



Scan online to view this article

Advances and challenges in recombinant protein expression in *Escherichia coli*

Pardis Saeedi¹, Elham Behzadi¹, Rohallah Kazemi², Mohammad Javad Rezaei¹, Jafar Amani^{1*}

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

2- Green Gene Company, Tehran, Iran.

Abstract

Escherichia coli is the first bacteria on which cloning and protein expression are carried out. The purpose of this study was to summarize the numerous articles published in the field of protein expression in *Escherichia coli*. In studies, researchers in a new project require the production of pure protein, which at the theory level is easy to obtain a recombinant protein, but there are virtually many problems, including low growth of host, formation of inclusion, protein not being active, and there is even no protein production in the experimental scale. To enhance the expression of the protein, factors such as suitable host, vector design, transcriptional settings, selective markers, and reluctant labels are effective. There are a range of fusion proteins that can effect on accurate folding, solubility, and proteolytic resistance. Also the ability to target produced proteins to cytoplasm, periplasm, membranes and the culture medium, and some techniques grant the ability of post translational modifications in prokaryotic cells. Therefore, the key to the successful expression of recombinant proteins in *E. coli* is a combination of expert manipulation of the components of a broad genetic apparatus.

KeyWords: Recombinant protein, *E. coli*, Expression system, Construction of vector, Selected marker, Transcription

Corresponding author:

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

Email: Jafar.amani@gmail.com



برای مشاهده این مقاله به صورت آنلاین اسکن کنید

پیشرفت‌ها و چالش‌های افزایش بیان پروتئین نو ترکیب در اشرشیاکلی

پردیس سعیدی^۱، الهام بهزادی^۱، روح الله کاظمی^۲، محمدجواد رضائی^۱، جعفر امانی^{۱*}

۱. دانشگاه علوم پزشکی بقیه‌الله (عج) ، انستیتو سیستم بیولوژی و مسمومیت‌ها، مرکز تحقیقات میکروبیولوژی کاربردی، تهران، ایران.
۲. شرکت زن سبز، تهران، ایران.

چکیده

باکتری اشرشیاکلی مهم‌ترین باکتری است، که در فرآیند کلونینگ و بیان پروتئین، مورد استفاده قرار گرفته است. هدف از این تحقیق جمع‌بندی مقالات فراوانی که در زمینه بیان پروتئین در اشرشیاکلی (*E. coli*) چاپ شده است. در مطالعه‌های صورت گرفته، محققین در پروژه‌های جدید به دنبال به‌دست آوردن پروتئین خالص هستند که در سطح تئوری مراحل به‌دست آوردن پروتئین نو ترکیب بسیار آسان است اما در عمل مشکلات بسیار زیادی از جمله رشد ضعیف میزبان، تشکیل انکلوژیونی، فعال نبودن پروتئین و حتی عدم تولید پروتئین در مسیر وجود دارد. جهت افزایش بیان پروتئین، عواملی نظیر میزبان مناسب، بهینه‌سازی شرایط تخمیر، ساخت وکتور، تنظیمات رونویسی، مارکر انتخابی، برجسب‌های تمایلی، عوامل مؤثری هستند. قابلیت هدف‌گیری پروتئین تولید شده به سیتوپلاسم، پری پلاسم، غشاهای خارجی و داخلی و محیط رشد، اعطای توانایی برخی اصلاحات پس از ترجمه به سلول‌های پروکاریوت با تکنیک‌هایی میسر می‌گردد. لذا کلید اصلی برای بیان موفقیت آمیز پروتئین‌های نو ترکیب در باکتری اشرشیاکلی ترکیبی از دستکاری ماهرانه اجزای جعبه ابزار گسترده ژنتیکی است.

واژه‌های کلیدی: بیان نو ترکیب، اشرشیاکلی، سیستم‌های بیانی، ساخت وکتور، مارکر انتخابی، رونویسی

مقدمه

محصولات تجاری را می‌دهد (۱). در سطح تئوری، مراحل به-دست آوردن پروتئین نو ترکیب بسیار آسان است. ژن مورد نظر در یک وکتور بیانی کلون و به میزبان منتقل شده، بیان ژن القاء و سپس پروتئین برای تخلیص و تعیین خصوصیت‌های آماده می‌گردد. در عین حال، مشکلات بسیاری می‌تواند وجود داشته باشد. رشد ضعیف میزبان، تشکیل جسم انکلوژیونی (IB)^۱، فعال نبودن پروتئین، و حتی عدم تولید پروتئین، برخی از مشکل‌هایی هستند که اغلب در مسیر وجود دارند. با تمام این اوصاف، بیان و تخلیص پروتئین نو ترکیب، به‌طور مداوم در حال پیشرفت است (۱). در سال ۱۹۷۳ Stanley Cohen و Herbert Boyer پیشگام استفاده از تکنولوژی DNA نو ترکیب برای کلونینگ و بیان ژن در موجودات دیگر بودند. استفاده از بیان ژن نو ترکیب برای تولید صنعتی پروتئین در دهه ۱۹۷۰ به یک صنعت چندین میلیاردی تبدیل شد. با وجود سال‌ها تحقیق فشرده، هیچ سیستم بیان جهانی وجود ندارد که بتواند برای تولید صنعتی

بدون شک تولید پروتئین‌های نو ترکیب در سیستم‌های میکروبی انقلابی در بیوشیمی بوده است. در عصر حاضر کمابیش دیگر تولید اندک پروتئین در بافت‌های عظیم‌الجثه حیوانات و گیاهان و نیاز به حجم زیادی از مایعات بیولوژیک برای تخلیص مقادیر کمی از پروتئین از بین رفته است. محققینی که در یک پروژه جدید ابتدا یک پروتئین خالص به‌دست می‌آوردند، بلافاصله به فکر به‌دست آوردن آن در یک فرم نو ترکیب می‌افتند. قابلیت بیان و تخلیص پروتئین نو ترکیب به میزان زیاد، امکان بررسی خصوصیت‌های بیوشیمیایی آن، استفاده از آن در فرآیندهای صنعتی و توسعه

نویسنده مسئول:

دانشگاه علوم پزشکی بقیه‌الله (عج) ، انستیتو سیستم بیولوژی و مسمومیت‌ها، مرکز تحقیقات میکروبیولوژی کاربردی
پست الکترونیکی: Jafar.amani@gmail.com

تاریخ دریافت: ۱۳۹۷/۹/۷

تاریخ پذیرش: ۱۳۹۸/۳/۲۲

آن‌ها در بانک داده پروتئین (PDB) وجود دارد، پروتئین‌های موجود در *اشریشیاکلی* هستند (۲). در هر حال، با وجود دانش عمیق در مورد ژنتیک و بیولوژی مولکولی *اشریشیاکلی*، امکان بیان هر ژنی به‌طور کارآمد در این ارگانیسم وجود ندارد. این مسأله ممکن است به‌علت خصوصیت‌های ساختاری دقیق و منحصر به‌فرد توالی ژن، پایداری و ساختار دوم mRNA و کارایی ترجمه آن، سهولت تاخوردگی پروتئین، تجزیه پروتئین توسط پروتئازهای میزبان، تفاوت‌های اساسی در ترجیح کدونی بین ژن خارجی و عادی *اشریشیاکلی*، حلالیت و سمیت بالقوه پروتئین خارجی در میزبان باشد. خوشبختانه یکسری قوانین تجربی شناخته شده‌اند که می‌توانند در طراحی یک سیستم بیانی، هدایت‌کننده باشند و عدم پیش‌بینی-پذیری، این پروسه را در *اشریشیاکلی* محدود نمایند (۳). مهم‌ترین اشکال در سیستم بیانی *اشریشیاکلی* شامل ناتوانی باکتری در انجام بسیاری از اصلاحات پس از ترجمه پروتئین-های یوکاریوتی است، لذا ساخت و تولید پروتئین‌های پیچیده یوکاریوتی در *اشریشیاکلی* با عدم توانایی در تشکیل پیوندهای دی سولفیدی و گلیکوزیلاسیون موجب تولید پروتئین بی‌ثبات و غیر عملکردی می‌گردد. عدم وجود سیستم ترشحی کارآمد برای آزادسازی پروتئین به محیط کشت گاهی می‌تواند در دسترس‌سازی باشد. تولید پروتئین‌های هترولوگ با تیترا بالا اغلب موجب پاسخ استرس و یا تحمل متابولیک، و در نتیجه تاخوردگی اشتباه و تخریب پروتئین‌های هترولوگ و تشکیل اجسام انکلوزیونی می‌گردد که از مشکلات اساسی دیگر استفاده از *اشریشیاکلی* است. افزایش تولید استات به‌عنوان محصول متابولیسم در حین تخمیر، معضل مهم دیگر در استفاده از *اشریشیاکلی* به‌عنوان میزبان است. هنگامی که سرعت رشد سلول بالاست منابع کربن نمی‌توانند به‌سرعت متابولیزه شوند و به استات تبدیل می‌شوند. به‌طور کلی مشاهده شده است که حتی غلظت کم استات هم می‌تواند مانع رشد و تولید پروتئین‌های نوترکیب گردد (۴). از طرفی بسیاری از پروتئین‌های یوکاریوتی فعالیت بیولوژیک کامل خود را در فرم غیرگلیکوزیله حفظ می‌کنند و بنابراین تولید آن‌ها در *اشریشیاکلی* امکان‌پذیر است. علاوه بر این یک‌سری از فرآیندها در نواحی ترشح خارج سلولی و تشکیل باند دی-سولفیدی انجام‌پذیر هستند و بایستی مورد بررسی و آزمایش قرار بگیرند. ده‌ها کاندید احتمالی به‌عنوان میزبان وجود دارد که دارای مزایا و معایبی هستند. با این حال، باید به‌خاطر داشت که بسیاری از سویه‌ها اختصاصی بوده و در شرایط خاص استفاده می‌شوند. برای یک بیان اولیه، تنها چند سویه

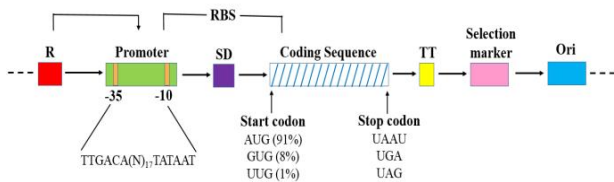
سطوح بالا از هر ژن نوترکیب استفاده شود. به این دلیل، باید قبل از تولید، ارگانیسم میزبان ایده‌آل برای ژن موردنظر شناسایی شود (۲). انتخاب یک سیستم بیانی پروکاریوتی برای تولید انبوه پروتئین نوترکیب به فاکتورهای زیادی بستگی دارد. این فاکتورها شامل ویژگی‌های رشد سلول، سطوح بیان، بیان داخل و خارج سلولی، اصلاحات پس از ترجمه، و فعالیت بیولوژیک پروتئین مورد نظر، علاوه بر موارد تنظیمی در تولید پروتئین‌هاست. علاوه بر این، انتخاب سیستم بیانی ویژه، مستلزم بودجه‌بندی از نظر طراحی، پردازش و سایر ملاحظات اقتصادی است. مزیت‌های نسبی سیستم‌های بیانی باکتریایی، مخمر، حشره و پستانداران با جزئیات کامل توسط Marino در یک مقاله مروری به‌خوبی توضیح داده شده است. هم‌چنین، Datar و همکارانش، مسائل اقتصادی مربوط به تولید پروتئین در سلول‌های باکتریایی و پستانداران را مورد بررسی قرار داده‌اند (۳).

هدف این مطالعه، جمع‌بندی مقاله‌های فراوانی است که در زمینه بیان پروتئین در *اشریشیاکلی* چاپ شده و تمرکز بر سیستم‌های بیانی و روش‌های تجربی سودمند برای تولید بیشتر پروتئین‌های فعال و مرور فرآیندهای اخیر در این زمینه از دیگر اهداف این بررسی است.

میزبان مناسب برای تولید پروتئین نوترکیب

برای تولید بسیاری از پروتئین‌های نوترکیب پروکاریوتی و یوکاریوتی، سیستم‌های بیانی باکتریایی انتخاب ارجح هستند. زیرا باکتری‌ها مقرون به صرفه‌اند، ژنتیک آن‌ها شناخته شده و سیستم‌های بسیار مختلفی از باکتری‌های بیانی در دسترس است. در میان میزبان‌های موجود برای بیان پروتئین نوترکیب، *اشریشیاکلی* در یک موقعیت منحصر به‌فرد، به‌دلیل چندین دهه پژوهش گسترده در فیزیولوژی رشد و ژنتیک آن و نیز در دسترس بودن دامنه گسترده‌ای از ابزارهای بیوتکنولوژی برای مهندسی ژنتیک این ارگانیسم است. ارزش *اشریشیاکلی* به‌عنوان یک میزبان برای بیان نوترکیب، به‌ویژه به‌دلیل نرخ رشد سریع آن، ظرفیت فرمانتاسیون مداوم، هزینه پایین محیط کشت، گستردگی حامل‌ها و سطح بیان بالا است. در حدود ۸۰٪ از تمام پروتئین‌هایی که ساختارهای سه بعدی

rRNA برهم کنش می‌نماید. فاصله بین SD و کدون آغاز در حدود ۵ الی ۱۳ باز را شامل می‌شود و توالی این ناحیه امکان تشکیل ساختار ثانویه در رونوشت mRNA^۴ را محدود می‌کند؛ که تشکیل این ساختارهای ثانویه می‌تواند کارایی مرحله آغاز رونویسی را کاهش دهد. هر دو نواحی 3' و 5' در RBS، تمایل به داشتن محتوای آدنین بالایی از خود نشان می‌دهند (۳).



شکل ۱- نمایش کلی از خصوصیت‌های اصلی و اجزای توالی یک وکتور بیانی پروکاریوت. پروموتور حاوی توالی‌های -35 و -10 است که توسط یک توالی ۱۷ بازی از هم جدا شده‌اند. پیکان‌ها نشان‌دهنده مسیر رونویسی هستند. RBS شامل توالی شاین دالگارنو (SD) است. ۳ کدون آغازی به همراه فراوانی آن‌ها در *اشریشیا کلی* نشان داده شده است. در میان سه کدون پایانی، UAA که پس از آن U قرار گرفته کارآمدترین توالی خاتمه ترجمه در *اشریشیا کلی* است. رپرسور توسط یک ژن تنظیمی (R) کد می‌شود، که ممکن است در خود وکتور وجود داشته باشد یا در کروموزوم میزبان الحاق شود و فعالیت پروموتور را تغییر می‌دهد. خاتمه‌دهنده رونویسی (TT) در جهت پایداری mRNA و وکتور عمل می‌کند. علاوه بر این، یک ژن مقاومت به آنتی‌بیوتیک، به‌عنوان مثال تتراسایکلین، گزینش فنوتیپیک وکتور را تسهیل می‌نماید، و مبداء همانندسازی (Ori) تعیین کننده تعداد کپی از وکتور است.

خاتمه‌دهنده رونویسی، پایین دست توالی آغاز قرار گرفته و به‌عنوان سیگنالی برای خاتمه رونویسی و هم‌چنین به‌عنوان یک عنصر حفاظتی متشکل از ساختارهای ساقه-حلقه^۵، حفاظت -کننده mRNA از تخریب اگزونوکلوئولیتیک و افزایش‌دهنده نیمه‌عمر mRNA، ایفای نقش می‌کند. علاوه بر اجزای فوق که دارای تأثیر مستقیم بر کارایی بیان ژن هستند، وکتورها حاوی انتقال داده و در غربالگری و ازدیاد پلاسمید نقش دارد. آمپی-سیلین به‌طور عمومی با این هدف مورد استفاده قرار می‌گیرد؛ با این حال، برای تولید پروتئین‌های درمانی مربوط به انسان، سایر مارکرهای مقاومت آنتی‌بیوتیکی به‌منظور اجتناب از واکنش‌های آلرژیک احتمالی، ترجیح داده می‌شوند. در نهایت،

باکتری *اشریشیا کلی*، مانند BL21 (DE3) و برخی مشتقات اجداد K-12 ضروری هستند (۱). معایبی که اجداد BL21 داشته‌اند با مهندسی ژنتیک برطرف شده‌اند. به‌عنوان مثال ژن پروتئاز Lon و ژن کدکننده پروتئاز غشای خارجی OmpT که موجب تخریب بسیاری از پروتئین‌های خارجی می‌شوند، در سوش‌های جدید حذف شده‌اند. علاوه بر این‌ها، مشکل دیگر اجداد BL21 از دست رفتن پلاسمید به‌دلیل جهش hsdSB و در نتیجه متیلاسیون DNA پلاسمیدی و تخریب آن بود که در سوش‌های مهندسی شده مرتفع گردیده است. در سویه محبوب BL21 (DE3)، پروفاژ λDE3 شامل ژن T7 RNAP تحت پروموتور lacUV5 در کروموزوم BL21 قرار داده شده است (۱).

شکل‌گیری وکتورهای بیانی کارآمد

ساخت یک وکتور بیانی مستلزم عناصر متعددی است که در پیکربندی آن‌ها بالاترین میزان سنتز پروتئین باید در نظر گرفته شود. ساختار ضروری یک وکتور بیانی *اشریشیا کلی* در شکل ۱ نشان داده شده است. پروموتور ۱۰ الی ۱۰۰ باز بالادست جایگاه اتصال ریبوزوم^۲ (RBS) قرار گرفته است و تحت کنترل ژن تنظیمی است که ممکن است بر روی خود وکتور باشد یا در کروموزوم میزبان الحاق شده باشد. پروموتور *اشریشیا کلی* شامل توالی هگزانوکلئوتیدی است که در حدود ۳۵ باز بالادست باز شروع رونویسی (ناحیه -۳۵) قرار گرفته و توسط یک فاصله انداز کوتاه از یک توالی هگزانوکلئوتیدی دیگر (ناحیه -۱۰) جدا شده است. پروموتورهای زیادی برای بیان ژن در *اشریشیا کلی* وجود دارند، از جمله انواع مشتق شده از باکتری‌های گرم مثبت و باکتریوفاژها (جدول ۱). یک پروموتور مناسب دارای ویژگی‌های مطلوب متعددی است: پروموتور باید قوی باشد، سطح بیان پایه در آن پایین است (به‌عبارت دیگر شدید تحت کنترل است)، به آسانی قابل انتقال به دیگر سویه‌های *اشریشیا کلی* است و القاء آن آسان و کم‌هزینه است (۳). پایین دست پروموتور RBS قرار دارد که ناحیه‌ای با طول ۵۴ نوکلئوتید است؛ این ناحیه بین موقعیت (±۲) -۳۵ و +۱۹ الی +۲۲ توالی کدکننده mRNA قرار گرفته است. ناحیه شاین-دالگارنو (SD)^۳ در طی آغاز ترجمه با انتهای 3' 16S

4 Messenger RNA

5 Stem-loop

2 Ribosome Binding Site

3 Shine-Dalgarno

همین دلیل، تعداد کپی پلاسمید بیش تر برای بیان پروتئین به هیچ وجه به معنی افزایش بازده تولید نیست. وکتورهای معمول، مانند سری pET، دارای منشأ pMB1 (مشتق از ColE1، ۱۵ تا ۶۰ کپی در هر سلول؛ بولیوار و همکاران، ۱۹۷۷) هستند، در حالی که یک نوع منشأ pMB1 جهش یافته در سری PUC موجود است (۵۰۰ تا ۷۰۰ کپی در هر سلول) (۵). منشأ ColE1 نوع وحشی (۱۵ تا ۲۰ کپی در هر سلول (۶،۷) را می توان در وکتور pQE (Qiagen) یافت. این ها همه در یک گروه ناسازگارند که یعنی نمی توانند با هم در یک سلول تکثیر شوند، بلکه آن ها برای به خدمت گرفتن عوامل همانندسازی سلول با یکدیگر رقابت می کنند (۸). برای بیان دو پروتئین نوترکیب با استفاده از دو پلاسمید، سیستم-هایی با منشأ p15A در دسترس هستند (سری پلاسمیدهای pACYC و pBAD، ۱۰ تا ۱۲ کپی در هر سلول) (۹، ۱۰).

