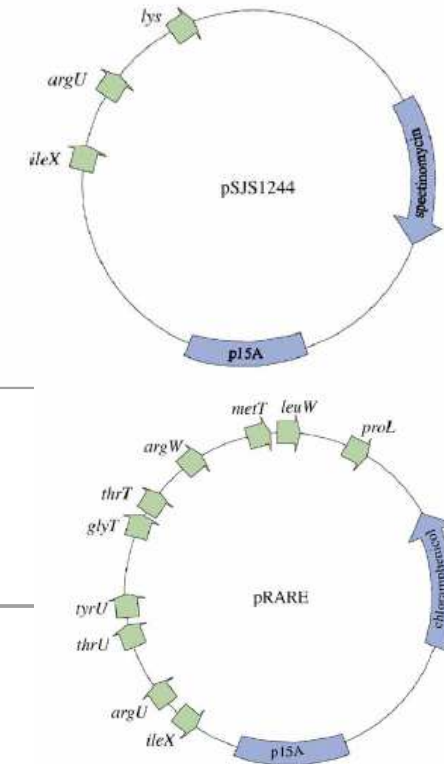
Výběr hostitelského kmene *E.coli*



- **Pro produkci genů obsahující velké množství kodonů, které jsou málo využívané *E.coli***, je možné použít komerčně dodávané kmeny, které produkují tRNA málo užívaných kodonů.

• BL21 (DE3) CodonPlus-RIL	• AGG/AGA (arginine, R), AUA (isoleucine, I) and CUA (leucine, L)	firma Stratagene
• BL21 (DE3) CodonPlus-RP	• AGG/AGA (arginine, R) and CCC (proline, P)	firma Stratagene
• Rosetta or Rosetta (DE3)	• AGG/AGA (arginine, R), CGG (arginine, R), AUA (isoleucine, I) CUA (leucine, L) CCC (proline), and GGA (glycine, G)	firma Novagen

Plasmidy komplementující tRNA.



NEBO: Místně řízená mutageneze - záměna málo využívaného kodonu.

Optimalizace kodonů – syntéza genů

Optimální složení kodonů pro produkci v jednom či více organismech s ohledem na vznik sekundárních struktur a stabilitu mRNA.



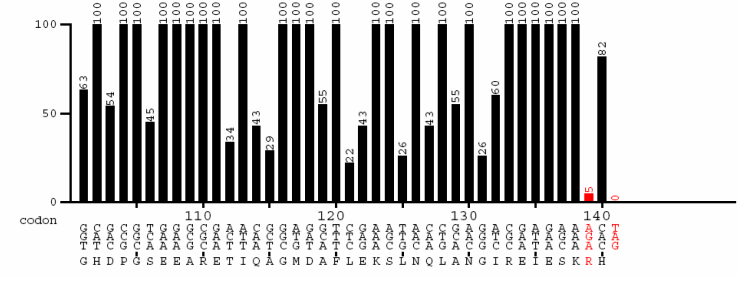
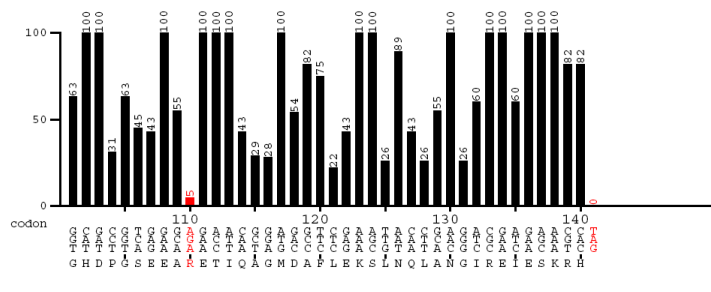
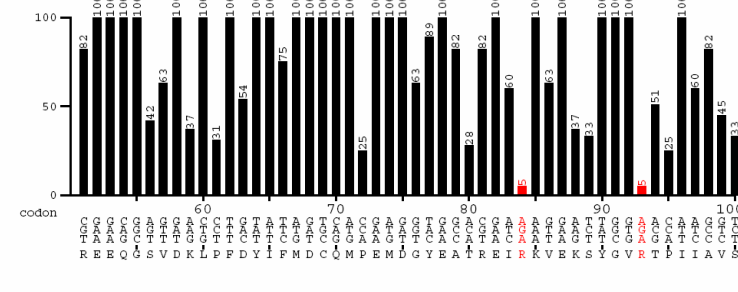
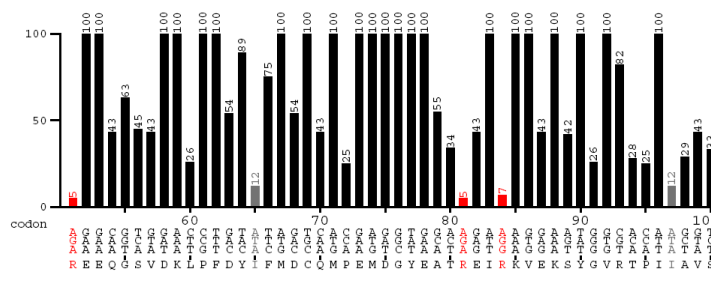
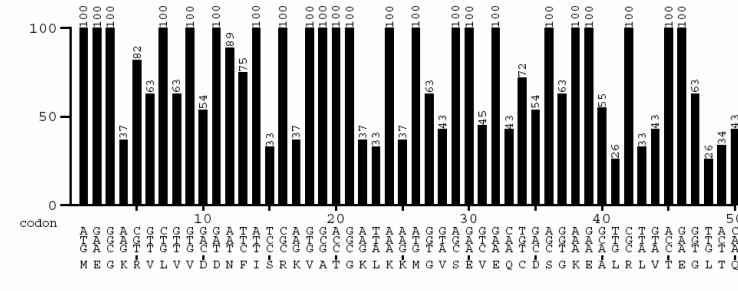
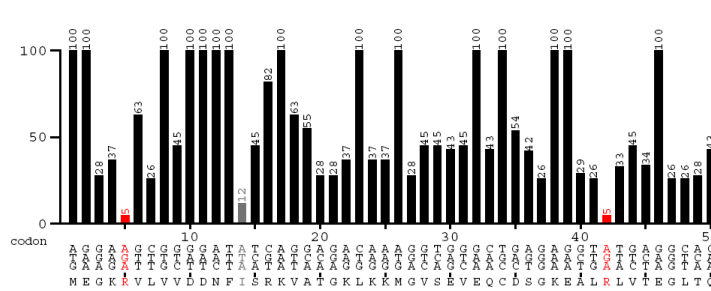
www.gcu.a.de
created: 18.08.2011

CKIrd
sequence derived from Arabidopsis_thaliana
Codontable:
Escherichia_coli_K12
Ordinate (y-axis): relative adaptiveness <20% <10%



www.gcu.a.de
created: 24.08.2011

CKIrd optim codon us
sequence derived from Arabidopsis_thaliana
Codontable:
Escherichia_coli_K12
Ordinate (y-axis): relative adaptiveness <20% <10%



Degradace proteinu

Bakteriální proteolytický systém:

- *E. coli* obsahuje velké množství proteas, nejvíce v cytoplazmě
- Selektivně odstraňuje „abnormální“ proteiny:
 - Nekompletní polypeptidy
 - Proteiny se zaměněnými AK
 - Nadměrně syntetizované podjednotky multimerních proteinů
 - Proteiny poškozené oxidací nebo volnými radikály
 - Cizí, rekombinantní proteiny (problémem jsou proteiny < 10 kDa)

Výběr hostitelského kmene *E.coli*



Kmeny deficientní na proteasy

- Mutace, eliminující produkci proteas a tím proteolytickou degradaci rekombinantních proteinů.

Expresní kmeny **BL21** jsou deficientní na:

cytoplazmatickou proteasu *lon*
periplazmatickou proteasu *ompT*

Aminokyseliny redukující stabilitu heterologního proteinu

1. N-koncové pravidlo

- Stabilita proteinu je ovlivněna aminokyselinou, která následuje první aminokyselinu polypeptidového řetězce (methionin).
- Aminokyseliny na této pozici redukují stabilitu proteinu:

Arg, Lys, Leu, Phe, Tyr a Trp

- Poločas rozpadu proteinu pouze 2 min

2. Lysin ve vnitřní sekvenci poblíž N-konce proteinu

- Degradace ubiquitin-dependentními proteasami

3. PEST hypotéza

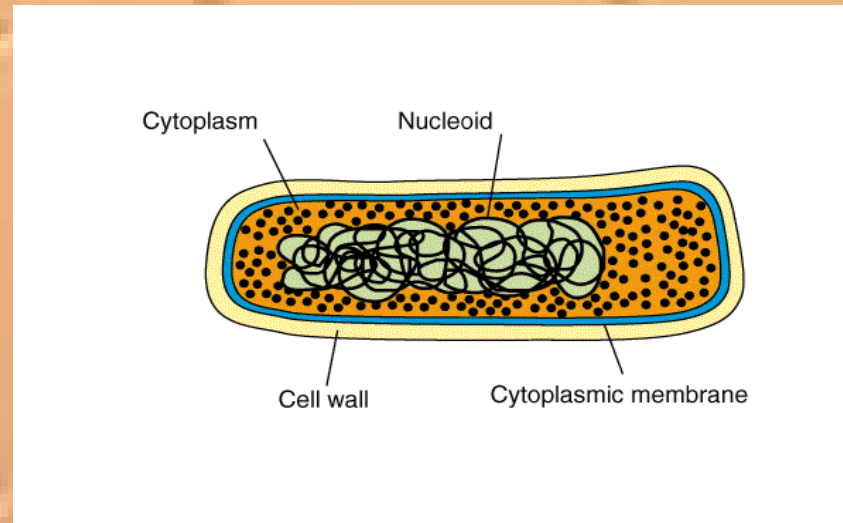
- Oblasti bohaté na Pro (P), Glu (E), Ser (S), Thr (T)
- Po fosforylaci PEST degradace proteinu Ca-dependentními proteasami

Cílená exprese proteinu

Cytoplazmatická exprese

Periplazmatická exprese

**Extracelulární exprese
(do kultivačního média)**



Cytoplazmatická exprese

- Preferovaný způsob

Výhody

- Vysoký výtěžek proteinu
- Jednodušší plazmidové konstrukty
- Inkluzní tělíka

Nevýhody

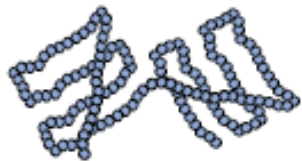
- Inkluzní tělíka
- Redukční prostředí
- Proteolýza
- Více komplexní purifikace

Inkluzní tělíska

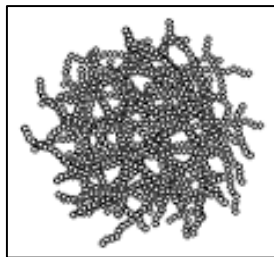
- Nerozpustné shluky špatně poskládaného rekombinantního proteinu, velké až $2\mu\text{m}^3$

Co způsobuje jejich tvorbu?