هرچند بیان سه گانه به ندرت انجام می شود، اما با استفاده از پلاسمید pSC101 قابل انجام است. این پلاسمید تحت کنترل دقیق همانندسازی است، لذا تعداد کپی آن کم است (کمتر از ۵ کپی در هر سلول) (۱۱). در مواردی که دوز بالایی از یک ژن کلون شده باشد و یا محصول برای سلول یک اثر زیان بار داشته باشد، استفاده از پلاسمیدهای حاوی این رپلیکون می تواند یک مزیت محسوب شود (۱۲، ۱۳). روش دیگر، استفاده از وکتورهای دوئت^۹ (Novagen) است که می توان با کلون کردن دو ژن در پلاسمید بیان دوگانه را تسهیل نمود. پلاسمیدهای دوئت دارای دو سایت کلونینگ، که قبل از هریک از آن ها یک پروموتور T7، یک اپراتور lac و یک سایت اتصال ریبوزوم تعبیه شده است. با ترکیب وکتورهای مختلف سازگار دوئت، تا هشت پروتئین نوترکیب را می توان از چهار پلاسمید بیانی تولید نمود (۱).

مارکر انتخابی

برای جلوگیری از رشد سلول های فاقد پلاسمید، مارکر مقاومت به ستون فقرات پلاسمید اضافه شده است. در سیستم اشریشیاکلی، معمولاً ژن های مقاومت آنتی بیوتیکی به این

تعداد کپی پلاسمید توسط مبدأ همانندسازی تعیین می شود. در موارد خاص، استفاده از رپلیکون های خارج از کنترل^۶ منجر به تکثیر بیش از حد پلاسمید و متعاقب آن تولید مقادیر فراوان پروتئین های کدشونده توسط پلاسمید خواهد شد. در دیگر موارد، به نظر می رسد که فایده ای در استفاده از پلاسمیدهایی با تعداد کپی بیش از پلاسمیدهای pBR322 وجود ندارد. علاوه بر این، Vasquez و همکارانش گزارش نمودند که افزایش تعداد کپی پلاسمید تولید تریپسین را در اشریشیاکلی کاهش می دهد و Minas و Bailey دریافتند که حضور پروموتورهای قوی در پلاسمیدهای با تعداد کپی بالا، شدید زندگی سلول را مختل می کند (۳). متداول ترین پلاسمیدهای بیانی که امروزه مورد استفاده قرار می گیرند از ترکیب چندین رپلیکون، پروموتور، مارکر انتخابی، سایت های کلونینگ متعدد، و استراتژی های پروتئین فیوژن شکل گرفته اند (شکل ۱). به همین دلیل، کاتالوگ وکتورهای بیانی موجود بسیار گسترده است و انتخاب یک وکتور مناسب بسیار گیج کننده خواهد بود. برای تصمیم گیری و انتخاب آگاهانه، این ویژگی ها باید به دقت و با توجه به نیازهای تحقیق ارزیابی شوند (۱).

رپلیکون

رپلیکون ها عناصر ژنتیکی هستند که به عنوان یک واحد مستقل تکثیر و همانندسازی می کنند. پلاسمیدها حاوی رپلیکون هستند. یک رپلیکون شامل یک منشأ همانندسازی همراه با عناصر کنترلی سیس^۷ مرتبط با آن است. یک پارامتر مهم هنگام انتخاب یک وکتور مناسب تعداد کپی^۸ است. کنترل تعداد کپی در رپلیکون واقع شده است. این منطقی است که فکر کرد که دوز پلاسمید بیش تر، به عنوان واحدهای بیانی بیشتر در سلول، معادل تولید پروتئین نوترکیب بیش تر باشد. با این حال، تعداد پلاسمید بیش تر، ممکن است با تحمیل بار متابولیک بیش تر، میزان رشد باکتری را کاهش دهد و ممکن است موجب بی ثباتی پلاسمید شده، و بنابراین تعداد باکتری های سالم برای سنتز پروتئین کاهش یابد. به-

6 Runaway replicons

7 cis-acting control elements

8 copy number

9 Duet vectors

منظور استفاده می‌شوند. مقاومت به آمپی‌سیلین توسط ژن bla کد می‌شود که یک آنزیم پری پلاسمی تولید می‌کند که حلقه β -لاکتام از آنتی‌بیوتیک‌های β -لاکتام را غیرفعال می‌کند. با این حال، β بتالاکتاماز به طور مداوم ترشح می‌شود و تخریب آنتی‌بیوتیک را به دنبال دارد و طی چند ساعت آمپی‌سیلین کمابیش تمام می‌شود (۱۴). در این وضعیت، در حین کشت، سلول‌های فاقد پلاسمید مجاز به افزایش تعداد هستند. هرچند به طور تجربی تأیید نشده، عوامل انتخابی که مقاومت آن‌ها بر اساس تخریب است، مانند کلرامفنیکل (۱۵) و کاناماسین (۱۶) نیز می‌توانند این مشکل را داشته باشند. به همین دلیل، نشان داده شده است که در حین کشت تتراسایکلین بسیار پایدار است (۱۷)، زیرا مقاومت بر اساس جریان فعال آنتی‌بیوتیک از سلول‌های مقاوم است (۱۸). به دلیل هزینه آنتی‌بیوتیک‌ها و گسترش مقاومت به آن‌ها تلاش زیادی برای توسعه سیستم‌های پلاسمیدی فاقد آنتی‌بیوتیک صورت گرفته است. این سیستم‌ها بر اساس تمایل شدید پلاسمیدی^{۱۰} هستند، پدیده‌ای که سلول‌های فاقد پلاسمید قادر به رشد و یا زندگی نیستند. به عنوان مثال، اگر یک ژن ضروری از ژنوم باکتری حذف شده و در پلاسمید قرار گیرد، پس از تقسیم سلولی، باکتری‌های فاقد پلاسمید خواهند مرد. انواع مختلف سیستم‌های تمایل شدید پلاسمیدی با توجه به عملکرد وجود دارند: (۱) سیستم‌های بر اساس توکسین/آنتی-توکسین، (۲) سیستم‌های بر اساس متابولیسم، و (۳) سیستم‌های تیتراسیون اپراتور رپرسور. در حالی که ثابت شده است این فن‌آوری در فرماتورها و در مقیاس وسیع موفق بوده است، سیستم‌های بیانی بر اساس تمایل شدید پلاسمیدی هنوز به طور گسترده فراگیر نشده است (۱).

برچسب‌های تمایلی

در طراحی یک پروژه که در آن یک پروتئین نوترکیب فعال، محلول و خالص مورد نیاز است، داشتن وسیله‌ای برای (الف) تشخیص در حین بیان و تخلیص، (ب) رسیدن به حداکثر حلالیت، و (ج) تخلیص آسان از محیط کشت باکتری، بسیار ارزشمند است. بیان یک زنجیره از اسیدهای آمینه (برچسب

پپتیدی^{۱۱}) و یا یک پلی‌پپتید بزرگ (فیوژن پروتئین^{۱۲}) در پشت سر پروتئین دلخواه به شکل یک پروتئین کایمریک، امکان رسیدن به این سه هدف را می‌دهد. در تخلیص پروتئین‌های نوترکیب بایستی از روش‌هایی استفاده نمود که هزینه‌های تولید حداقل و کمیت، کیفیت، پایداری و فعالیت پروتئین تخلیص شده نیز حفظ گردد. لذا از تکنیک کروماتوگرافی تمایلی، که بر اساس میل جذبی خیلی بالای برچسب تمایلی^{۱۳} متصل به پروتئین نوترکیب به یک لیگاند تثبیت شده روی ستون است، استفاده می‌گردد (شکل ۲). با کمک این تکنیک ضمن کاهش تعداد مراحل خالص سازی، خلوص پروتئین را نیز می‌توان افزایش داد. در تکنولوژی DNA نوترکیب، با الحاق یک دنباله با میل جذبی بالا به یک لیگاند خاص، به ناحیه N یا C ترمینال پروتئین نوترکیب، تحت عنوان نشانه یا برچسب (Tag)، می‌توان یک خصوصیت باندینگ خاص به پروتئین داد که تخلیص آن را تسهیل می‌نماید. یکی از مهم‌ترین ابزارهای مورد استفاده در افزایش سطح بیان محصولات پروتئینی نوترکیب برچسب‌های فیوژن پروتئینی هستند، که علاوه بر سهولت تخلیص موجب تسریع در بازیابی ویژگی‌های طبیعی ساختاری و عملکردی پروتئین‌ها می‌شوند. در حال حاضر، محققان انواع مختلفی از برچسب‌ها با کاربردهای چندگانه را در اختیار دارند، که آن‌ها را قادر ساخته مطلوب‌ترین روش تولید و تخلیص پروتئین نوترکیب را برگزینند.

برچسب‌های خالص‌سازی رایج مورد استفاده به سه گروه تقسیم می‌شوند: دامین‌های طبیعی^{۱۴}، دامین‌های مهندسی شده^{۱۵} و پپتیدها. پروتئین یا دامین‌های طبیعی، پروتئین‌های کروی کوچک با ویژگی اتصال طبیعی، شامل آنزیم‌هایی با تمایل جذبی با سوبسترا یا مهار کننده (مانند β -گالاکتوزیداز و گلوکوتایون S- ترانسفراز (GST))، هم‌چنین پروتئین‌ها یا دامین‌های قابل اتصال به کربوهیدرات (مانند پروتئین قابل اتصال به مالتوز (MBP)) و دامین‌های قابل اتصال به

11 peptide tag

12 fusion partner

13 Affinity Tag

14 Native Domains

15 Engineered Domains

10 plasmid addiction

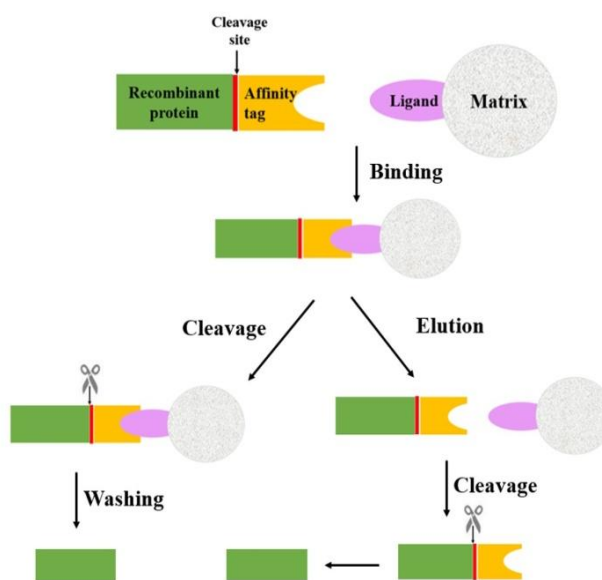
از انواع رایج برچسب‌های پپتیدی کوچک و توالی‌های مکمل معروف به دنباله می‌توان به His-tag، Gst-tag، MBP-tag، Arg-tag، C-Myc، strep-tag اشاره نمود. در این میان His-tag متداول‌ترین این توالی‌هاست. از آنجا که آنتی‌بادی‌های تجاری برای همه آن‌ها در دسترس است، پروتئین‌نوترکیب برچسب خورده را می‌توان با روش وسترن بلات، همراه آزمایش بیان شناسایی نمود. برخی محققان معتقدند که برچسب‌های پپتیدی به دلیل کوچک بودن کم‌تر احتمال دارد که در ساختار و عملکرد پروتئین فیوز شده دخالت کند. با این حال، در برخی از موارد ممکن است بر ساختار سوم و یا فعالیت بیولوژیکی پروتئین کایمریک اثرهای منفی داشته باشند. وکتورهایی در دسترس هستند که در آن‌ها امکان استقرار برچسب در هر دو موقعیت N-ترمینال و C-ترمینال وجود دارد (هنگامی که برای ترشح پروتئین نوترکیب، در N-ترمینال سیگنال پپتید وجود داشته باشد، گزینه دوم بهتر است). اگر ساختار سه بعدی پروتئین مورد نظر در دسترس باشد، بهتر است برچسب در انتهایی قرار گیرد که در دسترس حلال است (۱). حذف برچسب^{۱۸} پس از خالص‌سازی با روش‌های آنزیمی یا شیمیایی امکان‌پذیر است. هیدرولیز شیمیایی به‌نسبت غیر اختصاصی عمل کرده و منجر به برش ناخواسته درون پروتئین هدف شده و اغلب موجب دناتوره شدن پروتئین می‌شود. لذا به‌طور معمول ترجیح داده می‌شود از آنزیم‌های پروتئولیتیک استفاده شود (۱).

تنظیمات رونویسی

پروموتور

پروموتور^{۱۹} یا راه انداز ژن توالی DNA در مجاورت محل شروع نسخه‌برداری (محل اتصال پلیمرز و سایر پروتئین‌ها) است. پروموتور علاوه بر شروع رونویسی در تنظیم سرعت و مقدار رونویسی مؤثر است و لذا سطح اول تنظیم ژن در باکتری‌ها را تشکیل می‌دهد. پروموتور مورد استفاده در اشریشیاکلی باید خصوصیت‌های ویژه‌ای داشته باشد تا برای سنتز فراوان پروتئین مناسب باشد. اول این‌که بایستی قوی (یعنی میل

پلی‌پپتید)مانند پروتئین A استافیلوکوکی، SPG، پروتئین‌های متصل شونده به استرپتوتیدین) هستند.



شکل ۲ - مراحل اتصال و جدا شدن پروتئین نوترکیب متصل به برچسب تمایلی. ستون‌های کروماتوگرافی تمایلی حاوی ماتریکسی متصل به لیگاند اختصاصی است. هنگامی که کلیه پروتئین‌های محلول از ستون عبور داده می‌شوند، تنها پروتئین نوترکیب مورد نظر که متصل به برچسب تمایلی است می‌تواند با تمای بالا به لیگاند متصل شود. در مرحله بعد می‌توان با استفاده از هضم پروتئولیتیک از محل سایت برش و سپس با یک شستشوی ساده پروتئین نوترکیب را تخلیص نمود (مسیر سمت چپ). از طرف دیگر می‌توان فیوژن پروتئین را از ستون جدا و سپس با آنزیم پروتئین را از برچسب جدا کرد (مسیر سمت راست).

دمین‌های مهندسی شده، پروتئین‌هایی با خصوصیات مطلوب توسط روش‌های مهندسی پروتئین طراحی می‌شوند و انواع مناسبی از برچسب را که مناسب با الگوی خالص سازی هستند ایجاد می‌کنند. از جمله آن‌ها دمین‌های باردار شده (مانند basic Z و acid Z)، دمین‌های همراه با His^{۱۶} و دمین‌های آنتی ایدیوتیپ^{۱۷} می‌باشند. پپتیدها، برچسب‌های خالص‌سازی کوتاهی هستند که سلول جهت تولید آن‌ها انرژی کم‌تری صرف می‌کند و حذف برچسب و پروسه کلونینگ آن آسان‌تر است. از جمله این برچسب‌ها پپتیدهای آنتی ژن (FLAG)، پپتیدهای بایندینگ با پروتئین و پپتیدهای استرپتوتیدین- بایندینگ، پپتیدهای باردار شده و پپتیدهای باند با فلز را می‌توان نام برد.

| | | | |
|---|---|-----------------------------------|---|
| Pm | XylS | m-toluic acid | (Blatny et al. 1997) |
| cadA | cadR | pH | (Chou, C. et al. 1995) |
| nar | fnr (FNR, NARL) | Anaerobic conditions, nitrate ion | (Lee, J. et al. 1996) |
| tac, hybrid | lacI, lacI ^q , lacI ^d | IPTG Thermal | (Amann, E. et al. 1983) (Xue, G.-P. et al. 1996) |
| trc, hybrid | lacI, lacI ^q , lacI(Ts) ^a , lacI ^q (Ts) ^a | IPTG Thermal | (Brosius, J. et al. 1985) |
| lpp-lac, hybrid | lacI | IPTG | (Hsiung, H. M. et al. 1989) |
| P _{syn} , synthetic | lacI, lacI ^q | IPTG | (Giacomini, A. et al. 1994) |
| p _L (λ) | λcIts857 | Thermal | (Elvin et al. 1990) |
| p _L -9G-50, mutant (λ) | | Reduced temperature (>20°C) | (Giladi, H. et al. 1995) |
| cspA | | Reduced temperature (>20°C) | (Mujacic et al. 1999) |
| p _R , p _L , tandem (λ) | λcIts857 | Thermal | (Elvin, C. et al. 1990) |
| T7 (T7) | λcIts857 | Thermal | (Studier and Moffatt 1986) |
| T7-lac operator (T7) | lacI ^q | IPTG | (Studier and Moffatt 1986) |
| λpL, pT7, tandem (λ, T7) | λcIts857, lacI ^q | Thermal, IPTG | (Mertens, N. et al. 1995) |
| T3-lac operator (T3) | lacI ^q | IPTG | (Giordano, T. J. et al. 1989) |
| T5-lac operator (T5) | lacI ^q , lacI ^l | IPTG | (Bujard, H. et al. 1987) |
| T4 gene 32 (T4) | | T4 infection | (Duvoisin, R. M. et al. 1986) |
| nprM-lac operator (Bacillus spp.) | lacI ^q | IPTG | (Yamada, M. et al. 1991) |
| VHb (Vitreoscilla spp.) Protein A (Staphylococcus aureus) | | Oxygen, cAMP-CAP ^e | (Khosla, C. et al. 1990) |

^a lacI gene with single mutation, Gly-187 → Ser

۱- ژن lacI با یک جهش، Gly-187 ← Ser

^b lacI gene with three mutations, Ala-241 → Thr, Gly-265 → Asp, and Ser-300 → Asn

۲- ژن lacI با سه جهش، Ala-241 ← Gly, Thr-۲۶۵ ← Asp, and Ser-300 ← Asn

^c The constitutive *lpp* promoter (P_{lpp}) was converted into an inducible promoter by insertion of the *lacUV5* promoter/operator region downstream of P_{lpp}. Thus

expression occurs only in the presence of a lac inducer

۳- پروموتور *lpp* سازنده (P_{lpp}) با درج پروموتور / منطقه اپراتور *lacUV5* در پایین دست از P_{lpp} به یک مروج القایی تبدیل شد. بنابراین، بیان فقط در حضور القا کننده لاک رخ می دهد

^d Wild-type lacI gene

^e cAMP-CAP, cyclic AMP-catabolite activator protein

۵- cAMP-CAP، پروتئین فعال کننده AMP-catabolite چرخه AMP

مطالعه های فراوانی در زمینه سیستم های اپراتور-پروموتور بر پایه *lac* صورت گرفته و نشان می دهند که با تغییر موقعیت اپراتور درون توالی پروموتور، سطح بیان پروتئین تا ۷۰ برابر

ترکیبی آن با پلی مرز زیاد) باشد و پروتئین نو ترکیب را تا ۱۰ الی ۳۰ درصد، یا حتی بیش تر از کل پروتئین سلول تولید نماید. دوم اینکه باید حداقل میزان فعالیت رونویسی را داشته باشد. بیان ژن در مقیاس بالا مستلزم رشد سلول با تراکم بالا و حداقل فعالیت پروموتور است که پس از القاء یا مهار سرکوب پروموتور رخ می دهد. تنظیم شدید پروموتور برای سنتز پروتئین هایی که ممکن است برای سلول میزبان مضر باشند، ضروری است. به عنوان مثال، پروتئین سمی VP7 روتاویروس، سلول ها را به طور قابل توجهی از بین می برد و تولید آن باید تحت شرایط شدید کنترل شده باشد. با این حال، در بعضی موارد محدودیت پروموتور بی اهمیت است زیرا حتی کم ترین مقادیر محصول ژن، به علت سمیت شدید، به طور مؤثری بقا باکتری را به خطر می اندازد. به عنوان مثال، مولکول هایی که ریبوزوم ها را غیر فعال می کنند یا پتانسیل غشا را از بین می برند، کشنده هستند. سمیت سلول میزبان محدود به ژن های خارجی نیست بلکه بیان بیش از حد یکسری از ژن های طبیعی از جمله *traT*، کدکننده یک لیپوپروتئین غشای خارجی، اندونوکلاز محدودالتر *EcoRI* در غیاب متیلاز تغییر دهنده آن، و ژن *lon* است. علاوه بر این سیستم های بیانی که به طور ناقص مهار شده اند می توانند سبب ناپایداری پلاسمید، کاهش نرخ رشد سلول، و افت تولید پروتئین نو ترکیب شوند (۳).