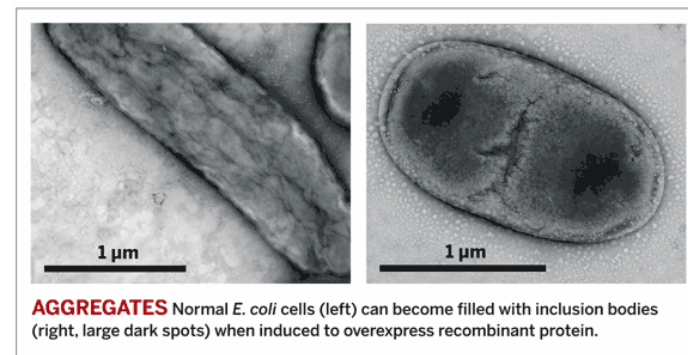
- Rychlá nadprodukce proteinu
- Ví se málo o mechanismu tvorby a struktuře inkluzních tělísek.
- Absence eukaryotních chaperonů
- Intramolekulární asociace exponovaných hydrofóbních domén nesbalených řetězců
- Nesprávná tvorba disulfidických vazeb v redukujícím prostředí cytoplazmy



Rozpustný protein



Inkluzní tělíska – nerozpustný protein



Inkluzní tělíska

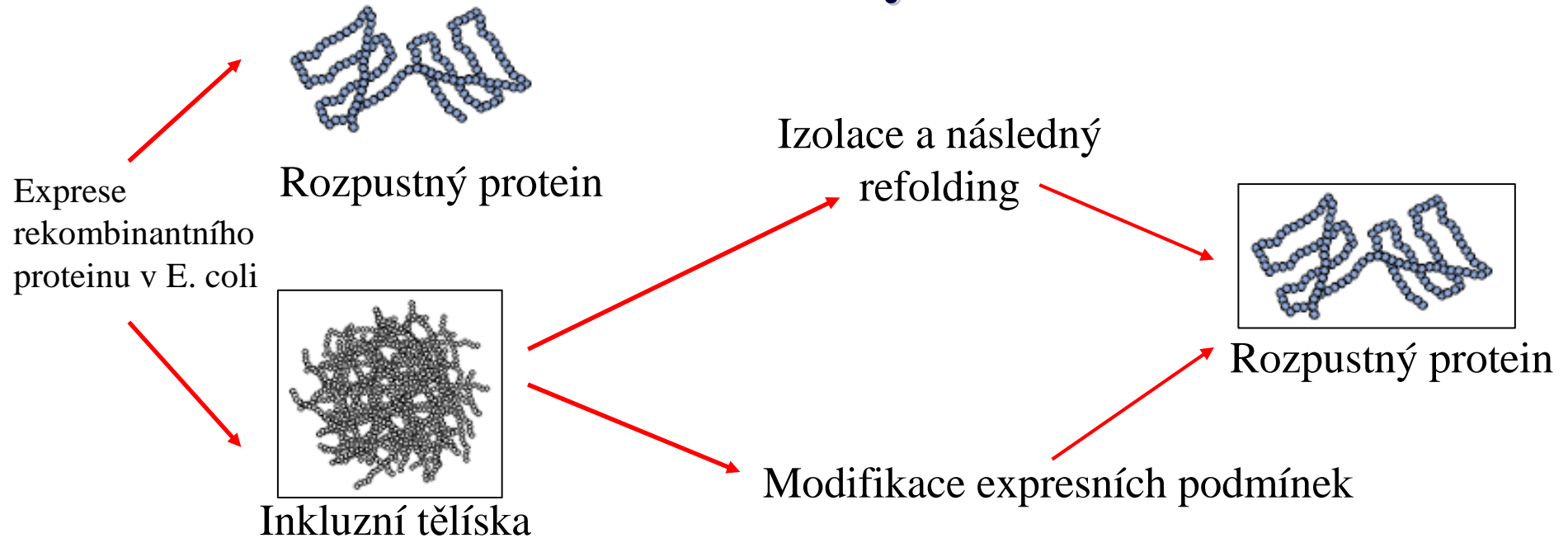
Výhody

- Snadná izolace ve vysoké čistotě a koncentraci
- Ochrana před proteasami
- Pro produkci proteinů, jejichž aktivita je pro buňku letální

Nevýhody

- Proteinová nerozpustnost
- Refolding pro opětné získání biologické aktivity
- Refolding nemusí vést k zaktivování proteinu
- Redukce výtěžku proteinu
- Zvyšují se náklady

Možnosti minimalizace tvorby inkluzních tělísek



- Snížení teploty kultivace bakteriální kultury
- Koprodukce chaperonů
- Použití fúzního partnera zlepšujícího solubilizaci (thioredoxin)
- Selekcce různých kmenů *E. coli* kmenů - např. bakteriální kmene deficientní na thioredoxin reduktasu

Možnosti minimalizace tvorby inkluzních tělísek

Výběr hostitelského kmene *E.coli*



- Pokud protein obsahuje jeden nebo více disulfidických vazeb, správné poskládání proteinu je stimulováno v hostiteli s více oxidujícím prostředím cytoplazmy.

•AD494	• Mutace v genu pro thioredoxinreduktasu (trxB)	• Novagen
•Origami	• Dvojitá mutace v genu pro thioredoxinreduktasu (trxB) and glutathionreduktasu (gor)	• Novagen

Periplazmatická exprese

- Periplazma obsahuje jen 4% všech buněčných proteinů (cca 100 proteinů)
- Transmembránový transport je zprostředkován signálním peptidem na N-konci proteinu
- Prokaryotické signální peptidy úspěšně použité v *E.coli* (ompA, ompT z *E.coli*, protein A z *S. Aureus*, endoglukanasa z *B.subtilis*)

Výhody

- Jednodušší purifikace
- Není zde tak rozsáhlá proteolýza
- Zlepšení tvorby disulfidických můstků/foldingu

Nevýhody

- Signální peptid nezajistí vždy transport do periplazmy
- Mohou se také tvořit inkluzní tělíska

Extracelulární exprese

- Sekrece proteinů do kultivačního média
- Chybí účinná cesta pro transport skrz vnější membránu (*E.coli* sekretuje velmi málo proteinů).
- Některé proteiny sekretované do periplazmy pasivně difundují do média.
- Zatím spíše neúspěšná manipulace s různými transportními cestami, které by usnadňovaly sekreci cizího proteinu.

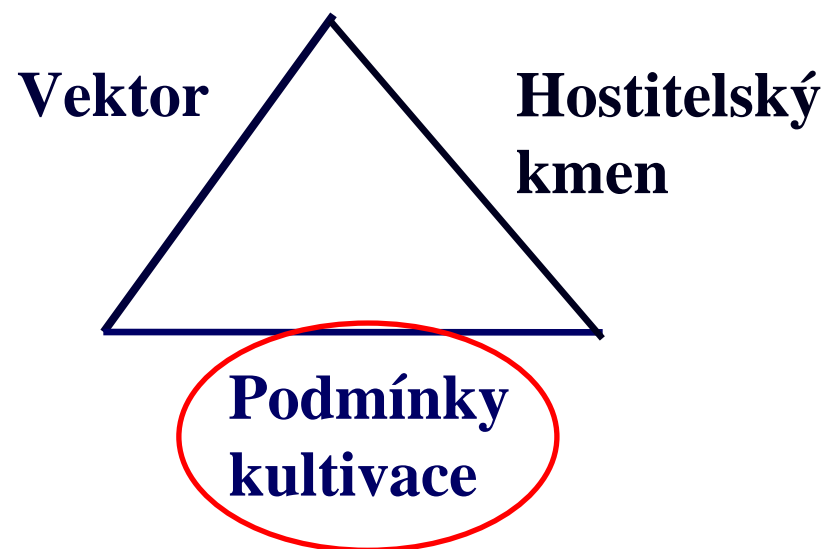
Výhody

- Minimální kontaminace ostatními proteiny (jednodušší purifikace)
- Nejmenší hladina proteolýzy
- Zlepšení foldingu

Nevýhody

- Často nízká sekrece
- Hodně zředěný protein

Modifikace růstových podmínek



Podmínky kultivace

Možnosti zvýšení produkce rozpustného proteinu:

Experimentálně se testuje:

- Vysoká hustota buněčné kultury
- Složení média (pH, přídavek specifických substrátů, kofaktorů, složení živin-bohaté či minimální média)
- Optimalizace teploty růstu bakterií a teploty na indukci exprese
- Koncentrace indukčního činidla na indukci, délka indukce exprese

Podmínky kultivace - složení média

Vliv různých podmínek exprese na aktivitu mutantní formy kukuřičné β -glukosidasy F461L.

- pH média
- Přítomnost substrátu (celobiosa)

<i>podmínky</i>	<i>Specifická aktivita (nkat/mg)</i>
kontrola	1,9
LB médium pH 6	2,0
LB médium pH 7	4,2
LB médium pH 8	2,8
1% celobiosa (na indukci exprese)	2,7

Specifická aktivita byla po expresi za uvedených podmínek měřena v nativních lyzátech použitím substrátu PNPG.

Expresa AHP proteinů v *E. coli* – optimalizace teploty růstu bakterií a teploty na indukci exprese

Podmínky:

1. Médium: LB médium, bakteriální kmen BL21(DE3)pLysS

Růst ($OD_{600} \sim 0.5-0.6$)

Indukce 0,4 mM IPTG/3hodiny

22°C

22°C (3)

1 2 3

37°C

22°C (2)

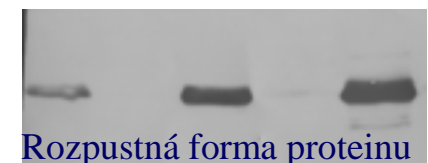
37°C

28°C (1)

Test rozpustnosti:

2. Příprava proteinových lyzátů za silně denaturačních podmínek (celková produkce proteinu = rozpustná + nerozpustná forma) a za nativních podmínek (rozpustná forma proteinu).

3. SDS PAGE denaturačních a nativních proteinových lyzátů s následnou analýzou western blottingem.

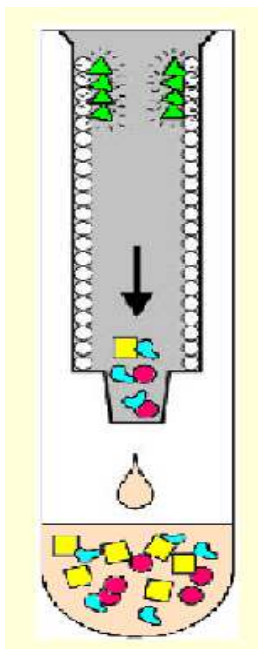


4. Detekce proteinu pomocí série protilátek a kvantifikace signálů pomocí programu pro analýzu 1-D gelů (př. Quantity One- BioRad, Quanti Scan- přístupný na internetu).

Expresa AHP proteinů v *E. coli* - optimalizace teploty růstu bakterií a indukce exprese

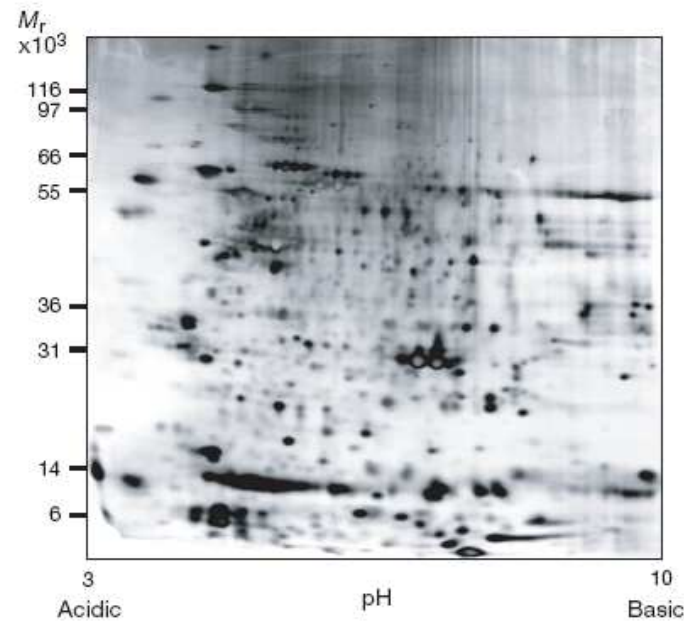
Procenta produkce AHP proteinů v rozpustné formě						
<i>t</i> (°C) Růst/indukce	AHP1	AHP2	AHP3	AHP4	AHP5	AHP6
37°C/28°C	8 %	85 %	100%	0	76 %	0
37°C/22°C	82 %	73 %	100%	0	81 %	51 %
22°C/22°C	71 %	78 %	100%	30 %	81 %	73 %

2. část: Purifikace rekombinantních proteinů



Purifikace proteinů fúzovaných s GFP
pomocí hydrofóbní matrice

Purifikace proteinu z komplexní směsi makromolekul přítomných v biologickém vzorku (buněčný nebo tkáňový extrakt)



Analýza buněčného extraktu 2D elektroforézou

- Několik tisíc proteinů z různými vlastnostmi (~5000-8000) a v různých množstvích (aktin ~ 10%, unikátní transkripční faktor < 0,001% z celkového proteinů)
- DNA, RNA, polysacharidy, lipidy

Než začneme.....

Proč???

Pro jaký účel ?

Jak???

Jak protein detekovat?

Co???

Jaké vlastnosti má protein ?

Proč???

Pro jaký účel ?

Aplikace	Množství	Čistota	Poznámka
Identifikace	0,002-0,2 µg	vysoká (>95%)	<ul style="list-style-type: none">• Edmanovo odbourávání (5-10 pmol), přístupy hmotnostní spektroskopie (0,2-1 pmol)
Produkce protilátek	µg-mg	střední-vysoká	<ul style="list-style-type: none">• Pro imunizaci: ~ 0,1 µg proteinu• Čím větší čistota tím větší a rychlejší šance pro získání vysoce specifické imunitní odpovědi.
Enzymologie	1-5 mg	vysoká > 95 %	<ul style="list-style-type: none">• Množství proteinu závisí na citlivosti analýzy.• Čistota závisí na specifitě analýzy a ovlivnění výsledků analýzy kontaminacemi.
Biofyzikální studie	mg-g	vysoká (>95%)	<ul style="list-style-type: none">• CD spektroskopie, rezonance povrchových plasmonů, fluorimetrie, analytická ultracentrifugace, UV spektroskopie
3D struktura (krystalizace, NMR)	10-20 mg	vysoká (>95%)	<ul style="list-style-type: none">• Hledání krystalizačních podmínek ~ 1-2 mg proteinu, získání krystalu o velikosti dostatečné pro rentgenovou difrakci 5-10 mg proteinu• Pro první 1-D NMR spektra se vyžaduje ~ 0,5 µmol proteinu, protein (velikost 5-20kDa) značený ¹⁵N / ¹³C je nutný pro vyřešení struktury.
Farmaceutické účely	mg-kg	vysoká (99,9%)	<ul style="list-style-type: none">• Pro klinické účely nesmí proteiny obsahovat pyrogeny a bakteriální toxiny a musí být velmi stabilní kvůli dlouhodobému skladování.

Jak???

Jak budeme protein analyzovat?

1. Specifická detekce:

Detekce proteinu zájmu během purifikace

- Pomocí protilátek

Sledování biologické aktivity proteinu

- U enzymů např. barvení v gelu nebo stanovení specifických konstant v komplexních vzorcích pomocí chromogenních substrátů

2. Nespecifická detekce:

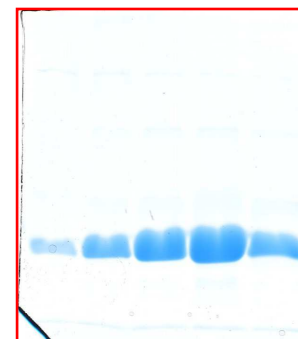
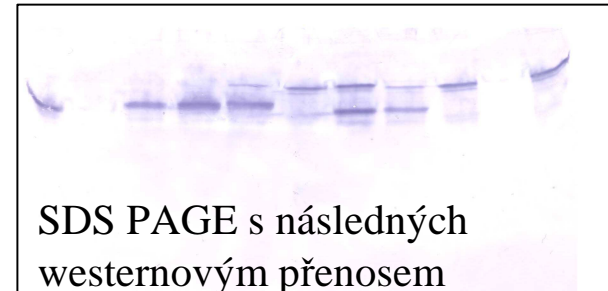
Sledování čistoty

- Barvení pomocí Coommasie blue, stříbra,...

3. Stanovení koncentrace proteinu

- Nejvíce využívané metody: dle Bradfordové, Lowryho metoda,....

Polyakrylamidová gelová elektroforéza



Co???

Jaké vlastnosti má protein ?