جدول ۱- پروموتورهای مورد استفاده به منظور بیان مقادیر بالای ژن در

اشریشیاکلی

| منابع | الفا کننده | تنظیم کننده | پروموتور |
|-----------------------------|------------------------------------|---|---------------------|
| (Gronenborn 1976) | IPTG | lacI, lacI ^q | lac |
| (Hasan, N. et al. 1995) | Thermal | lacI(Ts) ^a , lacI ^q (Ts) ^a , lacI(Ts) ^b | |
| (Brosius et al. 1985) | IPTG, thermal | LacI, LacI _{ts} | trc and tac |
| (Masuda, K. et al. 1996) | Trp starvation-indole acrylic acid | | trp |
| (Derman, A. et al. 1993) | IPTG-lactose ^c | | lpp |
| (Miyake et al. 1985) | Phosphate starvation | phoB(positive), phoR(negative) | phoA |
| (Easton, A. et al. 1991) | Nalidixic acid | lexA | recA |
| (Guzman et al. 1995) | L-Arabinose | araC | araBAD |
| (Herbst, B. et al. 1994) | Osmolarity | | proU |
| (Turner, J. R. et al. 1992) | Glucose starvation | | est-1 |
| (Skerra 1994) | Tetracycline | TetR | tetA |
| (Haldimann et al. 1998) | L-rhamnose | RhaR, RhaS | rhaP _{BAD} |

ویژه، به طور مثبت تنظیم می‌شود؛ این فاکتور یک پروتئین چند منظوره است که به DNA متصل و باعث خمیدگی آن می‌شود. پروموتور ژن اصلی شوک سرمایی، *cspA*، به طور مشابه در دماهای پایین دارای فعالیت است. تجزیه مولکولی *cspA* و پروموتور P_L منجر به شناسایی نواحی ویژه‌ای از DNA می‌شود که این نواحی در افزایش رونویسی در دماهای پایین تر دخیل هستند؛ این مسأله امکان گسترش پروموتورهای مشتق از λp_L که در دماهای پایین تر از ۲۰ درجه سانتی‌گراد بسیار فعال هستند، را فراهم می‌آورد. اساس استفاده از پروموتورهای پاسخ‌دهنده به سرما برای بیان ژن بر این مبناست که تاخوردگی پروتئین در دماهای ۱۵ الی ۲۰ درجه سانتی‌گراد تنها اندکی تحت تأثیر قرار می‌گیرد، درحالی‌که سرعت رونویسی و ترجمه به طور قابل توجهی کاهش می‌یابد. در مقابل، این شرایط زمان کافی برای تاخوردگی مجدد را فراهم آورده و تولید پروتئین‌های فعال و اجتناب از تشکیل تجمعات غیرفعال پروتئینی (اجسام انکلوژن)، بدون کاهش بازده نهایی پروتئین هدف را امکان‌پذیر می‌سازد. سایر پروموتورهایی که به‌تازگی بررسی شده‌اند (جدول ۱) دارای ویژگی‌های جالبی هستند و اختیارات بیش‌تری برای سیستم‌های بیان ژن فراهم می‌آورند. به‌عنوان مثال، پروموتور pH یک پروموتور بسیار قوی است: پروتئین‌های نوترکیب بیش از ۴۰ الی ۵۰ درصد کل پروتئین سلول را به خود اختصاص می‌دهند. البته این سطح بیان، برای پروتئین‌های مختلف متفاوت است زیرا سنتز پروتئین علاوه بر قدرت پروموتور به کارایی ترجمه نیز بستگی دارد (۳).

پروموتورهای /شریشیالکی به‌طور عمومی به‌صورت ناحیه‌ای مرکزی واجد هگزامرهای ۱۰- و ۳۵- و فاصله‌انداز ۱۵ الی ۱۹ بازی بین این دو هگزامر است. فرض می‌شود که اجزای خارج این ناحیه مرکزی فعالیت پروموتور را تحریک می‌کنند. مطالعه‌های فراوانی نشان داده است که توالی بالادست پروموتور مرکزی سرعت شروع رونویسی را در سلول افزایش می‌دهد. توالی DNA، عنصر UP، که بالادست منطقه ۳۵- پروموتور tRNA /شریشیالکی (*rrn B P1*) قرار گرفته رونویسی را در شرایط سلول^{۲۰} (داخل سلول) و هم‌چنین در محیط

قابل تغییر است. بنابراین، زمانی که توالی ۱۷ بازی اپراتور بین نواحی ۱۰- و ۳۵- قرار بگیرد مهار بیان پروتئین ۵۰ الی ۷۰ برابر بیش‌تر از زمانی است که اپراتور بالادست ناحیه ۳۵- یا پایین‌دست ناحیه ۱۰- قرار گرفته باشد.

سومین ویژگی مهم پروموتور قابلیت القاء پذیری آن به شکلی آسان و مقرون‌به‌صرفه است. از جمله پروموتورهایی که برای تولید پروتئین در مقیاس بالا مورد استفاده قرار می‌گیرند، تحت القای دمایی (λp_L) یا القای شیمیایی (*trp*) هستند (جدول ۱). پروموتورهای هیبرید *tac* یا *trc* که توسط IPTG ((isopropyl-b-D-thiogalactopyranoside) القاء می‌شوند، پروموتورهای قدرتمندی هستند که به‌طور وسیعی در تحقیقات پایه مورد استفاده قرار می‌گیرند. با این حال، استفاده از IPTG به‌علت سمیت و هزینه آن، جهت تولید پروتئین‌های درمانی مربوط به انسان نامطلوب است. این معایب IPTG تا به امروز استفاده از پروموتورهای *tac* یا *trc* را در تولید پروتئین‌های درمانی انسان، محدود نموده است. وجود ژن موتان *lacI(Ts)* کدکننده رپرسور *lac* حساس به دما، امکان القای دمایی این پروموتورها را فراهم آورده است. علاوه بر این وکتورهای جدید تنظیم شدیدی نسبت به پروموتور *trc* در دمای ۳۰ درجه سانتی‌گراد نشان می‌دهند. به‌تازگی دو رپرسور موتان *lac* معرفی شده‌اند که علاوه بر القاء توسط IPTG نسبت به حرارت حساس هستند. باین‌که ژن *lacI* تیپ وحشی می‌تواند توسط دما القاء شود اما این سیستم به‌طور شدید تنظیم‌شده نیست و در سویه‌های *lacI^q* قابل استفاده نیست، زیرا تغییر دمایی توانایی غلبه بر مهار شدید ایجاد شده توسط تولید بیش از حد رپرسور *lac* را ندارد. بنابراین این سیستم محدود به تولید پروتئین‌هایی است که برای میزبان مضر نباشند (۳).

پروموتورهای پاسخ‌دهنده به سرما، با وجود این که نسبت به سایر پروموتورها مطالعه کم‌تری بر روی آن‌ها انجام شده است، بیان کارآمد ژن در دماهای پایین را تسهیل نموده‌اند. فعالیت پروموتور p_L فاژ لامبدا در دمای ۲۰ درجه سانتی‌گراد حداکثر بوده و با افزایش دما کاهش می‌یابد. این پاسخ دمایی پروموتور p_L توسط فاکتور میزبانی الحاق‌شده /شریشیالکی، یک توالی

آزمایشگاه^۱ (خارج سلول) تحریک می‌کند. عنصر UP به‌عنوان یک پروموتور مستقل عمل می‌کند، زیرا زمانی که به سایر پروموتورها از جمله *lacUV5* ملحق می‌شود، رونویسی را تحریک می‌کند. توانایی عنصر UP به‌عنوان تقویت‌کننده (In vitro) رونویسی در اتصال با پروموتورهای هترولوگ می‌توانند دارای کاربرد عمومی در سیستم‌های بیانی سطح بالا باشد (۳). با وجود اینکه قدرت بیش‌از حد پروموتورهای rRNA (P_1) و (P_2) به خوبی تأیید شده است، اما این پروموتورها برای تولید مقادیر فراوان پروتئین در اشریشیاکلی به کار گرفته نشده‌اند زیرا تنظیم آن‌ها بسیار سخت و مشکل است. سنتز rRNA در سلول مرتبط با کنترل سرعت رشد است و P_1 و P_2 در دوره-های رشد سریع سلول فعال هستند و در فاز سکون، رشد غیرفعال می‌شود. بنابراین، پروموتورهای rRNA در فاز قبل از القاء پیوسته فعال و یا دارای نشت هستند. پروموتور P_2 ضعیف-تر و دارای قابلیت القای پایین‌تری در سلول‌های درحال رشد سریع است. با این حال، زمانی که P_2 از P_1 جدا می‌شود فعالیت آن افزایش یافته و نسبت به پاسخ‌های دقیق حساس می‌شود؛ این مطلب نشانگر این است که در فرم طبیعی P_2 به‌طور جزئی مسدود شده است. Holy و Brosius توالی اپراتور *lac* را پایین دست پروموتور P_2 rRNA *rrn B* وارد نمودند و مهار P_2 در سوبه‌های حامل ژن *lacI^q* حاصل شد. فعالیت رونویسی توسط تولید chloramphenicol acetyltransferase و بیان 4.5S RNA مورد ارزیابی قرار گرفت. باوجود این که فعالیت P_2 تنها نصف پروموتور *tac* است اما زمانی که پروموتور *rrn B* P_1 بالادست پروموتور P_2 قرار می‌گیرد، مهار رونویسی دچار نقص می‌شود (۳). به‌نظر می‌رسد پروموتورهای rRNA با استفاده از اصل وارونگی پروموتورها به خوبی قابل تنظیم باشند (قسمت سیستم‌های بیانی شدید تنظیم شده را ملاحظه فرمایید). بنابراین پروموتورهای rRNA می‌توانند بالادست ژن مورد نظر، اما در جهت مخالف رونویسی، کلون شوند. استفاده از سایت‌های الحاقی^{۲۱} فاژ لامبدا و یک اینترگراز لامبدا تنظیم-شده، پروموتور وارونه را برای القاء تسهیل می‌کند، و وجود خاتمه‌دهنده‌های قوی رونویسی در بالادست یک پروموتور بسیار فعال، از ناپایداری وکتور در فاز قبل از القاء ممانعت می‌کند.

خاتمه‌دهنده (ترمیناتور)های رونویسی

در پروکاریوت‌ها، خاتمه رونویسی تحت تأثیر دو مکانیسم مختلف است: خاتمه رونویسی وابسته به rho که پروتئین هگزامر rho است؛ این پروتئین باعث رهاسازی رونوشت RNA از الگوی آن می‌شود. از طرف دیگر، خاتمه مستقل از rho وابسته به سیگنال‌های گذشته توسط رونوشت است، به-خصوص ناحیه‌ای با تقارن دوتایی که کدکننده ساختار سنجاق‌سری یا ساقه-حلقه در رونوشت RNA است و ناحیه دیگری که غنی از dA و dT بوده و ۴ تا ۹ باز فرادست توالی دوتایی قرار گرفته است. با وجود این که در ساختار پلاسمیدهای بیانی نادیده گرفته می‌شوند اما خاتمه‌دهنده‌های کارآمد، اجزایی ضروری در وکتورهای بیانی هستند، زیرا دارای عملکردهای متعدد و مهمی هستند. رونویسی از یک پروموتور ممکن است عملکرد آن را مختل کند، که این رویداد به انسداد پروموتور^{۲۲} معروف است. این تداخل با قرارگیری صحیح یک خاتمه‌دهنده رونویسی پایین دست توالی کدکننده قابل پیش‌گیری است؛ این عمل مانع از رونویسی دائم از پروموتوری دیگر می‌شود. به‌طور مشابه، یک خاتمه‌دهنده رونویسی که بالادست پروموتوری قرار گرفته که درحال رونویسی ژن مورد نظر است، رونویسی زمینه را به حداقل می‌رساند. هم‌چنین ثابت شده است که رونویسی از یک پروموتور قوی، به‌علت تولید بیش از حد پروتئین ROP دخیل در کنترل تعداد کپی پلاسمید، باعث ناپایداری پلاسمیدها می‌شود. علاوه بر این، خاتمه‌دهنده‌های رونویسی پایداری mRNA را تقویت می‌کند و پس از این سطح تولید پروتئین را افزایش می‌دهد. دو خاتمه‌دهنده ویژه و کارآمد عبارتند از T_1 و T_2 که مشتق از اپرون rRNA *rrnB* باکتری اشریشیاکلی است، اما توالی‌های دیگری نیز وجود دارند که به‌نسبت مؤثر هستند (۳).

ضدخاتمه دهنده (آنتی ترمیناتور) های

رونویسی

ضدخاتمه نیز رویدادی تنظیمی است. پروتئین‌های ضد پایان باعث ادامه رونویسی تا انتهای ژن‌های تأخیری می‌شوند، به-

22 Promoter occlusion

21 Integration sites

قابل القاء با IPTG نیز به طور مشابه قابل استفاده است و امکان برداشت مهار را با تغییر شرایط فراهم می‌آورد. نواحی ضدخاتمه رونویسی از اپرون *rrnB* rRNA باکتری /شریشیاکلی در وکتور بیانی pSE420 (واجد پروموتور *trc*) مورد استفاده قرار گرفته است. تسهیل رونویسی از نواحی دارای ساختار دوم شدید اساس ایجاد چنین وکتورهایی است و نتیجه آن پایین آوردن احتمال خاتمه نابالغ رونویسی توسط RNA پلی‌مراز میزبان است. با این حال حضور فاکتور ضدخاتمه *rrnB* به ظاهر ناکارآمد به نظر می‌رسد (۳).

سیستم‌های بیانی تنظیم‌شده دقیق

مزایای پروموتورهای تنظیم‌شده دقیق منجر به طراحی سیستم‌های بیانی هوشمند و قابل‌کنترلی شده است که به-خصوص برای بیان ژن‌هایی که محصول‌های آن‌ها مخل رشد سلول هستند، مورد استفاده قرار می‌گیرند. این روش‌ها عبارتند از: استفاده از متد "plating"، افزایش میزان مهار اپراتور، القاء توسط عفونت با فاژ موتان، تضعیف قدرت پروموتور در وکتورهای با تعداد کپی بالا، استفاده از خاتمه‌دهنده‌های رونویسی در ترکیب با عناصر ضدخاتمه، استفاده از پروموتور قابل القاء در پلاسمیدی با تعداد کپی قابل کنترل، سیستم‌های با تنظیم متقاطع، انتقال هم‌زمان پلاسمیدهای مختلف با استفاده از SP6 RNA polymerase و استفاده از RNA آنتی‌سنس مکمل mRNA ژن کلون‌شده. در نهایت، یک روش جالب استفاده از پروموتورهای دارای قابلیت معکوس شدن است: پروموتور توسط دو جایگاه ادغام^{۲۴} فاژ لامبدا احاطه شده و در جهت مخالف ژنی که باید بیان شود، قرار گرفته و تنها توسط القاء نوترکیبی خاص جایگاه^{۲۵} با واسطه‌ی اینتگرز λ معکوس می‌شود (۳).

سیستم فوق در کنار معایبش دارای مزایایی نیز است. بنابراین روش‌هایی که وابسته به محیط کشت جامد هستند به راحتی برای بیان در مقیاس بالا قابل استفاده نیستند. سیستم‌های مهار در سطح بالا اغلب منجر به کاهش قابل توجهی در بازده پروتئین می‌شوند، بنابراین بهینه‌سازی میزان مهار اپراتور

طوری که RNA پلی‌مراز را قادر به گذر از یک پایان دهنده و رونویسی RNA طولانی‌تر می‌سازد. محل عملکرد پروتئین‌های ضدخاتمه مستقل از خاتمه‌دهنده‌ها و در بالا دست واحد رونویسی در جایگاهی متفاوت از منطقه پایان و *nut* نام دارد. در باکتری‌ها، بسیاری از اپرون‌های دخیل در بیوسنتز اسیدهای آمینه، حاوی تضعیف‌کننده‌هایی^{۲۳} در انتهای 5' اولین ژن ساختاری هستند. این تضعیف‌کننده‌ها توسط محصولات آمینواسیدی اپرون ویژه‌ای تنظیم می‌شوند. بنابراین، حضور tRNA شارژ شده متناسب منجر به تشکیل ساختار ثانویه در رونوشت RNA در پی متوقف شدن ریبوزوم می‌شود. در غیاب tRNA شارژ شده متناسب، یک ساختار ضدخاتمه شکل می‌گیرد که مانع از تشکیل سنجاق‌سر در خاتمه‌دهنده و مهار خاتمه رونویسی می‌شود. عنصر ضدخاتمه-ای شناخته شده است که RNA پلی‌مراز را قادر به غلبه بر خاتمه وابسته به rho در اپرون‌های RNA ریبوزومی نموده و از آن به عنوان *boxA* یاد می‌شود. عملکرد ضدخاتمه در رونویسی پروسه پیچیده و قابل توجهی است که فاکتورهای میزبانی شناخته شده و هم‌چنین ناشناخته‌ای در آن دخیل هستند. در اینجا، به طور خلاصه استفاده از عناصر ضدخاتمه مفید در بیان ژن‌های هترولوگ در /شریشیاکلی ذکر می‌گردد (۳). یکی از سیستم‌های بیانی قدرتمند و نامحدود در /شریشیاکلی، پروموتور تأخیری فاژ T7 است. فعالیت این سیستم بسته به یک واحد رونویسی است که T7 RNA polymerase را تأمین می‌کند، چرا که مهار شدید این پلی‌مراز برای جلوگیری از نشت پروموتور T7 ضروری است. روش‌های مختلفی برای تنظیم بیان پلی‌مراز T7 مورد استفاده قرار گرفته‌اند که هر یک از این روش‌ها معایب خاص خود را دارند. مرتنز و همکارانش با ساخت یک کاست بیانی T7 RNA polymerase این مشکل را برطرف نموده‌اند، به نحوی که این کاست به طور برگشت‌پذیر تضعیف شده و بر اساس λp_L ساخته شده است. بنابراین سطح بیان پایه برای پلی‌مراز T7 با وارد نمودن سه خاتمه‌دهنده رونویسی پشت‌سرهم، بین پروموتور و ژن کدکننده پلی‌مراز T7 تضعیف می‌شود. برای القاء، عملکرد آنتی‌ترمیناتور وابسته به *nutL* مشتق از فاژ لامبدا، متوقف می‌شود. پی‌در پی، پروموتور

24 Integration site
25 site-specific

23 Attenuator

در این سیستم‌ها ضروری است. الفاء با واسطه‌ی فاژ λ پیچیدگی سیستم را افزایش می‌دهد. استفاده از پروموتورهای معکوس مستلزم ساخت وکتورهای پیچیده است. با وجود اینکه بیش‌تر سیستم‌های فوق تاکنون به‌منظور تولید مقادیر فراوان پروتئین در مقیاس وسیع مورد استفاده قرار نگرفته‌اند، اما تأمین‌کننده ابزار مهمی برای بیان ژن هستند (۳).

تنظیم بیان ژن در سطح ترجمه

آغاز ترجمه mRNA

دانش فراوان درباره‌ی پروسه رونویسی امکان استفاده از پروموتورهای پروکاریوتی به فرم کاست، بدون تأثیرپذیری از محتوای نوکلئوتیدی اطراف را فراهم آورده است. با این‌حال، شاخص‌های آغاز سنتز پروتئین بسیار مشکل‌تر از آنند که بتوان آن‌ها را کشف نمود؛ و پیچیدگی این مسأله باید در نظر گرفته شود. امروزه مشخص شده است که طیف وسیعی از نرخ کارایی در ترجمه mRNA های مختلف بیش‌تر به علت ویژگی‌های ساختاری منحصر به فرد انتهای 5' هر گونه خاص mRNA است. بنابراین برخلاف پروموتورهای قابل انتقال، هیچ توالی عمومی برای شروع کارآمد رونویسی طراحی نشده است؛ البته پیشرفت‌هایی در این زمینه از بیان ژن در /شیرشیکلی صورت گرفته و راهبردهای ارائه شده است.

ناحیه شروع ترجمه در بیشتر ژن‌های /شیرشیکلی شامل کدون آغاز AUG است. توالی GUG توسط ۸٪ از ژن‌ها و UUG گاهی (۱٪) در محل شروع مورد استفاده قرار می‌گیرد. در یک مورد، AUU در کدون آغاز *infC* قرار گرفته است. این کدون برای تنظیم خودبه‌خودی *infC* مورد نیاز است. کارایی ترجمه کدون‌های آغاز در /شیرشیکلی مورد بررسی قرار گرفته است. کدون AUG دو تا سه برابر ترجیح داده می‌شود و GUG تنها اندکی بیش از UUG استفاده می‌شود (۳).

Shine و Dalgarno توالی را در جایگاه اتصال ریبوزوم mRNA باکتریوفاژ شناسایی نمودند و احتمال دادند که این منطقه با انتهای 3' مکمل S rRNA 16 در طی آغاز ترجمه، برهم‌کنش می‌نماید. این مسأله توسط Steitz و Jakes تأیید

شد. فاصله بین SD و کدون AUG آغازی می‌تواند بین ۵ الی ۱۳ نوکلئوتید باشد و این تعداد بر کارایی آغاز ترجمه تأثیرگذار است. مطالعه‌های فراوانی برای تعیین توالی نوکلئوتیدی بهینه در ناحیه SD و بهترین فاصله بین SD و کدون آغاز، صورت گرفته است. Ringquist و همکارانش نقش RBS را در ترجمه مورد بررسی قرار دادند و به نتایج زیر رسیدند.

(i) توالی شاین دالگارنو UAAGGAGG نسبت به توالی AAGGA تولید پروتئین را ۳ الی ۶ برابر افزایش می‌دهد.

(ii) برای هر توالی SD یک حالت بهینه وجود دارد که می‌توان بین ۵-۷ نوکلئوتید برای AAGGA و بین ۴-۸ نوکلئوتید برای UAAGG باشد.

(iii) برای هر توالی SD فاصله‌ای حداقل برای ترجمه مورد نیاز است؛ برای AAGGA، این فاصله حداقل ۵ نوکلئوتید است و برای UAAGGAGG این فاصله ۳ الی ۴ نوکلئوتید است. این فاصله‌ها نشان می‌دهد که ارتباط فیزیکی مهمی بین انتهای 3' rRNA 16 S و آنتی‌کدون fMet-tRNA_f متصل به جایگاه P ریبوزوم وجود دارد (۳).

(iv)

ساختار ثانویه در منطقه آغاز ترجمه در mRNA نقشی حیاتی در کارایی بیان ژن دارد. انسداد منطقه SD و/یا کدون AUG توسط ساختار ساقه-لوپ مانع از دسترسی زیرواحد S 30 ریبوزوم به mRNA و مهار ترجمه می‌شود. استراتژی‌های متعددی جهت به حداقل رساندن ساختار ثانویه mRNA به کار گرفته شده است. غنی‌سازی RBS با ریشه‌های آدنین و تیمیدین، بیان ژن‌های خاصی را تقویت می‌کند. به‌طور مشابه، موتاسیون نوکلئوتیدهای ویژه‌ای بالادست یا پایین‌دست منطقه SD تشکیل ساختار ثانویه mRNA را مهار و کارایی ترجمه را تقویت می‌کند. روش دیگر استفاده از پدیده طبیعی "جفت شدن ترجمه" (Translational coupling) در باکتری‌هاست. مکانیسم جفت‌شدن ترجمه به‌عنوان توضیحی برای بیان هماهنگ پروتئین‌های مختلف mRNA های پلی‌سیسترونیک در نظر گرفته می‌شود. بنابراین ثابت شده است که پروموتور قوی *gal* می‌تواند سنتز گالاکتوکیناز را در سطوح بالا هدایت کند،

g10-L سود برده و این مسأله به احتمال به علت پایداری mRNA بوده و به علت برهم کنش ویژه با 16S rRNA نمی-باشد. سایر دانشمندان تقویت قابل توجهی در تولید پروتئین به هنگام استفاده از توالی g10-L مشاهده نمودند. توالی های مشابه g10-L نیز در سایر باکتریوفاژها شناسایی شدند. ژن *glnA* در *اشریشیاکلی* که در فاصله ۱۲۰ جفت بازی از جایگاه آغاز قرار دارد که دارای دو جایگاه اتصال از فاکتور رونویسی پروتئین C تنظیم کننده نیتروژن (NTRC) است.

گروه های تحقیقاتی دیگر توالی های غنی از U را در ناحیه ترجمه نشدنی 5' (UTR) mRNA شناسایی نمودند که به-عنوان تقویت کننده ترجمه عمل می کنند. McCarthy و همکارانش منطقه ای در ژن *atpE* باکتری *اشریشیاکلی*، به طور دقیق بالادست ناحیه SD، شناسایی نمودند. این توالی ۳۰ بازی جهت بیان بیش از حد ژن های اینترلوکین ۲ انسانی و اینترفرون بتا مورد استفاده قرار گرفت. ثابت شده است که توالی U₈ بالادست ناحیه SD در mRNA *rnd* کدکننده RNase D برای ترجمه کارآمد این mRNA ضروری است. حذف این ناحیه بدون تأثیر بر سطح mRNA *rnd* یا جایگاه شروع رونویسی، ترجمه را بیش تر کاهش داد. Boni و همکارانش نشان دادند که مولکول هدف برای توالی های مشابه، پروتئین S1 زیرواحد 30S ریبوزومی است (۳).

در یک مطالعه جالب، Sprengart و همکارانش ثابت کردند که توالی هایی که بلافاصله پایین دست کدون آغاز قرار گرفته-اند، نقش مهمی در آغاز ترجمه ایفا می کنند. منطقه ویژه ای به نام جعبه پایین دست (DB^{۲۷}) که بین موقعیت +۱۵ و +۲۶ ناحیه کدشونده ژن T7 0.3 یا بین موقعیت +۹ و +۲۱ ناحیه کدشونده ژن T7 10 قرار گرفته است، به عنوان تقویت کننده رونویسی عمل می کند. منطقه DB مکمل نوکلئوتیدهای ۱۴۶۹ الی ۱۴۸۳ 16S rRNA بوده و به مخالف جعبه پایین-دست (ADB^{۲۸}) معروف است. حذف DB فعالیت ترجمه را متوقف می کند. از طرفی، بهینه سازی رابطه مکملی بین توالی-های DB و ADB منجر به حداکثر میزان بیان ژن فیوژن

وقتی که *galk* به لحاظ ترجمه به یک ژن بالادست جفت می-شود، و این مسأله نشان دهنده این است که حتی یک RBS ضعیف ممکن است بسیار کارآمد باشد در صورتی که قابل دسترسی به ریبوزوم باشد. این مکانیسم تنظیمی ممکن است کاربردهای مهمی در بیوتکنولوژی برای تولید بالای پروتئین ها داشته باشد. در واقع جفت شدن ترجمه به طور وسیعی برای بیان ژن های مختلفی در سطوح بالا مورد استفاده قرار گرفته-اند. علاوه بر اتصال منطقه SD به 16S rRNA، سایر برهم-کنش ها بین mRNA و ریبوزوم در آغاز ترجمه دخیل می-باشند. مطالعه ها نشان داده است که پروتئین ریبوزومی S1 به طور مستقیم در شناسایی و اتصال mRNA توسط زیرواحد 30S ریبوزومی دخیل است. برهم کنش های ساختاری و عملکردی بسیاری از اجزای کمپلس شروع رونویسی پروکاریوت ها مورد بررسی و آزمایش قرار گرفته است (۳).

تقویت کننده های رونویسی

تقویت کننده ها^{۲۶} عناصری از DNA هستند که می توانند رونویسی را افزایش دهند. این عناصر در بالادست (بیش تر) یا پایین دست (گاهی) جایگاه آغاز رونویسی قرار دارند. تقویت-کننده ها در پروکاریوت ها به پرموتور بسیار نزدیک هستند، اما در یوکاریوت ها می توانند از پرموتور دور باشند. توالی هایی که بیان ژن های هترولوگ را در *اشریشیاکلی* تقویت می کنند، در باکتری ها و هم چنین فاژها شناسایی شده اند. Olins و همکارانش یک توالی ۹ بازی از ژن g10-L فاژ T7 را شناسایی نمودند که به نظر می رسد یک جایگاه اتصال ریبوزوم (RBS) بسیار کارآمد است. در مقایسه با منطقه SD مورد توافق^۱، توالی g10-L منجر به افزایش ۴۰ الی ۳۴۰ برابری در بیان ژن های متعدد می شود. وقتی که توالی g10-L بالادست توالی SD سنتتیک قرار گیرد باعث افزایش ۱۱۰ برابری در کارایی ترجمه ژن *lacZ* می شود. مدلی پیشنهاد شده است که به موجب آن، این توالی تقویت ترجمه را توسط برهم کنش با بازهای ۴۵۸ الی ۴۶۶ از 16S rRNA انجام می-دهد. توضیح دیگر در این رابطه این است که تنها mRNA هایی که واجد جایگاه SD ضعیفی هستند می توانند از توالی

27 Downstream box

28 Anti-downstream box

26 Enhancer

dhfr می‌شود. نکته جالب توجه این است که با تغییر جایگاه DB به بالادست کدون آغاز، در موقعیت SD، این توالی دیگر واجد عملکرد نبود. DB در تعدادی از ژن‌های *E. coli* و باکتریوفاژ وجود دارد. این یافته‌ها نشان می‌دهند که علاوه بر سایت SD و کدون آغاز، توالی‌های دیگری نیز در mRNA برای ترجمه کارآمد حائز اهمیت هستند. با این‌که مکانیسم دقیق اثرهای مشاهده شده به‌طور دقیق مشخص نیست، اما مطالعه‌ها در این زمینه نشان می‌دهد که برای بیان ژن‌ها از مدل‌های "تقویت‌کننده‌های ترجمه‌ای" سود جست‌ه‌اند (۳).

پایداری mRNA

پروسه تخریب mRNA نقطه کنترل اصلی برای بیان ژن کمابیش در تمام ارگانیسم‌ها فراهم نموده است. با وجود این‌که مفهوم mRNA و پایداری آن ۳۵ سال پیش محقق شد، اما درک جزئی از مکانیسم تخریب mRNA به دلایل متعدد چالش قابل توجهی را برانگیخته است. این بخش شاخص‌های ویژه‌ای در ارتباط با پایداری mRNA در خصوص کاربردهای عملی بیان بالای ژن‌ها در *اشریشیاکلی* را مورد نظر قرار داده است. پایداری mRNA در سلول‌ها متفاوت است و اغلب دلیل منطقی برای آن وجود دارد. پروتئینی که فقط برای مدت کوتاهی مورد نیاز سلول است توسط یک پیام ناپایدار تا حد ممکن سنتز می‌شود و با خاموش شدن ژن، سنتز آن متوقف می‌گردد. پایداری را با در نظر گرفتن نواحی غیر کدشونده مولکول RNA، می‌توان تا حدی تعیین کرد.

در تخریب mRNA در *اشریشیاکلی* انواع مختلف RNase دخالت دارند از جمله اندونوکلینازها (RNase E, RNase K, RNase III) و 3' اگزونوکلینازها (RNase II) و پلی‌نوکلئوتید فسفوریلاز [PNPase]؛ تاکنون 5' اگزونوکلینازی در پروکاریوت‌ها شناسایی نشده است. تخریب mRNA تحت تأثیر برش اندونوکلیوتیک غیر اختصاصی قرار نمی‌گیرد، زیرا هیچ رابطه معکوسی بین طول و نیمه‌عمر mRNA وجود ندارد. دو کلاس از عناصر حفاظتی برای پایداری mRNA در *اشریشیاکلی* شناخته شده است. یک مورد شامل توالی‌های 5' UTR در mRNA و دیگری ساختارهای ساقه-ریشه در

3'UTR و نواحی بین سیسترونی هستند. بعضی از این عناصر در ادغام با mRNA هترولوگ و البته تنها تحت شرایط ویژه-ای، به‌عنوان پایدار کننده عمل می‌کنند. به‌عنوان مثال، 5'UTR ژن ۳۲ باکتریوفاژ T4 نیمه‌عمر mRNA‌های ناپایدار را در *E. coli*، تنها در سلول‌های آلوده به T4، افزایش می‌دهد. ژن‌های مقاومت به اریترومیسین (*erm*) در باکتری‌های گرم مثبت از جمله *استافیلوکوکوس اورئوس* (*Staphylococcus aureus*) و *باسیلوس سوبتیلیس* (*Bacillus subtilis*) کدکننده mRNAهایی هستند که حاوی عناصر پایدار کننده در 5'UTR خود هستند. با این حال، پایدار سازی mRNA توسط *ermC* و *ermA* 5' UTR توسط آنتی‌بیوتیک‌القاه می‌شود که باعث توقف ریبوزوم و ممانعت از ترجمه می‌شود. به‌طور مشابه، تأثیرهای پایدارسازی منطقه 5' باکتریوفاژ λ بر رونوشت *trp*- λ نیازمند آلوده شدن با فاژ λ است (۳).

برخلاف مثال فوق، 5' UTR رونوشت ژن *ompA* باکتری *اشریشیاکلی* باعث افزایش نیمه‌عمر تعدادی از mRNAهای هترولوگ تحت شرایط نرمال رشد سریع سلول، می‌شود. Emory و همکارانش نشان دادند که حضور ساختار ساقه-ریشه در/بسیار نزدیک به 5' انتهایی 5' UTR *ompA* برای ایفای نقش پایدارسازی آن ضروری است. علاوه بر این، نیمه-عمر mRNA ناپایدار با افزودن ساختار سنجاق‌سر به انتهای 5' آن قابل افزایش است. تصور می‌شود mRNA ای که با یک بخش تک رشته‌ای بلند آغاز می‌شود، قبل از برش mRNA از نواحی میانی، ترجیحاً هدف RNase ای واقع می‌شود که با انتهای 5' برهم‌کنش می‌نماید. بنابراین به نظر می‌رسد اضافه نمودن پایدار کننده *ompA* در 5' به ژن‌های هترولوگ ممکن است بیان ژن را در *اشریشیاکلی* تقویت کند. با این حال mRNAهایی که حاوی سایت‌های داخلی پردازش mRNA هستند به‌واسطه حضور پایدار کننده 5' محافظت نمی‌شوند (۳).

کلاس دیگری از عناصر حفاظت‌کننده mRNA شامل توالی‌های 3' UTR هستند که می‌توانند ساختارهای ساقه-ریشه تشکیل داده و تخریب اگزونوکلینازی رونوشت را از انتهای 3' بلاک کنند. Wong و Chang یک چنین عنصری را در

پایان UAG، و RF-2 خاتمه‌دهنده ترجمه UGA و هر دوی این فاکتورها خاتمه‌دهنده کدون UAA هستند. فاکتوری دیگر، RF-3، نیز به تازگی کلون شده است.

در طراحی وکتورهای بیانی، به منظور جلوگیری از عبور ریبوزوم، به طور عمومی هر سه کدون پایانی الحاق می‌شود. در اشریشیاکلی کدون UAA نسبت به دو کدون دیگر ترجیح داده می‌شود. آنالیز آماری بیش از ۲۰۰۰ ژن اشریشیاکلی عدم تصادفی بودن را در کدون توقف و هم‌چنین در نوکلئوتیدهای پس از آن ثابت نموده است. هم‌چنین قدرت ۱۲ تترانوکلئوتید محتمل به عنوان سیگنال خاتمه (UAGN، UAAN، UGAN، UAGN) به وسیله سنجش خاتمه در شرایط آزمایشگاه مورد بررسی قرار گرفت؛ در این بررسی کارایی خاتمه توسط رقابت مستقیم این سیگنال‌ها با تغییر چهارچوب خواندن، سنجیده شد. کارایی خاتمه بسته به نوع کدون پایان و هم‌چنین تترانوکلئوتید، بین ۸۰٪ (UAAU) تا ۷٪ (UGAC) تفاوت نشان داد. این یافته‌ها نشان می‌دهد که نوع نوکلئوتیدها پس از کدون پایان، بر کارایی خاتمه ترجمه در اشریشیاکلی بسیار تأثیرگذار است. محتوای نوکلئوتیدی در انتهای 5' کدون خاتمه نیز در این امر دخیل است. بنابراین، بار و ویژگی‌های هیدروفوبیسیته آمینواسیدهای قبل از C-ترمینال (منطقه ۲-) در پپتید تازه‌ساز تا ۳۰ برابر تفاوت در کارایی خاتمه UGA را منجر شده است، درحالی‌که خاتمه در UAG حساسیت کم-تری نسبت به ماهیت آمینواسید ۲- نشان داده است. برای موقعیت ۱-، گرایش به هلیکس آلفا، رشته بتا و پیچ معکوس، فاکتورهای تعیین‌کننده در خاتمه UGA هستند (۳).

هدف‌گیری پروتئین

بیان سیتوپلاسمی

تشکیل اجسام انکلوزن به عنوان مانع مهم در بیان ژن در سیتوسل مطرح می‌شود، که این اجسام دارای معایب متعددی هستند (جدول ۲). با وجود این اجسام، عمل دشوار تاخوردگی مجدد پروتئین متراکم، تردید در این‌که پروتئین حاصل عملکرد بیولوژیک خود را حفظ نموده یا خیر و کاهش بازده پروتئین تخلیص‌شده، باید در نظر گرفته شود. تاکنون،

خاتمه‌دهنده رونویسی ژن پروتئین کریستالی باسیلوس تورین جنسیس (*Bacillus thuringiensis*) شناسایی نمودند. الحاق این تنظیم‌کننده مثبت به انتهای 3' ژن پنی‌سیلیناز (*penP*) باسیلوس لیکنی فورمیس (*Bacillus licheniformis*) و c-DNA اینترلوکین ۲ انسانی، منجر به افزایش نیمه عمر mRNA و تقویت تولید پلی‌پپتیدهای مربوطه در باسیلوس سوبتیلیس و هم‌چنین اشریشیاکلی گردید. همانند پایدار کننده‌های 5'، کاربرد این تنظیم‌کننده 3' به عنوان پایدار کننده عمومی mRNA بعید به نظر می‌رسد. به عنوان مثال، جایگزینی سنجاق سر انتهای 3' در mRNA ناپایدار با سنجاق سر mRNA پایدار، بیان رونوشت‌های ناپایدار را تقویت نخواهد کرد. علاوه بر این، پیشنهاد شده است که بیان ژن با استفاده از سویه‌های میزبان دارای نقص به لحاظ RNase‌های ویژه‌ای از جمله RNase II و PNPase، ممکن است تقویت شود. البته این پیشنهاد نیز احتمالاً ناکارآمد خواهد بود زیرا عدم وجود RNase II و PNPase، علاوه بر تولید بیش از حد RNase II، هیچ تأثیری بر میانگین نیمه‌عمر mRNA ندارد. علاوه بر این سویه‌های دارای نقص در RNase II و PNPase قادر به ادامه زندگی نیستند. این مسأله و سایر ملاحظات منجر به این نتیجه‌گیری می‌شود: "به احتمال پایداری‌های نامتجانس بیشتر mRNA‌هایی که به ساقه-ریشه خاتمه می‌یابند ناشی از قابلیت افتراقی این ساختارهای ساقه-ریشه انتهایی نسبت به نفوذ اگزونوکلازهای 3' نیست"، و علاوه بر این، "آغاز تخریب 3' اگزونوکلازی RNA به احتمال نادر بوده، به جز در مورد RNA‌های ناپایدار فاقد سنجاق سر 3' و RNA‌های با عمر طولانی مقاوم ه حمله توسط دیگر انواع ریبونوکلازها" (۳).

خاتمه ترجمه

حضور سیگنال توقف در mRNA یک جزء ضروری در فرآیند خاتمه ترجمه است. علاوه بر ۳ کدون خاتمه، UGA، UAA، و UAG، این رویداد پیچیده مستلزم برهم‌کنش‌های ویژه‌ای بین ریبوزوم، mRNA و فاکتورهای آزادسازی^{۲۹} مختلفی در محل خاتمه است. در *E. coli*، RF-1 خاتمه‌دهنده ترجمه کدون

پارامترهای فیزیکوشیمیایی دقیقی که در تشکیل اجسام انکلوژن مشارکت دارند، نامعلوم باقی مانده‌اند. مطالعه‌ای آماری در خصوص ترکیب‌های ۸۱ پروتئین که در *اشریشیاکلی* تشکیل جسم انکلوژن می‌دهند نشان داده است که شش پارامتر در تشکیل اجسام انکلوژن مرتبط هستند: میانگین بار، نسبت ریشه‌های تشکیل دهنده پیچ، نسبت سیستئین، نسبت پرولین، هیدروفیلیسیته و تعداد کل ریشه‌های اسید آمینه. دو پارامتر اول همبستگی قوی‌تری در تشکیل اجسام انکلوژن دارند، درحالی‌که چهار پارامتر دیگر همبستگی ضعیفی نشان می‌دهند. این یافته‌ها جهت ایجاد مدلی برای پیش‌بینی احتمال تشکیل اجسام انکلوژن، تنها بر اساس نسبت آمینواسیدهای پروتئین، به‌کار می‌رود. این مدل برای پیش-بینی عدم حلالیت گیرنده سلول T انسانی V β 5.3 در *اشریشیاکلی* مورد استفاده قرار گرفته است (۳).