Informace o proteinu zájmu a příbuzných proteinech z databází nebo z pilotních experimentů:

- Velikost proteinu (SDS PAGE, gelová filtrace nebo analytická centrifugace)
- Izoelektrický bod (izoelektrická fokusace)
- Stabilita (pH, teplota, přítomnost solí, proteas, additiv zajišťujících rozpustnost proteinu)

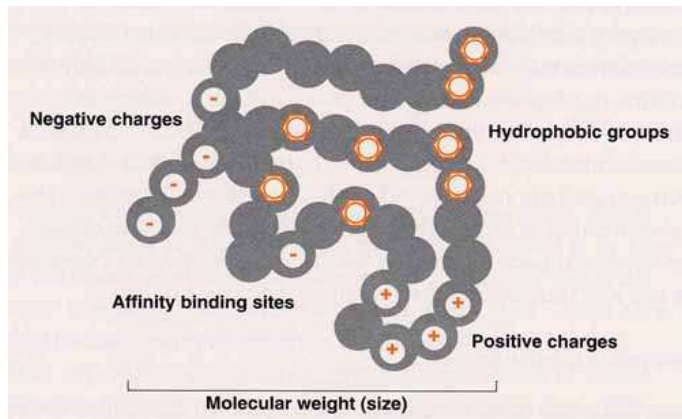
2D a nativní PAGE

- Komplexita vzorku, vlastnosti proteinu zájmu a i ostatních kontaminujících proteinů

Informace o proteinu zájmu a o příbuzných proteinech z literatury:

- Strategie purifikace (metody, pufry, stabilita proteinu,

Vlastnosti/purifikační metody



Rozpustnost

precipitace např. síranem amonným, nízké/vysoké pH

Stabilita

teplotní precipitace

Velikost/tvar

gelová filtrace (gelová permeační chromatografie)

pI (povrchový náboj)

iontově výměnná chromatografie

Hydrofobicita

reverzně fázová a hydrofóbní chromatografie

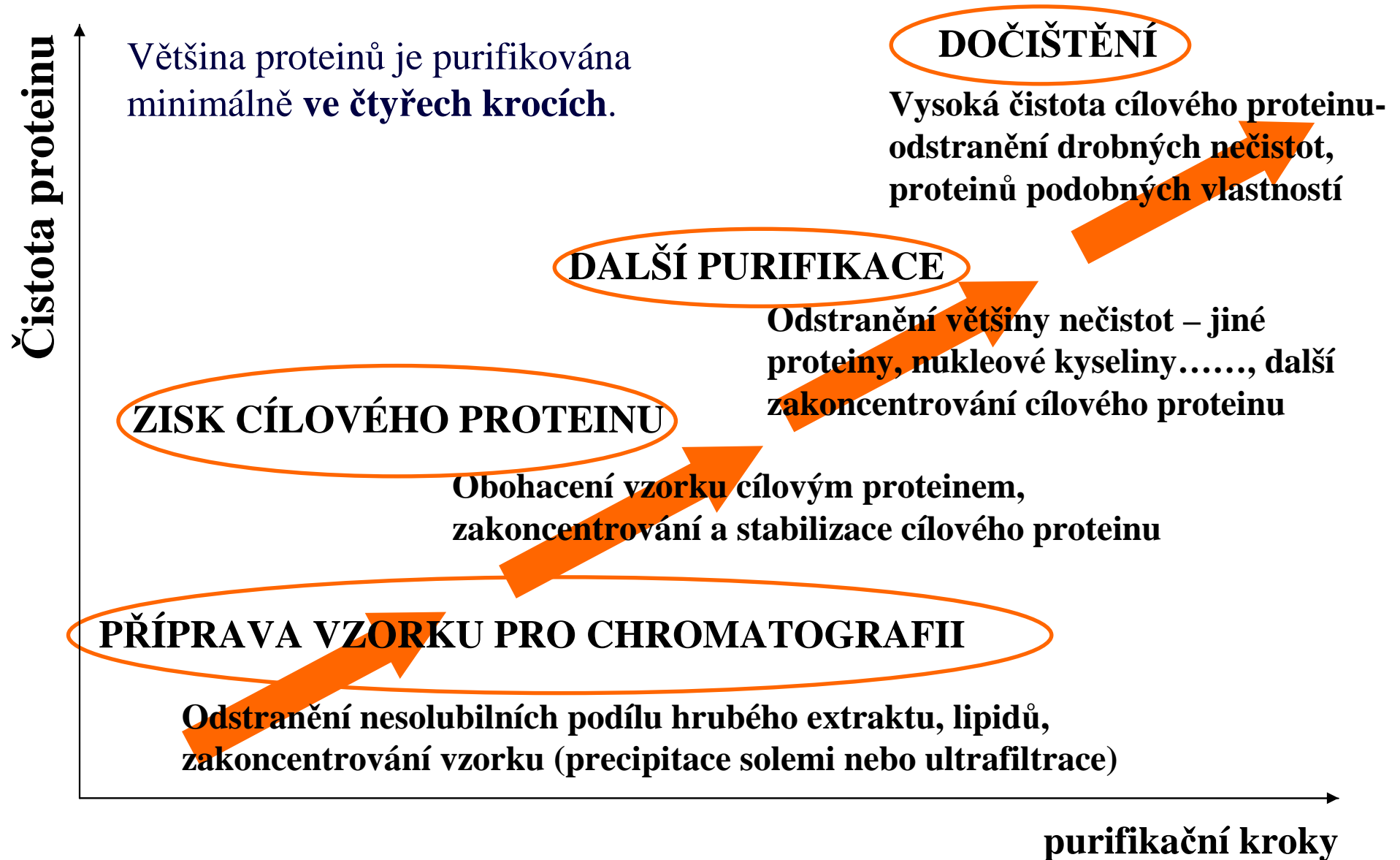
Specifická vazba

afinitní chromatografie

Posttranslační modifikace

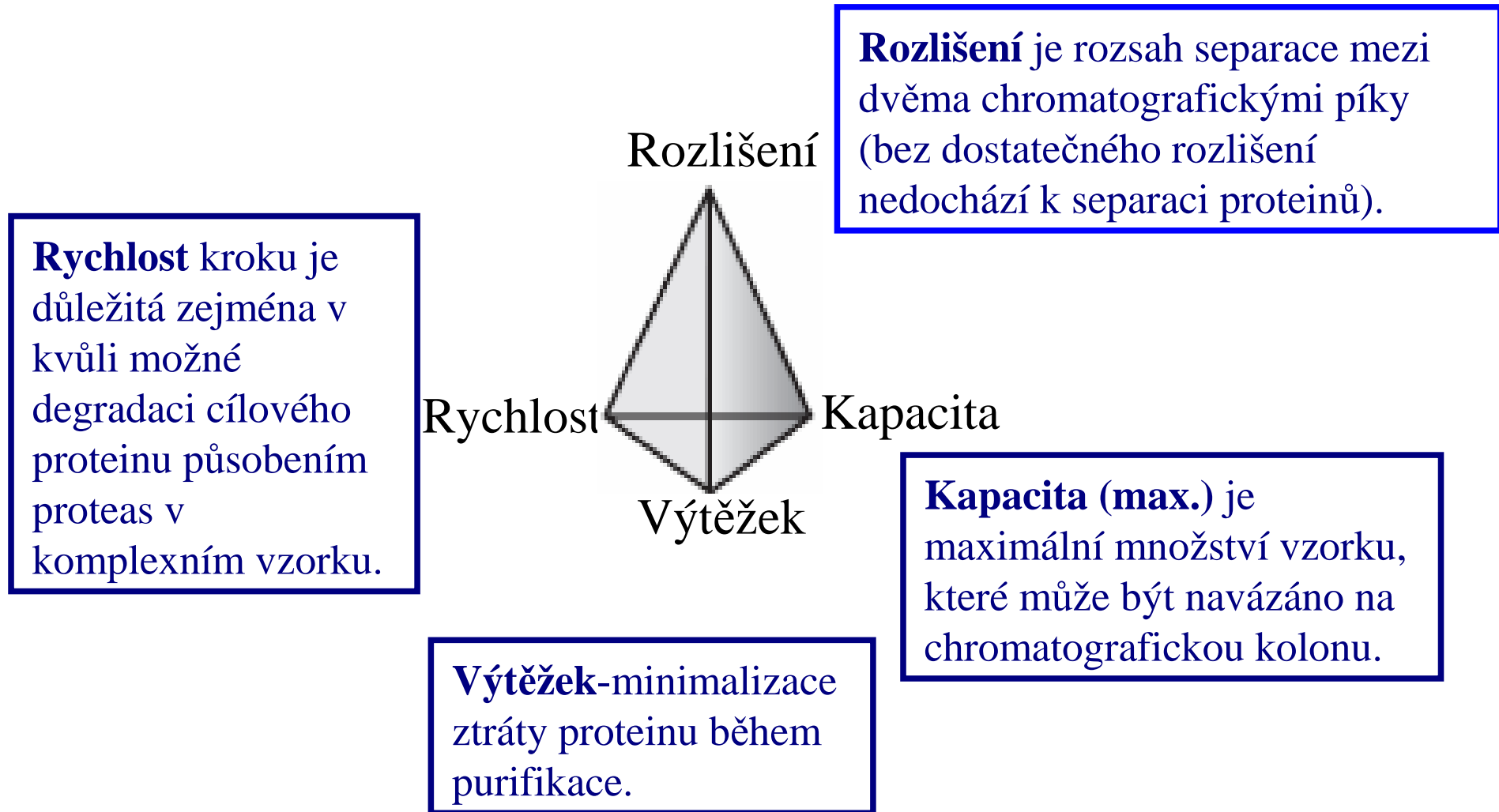
afinitní chromatografie

Kolik purifikačních kroků je potřeba?



Logická kombinace purifikačních kroků

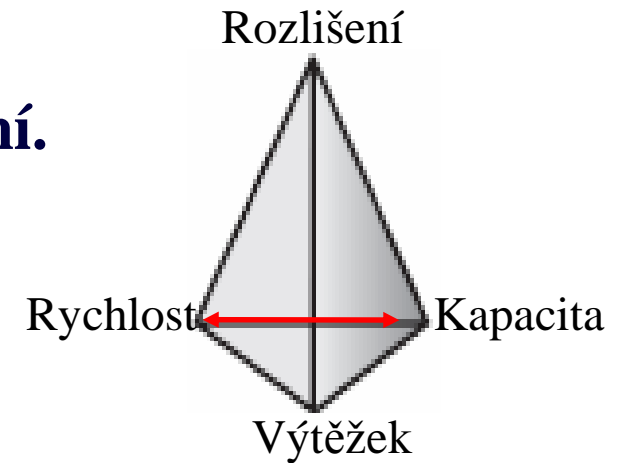
Každá separační technika je vyznačuje rovnováhou mezi **čtyřmi parametry**.



Získ cílového proteinu z proteinového extraktu

Cíl: rychlá izolace, stabilizace a zakoncentrování.