روش‌های تجربی متعددی برای به حداقل رساندن تشکیل اجسام انکلوژن و بهبود تاخوردگی پروتئین مورد استفاده قرار گرفته است. این روش‌ها شامل رشد باکتری در دماهای پایین-تر؛ غربالگری سویه‌های مختلف *اشریشیاکلی*؛ جایگزینی ریشه‌های آمینواسیدی انتخابی؛ تولید هم‌زمان چاپرون‌ها؛ استفاده از تیوردوکسین به‌عنوان همیار الحاقی یا تولید هم‌زمان با پروتئین موردنظر؛ رشد و القای سلول‌ها تحت شوک اسموتیک در حضور سوربیتول و گلاسیل بتائین؛ افزودن قندهای غیرقابل متابولیزه به محیط کشت؛ تغییر pH محیط کشت؛ و استفاده از سویه‌های دارای نقص در تیوردوکسین ردوکتاز (۳).

پتانسیل احیا مربوط به شرایط احیا سیتوپلاسمی نیز مشکل دیگری ایجاد می‌کند. پروتئین‌های سیتوپلاسمی باکتریایی حاوی ریشه‌های سیستئین اندک و در نتیجه باندهای دی-سولفیدی کمی هستند. بیش‌تر پروتئین‌های حاوی باندهای دی‌سولفید پایدار از سیتوپلاسم بیرون می‌روند. بنابراین، پروتئین‌های پستانداران که ساختار چهارم پیچیده آن‌ها تا اندازه‌ای به تشکیل باندهای دی‌سولفیدی بستگی دارد، به احتمال در سیتوپلاسم باکتری‌ها با کنفورماسیون صحیح خود نمی‌شوند. Bardwell و همکارانش پیشنهاد نمودند که فرکانس پایین باندهای دی‌سولفیدی در پروتئین‌های

سیتوپلاسمی به احتمال ناشی از عدم حضور سیتوپلاسم لازم برای سیستم تشکیل باندهای دی‌سولفیدی از جمله پروتئین-های DsbA و DsbB، و یا مکانیسمی که به‌طور فعال از تشکیل باندهای دی‌سولفیدی در سیتوپلاسم جلوگیری کند، است. موتانت‌هایی از *اشریشیاکلی* جداسازی شده‌اند که تشکیل در سیتوپلاسم را امکان‌پذیر نموده‌اند. این موتاسیون‌ها ژن *trxB* کدکننده تیوردوکسین ردوکتاز را غیرفعال نموده و در پتانسیل احیا سولفیدریل سیتوپلاسم مشارکت می‌کند. تیوردوکسین به‌تنهایی برای تشکیل باند دی‌سولفیدی ضروری است. توالی دقیق این رویدادها نامشخص است اما سیتوپلاسم به احتمال حاوی پروتئین دیگری مشابه تیوردوکسین بوده که می‌تواند توسط تیوردوکسین ردوکتاز احیا شود؛ در غیاب تیوردوکسین ردوکتاز، فرم اکسیده این پروتئین نامعلوم تشکیل باندهای دی‌سولفیدی را در سیتوپلاسم تسهیل می‌کند. سایر محققان به‌تازگی از سویه‌های *اشریشیاکلی* حامل موتاسیون خنثی در ژن *trxB* استفاده نمودند و مقادیر قابل-توجهی از پروتئین‌های عملکردی واجد باند دی‌سولفید در سیتوپلاسم مشاهده نمودند. این سویه‌های دارای نقص در تیوردوکسین ردوکتاز ابزارهای ارزشمندی برای تولید پروتئین‌های پیچیده در *اشریشیاکلی* خواهند بود. بیان سیتوپلاسمی یک ژن بدون توالی راهنما مستلزم حضور کدون آغاز، رایج‌ترین آن کدون متیونین، است. با این‌که این آمینواسید اضافی ممکن است هیچ تأثیر نامطلوبی بر پروتئین سنتز شده نداشته باشد اما موارد ویژه‌ای دیده شده که در آن این متیونین اضافی عواقب زیادی دارد (۳). به‌عنوان مثال، حفظ متیونین آغازی در RANTES، عضوی از سایتوکاین-های خانواده کموکاین، فعالیت فیزیولوژیک این مولکول را به-طور کامل از بین برده و ویژگی‌های آنتاگونیستی قوی به RANTES متیونیلیه اعطا می‌کند. به‌طور مشابه، ریشه متیونین غیرعادی در N-ترمینال می‌تواند کنفورماسیون هموگلوبین انسانی را تغییر دهد. علاوه بر این، وجود آمینواسید اضافی تغییر در خصوصیت‌های ایمونولوژیک پروتئین‌های دارویی را امکان‌پذیر نموده و مشکلاتی در تأیید محصول برای استفاده‌های کلینیکی به‌همراه خواهد داشت.

متیونین را از N-ترمینال تسهیل می‌کند. یک استراتژی موفقیت‌آمیز برای حذف ریشه متیونین بیان هم‌زمان با ژن متیونین آمینوپپتیداز/شریشیاکلی است. روش دیگر استفاده از دی‌پپتیدیل آمینوپپتیداز I است؛ این آنزیم دی‌پپتید را از انتهای آمینو حذف می‌کند اما نمی‌تواند باند پپتیدی حاوی ریشه پرولین را برش دهد (۳).

ترجمه در باکتری‌ها توسط N-فرمیل متیونین آغاز می‌شود که در طی سنتز دفرمیله می‌شود اما به اجبار حذف نمی‌شود. متیونین N-ترمینال ممکن است توسط متیونین آمینوپپتیداز اندوژن برش بخورد که البته این مطلب بستگی به طول زنجیره جانبی آمینواسید دوم دارد. بنابراین ریشه‌هایی با زنجیره جانبی کوچک مثل Ala, Gly, Ser, Pro, Thr, Val, Cys و با درجه کم‌تری Asp, Asn, Leu و Ile حذف

جدول ۲- اهمیت نسبی بخش‌های مختلف بیان ژن در/شریشیاکلی و استراتژی‌های برای برطرف نمودن مشکلات آزمایشگاهی محتمل

| بخش مورد نظر | استراتژی و راه حل |
|--------------|---|
| سیتوپلاسم | |
| مزایا | تولید انکلوژن بادی |
| | جدا سازی آسان پروتئین در خلوص و غلظت بالا؛ محافظت پروتئین هدف از گزند پروتئازها؛ بمناسب رای تولید پروتئین‌های فعالی که برای میزبان کشنده‌اند |
| | بازده پروتئین بالاتر |
| | سازه پلاسمید ساده |
| معایب | تولید انکلوژن بادی |
| | عدم حلالیت پروتئین؛ تاخوردن مجدد برای بازیابی فعالیت پروتئین؛ با تاخوردن مجدد پروتئین ممکن است فعالیت بیولوژیک آن دوباره باز نگردد. کاهش عملکرد نهایی پروتئین؛ افزایش هزینه تولید |
| | کاهش درجه حرارت رشد پروموت‌های شوک سرما (دمای پایین تر) انتخاب گونه‌های مختلف باکتری اشریشیا کلی جایگزینی اسید آمینه بیان هم‌زمان چاپرون‌های مولکولی همیارهای الحاقی سوبه‌های ناکارآمد در تیوردوکسین ردوکتاز سوربیتول و گلاسیل بنائین در محیط کشت تغییر pH ساکارز، رافینوز در محیط رشد محیط کشت رشد غنی |
| | کاهش مقدار محیطی تشکیل باند دی سولفید را تسهیل نمی‌کند |
| | تخلیص پیچیده تر است (از میان انواع پروتئین‌ها) |
| بری پلاسم | |
| مزایا | تخلیص پروتئین ساده تر است (انواع پروتئین‌ها کم‌ترند) |
| | پروسه لیز پروتئین کوتاه تر است |
| | تشکیل باندهای دی سولفیدی بیشتر |
| معایب | سیگنال پپتید همیشه موجب تسهیل انتقال نمی‌شود |
| | یا موجب خروج بیش از حد پروتئین می‌شود |
| | بیان هم‌زمان سیگنال پپتیداز I بیان هم‌زمان prIF استفاده از سوش های موتانت prIF بیان هم‌زمان secE و prlA4 بیان pspA بیان هم‌زمان ژن های sec پروتئین های الحاقی |
| | کاهش فولدینگ |
| | جایگزینی آمینو اسیدی بیان هم‌زمان ایزومراز دی سولفید |
| | امکان تشکیل انکلوژن بادی |
| | بیان هم‌زمان مولکول های چاپرونی کاهش دمای رشد افزودن ساکارز یا رافینوز به محیط کشت |
| غشای داخلی | |
| | تاکنون برای بیان بالای پروتئین به کار نرفته است |
| | ممکن است مطالعات فارماکولوژیک و فعالیت های آنزیمی را تسهیل نماید |

حاوی تعدادی ریشه اسید آمینه بوده و به‌گونه‌ای طراحی شده که برش متیونین N-ترمینال در آن امکان‌پذیر باشد. علاوه بر این، ریشه آمینو اسید دوم یا سوم در پروتئین هدف باید پرولین باشد. روش دیگر ایجاد انتهای آمینی صحیح برای هر

Dalboge و همکارانش هورمون رشد انسانی دارای N-ترمینال اضافی تولید نمودند که این دنباله توسط دی‌پپتیدیل آمینوپپتیداز I حذف و هورمون رشد اصلی حاصل گردید. این روش نیازمند دنباله‌ای در انتهای آمینی است به‌طوری‌که

پروتئین است. احتمال تخریب پروتئین در سیتوپلاسم /شریشیاکلی به علت حضور تعداد پروتئین‌های بیش‌تر، نسبت به سایر بخش‌ها بیش‌تر است. این موضوع در بخش تجزیه پروتئین مورد بررسی قرار گرفته است. مسأله دیگر در بیان سیتوزولی ژن، تخلیص پروتئین هدف از سایر پروتئین‌های درون سلولی است. بر اساس محاسبات، کروموزوم /شریشیاکلی ۳۰۰۰ الی ۴۰۰۰ ژن را کد می‌کند که البته تمام این ژن‌ها تحت شرایط ویژه رشد بیان نمی‌شوند (۳).

بیان پری پلاسمی

پس از سنتز پروتئین‌های /شریشیاکلی در سیتوپلاسم این امکان وجود دارد که محصول ژن کلون شده به سیتوپلاسم، غشاء داخلی یا خارجی، یا فضای پری پلاسمی برود. ترشح محصول ژن کلون شده به فضای پری پلاسمی اغلب باعث افزایش بیان پروتئین خارجی می‌شود که ممکن بوده توسط پروتئین‌ها در سیتوپلاسم تجزیه گردد (۱۹). تشکیل باندهای دی سولفیدی پایدار تنها در غشاء سلول رخ می‌دهد که توسط تیول- دی سولفید اکسیدوردوکتازها که به نام پروتئین‌های Dsb شناخته می‌شوند کاتالیز می‌شود. بنابراین پروتئین‌های حاوی باند دی سولفیدی مثل قطعات آنتی‌بادی و بسیاری از هورمون‌های پپتیدی با کنفورماسیون طبیعی در پری پلاسم تولید می‌شوند (۲۰).

چند ویژگی کلی برای انتقال پروتئین‌های نو ترکیب به پری- پلاسم وجود دارد: (۱) محیط اکسیده پری پلاسم، ایجاد باندهای دی سولفیدی را تسهیل می‌کند. (۲) پری پلاسم تنها حاوی ۰.۴٪ از پروتئین‌های کل سلول است (۱۰۰ پروتئین مختلف). (۳) پری پلاسم حاوی پروتئین کم‌تری از سیتوپلاسم است و تجزیه پروتئین در آنجا کم‌تر صورت می‌گیرد و از این طریق فعالیت بیولوژیکی، پایداری و حلالیت پروتئین‌های منتقل شده افزایش می‌یابد. (۴) امکان تخلیص آسان توسط شوک اسمزی وجود دارد. (۵) کاهش قابل توجه در میزان ناخالصی‌ها می‌تواند با هدف‌گیری تولید پروتئین در پری پلاسم میزبان حاصل شود. (۶) در پری پلاسم تشکیل اینکلوژن بادی به حداقل می‌رسد. (۷) انتقال به پری پلاسم می‌تواند فرآیندهای پایین دستی را تسهیل کند و صحت N-ترمینال پروتئین

تولید شده را تأمین می‌کند (انتقال از عرض غشاء به‌طور معمول با سیگنال پپتیدهای N-ترمینال هدف‌گیری می‌شود) (۲، ۳، ۱۹، ۲۱-۲۳).

پروتئین‌های هترولوگ به‌منظور رسیدن به پری پلاسم، به توالی N- ترمینال مجهز می‌شوند که آن‌ها را به یک کانال هدایت کننده پروتئین در غشاء سیتوپلاسمی به نام Sec- translocon هدایت می‌کند. پروتئین‌ها از دو مسیر به Sec- post translational و SecB- targeting co- translational signal و recognition particle targeting (SRP) (۲۰).

انتقال پروتئین از عرض غشای درونی به پری پلاسم نیازمند توالی نشانه است. انواع مختلفی از پپتیدهای نشانه جهت انتقال پروتئین به سیتوپلاسم در /شریشیاکلی، به‌طور موفقیت‌آمیزی مورد استفاده قرار گرفته‌اند. این توالی‌ها شامل انواع سیگنال‌های پروکاریوتی هستند از جمله: سیگنال /شریشیاکلی PhoA، OmpA، OmpT، LamB، OmpF، بتا لاکتاماز، انتروتوکسین‌های ST-II، LT-A، LT-B، پروتئین A استافیلوکوکوس اورئوس، PelB اروینیا، توالی نشانه PelB دژنره، RNase موشی و سیگنال هورمون رشد انسانی (۳).

با این وجود، انتقال پروتئین به پری پلاسم پروسه‌ای پیچیده و تاحدی ناشناخته است؛ و حضور پپتید نشانه همیشه متضمن انتقال کارآمد پروتئین از عرض غشای درونی نیست. به‌عنوان مثال، با این که تولید باکتریایی ایمنوگلوبولین‌های انسانی به‌طور کامل موفقیت‌آمیز بوده است اما تولید واریانت‌های گیرنده سلول T در پری پلاسم، با وجود شباهت‌های ساختاری این دو خانواده، بسیار مشکل است. بنابراین با وجود برش صحیح پپتید نشانه، هیچ پروتئین گیرنده سلول T در پری پلاسم مشاهده نشده است. بخش‌هایی از این گیرنده که به‌طور صحیح در پری پلاسم تا خوردند، با القای پاسخ شوک گرمایی در دمای پایین به همراه بیان بالای چاپرون Dsb A حاصل گردید. به‌نظر می‌رسد این روش shotgun، القای تمام انواع چاپرون‌ها، از جمله انواع ناشناخته پری پلاسمی را امکان‌پذیر

سازد. اکنون مشخص شده است که علاوه بر توالی نشانه، سایر خصوصیت‌های ساختاری پروتئین‌ها در انتقال غشایی دخیلند (۳).

استراتژی‌های انتقال بهینه پروتئین‌ها به پری‌پلاسم شامل تأمین اجزای دخیل در انتقال و پردازش پروتئین است: تولید بالای سیگنال پیتیداز I، استفاده از سویه‌های موتان *prlF*، بیان هم‌زمان ژن‌های *prlA4* و *secE*، بیان ژن *prlF* بیان ژن *pspA* و تنظیم منفی، حذف یا عدم استفاده از ژن بتالاکتاماز برای اجتناب از احتمال بارگیری بیش از حد مکانیسم‌های انتقالی یا رقابت بر سر پردازش پیتیدهای نشانه. امکان محدودیت‌های انتقالی در مطالعه Hsiung و همکارانش مورد بررسی قرار گرفته است؛ این محققان مشاهده نمودند که پس از القاء با IPTG مقادیر فراوان پیش‌ساز هورمون رشد انسانی درون سلول انباشته شد، درحالی‌که افزایشی در مقدار هورمون انتقالی دیده نشد. تاکنون مکانیسم‌های انتقال پروتئین‌ها به پری‌پلاسم به‌طور کامل شناخته نشده است (۳).

ترشح خارج سلولی

انتقال و ترشح پروتئین نوترکیب در /شیریشیالکی فرآیند پیچیده‌ای است و چندین فاکتور روی موفقیت آن اثر می‌گذارد، از جمله اندازه پروتئین نوترکیب، ترکیب اسیدآمینو پیتید راهنما و هم‌چنین پروتئین هدف و مقادیر بیان (۲).

هدف‌گیری پروتئین سنتز شده جهت ترشح به محیط کشت فواید قابل توجهی دارد. متأسفانه /شیریشیالکی به‌طور عمومی پروتئین‌های اندکی را ترشح می‌کند و دستکاری مسیرهای انتقالی متعدد برای تسهیل ترشح پروتئین‌های خارجی امر بسیار دشواری است. درک مسیر ترشحي در /شیریشیالکی به‌منظور تصور مشکلات دخیل در ترشح پروتئین ضروری است (۳).

ویژگی اکثر سویه‌های /شیریشیالکی این است که مسیرهای سازماندهی شده برای انتقال پروتئین‌ها از غشاء خارجی را ندارند. روش‌های اصلی ترشح پروتئین در /شیریشیالکی قابل تقسیم به دو دسته است: (i) به‌کارگیری مسیرهای موجود برای پروتئین‌های ترشحي و (ii) استفاده از توالی‌های لیدر

(راهنما یا نشانه) ، همیارهای الحاقی، پروتئین‌های نفوذپذیر کننده (Permeabilizing protein)، مواد غذایی، یا سایر عوامل تأثیرگذار بر ترشح پروتئین در نتیجه "نشت" یا نفوذپذیری انتخابی برای خروج دارند. روش اول، مسیر وابسته به ذره شناسایی سیگنال (SRP) (Signal recognition particle ((SRP) مزیت ویژه‌ای در ترشح پروتئین مورد نظر دارد و حداقل آلودگی توسط پروتئین‌های غیر هدف را دارد. شاید بهترین مثال در این مورد ژن همولیزین باشد که برای ساخت پروتئین‌های هیبرید ترشحي مورد استفاده قرار می‌گیرد. SRP باکتری یک GTPase است که می‌تواند به توالی نشانه پروتئین‌های ترشحي خاص یا به قطعات ترنس ممبران پروتئین‌های غشاء داخلی متصل شود و سپس کمپلکس زنجیره نو پدید متصل به ریبوزوم به غشاء هدف گیری شود. روش دوم وابسته به القای نشت محدود در غشای خارجی منتج به ترشح پروتئین است. مثال‌هایی در این رابطه عبارتند از: استفاده از توالی راهنما *pelB*، توالی راهنما *ompA*، توالی راهنمای پروتئین A، بیان هم‌زمان پروتئین رهاسازی باکتریوسین، پروتئین رهاسازی باکتریوسین القاء شده با میتومايسين به همراه افزودن گلايسين به محیط کشت، و بیان هم‌زمان ژن *kil* جهت نفوذپذیر نمودن غشا. علاوه بر این دیده شده که بیان هم‌زمان دو فاکتور ترشحي (secY و secE)، ترشح پروتئین‌های خاصی را افزایش می‌دهد (۲۲).

پروتئین‌های الحاقی

پروتئین‌های نوترکیب هدف همیشه در حالت محلول ایجاد نمی‌شوند. برای پروتئین‌هایی با تمایل قطعات نامحلول، مهندسی متابولیک از طریق تکنولوژی پروتئین الحاقی (فیوژن پروتئین) منجر به بیان محلول می‌شود. در سال‌های اخیر افزایش قابل توجهی در مهارت و تنوع پروتئین‌های الحاقی مورد استفاده در تحقیقات بیولوژیک، مشاهده می‌شود. مزیت‌های پروتئین‌های الحاقی موارد کاربردی فراوانی را شامل می‌شود و در مطالعه‌های گسترده و جامعی مورد بررسی قرار گرفته‌اند. جدول ۳ بیش‌تر پروتئین‌های الحاقی شناخته شده را نشان می‌دهد. سایر مطالعه‌های طراحی و دست‌ورزی سایت‌های برش مناسب، شرط لازم پروتئین‌های الحاقی، جهت برش آنزیمی یا شیمیایی و حذف پروتئین‌های الحاقی را مورد

مطالعه قرار می‌دهند. این بخش به‌طور خلاصه استفاده از سیستم‌های الحاقی که دارای اثر مستقیم بر تولید بالا و در برخی موارد، ترشح پروتئین‌های هدف هستند را مورد بررسی قرار داده است (۳).