**Purifikační techniky: afinitní chromatografie
iontoměničová chromatografie
hydrofóbní chromatografie**



Column: rProtein A Sepharose Fast Flow, XK16/20, bed height 4.8 cm (9.6 ml)
Sample: 600 ml clarified cell culture containing 87.6 mg of IgG_{2a}
Starting buffer: 20 mM sodium phosphate, pH 7.0
Elution buffer: 20 mM sodium citrate, pH 4.0
Flow rate: 5 ml/min (150 cm/h)

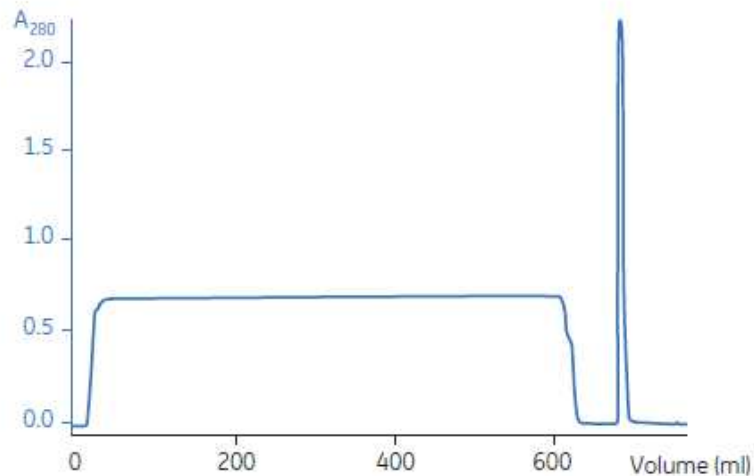
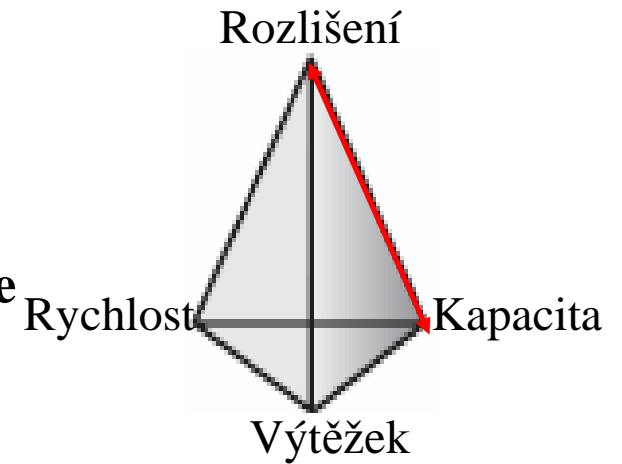


Fig 4.5. Example of capture step: Purification of IgG_{2a} from clarified cell culture.

Další purifikace proteinu

Cíl: Purifikace a zakoncentrování.

Purifikační techniky: iontoměničová chromatografie
hydrofóbní chromatografie
gelová filtrace
afinitní purifikace



Column: XK 16/20 Butyl Sepharose 4 Fast Flow
Sample: 5 ml of partially purified Annexin V expressed in *E. coli*
Buffer A: 20 mM Sodium phosphate, pH 7.0, 1 M $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$
Buffer B: 20 mM Sodium phosphate, pH 7.0
Flow rate: 100 cm/h
Gradient: 0 to 50% B, 20 column volumes

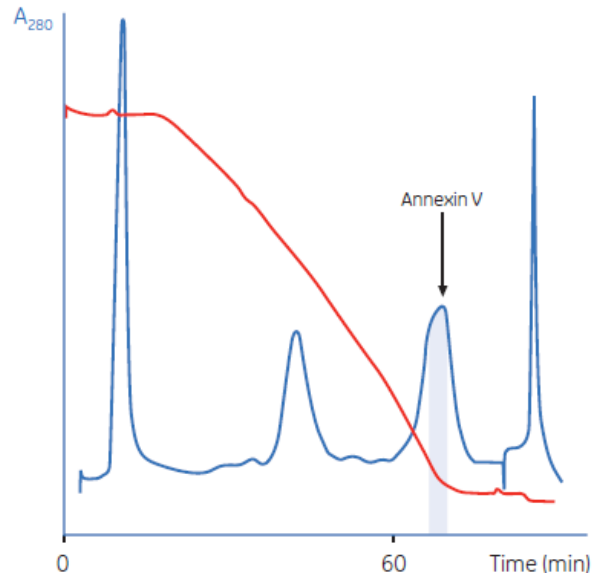
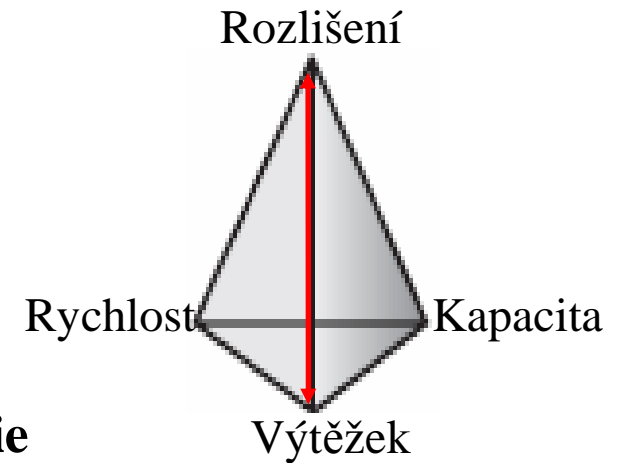


Fig 4.7. Example of an intermediate purification step: Purification of recombinant Annexin V by HIC.

Dočištění proteinu a úprava podmínek pro jeho skladování (pH, soli, additiva)

Cíl: Produkt o požadované vysoké čistotě.

Purifikační techniky: gelová filtrace
reverzně fázová chromatografie
afinitní purifikace



Column: XK 16/60 packed with Superdex 75 prep grade
Sample: 1.0 ml of partially purified ZZ-brain IGF
Buffer: 300 mM ammonium acetate, pH 6.0
Flow rate: 0.5 ml/min (15 cm/h)

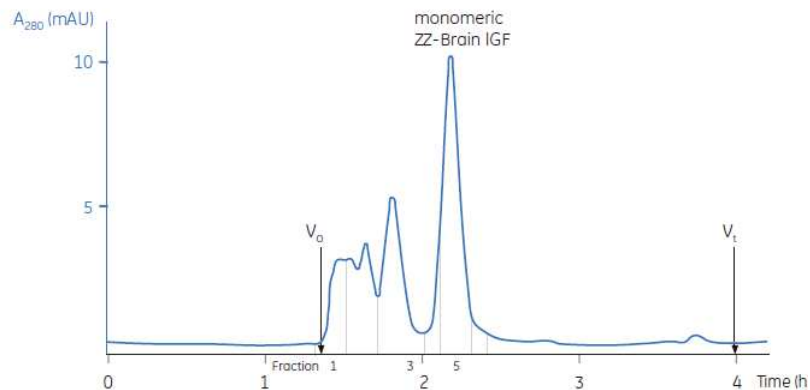


Fig 4.9. Example of polishing step: removal of dimers and multimers by GF.

Column: Mono S™ 5/50 GL
Sample: 14.5 ml of partially purified and desalted transposase TniA
Binding buffer: 20 mM MES pH 6.5, 1 mM EDTA, 2 mM MgCl₂, 1 mM DTT
Elution buffer: 20 mM MES pH 6.5, 1 mM EDTA, 2 mM MgCl₂, 1 mM DTT, 1 M NaCl
Flow rate: 1 ml/min
Gradient: 0%–100% elution buffer, 20 CV

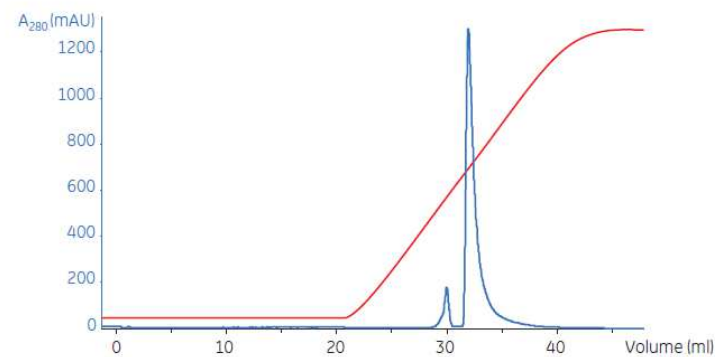


Fig 4.10. Example of polishing: removal of trace contaminants by high-resolution CIEEX. Purification of the transposase TniA.

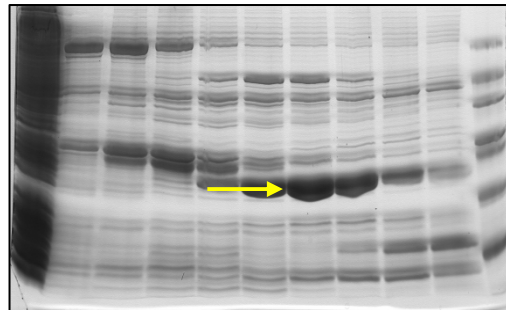
Základní zásady pro pořadí purifikačních kroků

- Na začátek zařadit metody s vysokou kapacitou a malým výtěžkem a rozlišením → velké množství levného vstupního materiálu.
- Později metody s vysokým rozlišením a výtěžkem, kapacita méně významná → ve vzorku již investovaná práce, množství proteinu je menší.
- Pokud možno řadit metody za sebou racionálně, bez nutnosti mezikroků, jako je výměna pufru mezi jednotlivými separačními technikami
příklad: po precipitaci síranem amonným nebo iontoměničové chromatografii (protein je eluován z kolony za vysokých koncentracích soli) zařadit hydrofóbní chromatografii (vzorek dávkován na kolonu ve vysoké koncentraci soli)
- Jednotlivé separační metody pokud možno neopakovat.
- Čím méně kroků, tím větší výtěžnost proteinu.

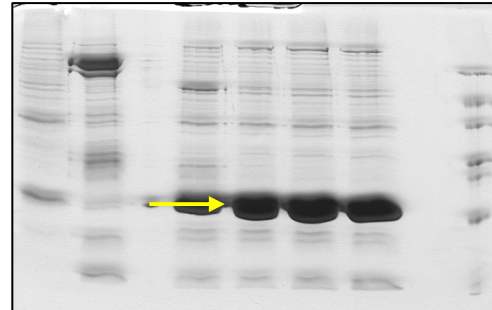
Sledování čistoty proteinů

SDS PAGE

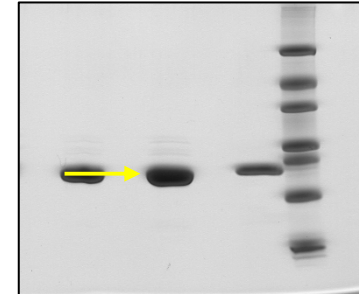
28% purity



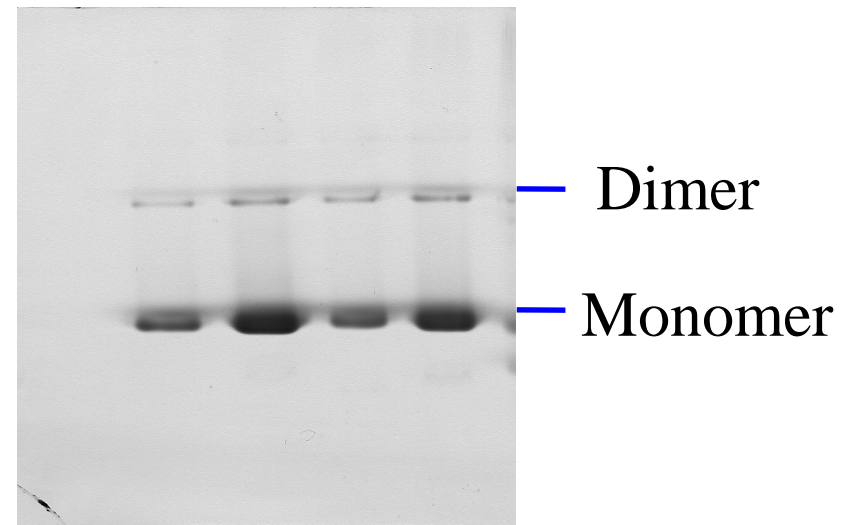
80% purity



95% purity



Nativní PAGE



Fúzní proteiny

Translační fúze sekvencí kódujících rekombinantní protein a

a) krátký peptid [př. $(\text{His})_n$, $(\text{Asp})_n$, $(\text{Arg})_n$...]

- uniformita purifikace

b) přirozený oligopeptid [př. MBP, GST, thioredoxin ...]

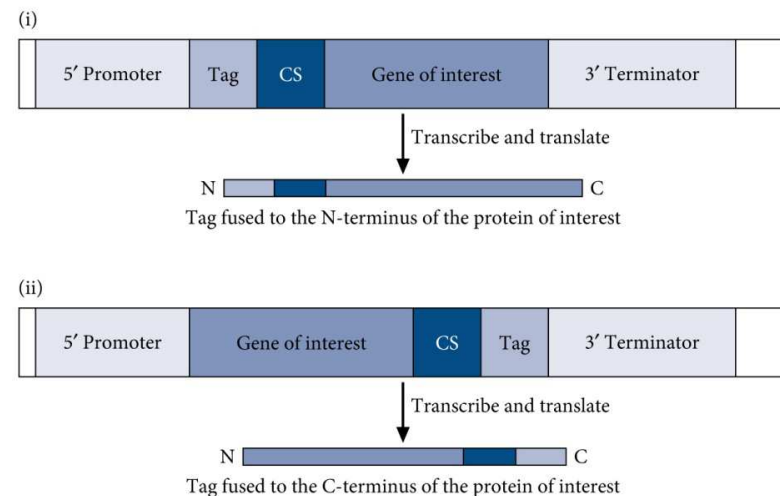
- pozitivní změny kvality a kvantity exprese

(často zvýšení solubility rekombinantního proteinu)

- uniformita purifikace

- Detekce, sekrece

- Fúzního partnera lze obvykle selektivně odštěpit

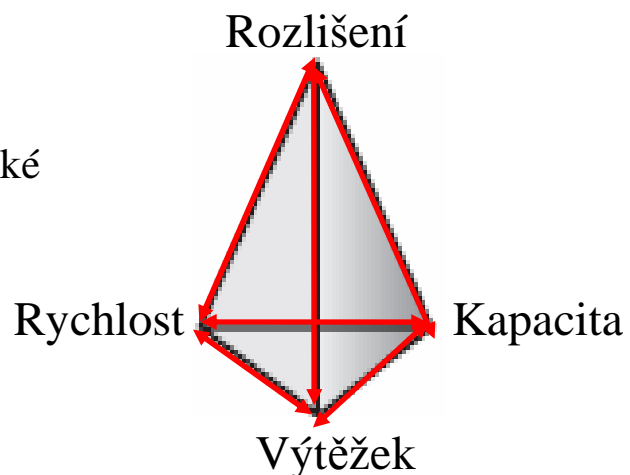


Fúzní partner	Velikost	Umístění	Využití
His-tag	6, 8, or 10 aa	N-, C-, internal	purifikace
thioredoxin	109 aa (11.7 kDa)	N-,C-	purifikace, zvýšení solubility proteinu
His-patch thioredoxin	109 aa (11.7 kDa)	N-,C-	purifikace, zvýšení solubility proteinu
chloramfenikol acetyltransferasa	24 kDa	N-	sekrece, purifikace, detekce
avidin/streptavidin <i>Strep-tag</i>			purifikace, sekrece
glutathion-S-transferasa-GST	26 kDa	N-	purifikace
maltosu vázající protein (MBP)	40 kDa	N-, C-	purifikace, sekrece
zeleně fluoreskující protein (GFP)	220 aa	N-, C-	detekce, purifikace
polyasparagová kyselina	5-16 aa	C-	purifikace
ompT /ompA	22 aa /21 aa	N-	sekrece

Fúzní kotvy (tagy) využívající se k purifikaci

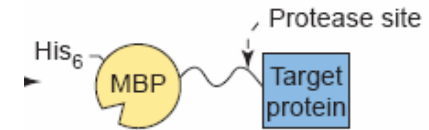
Kotva (tag)	Typ chromatografie	Princip separační techniky
poly [His]	afinitní	vazba na kov
IgG vazná doména	afinitní	vazba na protilátku
Poly [Asp]	iontoměničová	vazba na anion vazající matrici
Poly [Phe]	hydrofóbní	vazba na hydrofóbní matrici
<i>Strep</i> -tag	afinitní	vazba na streptavidin
Poly [Arg]	iontoměničová	vazba na kation vazající matrici

Separační techniky charakteristické rovnováhou všech parametrů.



Odstranění fúzní kotvy (tagu) – proteolytické štěpení

pRSET B Multiple Cloning Site



```

21  T7 promoter                                     RBS
    AATACGACTC ACTATAGGGA GACCACAACG GTTCCCTCT AGAAATAATT TTGTTTAACT TTAAGAAGGA

91  Polyhistidine (6xHis) region
    GATATACAT ATG CGG GGT TCT CAT CAT CAT CAT CAT CAT GGT ATG GCT AGC ATG ACT
    Met Arg Gly Ser His His His His His His Gly Met Ala Ser Met Thr

148 T7 gene 10 leader                               Xpress™ Epitope       BamH I       Xho I Sac I
    GGT GGA CAG CAA ATG GGT CGG GAT CTG TAC GAC GAT GAC GAT AAG GAT CCG AGC TCG
    Gly Gly Gln Gln Met Gly Arg Asp Leu Tyr Asp Asp Asp Asp Lys Asp Pro Ser Ser
    EK recognition site EK cleavage site

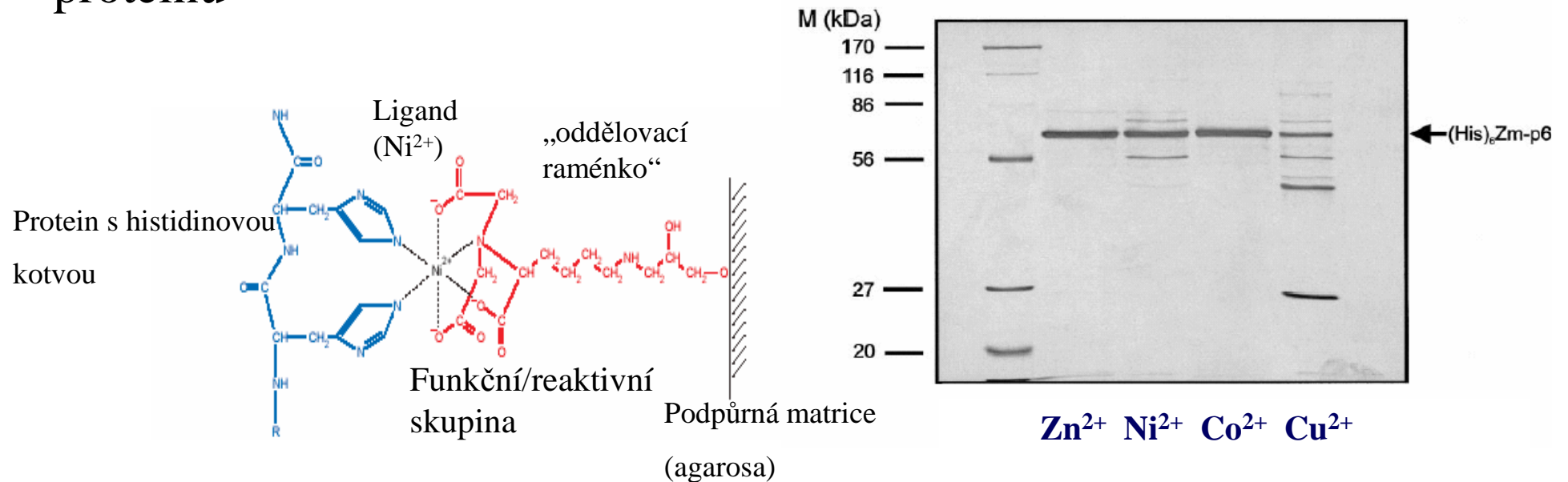
205 Bgl II     Pst I   Pvu II   Kpn I   Nco I   EcoR I   BstB I   Hind III
    AGA TCT GCA GCT GGT ACC ATG GAA TTC GAA GCT TGA TCCGGCTGCT AACAAAGCCC
    Arg Ser Ala Ala Gly Thr Met Glu Phe Glu Ala ***

261 T7 reverse priming site
    GAAAGGAAGC TGAGTTGGCT GCTGCCACCG CTGAGCAATA ACTAGCATAA
  