در واقع به‌منظور تسهیل بیان، حلالیت و تخلیص پروتئین‌های نو ترکیب تعداد زیادی از اجزای پروتئین الحاقی ایجاد شدند. این پروتئین‌های الحاقی یا کایمریک به‌طور معمول شامل یک جزء یا دنباله هستند که ممکن است مرتبط یا حتی نامرتبط به پروتئین‌های هدف باشند. اکثر همیارهای الحاقی برای هدف تخلیص با میل ترکیبی اختصاصی به کار می‌روند. این دنباله‌های الحاقی امتیازات دیگری نیز دارند: با حفاظت پروتئین از پروتئولیز داخل سلولی، حلالیت را افزایش می‌دهند یا می‌توانند به‌عنوان گزارشگرهای بیان اختصاصی GFP (پروتئین فلورسانت سبز) به‌طور مستقل یا در ترکیب با BFP (پروتئین فلورسانت آبی) برای سنجش انتقال انرژی فلورسانت (FRET) مورد استفاده قرار گیرند. مقادیر بالای بیان اغلب از N-ترمینال یک همیار الحاقی به یک توالی بیان شونده به‌طور ضعیف انتقال پیدا می‌کند (به‌احتمال به‌علت پایدار شدن mRNA). همان‌طور که پیش‌تر بحث شد، دنباله‌های میل ترکیبی معمول، دنباله پلی‌هیستیدین (His-tag) است که سازگار با کروماتوگرافی میل ترکیبی فلزی بدون حرکت (IMAC) و دنباله گلوکوتایون S- ترانسفرز برای تخلیص از طریق رزین بر پایه گلوکوتایون است. دنباله‌های میل ترکیبی دیگر نیز وجود دارد. پروتئین‌های الحاقی متداول دیگری با در نظر گرفتن بهینه سازی بیان نو ترکیب شامل پروتئین اتصال به مالتوز (MBP) و (N-utilizing NusA substance A) است که به‌طور ویژه باعث افزایش حلالیت پروتئین‌هایی می‌شوند که تمایل به تشکیل اینکلوزن بادی دارند (۲۲).

Uhlen و همکارانش همیار الحاقی چند منظوره‌ای را براساس پروتئین A استافیلوکوک یا مشتقات سنتتیک آن ایجاد نمودند. علاوه بر کاربرد آن به‌عنوان نشان تمایلی تخلیص، بخش پروتئین A به‌عنوان همیار محلول کننده جهت تاخوردگی بهتر پروتئین عمل می‌کند و حضور پپتید نشانه پروتئین A منجر به ترشح پروتئین به محیط کشت می‌شود.

یک همیار الحاقی دیگر مشتق از پروتئین G استافیلوکوک (SPG)، پروتئین دیواره سلولی باکتریایی، است که نواحی اتصال مجزایی برای آلبومین، درون دُمین انتهای آمینی خود، و ایمنوگلوبولین G، درون دُمین انتهای کربوکسیل خود، دارد. دُمین اتصال به آلبومین حداقل شامل ۴۶ ریشه (Residue) مشتق از SPG بوده و به‌عنوان نشان تمایلی برای تخلیص پروتئین‌های کدشونده با cDNA استفاده می‌شود. علاوه بر این، ترکیب دُمین‌های SPG و پروتئین A گزینه جدیدی برای تخلیص ارائه می‌دهد و پروتئین هدف را به میزان بیش‌تری از تخریب پروتئولیتیک محافظت می‌کند. کاربرد جالب و مهم دُمین اتصال به آلبومین توانایی آن در پایدار نمودن پروتئین‌های دارای عمر کوتاه در گردش پیرامونی (Peripheral circulation) پستانداران است؛ این اثر با واسطه‌ی اتصال دُمین SPG به آلبومین سرم، پروتئینی با طول عمر بالا ایجاد می‌شود. مطالعه‌ها نشان می‌دهند که همیارهای الحاقی مشتق از SPG نیمه‌عمر CD4 محلول انسانی را در موش افزایش داده و حذف گیرنده مکمل نوع ۱ آن را در موش صحرانی کاهش داده است (۳).

به‌تازگی سیستم تمایلی دیگری ساخته شده است که از ۷ نشان تمایلی مختلف استفاده می‌کند. این سیستم چندجزئی امکان استفاده از شرایط مختلف، برای مراحل اتصال و هم-چنین مراحل شستشو، و ابزاری مناسب جهت تولید، شناسایی، و تخلیص پروتئین‌های نو ترکیب را فراهم آورده است. اتصال تیوردوکسین به پروتئین‌های هدف حلالیت پروتئین‌های الحاقی تولید شده در سیتوپلاسم/شریشیاکلی را به میزان چشم‌گیری افزایش داده و از تشکیل اجسام انکلوزنی جلوگیری می‌کند. به‌طور مشابه، هومولوگ تیوردوکسین، DsbA، به‌عنوان همیار الحاقی برای هدایت انتقال پروتئین به پری‌پلاسم مورد استفاده قرار می‌گیرد. تمامی اجزاء الحاقی به‌یک میزان در کاهش تشکیل انکلوزن بادی مؤثر نیستند. Waugh و Kapust در یک مقایسه سیستمیک اثر اجزاء الحاقی مختلف در افزایش حلالیت ۶ پلی‌پپتید مستعد ایجاد اینکلوزن بادی مورد بررسی قرار داده و دریافتند که MBP بیش‌تر از تیوردوکسین یا گلوکوتایون S- ترانسفرز حل کننده است (۱).

جدول ۳. همیارهای الحاقی و کاربردهای آنها

| همیارهای الحاقی | لیگاند/ ماتریکس | شرایط تخلیص |
|---|---|---|
| Flag peptide | Anti-Flag monoclonal antibodies, M1, M2 | Low calcium, EDTA, glycine |
| His ₆ | Ni ²⁺ -nitrilotriacetic acid | Imidazole |
| Glutathione-S-transferase | Glutathione-Sepharose | Reduced glutathione |
| Staphylococcal protein A | Immunoglobulin G-Sepharose | Low pH, IgG-affinity ligand |
| Streptococcal protein G | Albumin | Low pH, albumin-affinity ligand |
| Calmodulin | Organic ligands, peptide ligands, DEAE Sephadex | Low calcium |
| Thioredoxin | ThioBond resin | Ion exchange |
| b-Galactosidase Ubiquitin | TPEG [®] -Sepharose | Borate |
| Chloramphenicol acetyltransferase | Chloramphenicol-Sepharose | Chloramphenicol |
| S-peptide (RNase A, residues 1-20) | S-protein (RNase A, residues 21-124) | Denaturing or non-denaturing conditions |
| Myosin heavy chain | | Differential solubility in low/high salt |
| DsbA | | |
| Biotin subunit (in vivo biotinylation) | | |
| Avidin | Biotin | Denaturation (urea, heat) |
| Streptavidin | Biotin | Denaturation (urea, heat) |
| Strep-tag | Streptavidin | 2-Iminobiotin, diamminobiotin |
| c-myc | Anti-myc antibody | |
| Dihydrofolate reductase | Methotrexate-agarose | Folate buffer |
| CKS ^c | | |
| Polyarginine | S-Sepharose | NaCl |
| Polycysteine | Thiopropyl-Sepharose | Dithiothreitol |
| Polyphenylalanine | Phenyl-Superose | Ethylene glycol |
| lac repressor | lac operator | Lactose analog, DNase, restriction endonuclease |
| T4 gp55 | | |
| Growth hormone N terminus | | |
| Maltose-binding protein | Amylose resin | Maltose |
| Galactose-binding protein | Galactose-Sepharose | Galactose |
| Cyclomaltodextrin glucanotransferase | a-Cyclodextrin-agarose | a-Cyclodextrin |
| Cellulose-binding domain | Cellulose | Water |
| Hemolysin A, E. coli | | |
| l cII protein | | |
| TrpE or TrpLE | | |
| Protein kinase site(s) | | |
| (AlaTrpTrpPro)n | | Aqueous two-phase extraction |
| HAId epitope | | |
| BTag (VP7 protein region of bluetongue virus) | Anti-BTag antibodies | |
| Green fluorescent protein (GFP) | | |
| Blue fluorescent protein (BFP) | | |

و همکارانش برای حذف یوبی کوئیتین از پروتئین‌های الحاقی، پروتئاز ویژه یوبی کوئیتین Ubp2 را هم‌زمان در اشریشیاکلی بیان نمودند و برش یوبی کوئیتین از پروتئین الحاقی را هم‌زمان با ترجمه تحریک نمودند (۳).

به‌طور معمول معایب اصلی تکنولوژی‌های پروتئین‌های الحاقی این است که اول جدا سازی پروتئین‌ها به پروتئازهای گران

الحاق ژن‌ها به توالی یوبی کوئیتین بازده تولید پروتئین را از مقادیر غیرقابل شناسایی به ۲۰٪ از کل پروتئین سلول افزایش داده است. نتایج مشابهی توسط سایر محققین به‌دست آمده است. افزایش قابل توجه در بازده پروتئین ناشی از حفاظت پروتئین هدف از پروتئولیز، تاخوردگی مناسب‌تر، و ترجمه کارآمد mRNA خواهد بود. یوبی کوئیتین یا مسیر متابولیک یوبی کوئیتین در ارگانیسم‌های پروکاریوت وجود ندارد. Baker

(مثل فاکتور Xa و انتروکیناز) نیاز دارد، دوم شکست به‌ندرت کامل می‌شود و منجر به کاهش بازدهی می‌شود و سوم مراحل دیگری لازم است تا یک محصول فعال (با تاخوردگی و ایزومریزاسیون باندهای دی‌سولفیدی) به‌دست آید و در نهایت حلالیت تضمین نمی‌شود (۱).

چاپرون‌های مولکولی

امروزه ثابت شده است که تاخوردن مؤثر پروتئین‌ها پس از ترجمه، گردهم‌آیی پلی‌پپتیدها به‌صورت ساختارهای الیگومریک، و استقرار پروتئین‌ها به‌واسطه پروتئین‌های اختصاصی به نام چاپرون‌های مولکولی امکان‌پذیر است. اثبات اینکه تولید و گردهم‌آیی کارآمد ریبولوز بیس فسفات کربوکسیلاز پروکاریوتی در *اشریشیاکلی* نیازمند پروتئین‌های GroES و GroEL است، منجر به تمایل فزاینده‌ای در استفاده از چاپرون‌های مولکولی برای بیان ژن در *اشریشیاکلی* گردید. با این‌حال، نتایج تجربی حاصل از استفاده چاپرون‌ها متناقض بوده و اثرهای تولید هم‌زمان چاپرون‌ها در بیان ژن به‌ظاهر محدود به نوع پروتئین است. به‌عنوان مثال، با این‌که بیش از ۴۰۰ محقق از پلاسمیدهای GroESL استفاده نموده‌اند اما تنها نیمی از آن‌ها بهبود بیان ژن را گزارش نمودند. این مطلب با مشاهده‌های اخیر مبنی بر این‌که تولید هم‌زمان تیوردوکسین باعث افزایش قابل توجه در حلالیت ۸ پروتئین مهره‌داران شده، در حالی‌که تولید هم‌زمان چاپرون‌های GroESL حلالیت تنها چهار مورد از این پروتئین‌ها را افزایش داده است، هم‌خوانی دارد. این‌که سطوح درون‌سلولی گونه‌های مختلف چاپرون محدود به شرایط بیان بالای ژن است، همچنان نامعلوم باقی‌مانده است. به‌عنوان مثال، Knappik و همکارانش اثر کاتالیست‌های فرآیند تاخوردگی را بر تولید قطعات آنتی‌بادی در پری‌پلاسم مورد آزمایش قرار دادند. با این‌که وجود پروتئین ایجاد‌کننده باند دی‌سولفیدی DsbA درون سلول به‌طور کامل ضروری است، اما بیان بیش از حد آن بازده تولید قطعه‌های آنتی‌بادی را افزایش نمی‌دهد. محققان فرضیه‌ها و تصوراتی استفاده از چاپرون‌ها در بیان ژن را مورد بازبینی قرار داده و اظهارهای دقیق و مستدلی را ارائه دادند (۳).

چاپرون‌های مولکولی بر اساس مکانیسم عمل به سه کلاس تقسیم بندی می‌شوند: (۱) چاپرون‌های تاخوردن (folding chaperons): چاپرون‌های تاخوردن مثل DnaK و GroEL که تاخوردن مجدد یا عدم تاخوردن سوبستراهایشان را از طریق تغییر کنفورماسیون وابسته به ATP وساطت می‌کنند و از این طریق نیز از تشکیل انکلوژن بادی از طریق کاهش تجمعات جلوگیری می‌کند و پروتئولیز پروتئین‌هایی را که به اشتباه تاخوردند را تحریک می‌کند. (۲) چاپرون‌های نگهدارنده (Holding chaperons): مثل IbpA و IbpB که می‌تواند مشترک با چاپرون‌های تاخوردن عمل کند و تا حدی پروتئین‌های تاخوردن را روی سطحشان و تحت شرایط خاصی نگه دارد و پروتئین‌های دناتوره شده بر اثر گرما را از تجمعات برگشت ناپذیر حفاظت کند. (۳) چاپرون‌های جلوگیری‌کننده از تجمع (chaperons Disaggregate): مثل clpB و HtpG که باعث تحریک حلالیت پروتئین‌های تجمع یافته‌ی القاء‌کننده استرس می‌شوند (۲۲).

به‌طور عمومی تاخوردن پروتئین در جهت ایجاد محصول نهایی پایدار به لحاظ ترمودینامیکی پیش می‌رود. پروتئین‌هایی که شدید ناپایدار هستند حتی در حضور چاپرون‌ها، به احتمال به‌طور نادرستی تا می‌خورند. بنابراین نقص پلی‌پپتید‌ها، تولید دُمین‌های نشانه از کمپلکس‌های پروتئینی چند زیرواحدی، فقدان تشکیل باندهای دی‌سولفیدی که به‌طور معمول در ساختار پروتئین مشارکت دارند، یا نبود اصلاحات پس از ترجمه از جمله قندی‌شدن، دستیابی به پایداری ترمودینامیکی را غیرممکن می‌سازند. علاوه بر این واضح است که انواع مختلف چاپرون‌ها به‌طور هماهنگ عمل می‌کنند. بنابراین تولید بیش از حد یک چاپرون نشانه بی‌نتیجه خواهد بود. به‌عنوان مثال، تولید بالای DnaK به‌تنهایی باعث ناپایداری پلاسمید می‌گردد که این ناپایداری با تولید هم‌زمان DnaJ کاهش می‌یابد. به‌طور مشابه بیان هم‌زمان ۳ ژن چاپرون در *اشریشیاکلی* حلالیت کینازهای متعددی را افزایش می‌دهد. در برخی موارد، ضروری است چاپرون‌های کلون‌شده از منشأ یکسان به‌عنوان پروتئین هدف به‌طور هم‌زمان بیان شوند. متغیر مورد نظر دیگر دمای رشد است. به‌عنوان مثال، بیان هم‌زمان GroES-GroEL تولید بتا گالاکتوزیداز را در

DsbA، پروتئین پری پلاسمی محلول، تشکیل باند دی-سولفیدی را در پروتئین‌ها به طور مستقیم کاتالیز می‌کند؛ در حالی که DsbB، پروتئین غشای داخلی، در اکسیداسیون مجدد DsbA نقش دارد. PDI یوکاریوتی قادر به کامل نمودن فنوتیپ‌های موتانت خنثی *dsbA* است، اما عملکرد آن در موتانت‌های *dsbB* کمابیش از بین رفته است. علاوه بر این، توانایی PDI برای افزایش بازده پروتئین‌های هدف با افزودن گلوکاتیون خارجی افزایش می‌یابد. این مشاهده‌ها پیشنهاد می‌کنند که PDI برای اکسیداسیون مجدد خود وابسته به پروتئین‌های ردوکس باکتریایی است. بیان PDI موش صحرائی جهت تقویت تاخوردگی صحیح فعال‌کننده پلاسمینوژن بافتی، گزارش شده است (۳).

دمای ۳۰ درجه افزایش می‌دهد اما این اتفاق در ۳۷ یا ۴۲ درجه اتفاق نمی‌افتد؛ این درحالی است که DnaJ و DnaK در تمام دماهای تست شده مؤثر بودند. در نهایت این که بیان بالای چاپرون‌ها می‌تواند منجر به تغییرهای فنوتیپی از جمله رشته‌ای شدن سلول شود و زنده ماندن سلول و تولید پروتئین را به مخاطره اندازد (۳).

در دو گزارش اخیر نشان داده شده است که بیان هم‌زمان پروتئین دی‌سولفید ایزومراز (PDI) انسان و موش صحرائی با ژن هدف، بازده پروتئین با تاخوردگی صحیح را در پری پلاسم /شریشیالکی افزایش می‌دهد. تشکیل باند دی‌سولفیدی در پری پلاسم توسط گروهی از پروتئین‌ها تسهیل می‌شود که پتانسیل ردوکس صحیح را حفظ می‌کنند. تصور می‌شود که

جدول ۴. کدون‌های کم‌کاربرد در *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 |

بایستی تاخوردگی نامناسب پروتئین را رد کند. در واقع، استفاده از پروموتورهای ضعیف‌تر یا شرایط القای جزئی پروموتورهای قوی‌تر می‌تواند منجر به تولید مقادیر بیش‌تر پروتئین محلول شود. Kadokura و همکارانش ثابت نمودند توانایی موتانت‌های /شریشیالکی برای ترشح مقادیر فراوان آلکالین فسفاتاز به پری پلاسم به علت سرعت پایین‌تر سنتز محصول ژن *phoA* است (۳).

انطباق کدون‌های ترجمه (Codon Usage)

انطباق کدون‌های ترجمه، عدم استفاده ژن‌های یوکاریوتی و پروکاریوتی از کدون‌های هم‌معنی به میزان یکسان است. یکی از مشکل‌ها در کلون کردن و بیان هترولوگ ژن‌ها، موضوع انطباق کدون‌های ترجمه است، زیرا به طور معمول موجب عدم

بیان هم‌زمان ژن‌های مختلف کدکننده چاپرون و پروتئین‌های هدف نوترکیب در افزایش پروتئین بیان شده در بخش محلول مؤثر است. به طور مثل بیان هم‌زمان سیستم چاپرونی DnaK-GrpE و DnaJ- GroEs- GroEL همراه با فاکتور شروع کننده، حلالیت پروتئین‌های بیان شده را افزایش می‌دهد. سیستم‌های چاپرونی، تعاونی هستند و بهترین استراتژی شامل بیان هم‌زمان ترکیب‌های چاپرون‌های متعلق به GroEL, DnaK, ClpB و خانواده چاپرون‌های شروع کننده همراه با ریبوزوم است (۲۴).

تاخوردگی نادرست پروتئین به غلظت‌های درون سلولی واسطه‌های مستعد تجمع (Aggregation-prone) نسبت داده می‌شود. بنابراین، با این که موضوع این مقاله حداکثر نمودن سنتز پروتئین است اما کاهش سرعت سنتز پروتئین

بیان مناسب ژن‌های مربوط به یک ارگانیسم در ارگانیسم دیگر می‌شود. علت این امر تفاوت در الگوی کدون‌های پرکاربرد یا کدون‌های دارای tRNAهای فراوان در ارگانیسم‌های متفاوت است. برای جلوگیری از این مشکل، یا با توالی ژن مورد نظر را با الگوی کاربرد کدون میزبان تغییر داده و ژن به صورت سنتتیک تولید می‌شود یا از سویه‌های دست‌ورزی شده‌ای استفاده می‌گردد که به خوبی توانایی ترجمه همه کدون‌ها را دارند. در برخی ارگانیسم‌ها مشخص شده است که مقدار بعضی از گونه‌های tRNA در سلول کم (tRNA نادر) است که از قضا مسئول شناسایی کدون‌های مختلفی (کدون‌های دژنره (Degenerated Codon)) هستند. لذا ژنی که بیش‌تر کدون‌های آن نیازمند مولکول‌های tRNA نادر هستند، دچار تأخیر در ترجمه شده و در میزان فراورده نهایی آن مؤثر خواهد بود (۲۵).