```

Enzyme	Cleavage site
Enterokinase	DDDDK*
Factor Xa	IDGR*
Thrombin	LVPR*GS
PreScission	LEVLFQ*GP
TEV protease	EQLYFQ*G
3C protease	ETLFQ*GP
Sortase A	LPET*G
Granzyme B	D*X, N*X, M*N, S*X

Metalochelatační afinitní chromatografie

- R.1975- uveřejnil Porath a kol. metodu frakcionace sérových proteinů
- Konstrukce umělých oligohistidinových domén fúzovaných k N- nebo C- konci proteinu metodami mol. biologie
- Nyní jeden ze základních purifikačních postupů rekombinantních proteinů



Síla vazby: Cu²⁺ > Ni²⁺ > Zn²⁺ ~ Co²⁺

Metalochelatační afinitní chromatografie

Purifikace za nativních podmínek

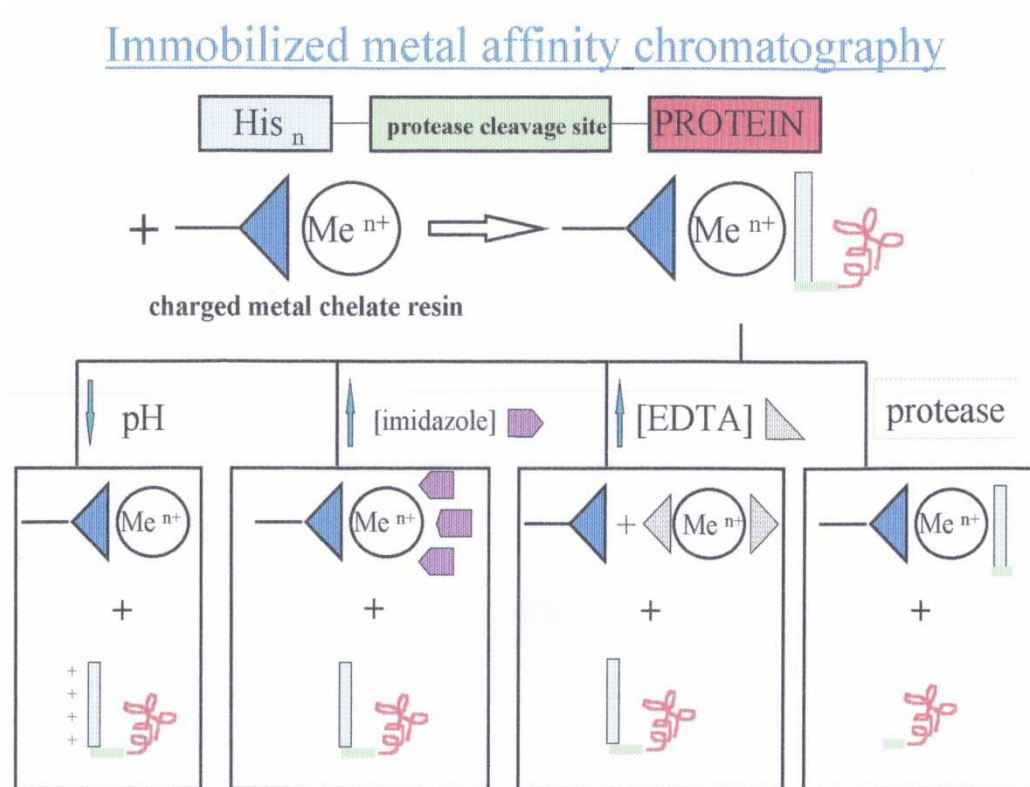
Obecně lze navrhnout:

Pufry o pH 7-8 pro vazbu rek. proteinu s kovovým iontem.

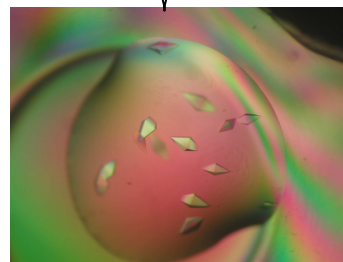
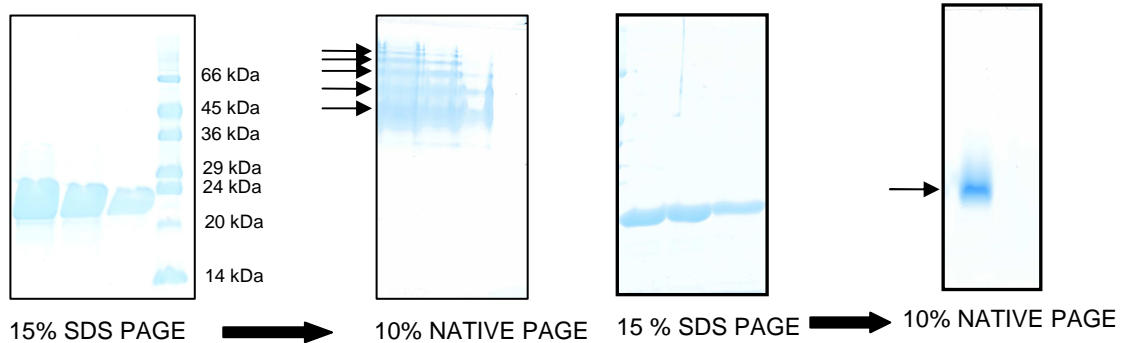
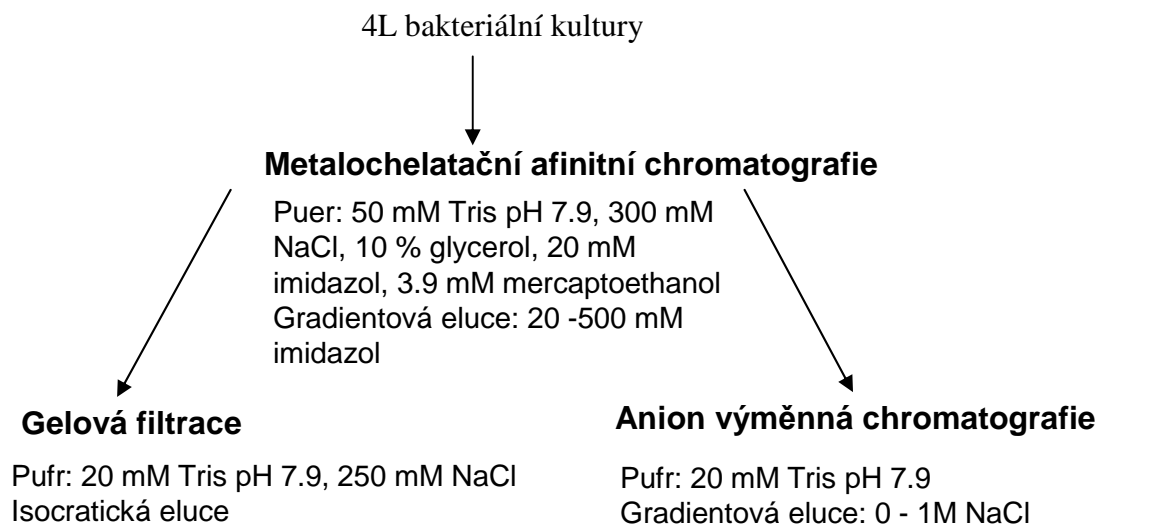
Pufry s vysokou koncentrací solí (např. 0,5-1 mol/l NaCl).

Nižší koncentrace imidazolu nebo snížení pH pro odstranění balastních proteinů.

Eluce použitím gradientu imidazolu (0-1 mol/l), výrazným snížením pH nebo využitím EDTA.