آنالیز سیستماتیک الگوی انطباق کدون‌های ترجمه در /شیریشیاکلی مشاهده‌های زیر را در پی داشته‌اند (۱). کمابیش برای تمام خانواده‌های کدون‌های دژنره گرایش کدونی (codon bias) نسبت به یک یا دو کدون خاص وجود دارد. (۲) کدون‌های ویژه‌ای بارها توسط ژن‌های مختلف، صرف‌نظر از فراوانی پروتئین مربوطه، مورد استفاده قرار می‌گیرند؛ به عنوان مثال، CCG کدون ترجیحی برای پرولین است (۳). ژن‌های دارای بیان بالا نسبت به ژن‌هایی که در سطوح پایین یا متوسط بیان می‌شوند، گرایش کدونی بیش‌تری از خود نشان می‌دهند. لذا انطباق کدون‌های ترجمه در ژن‌های دارای بیان بالا، اهمیت بیش‌تری دارد. (۴) فرکانس استفاده از کدون‌های هم‌معنی به‌طور معمول بیانگر فراوانی tRNA هم-جنس آن‌هاست. این مشاهده‌ها اشاره بر این دارد که ژن‌های هترولوگ غنی از کدون‌هایی که به‌ندرت توسط /شیریشیاکلی مورد استفاده قرار می‌گیرند، ممکن است در /شیریشیاکلی به-نحو مکرراً تری بیان نشوند (۳).

tRNA^{Arg (AGG/AGA)} فرعی آرژینین به‌عنوان فاکتور محدود-کننده در بیان باکتریایی بسیاری از ژن‌های پستانداران شناخته شده است، زیرا کدون‌های AGA و AGG به‌ندرت توسط /شیریشیاکلی استفاده می‌شوند. این معضل با موتاسیون

هدایت شده و جایگزینی کدون‌های کمیاب آرژینین با کدون ترجیحی (CGC) آن در /شیریشیاکلی قابل حل است (۲۵). بیان هم‌زمان ژن *argU* (*dnaY*) کدکننده tRNA^{Arg (AGG/AGA)} منجر به تولید فراوان پروتئین هدف می‌شود. هنگامی که کدون‌های AGG قبل از کدون دهم از کدون آغازی ژن *lacZ* جای داده می‌شوند، تولید بتاگالاکتوزیداز کاهش می‌یابد. به‌طور مشابه، Goldman و همکارانش گزارش نمودند که وقتی کدون‌های با کاربرد اندک به‌طور متوالی در نزدیکی انتهای 5' mRNA قرار گیرند، ممانعت ترجمه mRNA مورد آزمایش در لوسین و هم‌چنین آرژینین بسیار قوی‌تر خواهد بود. Ivanov و همکارانش گزارش نمودند که تکرار پشت سرهم کدون AGG منجر به ممانعت اساسی در بیان ژن، مستقل از محل استقرار آن‌ها در mRNA، می‌شود. این محققان تأثیر بازدارندگی را به رقابت کدون‌های AGGAGG پشت‌سرهم با توالی SD طبیعی نسبت می‌دهند. بیان ژن ICP4 هرپس سیمپلکس ویروس به‌علت وجود قطعه پیوسته از کمابیش ۱۹ ریشه سرین بی‌تأثیر است. بهبودی در کارایی سنتز ICP4 به کمک موتاسیون خاموش در منطقه غنی از سرین، مکمل‌سازی محیط کشت با سرین، بیان بالای سرین-تنتاز، یا بیان tRNA^{Ser5}، مشاهده نشد. سطح بیان ژن به‌نسبت معکوس متناسب با تعداد کدون‌های سرین در این منطقه است. با این‌که این مورد به‌طور مسلم یک مورد افراطی است اما بر اثرهای معکوس قطعه‌های بلند با کدون‌های مشابه بر کارایی ترجمه دلالت دارد. از طرفی محققان دیگر بیان کارآمد ژن‌هایی را گزارش نموده‌اند که حاوی کدون‌های کم کاربرد هستند. در مورد ژن Vβ5.3 گیرنده سلول T انسانی که ۴٪ آن کدون‌های AGA/AGG است، افزایش منبع درون‌سلولی tRNA^{Arg (AGG/AGA)} منجر به افزایش قابل توجه مقادیر Vβ5.3 شناسایی شده در سلول نمی‌شود (۳). لذا برای حل مشکل کاربرد و ترجیح کدونی دو استراتژی قابل استفاده است: (۱) بهینه‌سازی کدون (codon optimization) توالی‌های کدکننده خارجی و (۲) افزایش و در دسترس قرار دادن tRNAهای کمیاب در میزبان اصلاح شده است (۲۶). منطق پشت بهینه‌سازی انطباق کدون‌های ترجمه، تغییر کدون نادر در ژن هدف، به کدون رایج میزبان است. به‌طوری‌که توالی اسیدآمینه پروتئین کدشده در این

های آزاد، و مهندسی ژنتیک. چنین پروتئین‌های نابهنجاری توسط ماشین پروتئولیتیک باکتریایی حذف می‌شوند. تاکنون، مکانیسم تخریب پروتئین به‌طور کامل شناخته نشده است و تمام مسیرها یا آنزیم‌های پروتئولیتیک عملگر در /شریشیکی شناخته نشده‌اند. به‌عنوان مثال، پروتئاز جدیدی در ارتباط با غشای خارجی به‌تازگی شناخته شده است و مکانیسم جدیدی برای تخریب پروتئین‌های غیرعادی در /شریشیکی آشکار شده است. توجه علمی به این حیطة ابزارها و استراتژی‌های جدیدی برای به حداقل رساندن تخریب پروتئین‌های هترولوگ در /شریشیکی ایجاد نموده است (۳).

با این‌که ویژگی‌های ساختاری دقیقی که تغییرپذیری پروتئین‌ها را سبب می‌شود شناخته نشده‌اند، اما یک سری از شاخص‌های ناپایداری پروتئین روشن شده‌اند. در مجموعه‌ای از مطالعه‌های سیستماتیک، Varshavsky و همکارانش قانون انتهای N را تنظیم نمودند که پایداری متابولیک یک پروتئین را به ریشه‌های انتهای آمینو مرتبط می‌داند. بنابراین، در *E. coli*، Arg، Lys، Leu، Phe، Tyr و Trp انتهای آمینو نیمه عمر دو دقیقه‌ای به پروتئین مورد نظر اعطا می‌کنند، در حالی‌که سایر اسیدهای آمینه به جز پرولین نیمه‌عمری بیش از ده ساعت به همان پروتئین ارائه می‌دهند. آمینواسیدهای با زنجیره جانبی کوچک در جایگاه دوم پلی‌پپتید کاتالیز متیونین انتهای آمینو توسط متیونین آمینوپپتیداز را تسهیل می‌کنند. بنابراین، مطالعه‌ها پیشنهاد می‌کنند که به‌احتمال Leu در موقعیت دوم با حذف ریشه متیونین در معرض قرار گرفته و منجر به ناپایداری پروتئین می‌شود. شاخص دوم ناپایداری پروتئین ریشه لیزین داخلی ویژه‌ای است که نزدیک انتهای آمینو قرار گرفته است. این ریشه پذیرنده زنجیره مولتی یوبی‌کوئیتین است که تخریب پروتئین را توسط پروتئاز وابسته به یوبی‌کوئیتین در یوکاریوت‌ها تسهیل می‌کند. نکته جالب توجه این است که در یک پروتئین چند زیرواحدی، این دو شاخص می‌توانند در زیرواحدهای مختلفی قرار گرفته و هم‌چنان پروتئین را برای پردازش مورد هدف قرار دهند (۳). ارتباط دیگر بین محتوای آمینواسیدی و ناپایداری پروتئین در فرضیه PEST مطرح شده است. براساس آنالیزهای آماری پروتئین‌های یوکاریوتی که دارای عمر کوتاهی هستند، تصور

روند نباید تغییر کند (۲۸، ۲۷). این امر با جهش‌زایی هدایت شده خاموش (site-directed silent mutagenesis) و یا سنتز کل ژن یا بخش‌هایی از آن میسر می‌گردد. بهینه‌سازی کدون توسط جهش‌زایی هدایت شده خاموش یک فرآیند سخت و گران است، بنابراین زمانی که پروتئین‌های نو ترکیب زیادی مورد نیاز است مفید خواهد بود. از سوی دیگر، طراحی و سنتز ژن مستلزم انتخاب بهترین توالی از تعداد زیادی از ترکیب‌های ممکن است. ساده‌ترین روش، یک استراتژی به نام "یک آمینو اسید، یک کدون" است، که جایگزینی تمام کدون‌های یک اسید آمینه داده شده با فراوان‌ترین کدون در ژن هدف میزبان است. الگوریتم‌های پیشرفته‌تر، که پارامترهای دیگری مانند بهینه‌سازی زمینه کدون (codon context) و هماهنگی کدونی (codon harmonization)، مطرح شده‌اند (۲۹) که بعضی از آن‌ها به‌صورت وب سرور و یا نرم‌افزار مستقل در دسترس هستند (۱). از طرفی، برای تولید و بیان بالای پروتئین نو ترکیب هترولوگ در سلول‌ها، در دسترس بودن tRNA شارژ شده کدون نادر عامل عمده تعیین‌کننده سطح پروتئین تولید شده است (۳۰). کاهش tRNAهای با فراوانی کم باعث به تأخیر انداختن ریبوزوم و متعاقب آن جدا شدن از رشته RNA و در نتیجه، عدم تولید یک محصول کامل می‌گردد (۳۱). برای حل این معضل، چندین سویه حامل پلاسمید حاوی نسخه‌های اضافی ژن tRNAهای نادر می‌توانند مورد استفاده قرار گیرند.

تخریب پروتئین

پروتئولیز پروسه‌ای انتخابی و بسیار تنظیم‌شده است که نقش مهمی در فیزیولوژی سلول دارد. /شریشیکی حاوی تعداد زیادی پروتئاز است که در سیتوپلاسم، پری‌پلاسم و غشاهای داخلی و خارجی استقرار یافته‌اند. این آنزیم‌های پروتئولیتیک در بسیاری از فعالیت‌های متابولیک، از جمله حذف انتخابی پروتئین‌های غیرعادی، مشارکت دارند. آسیب یا تغییر پروتئین ممکن است ناشی از شرایط مختلفی باشد از جمله پلی-پپتیدهای ناقص، موتاسیون‌های ناشی از جاننشینی آمینواسید، سنتز بیش از حد زیرواحدها در کمپلکس‌های مولتی‌مری، آسیب پس از ترجمه به‌واسطه اکسیداسیون یا حمله رادیکال-

می‌شود پروتئین‌ها توسط مناطق غنی از Ser, Glu, Pro و Thr احاطه شده توسط ریشه‌های آمینواسید خاصی ناپایدار می‌شوند. فسفریلاسیون دُمین‌های PEST منجر به افزایش اتصال کلسیم شده و تخریب پروتئین توسط پروتئازهای وابسته به کلسیم را تسهیل می‌کند. پیشنهاد شده است که پروتئین‌های غنی از PEST به‌نحو کارآمدی در *اشریشیاکلی* تولید می‌شوند، زیرا به‌ظاهر فاقد سیستم پروتئولیتیک PEST است (۳).

استراتژی‌های به حداقل رساندن پروتئولیز پروتئین‌های نو ترکیب در *اشریشیاکلی* در جدول ۲ خلاصه شده است. این استراتژی‌ها عبارتند از: هدف‌گیری پروتئین به پری‌پلاسم یا محیط کشت، استفاده از سویه‌های میزبان دارای نقص در پروتئازها، رشد سلول‌های میزبان در دمای پایین، ساخت پروتئین‌های الحاقی انتهای آمینو یا کربوکسیل، الحاق پشت سرهم چندین کپی از ژن هدف، بیان هم‌زمان چاپرون‌های مولکولی، بیان هم‌زمان ژن *T4 pin*، حذف سایت‌های برش پروتئازی با جایگزینی برخی آمینواسیدها، بهینه‌سازی شرایط تخمیر و تغییر هیدروفوبیسیتته پروتئین هدف (۳).

با اینکه روش‌های مختلف برای پایداری پروتئین مؤید ابتکار محققان است، اما سودمندی برخی از روش‌های فوق بسته به نوع استفاده پروتئین نو ترکیب دارای محدودیت است. بنابراین، به‌عنوان مثال، حضور بخش الحاقی در پروتئین هدف ممکن است با خصوصیت‌های ساختاری و عملکردی یا کاربردهای درمانی محصول تداخل داشته باشد. دست‌ورزی شیمیایی یا آنزیمی سایت‌های برش برای حذف بعدی همیارهای الحاقی، پروسه پیچیده‌ای است که ملاحظات فراوانی را به همراه دارد: در دسترس بودن سایت‌های برش برای هضم آنزیمی؛ خلوص، ویژگی، و هزینه آنزیم‌های تجاری موجود؛ صحت انتهای آمینو یا کربوکسی برپایه هضم آنزیمی؛ تغییرهای محتمل در پروتئین هدف بر اساس تیمار شیمیایی، و از قبیل آن. برای تولید پروتئین‌های الحاقی در مقیاس بالا، برخی از این مشکلات چند برابر می‌شوند. الحاق کپی‌های چندتایی ژن هدف برای ساخت پلی‌پپتیدی با چند دُمین، مستلزم تبدیل متعاقب آن به واحدهای پروتئینی منومری توسط برش با

سیانوزن بروماید است. در این مورد، پروتئین هدف نباید حاوی ریشه‌های متیونین داخلی باشد و از طرفی بایستی قادر به مقاومت در برابر شرایط سخت واکنش باشد. علاوه‌براین تغییرهای محدودی در زنجیره جانبی اسیدهای آمینه ممکن است رخ دهد و سمیت سیانوزن بروماید مسأله مهمی در واکنش‌های برش در مقیاس بالا پدید می‌آورد. به‌طور مشابه، تغییرهای منطقی توالی یک پروتئین مستلزم اطلاعات ساختاری زیادی است که ممکن است این اطلاعات در دسترس نباشند. چاپرون‌های مولکولی به‌طور موفقیت‌آمیزی جهت پایداری پروتئین‌های ویژه‌ای مورد استفاده قرار گرفته‌اند اما قطعیت این روش هنوز تأیید نشده است (۳).

سیتوپلاسم/*اشریشیاکلی* نسبت به پری‌پلاسم حاوی پروتئازهای بیش‌تری است. بنابراین، احتمال تخریب پروتئین‌های تجمع‌یافته در پری‌پلاسم کم‌تر است. به‌عنوان مثال پروانسولین تجمع یافته در پری‌پلاسم ده برابر پایدار از نوع تولید شده در سیتوپلاسم است. با این‌حال، فعالیت پروتئولیتیک در پری‌پلاسم قابل توجه است. ترشح به محیط کشت روش جایگزین بهتری برای پایداری پروتئین است. متأسفانه تکنولوژی ترشح پروتئین از *اشریشیاکلی* به محیط کشت هنوز در مراحل ابتدایی خود به‌سر می‌برد. کاتالیزور اصلی تخریب پروتئین در باکتری‌ها القای پروتئین‌های شوک گرمایی در پاسخ به شرایط مختلف استرس، از جمله القای دمایی بیان ژن یا تجمع پروتئین‌های خارجی غیرعادی در سیتوپلاسم، است. در چنین شرایطی تولید محصول ژن *lon* پروتئاز La، و سایر پروتئازها تقویت می‌شود. این مشکل با استفاده از سویه‌های میزبان دارای نقص در جایگاه *rpoH* (*htpR*) به حداقل رسید. ژن *rpoH* زیرواحد σ^{32} RNA پلی‌مراز را کد می‌کند، که فعالیت‌های پروتئولیتیک مختلفی را در *اشریشیاکلی* تنظیم می‌کند. میزبان‌های حامل موتاسیون *rpoH* ثبت شده‌اند و تولید پروتئین‌های خارجی را در *اشریشیاکلی* به میزان قابل توجهی افزایش داده‌اند. سویه SG21173 که در پروتئاز La و Clp و جایگاه *rpoH* دارای نقص است، در تولید پروتئین بسیار کارآمد است. میزبان‌های زیادی وجود دارند که دارای نقص در پروتئازها هستند، از جمله انواعی که به لحاظ تمام جایگاه‌های پروتئازهای شناخته‌شده دارای نقص هستند و این

شرایط تخمیر

تولید پروتئین در *شریشیا کالی* با استفاده از سیستم‌های کشت با چگالی سلولی بالا به میزان زیادی قابل افزایش است. این سیستم‌ها در سه گروه *batch*، *fed batch* و *continuous* تقسیم‌بندی می‌شوند. در این روش‌ها به غلظت‌های سلولی بیش از ۱۰۰ g/L می‌توان دست پیدا نمود و تولید مقرون به-صرفه پروتئین نوترکیب امکان‌پذیر است (۳۶). مقالات مروری در مورد سیستم‌های تخمیر در مقیاس بالا منتشر شده است. ترکیب محیط کشت رشد سلول بایستی به‌طور دقیقی طراحی و کنترل شود زیرا ممکن است اثرهای متابولیک مهمی بر تولید پروتئین داشته باشد. به‌عنوان مثال، ترجمه mRNAهای مختلف علاوه بر تغییرهایی در محیط کشت، توسط دما نیز تحت تأثیر قرار می‌گیرد. ترکیب مواد غذایی و متغیرهای تخمیر از جمله دما، pH، و سایر پارامترها می‌توانند بر فعالیت پروتئولیتیک، ترشح، و میزان تولید تأثیر بگذارند. دستکاری‌های ویژه‌ای در محیط کشت انجام شده است که آزادسازی پروتئین به محیط کشت را تقویت نموده است. افزودن گلیسین به محیط رشد آزادسازی پروتئین‌های پری-پلاسمی به محیط کشت را، بدون لیز سلولی قابل توجهی، تقویت نموده است. به‌طور مشابه، رشد سلول‌ها تحت استرس اسمزی در حضور سوربیتول و گلیسیل بتائین بیش از ۴۰۰ برابر افزایش در تولید پروتئین فعال و محلول ایجاد نموده است (۳۷).

سیستم‌های کشت با چگالی سلولی بالا دارای معایبی هستند از جمله: دسترسی محدود به اکسیژن محلول در چگالی سلولی بالا، مقادیر دی‌اکسید کربن که می‌تواند نرخ رشد را کاهش و تشکیل استات را افزایش دهد، کاهش در کارایی اختلاط فرمانتور، و تولید گرما. تکنیک‌هایی برای به حداقل رساندن این معایب به‌طور جزئی مورد آزمایش قرار گرفته‌اند. ساده‌ترین راه برای افزایش مقدار اکسیژن موجود در ظروف کشت، افزایش سرعت لرزش (*shaking*) (۳۵۰-۴۰۰ rpm)، تا حدی که تولید کف نکند، است. البته در صورت کف کردن، افزودن یک ماده ضدکف (*antifoaming*) توصیه می‌شود، هرچند ضدکف‌ها بر میزان رشد برخی ارگانیس‌ها و تولید

مسأله بر پایداری پروتئین ترش‌حی تأثیرگذار است. پروتئولیز ممکن است بیش از آن که علتی برای مشکل تاخوردگی باشد، یک اثر باشد، که به‌عنوان سیستم دفع مواد تجمع یافته و غلط تاخوردگی عمل می‌کند. بنابراین، عدم وجود پروتئازها احتمال افزایش سمیت را در میزبان به‌عنوان نتیجه انباشت پروتئین-های غیرعادی، به همراه خواهد داشت (۳).

فولدینگ پروتئین و تخریب پروتئولیتیک به‌طور عمیقی در ارتباط با کاتابولیسم بوده و با بازیافت فولدینگ نادرست یا پروتئین آسیب دیده در حفظ منابع سلولی مؤثر است. در سیتوپلاسم باکتری *شریشیا کالی*، بیش تر (البته نه همه) مراحل تخریب اولیه توسط پنج Hsp وابسته به ATP انجام می‌شود: ClpXP، ClpAP، FtsH / HflB، Lon/La، ClpYQ / HslUV. هر پروتئین هترولوگ غنی از اسیدآمینوهای غیرقطبی در پایانه کربوکسیل، سوبستر مناسبی برای پروتئازهای سلولی خواهد بود (۳۲). یک استراتژی ممکن برای جلوگیری از تخریب پروتئین این است که از گونه‌های میزبان دارای جهش در ژن پروتئاز استفاده شود. با این حال، اشکالاتی در این روش وجود دارد. به‌عنوان مثال، غیرفعال شدن Lon منجر به رشته‌ای شدن پروتئین می‌شود و FtsH یک پروتئین ضروری برای جهش‌های حساس به حرارت است. علاوه بر این، چندین پروتئاز وجود دارند که به‌طور معمول در تخریب یک پروتئین خاص نقش دارند، اما جهش در ژن‌های کدکننده پروتئازها، نرخ رشد سلول را کاهش خواهد داد. یک استراتژی دیگر این است که پلی پپتید مورد نظر به‌صورت نامحلول در سلول تولید شود، زیرا پروتئین‌های انکلوژیونی از تخریب محافظت می‌شوند. برای یک پروتئین معمول و محلول، این را می‌توان با استفاده از سوبه‌های جهش‌یافته در سیستم‌های چاپرونی مولکولی اصلی به‌دست آورد (۳۳، ۳۴). با این حال، لازم به ذکر است که پروتئازهای خاصی (مانند OmpT) به سطح اجسام انکلوژیون جذب شده و ممکن است پروتئین را در حین فرآیند فولدینگ مجدد تخریب نمایند (۳۲، ۱). پروتئاز غشای داخلی، FtsH، نیز تحت شرایط دناتوره فعال شده و می‌تواند پروتئین‌های نوترکیب مرتبط با غشاء داخلی را در حین فولدینگ مجدد پردازش کند (۳۵).

پروتئین نو ترکیب تأثیر دارند (۳۸، ۱). همچنین، هوادهی مناسب بستگی به نسبت حجم به ظرفیت ظرف محیط کشت دارد. به عنوان یک قاعده کلی، حجم محیط کشت باید کم تر یا برابر ۱۰٪ ظرفیت ظرف باشد (۱). چالش اصلی در تولید پروتئین نو ترکیب با این سیستم انباشته شدن استات است که عاملی لیپوفیلیک بوده و برای رشد سلول مضر است. استراتژی های متعددی برای کاهش تولید استات ابداع شده اند اما دارای معایب متعددی هستند. این مشکل به تازگی از طریق مهندسی متابولیک در *اشریشیا کلی* برطرف شده است. ژن *alsS* باکتری *باسیلوس سوبتیلیس* کدکننده آنزیم استولاکتات سنتاز در سلول های *اشریشیا کلی* کلون شده است. این آنزیم تولید پیرووات به محصولی غیرسمی و غیر اسیدی را کاتالیز می کند. کاهش در انباشت استات پیشرفت مهمی در تولید پروتئین نو ترکیب ایجاد نمود. سویه های موتان *اشریشیا کلی* که در سایر آنزیم ها دارای نقص هستند نیز ایجاد شده اند و استات کمتری و مقادیر بیشتر پروتئین های نو ترکیب انسانی را تولید نموده اند (۳۷).

دو پارامتری که در فرآیند تولید پروتئین نو ترکیب به ندرت مورد بحث قرار گرفته اند، کشت آغازگر (starting culture) و زمان القاء کشت است. اکثر پروتکل ها کاربرد پیش کشت یک شبه اشباع شده با فاکتور رقت ۱/۱۰۰ در محیط کشت بزرگتر را پیشنهاد نموده اند. البته ممکن است سلول های محیط آغازگر در وضعیت متابولیک یکسان نباشند که پس از رقت در محیط های تازه، ممکن است در نقاط غیرقابل القاء باشند. پیش کشت مناسب با سلول ها در مرحله رشد فعال یکسان را می توان با رشد آغازگر یک شب در ۲۰-۲۵ درجه یا با استفاده از یک سیستم آهسته رهش گلوکز تهیه نمود. پس از تلقیح و رشد بیشتر، زمان القاء است که اغلب در اواسط فاز لگاریتمی که سلول ها به سرعت در حال رشدند و ترجمه پروتئین حداکثر است، صورت می گیرد (۳۹، ۱). در محیط های القایی اتوماتیک (auto induction media)، مخلوطی از گلوکز، لاکتوز، و گلیسرول در یک ترکیب بهینه سازی شده استفاده می شود. گلوکز منبع ترجیحی کربن در طول دوره رشد است، که معمولاً در اواسط تا اواخر فاز لگاریتمی متابولیزه می شود و تا تخلیه کامل گلوکز جذب لاکتوز صورت نمی گیرد (۴۰، ۱).

سیستم بدون سلول

سنتز پروتئین بدون سلول (Cell-Free Protein Synthesis) (CFPS) رونویسی و ترجمه در شرایط آزمایشگاهی، سیستمی بسیار مقتدر و مطلوب برای تولید سریع و انبوه یک پروتئین هدف است. سیستم بدون سلول علاوه بر سادگی، دارای پتانسیل مهندسی بیشتر و انعطاف پذیری است. عصاره های سلولی، طیف وسیعی از اجزا مانند اسیدهای آمینه جدید، نوکلئوتیدهای سنتتیک، کوفاکتورها و پروتئین های توکسیک برای سلول های زنده، می تواند در یک سیستم CFPS گنجانده شود (۴۱).

CFPS دارای مزایای بسیاری نسبت به روش های سلولی سنتز پروتئین است. به ویژه، یک واکنش فاقد سلول، با احتساب آماده سازی عصاره به طور معمول یک تا دو روز طول می کشد، در حالی که بیان پروتئین در سلول، ممکن است یک تا دو هفته طول بکشد (۴۲). CFPS یک واکنش باز است. عدم وجود دیواره سلولی اجازه می دهد تا دستکاری مستقیم محیط شیمیایی میسر باشد. نمونه به راحتی گرفته می شود، بهینه سازی غلظت، و نظارت واکنش به سادگی قابل اجراست. از آنجا که در سیستم CFPS سلول زنده استفاده نمی شود، سمیت پروتئین تولید شده مشکلی ایجاد نخواهد کرد. در CFPS اسیدهای آمینه غیر طبیعی در ساختارهای پروتئینی به کار می روند، که باز بودن واکنش برای افزودن tRNA های اصلاح شده و اسیدهای آمینه غیر طبیعی مورد نیاز مناسب است (۴۳). با این که سیستم CFPS ابزار ارزشمندی برای محققان است، ذخیره سازی عصاره سلولی فضاهای بسیار زیادی را در فریزر اشغال می کند. دانشمندان برای حل این معضل، لیوفلیزیه کردن عصاره به پودر را پیشنهاد نموده اند. این پودر لیوفلیزیه شده علاوه بر اشغال فضای کم، می تواند برای مدت طولانی در دمای اتاق ذخیره شود (۴۴).

اساس سنتز پروتئین فاقد سلول (CFPS)، تولید یک پروتئین کاربردی در لوله آزمایش به جای سلول است. تهیه یک کیت CFPS مستلزم جداسازی سیتوپلاسم از دیواره سلولی انواع

که باعث کاهش طول عمر mRNA، DNA و پروتئین‌ها می‌گردد و نیز آنزیم‌های متابولیک که می‌تواند برخی نوکلئوتیدها و آمینو اسیدهای ضروری برای رونویسی و ترجمه را به محصولات غیرکاربردی تبدیل کنند، در این سیستم حضور ندارند. علاوه بر این، امکان حذف ساده اجزای خاصی از ماشین ترجمه و یا جایگزینی اگزوزن اجزای درونی وجود دارد. اشکال اصلی CFPS خالص این است که هزینه هر میلی‌گرم پروتئین تولید شده، به‌طور قابل توجهی بالاتر از میزان معادل تولید شده در CFPS مبتنی بر عصاره است (۴۵).

نتیجه‌گیری و مسیرهای آینده

چالش‌های آینده در استفاده از *اشریشیا کلی* برای بیان ژن، شامل فاکتورهای زیر می‌شود: اولین فاکتور دستیابی به بازده تقویت شده از پروتئین‌های صحیح تاخوردده با دستکاری ماشین چاپرون‌های مولکولی سلول. این عمل شاید با بیان هم‌زمان ژن‌های کدکننده چندین چاپرون یا توسط روش‌هایی که تعداد زیادی از مولکول‌های چاپرون درون سلول را فعال می‌کنند، امکان‌پذیر باشد. دومین فاکتور، محقق نمودن مکانیسم ترشچی قوی و درستی برای رهاسازی پروتئین به محیط کشت است. سیستم‌های متعددی وجود دارند که ترشح پروتئین‌های نوترکیب به محیط کشت را تسهیل می‌کنند. برخی از این سیستم‌ها برپایه استفاده از پپتیدهای نشانه، همیارهای الحاقی، و عوامل نفوذپذیرکننده‌ای هستند که باعث قطع و نشت محدود غشای خارجی می‌شود. سایر سیستم‌ها منحصر به استفاده از مسیرهای ترشچی موجود است که اختصاصیت بیشتری را برای ترشح نوید می‌دهد. تحقیقات در این زمینه مستلزم درک گسترده‌ای از مسیرهای مختلف ترشح در *اشریشیا کلی* است. سومین فاکتور اعطای توانایی برخی اصلاحات پس از ترجمه به سلول‌های پروکاریوت، از جمله قندی شدن است. این عملکرد نیز با مهندسی آنزیم‌های گلیکوزیلاسیون یوکاریوتی درون کروموزوم *اشریشیا کلی* قابل انجام است (۳). در جمع‌بندی نتایج، در فرآیند تولید پروتئین نوترکیب، باید تلفیقی از کلیه استراتژی‌های ذکر شده و به روز رسانی شده به‌کار گرفته شود تا تولیدی بیشتر و پروتئینی عملکردی به‌دست آید.

مختلفی از سلول (باکتری‌ها، تک‌یاخته‌ها، گیاهان، حشرات و پستانداران) است. لیزات سلولی محیطی مملو از مولکول‌های زیستی فعال است که بسیاری از عملکردهای سلولی (شامل مسیرهای متابولیک، و هم‌چنین رونویسی و ترجمه) را انجام می‌دهند. تهیه لیزات برای CFPS به‌طور قابل توجهی از نظر ترکیب بافری، نوع انرژي، به‌کارگیری گونه‌های سلولی مختلف جهش یافته، مولکول‌های کوچک مکمل و افزودن پروتئین‌هایی مانند پلی‌مرازها بهبود یافته است (۴۵). دو نوع اساسی CFPS وجود دارد؛ یکی عصاره سلولی بهینه‌سازی شده (optimized cell extracts) (اغلب CFPS مبتنی بر عصاره (Lysate-based CFPS) نیز نامیده می‌شود)، رویکردی که بیش از ۵ دهه در حال استفاده بوده است، و دیگری سیستم خالص (PURE system) که به‌تازگی توسعه یافته و مخلوطی از مجموعه‌ای حداقل از اجزای بهینه‌سازی شده (مانند ریبوزوم، tRNAها، tRNA سینتتازها، فاکتورها، اسیدهای آمینه و منابع انرژي) موردنیاز برای سنتز پروتئین است (۴۵).

(۱) CFPS مبتنی بر عصاره

عصاره سلولی بهینه‌سازی شده است که در برخی از کیت‌های CFPS تجاری پروکاریوتی و یوکاریوتی، mRNA رونویسی شده و پروتئین ترجمه شده با هم تولید می‌گردد. افزودن یک DNA کدکننده پروتئین موردنظر همراه با یک پلی‌مراز موجب تولید سریع‌تر رونوشت‌های mRNA می‌شود، به این ترتیب بیان پروتئین با افزایش تولید mRNA محدود نمی‌شود. لذا در این CFPSها بیان پروتئین در بازده بالاتر صورت می‌گیرد، و مرحله رونویسی حذف می‌شود.

(۲) CFPS خالص

مخلوطی از مجموعه سنتتیک اجزای حاوی حداقل بهینه‌سازی شده و ضروری برای سنتز پروتئین، مانند ریبوزوم، tRNAها، tRNA سینتتازها، فاکتورها، اسیدهای آمینه و منابع انرژي (ATP) است. CFPS خالص مزایای متعددی نسبت به CFPS مبتنی بر عصاره دارد. این سیستم فاقد هرگونه مولکول زیستی و متابولیت‌هایی است که به‌طور مستقیم در سنتز پروتئین‌ها شرکت نمی‌کنند. به‌طور مثال، فاقد نوکلئازها و پروتئازها است

پیشرفت‌های اخیر در بیان پروتئین نوترکیب در اشریشیاکلی متکی بر مدولاسیون و غلبه بر بسیاری از مسائل از جمله پایداری mRNA، انطباق کدونی و تشکیل انکلوزیون‌بادی است. استراتژی‌های ژنتیک منشأ اولیه نوآوری بیان پروتئین نوترکیب در باکتری‌هاست که به‌طور مداوم محدودیت‌ها و مشکلاتی وجود دارد. لذا کلید اصلی برای بیان موفقیت آمیز پروتئین‌های نوترکیب در باکتری اشریشیاکلی ترکیبی از دستکاری ماهرانه اجزای جعبه ابزار گسترده ژنتیکی است.

1. Rosano GL, Ceccarelli EA. Recombinant protein expression in *Escherichia coli*: advances and challenges. *Frontiers in Microbiology*. 2014;5:172.
2. Aune TEV. High level recombinant protein production in *Escherichia coli* by engineering broad-host-range plasmid vectors containing the Pm/xylS expression cassette. 2008.
3. Makrides SC. Strategies for achieving high-level expression of genes in *Escherichia coli*. *Microbiological reviews*. 1996;60(3):512-38.
4. Waegeman H, De Mey M. Increasing recombinant protein production in *E. coli* by an alternative method to reduce acetate: INTECH Open Access Publisher; 2012.
5. Minton NP. Improved plasmid vectors for the isolation of translational lac gene fusions. *Gene*. 1984;31(1-3):269-73.
6. Gao LML. The effect of wave reflection of artificial boundaries in viscoelastic media [J]. *J. Hydraulic Engineering*. 1986;6.
7. Li L, O'Brien KJ. Rightful resistance in rural China: Cambridge University Press; 2006.
8. Del Solar G, Giraldo R, Ruiz-Echevarría MJ, Espinosa M, Díaz-Orejas R. Replication and control of circular bacterial plasmids. *Microbiol Mol Biol Rev*. 1998;62(2):434-64.
9. Kreuzaler F, Ragg H, Fautz E, Kuhn DN, Hahlbrock K. UV-induction of chalcone synthase mRNA in cell suspension cultures of *Petroselinum hortense*. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 1983;80(9):2591-3.
10. Guzman L-M, Belin D, Carson MJ, Beckwith J. Tight regulation, modulation, and high-level expression by vectors containing the arabinose PBAD promoter. *J. bacteriology*. 1995;177(14):4121-30.
11. Nordström K. Plasmid R1—replication and its control. *Plasmid*. 2006;55(1):1-26.
12. Stoker NG, Fairweather NF, Spratt BG. Versatile low-copy-number plasmid vectors for cloning in *Escherichia coli*. *Gene*. 1982;18(3):335-41.
13. Wang RF, Kushner SR. Construction of versatile low-copy-number vectors for cloning, sequencing and gene expression in *Escherichia coli*. *Gene*. 1991;100:195-9.
14. Korpimäki T, Kurittu J, Karp M. Surprisingly fast disappearance of β -lactam selection pressure in cultivation as detected with novel biosensing approaches. *J. microbiological methods*. 2003;53(1):37-42.
15. Lee C-H, Moseley S, Moon H, Whipp S, Gyles C, So M. Characterization of the gene encoding heat-stable toxin II and preliminary molecular epidemiological studies of enterotoxigenic *Escherichia coli* heat-stable toxin II producers. *Infection and immunity*. 1983;42(1):264-8.
16. Umezawa H, TAKAHASHI Y, KINOSHITA M, NAGANAWA H, MASUDA T, ISHIZUKA M, et al. Tetrahydropyran derivatives of daunomycin and adriamycin. *The Journal of antibiotics*. 1979;32(10):1082-4.
17. OULUENSIS U. Jarkko Korpi.
18. Chan W, Leyland M, Clark J, Dodd H, Lian L-Y, Gasson M, et al. Structure-activity relationships in the peptide antibiotic nisin: antibacterial activity of fragments of nisin. *FEBS letters*. 1996;390(2):129-32.

19. Fakruddin M, Mohammad Mazumdar R, Bin Mannan KS, Chowdhury A, Hossain MN. Critical factors affecting the success of cloning, expression, and mass production of enzymes by recombinant *E. coli*. *ISRN biotechnology*. 2012;2013.
20. Schlegel S, Rujas E, Ytterberg AJ, Zubarev RA, Luirink J, De Gier J-W. Optimizing heterologous protein production in the periplasm of *E. coli* by regulating gene expression levels. *Microbial cell factories*. 2013;12(1):1.
21. Schumann W, Ferreira LCS. Production of recombinant proteins in *Escherichia coli*. *Genetics and Molecular Biology*. 2004;27(3):442-53.
22. Sahdev S, Khattar SK, Saini KS. Production of active eukaryotic proteins through bacterial expression systems: a review of the existing biotechnology strategies. *Molecular and cellular biochemistry*. 2008;307(1-2):249-64.
23. De Marco A. Strategies for successful recombinant expression of disulfide bond-dependent proteins in *Escherichia coli*. *Microbial cell factories*. 2009;8(1):1.
24. Sørensen HP, Mortensen KK. Soluble expression of recombinant proteins in the cytoplasm of *Escherichia coli*. *Microbial cell factories*. 2005;4(1):1.
25. Chaudhuri K. *Recombinant DNA Technology: The Energy and Resources Institute (TERI)*; 2013.
26. Sørensen HP, Mortensen KK. Advanced genetic strategies for recombinant protein expression in *Escherichia coli*. *Journal of biotechnology*. 2005;115(2):113-28.
27. Welch M, Govindarajan S, Ness JE, Villalobos A, Gurney A, Minshull J, et al. Design parameters to control synthetic gene expression in *Escherichia coli*. *PLoS one*. 2009;4(9):e7002-e.
28. Menzella HG. Comparison of two codon optimization strategies to enhance recombinant protein production in *Escherichia coli*. *Microb Cell Fact*. 2011;10(15):10.1186.
29. Angov E, Legler PM, Mease RM. Adjustment of codon usage frequencies by codon harmonization improves protein expression and folding. *Heterologous Gene Expression in E coli*: Springer; 2011. p. 1-13.
30. Li G-W, Oh E, Weissman JS. The anti-Shine-Dalgarno sequence drives translational pausing and codon choice in bacteria. *Nature*. 2012;484(7395):538-41.
31. Quax TE, Claassens NJ, Söll D, van der Oost J. Codon Bias as a Means to Fine-Tune Gene Expression. *Molecular cell*. 2015;59(2):149-61.
32. Ramseier TM, Jin H, Squires CH. Process for improved protein expression by strain engineering. *Google Patents*; 2013.
33. Mattoo RU, Goloubinoff P. Recruiting unfolding chaperones to solubilize Misfolded Recombinant proteins. *Protein Aggregation in Bacteria: Functional and Structural Properties of Inclusion Bodies in Bacterial Cells*. 2014:63-75.
34. Nannenga BL, Baneyx F. Reprogramming chaperone pathways to improve membrane protein expression in *Escherichia coli*. *Protein Science*. 2011;20(8):1411-20.
35. Arolas JL, García-Castellanos R, Goulas T, Akiyama Y, Gomis-Rüth FX. Expression and purification of integral membrane metalloproteinase HtpX. *Protein expression and purification*. 2014;99:113-8.
36. Huang C-J, Lin H, Yang X. Industrial production of recombinant therapeutics in *Escherichia coli* and its recent advancements. *Journal of industrial microbiology & biotechnology*. 2012;39(3):383-99.

37. Sohoni SV, Nelapati D, Sathe S, Javadekar-Subhedar V, Gaikaiwari RP, Wangikar PP. Optimization of high cell density fermentation process for recombinant nitrilase production in *E. coli*. *Bioresource technology*. 2015;188:202-8.
38. Routledge SJ, Bill RM. The effect of antifoam addition on protein production yields. *Recombinant Protein Production in Yeast*: Springer; 2012. p. 87-97.
39. Fernández-Castané A, Vine CE, Caminal G, López-Santín J. Evidencing the role of lactose permease in IPTG uptake by *Escherichia coli* in fed-batch high cell density cultures. *Journal of biotechnology*. 2012;157(3):391-8.
40. Studier FW. Stable expression clones and auto-induction for protein production in *E. coli*. *Structural Genomics*: Springer; 2014. p. 17-32.
41. Karig DK, Iyer S, Simpson ML, Doktycz MJ. Expression optimization and synthetic gene networks in cell-free systems. *Nucleic acids research*. 2012;40(8):3763-74.
42. Carlson ED, Gan R, Hodgman CE, Jewett MC. Cell-free protein synthesis: applications come of age. *Biotechnology advances*. 2012;30(5):1185-94.
43. Swartz JR. *Cell-free protein expression*: Springer Science & Business Media; 2012.
44. Smith MT, Bennett AM, Hunt J, Bundy BC. Creating a completely “Cell-free” system for protein synthesis. *Biotechnology Progress*. 2015.
45. Rosenblum G, Cooperman BS. Engine out of the chassis: cell-free protein synthesis and its uses. *FEBS Lett*. 2014;588(2):261-8.