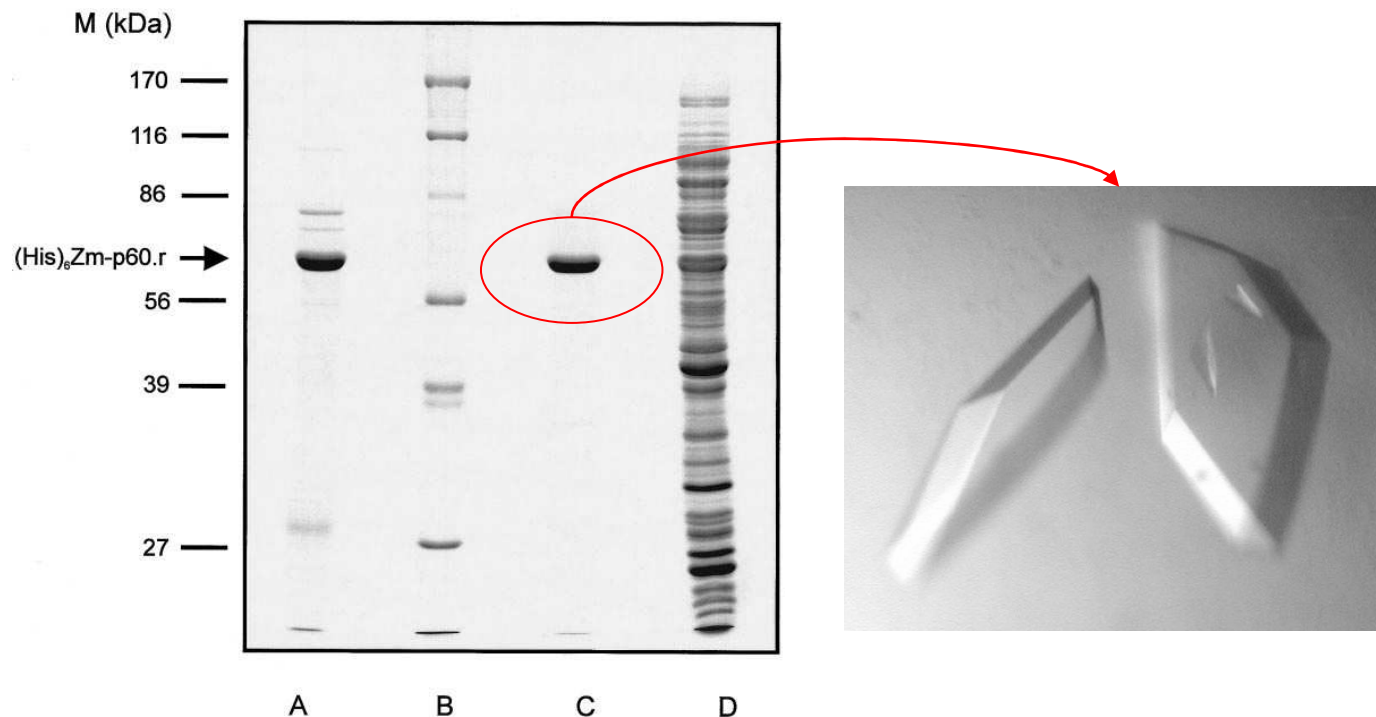
Purifikace proteinu AHP2 (Arabidopsis histidin phosphotransfer protein 2)



His-tagged protein and IMAC under native conditions

One-step purification of maize β -glucosidase

- Perfusion matrix: POROS MC/M
- Functional group: iminodiacetate, metal ion Zn^{2+}
- Removing contaminated proteins: linear gradient of imidazole (0–50 mM) and pH (pH 7–6.1)
- Protein elution: 0.1 M EDTA
- 80% recovery, 95 fold purification
- Common production and isolation of wild type protein and soluble mutant form for enzymatic measurements and crystallization.



(Zouhar et al., 1999)

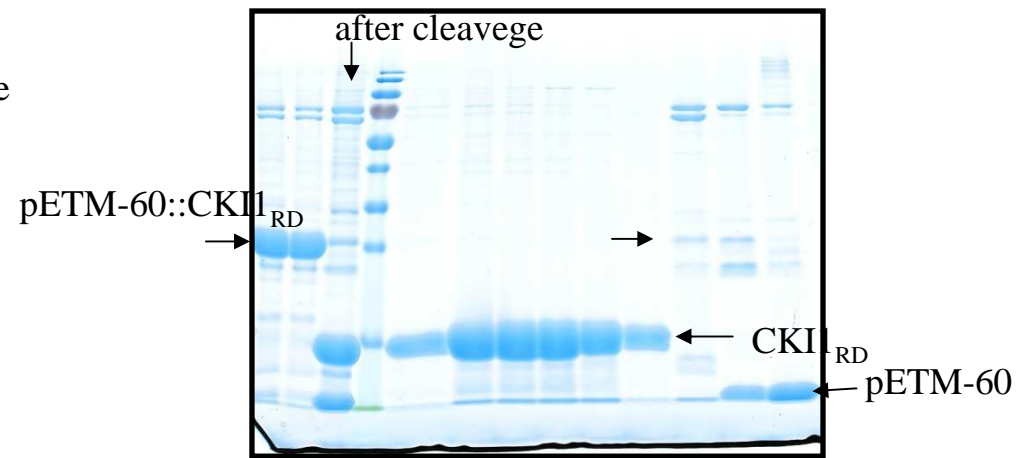
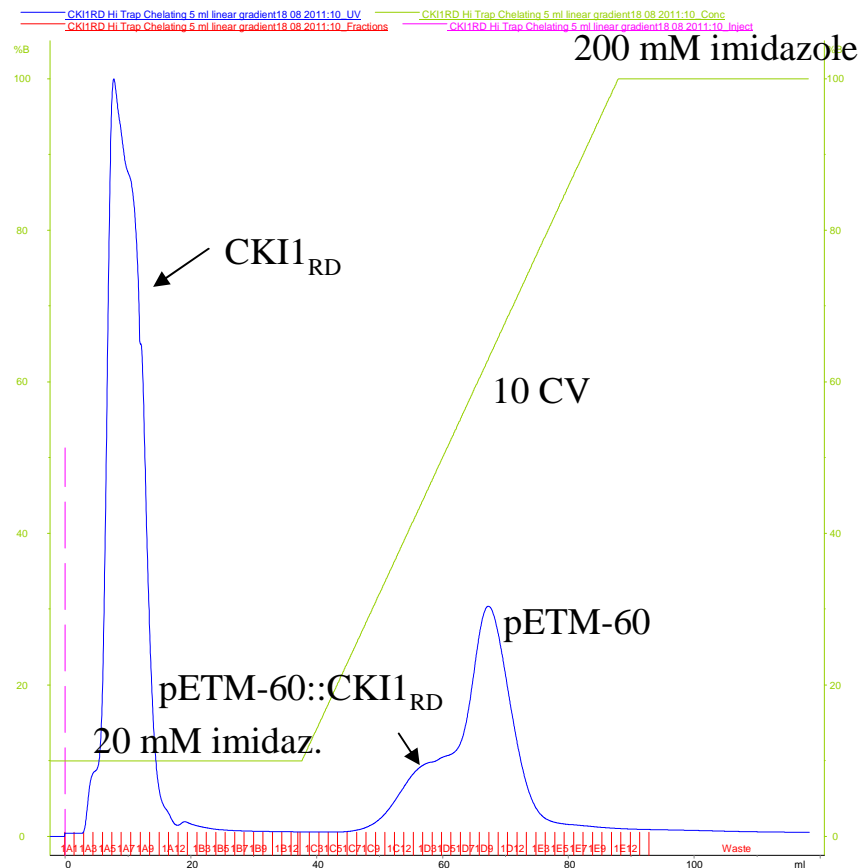
His-tagged protein and IMAC under native conditions

Four-step purification of *Arabidopsis* CKI1_{RD}

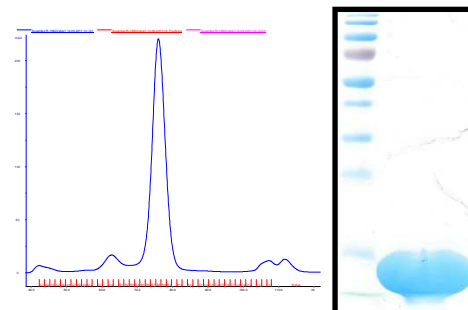
1. Affinity purification (MCAC)
2. Tag removal (TEV protease)
3. Affinity purification (MCAC)
4. Size exclusion chromatography



3. Affinity purification after TEV cleavage



4. Size-exclusion chromatography



1 L → ~10-20 mg for TB and M9

Základní doporučení pro uskladnění proteinu po purifikaci

Doba skladování: pár dnů až více než rok – záleží na přirozených vlastnostech proteinu a podmínkách, ve kterých je protein skladován

1. Teplota

Podmínky skladování				
Podmínky	Roztok na 4°C	Roztok na -20°C v 25-50% glycerolu	-80°C, tekutý dusík	Lyofilizovaný vzorek, zamražený
Doba skladování	1 měsíc	1 rok	roky	roky
Požadavek sterilního prostředí nebo přidavek antibakteriálního additiva	ano	Obvykle ano	ne	ne
Kolikrát může být takto skladovaný vzorek použitý?	mnohokrát	mnohokrát	1 x , opakované zamrazování a rozmrazování obecně vede k degradaci proteinu	1 x,

Základní doporučení pro uskladnění proteinu po purifikaci

2. Koncentrace proteinu

- rozředěním proteinu na $< 50 \mu\text{g/ml}$ dochází často k jeho inaktivaci nebo ztrátě proteinu

- disociují podjednotky multimerních proteinů

- ztráta proteinu kvůli signifikantní adsorpci na různé povrchy

Protein by měl být skladován při koncentraci nejméně 1 mg/ml nebo se může protein stabilizovat přidavkem jiného proteinu např. BSA nebo přidavkem additiva

3. Přídavek additiv zajišťujících stabilitu proteinu během skladování

- 25-50% glycerol nebo etylenglykol

- 0,02-0,05 % NaN_3

- inhibitor proteas

- 1-5 mM EDTA

- 1-5mM DTT, merkaptoetanol

Doporučená literatura

Makrides SV (1996) **Strategies for Achieving High-Level Expression of Genes in *Escherichia coli***. Microb.Review 60, (512-538).

Simpson RJ; Adams PD; Golemis E

Basic methods in protein purification and analysis: a laboratory manual,

Cold Spring Harbor, N.Y. : Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2009,

436 s., ISBN 978-0-87969-868-3

