

بیان و خالص سازی ژن نو ترکیب Cold sensitive Taq DNA polymerase در E.coli

سمانه گلیج^{۱*}، دکتر علی ناظمی^۲، دکتر مصطفی جعفرپور^۲

^۱ کارشناس ارشد، گروه زیست شناسی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد تنکابن
^۲ استادیار، گروه زیست شناسی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد تنکابن

چکیده

سابقه و هدف: آنزیم DNA پلیمرز مقاوم به حرارت بعلت کاربرد آن در PCR و تحقیقات بیولوژی مولکولی توجه زیادی را به خود معطوف ساخته است و در نتیجه اهمیت مطالعه روی DNA پلیمرزهای مقاوم به حرارت مختلف را دو چندان نموده است. هدف از این مطالعه سنجش عملکرد و میزان تولید آنزیم DNA پلیمرز حساس به سرما و مقاوم به حرارت تولید شده در میزبان باکتریایی و خالص سازی سریع و ارزان آن می باشد.

مواد و روش ها: بعد از سنتز ژن طراحی شده به صورت مصنوعی، کلونینگ آن به داخل وکتور pET28a انجام شد. سپس پلاسمید حاوی ژن تولیدکننده آنزیم Taq DNA polymerase به سویه E.coli BL21 انتقال یافت. در این مطالعه از IPTG به عنوان القاء گر برای بیان ژن مورد نظر استفاده شد. خالص سازی اولیه آنزیم توسط امواج اولتراسوند و در ادامه به وسیله شوک حرارتی در ۷۲ درجه سانتی گراد و رسوبدهی سایر پروتئین های نامحلول به وسیله سانتریفوژ انجام گردید. فعالیت و عملکرد Taq DNA polymerase تولید شده در مقایسه با آنزیم تجاری مورد بررسی قرار گرفت.

یافته ها: Taq DNA polymerase مقاوم به حرارت و حساس به سرمای نو ترکیب بیان شده در E.coli، برتری قابل توجه و عملکرد بهتری نسبت به آنزیم تجاری از نظر فعالیت و مقاومت در برابر حرارت نشان داده است. نتیجه گیری: با توجه به اهمیت و سطح کاربرد آنزیم Taq DNA polymerase مقاوم به حرارت در مطالعات زیست شناسی مولکولی، روش مورد استفاده در تولید این آنزیم، روشی کاربردی و مقرون به صرفه می باشد. به علاوه، سهولت روش به کار گرفته شده و نیز صحت و دقت عمل آنزیم تولید شده، دلیل مناسب و قابل قبولی برای تولید آزمایشگاهی و محلی آنزیم cold sensitive Taq DNA polymerase با خلوص بالا می باشد.

کلمات کلیدی: E.coli، Taq DNA polymerase، مقاوم به حرارت، حساس به سرم

مقدمه

آن ها دارد. ۵ سال پس از کشف ساختار DNA توسط واتسون و کریک^۱، اولین آنزیم DNA پلیمرز (DNA پلیمرز I باکتری E. coli) در سال ۱۹۵۸ توسط کورنبرگ و همکارانش کشف گردید (۱۶). از آن پس آنزیم های پلیمرز بیشتری با خصوصیات منحصر به فرد شناسایی و به این خانواده اضافه گردیدند (۱۵). گرچه در ابتدا اطلاعاتی در رابطه با توالی آن ها در دست نبود اما بررسی و مقایسه خصوصیات بیوشیمیایی آنزیم ها، تفاوت های

تکثیر DNA با استفاده از Taq DNA polymerase یکی از گسترده ترین تکنیک های مورد استفاده در زیست شناسی مولکولی و بیوتکنولوژی^۱ است (۱۰). DNA پلیمرز نقش بسیار مهمی در تکثیر ماده ژنتیکی موجودات زنده و ادامه حیات

آدرس نویسنده مسئول: گروه زیست شناسی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد تنکابن

Email: goliyjsama@yahoo.com

تاریخ دریافت مقاله: ۹۲/۰۱/۲۰

تاریخ پذیرش: ۹۲/۶/۱۳

قابل توجهی را نشان می داد. در آن زمان با مقایسه شکل توالی اولیه این آنزیم ها، آن ها را به ۴ گروه اصلی A، B، C و X تقسیم کردند که تا امروز هم همین طبقه بندی وجود دارد (۵ و ۱۱). با پیشرفت پروژه تعیین توالی ژنوم، تعداد بسیار زیادی ترادف جدید ژن DNA پلیمراز از باکتری ها، آرکی ها و یوکاریوت ها تعیین و شناسایی شده است که همگی دارای منشأ تکاملی مشترکی هستند (۹).

آنزیم DNA polymerase مقاوم به حرارت یکی از اجزاء اصلی واکنش زنجیره پلیمرازی (PCR) به شمار می آید. در حال حاضر انواع مختلفی از آن به صورت نوترکیب^۱ یا طبیعی^۲ تولید می شوند. یکی از آن ها، آنزیم Hot Start می باشد که این آنزیم در دمای آزمایشگاه، غیرفعال بوده و در نتیجه احتمال اتصال غیراختصاصی پرایمرها^۳ به محل های غیر هدف و تولید دایمرهای^۴ پرایمری را منتفی می سازد (۱۹).

ترادف آنزیم DNA پلیمراز I در میان طیف وسیعی از پروکاریوت های ساکن محیط های مختلف، در طول میلیاردها سال کاملاً حفظ شده باقی مانده است. این طیف وسیع پروکاریوتی از *Deinococcus radiodurans* مقاوم به اشعه و *Thermus aquaticus* مقاوم به حرارت تا باکتری رودهای *E. coli*^۵ و باکتری اجباری داخل سلولی کلامیدیا تراکوماتیس^۶ را شامل می شود (۱۸). مزیت Taq DNA polymerase تحمل درجه حرارت بالا (۹۵-۹۰ درجه سانتی گراد) آن است. به علاوه، این آنزیم می تواند قطعات DNA به طول ۱۰ هزار جفت باز را تکثیر نماید. پلیمرازهای مقاوم به حرارت، موجب افزایش محصولات PCR بخاطر اتصال و افزایش آغازگر در دمای بالا شده اند (۱۸). مناسب ترین دما برای فعالیت این آنزیم ها با توجه به الگوی DNA، دمای ۸۰-۷۵ درجه سانتی گراد می باشد. در دمای ۷۰ درجه سانتی گراد، بیش از ۶۵ نوکلئوتید در ثانیه پلیمریزه می شود. وزن مولکولی این آنزیم ها، حدود ۹۴۰۰۰-۶۶۰۰۰ دالتون می باشد و ۹ دقیقه در ۹۷/۵ درجه سانتی گراد پایدار می ماند (۸).

- 1 Recombinant
- 2 Native
- 3 Primers
- 4 Dimers
- 5 *Escherichia coli*
- 6 *Chlamydia trachomatis*

یکی از ویژگی های منفی آنزیم Taq این است که فاقد مکانیسم تصحیح (proof reading) است و به همین دلیل ممکن است صحت کامل در تکرار واکنش ها را نداشته باشد. آنزیم های Taq که به صورت تجاری به فروش می رسند، احتمال خطایی حدود یک در ۱۰۰۰۰ نوکلئوتید را دارند. مطالعات متعددی در خصوص میزان خطای آنزیم های پلیمریزه کننده مقاوم به دمای بالا انجام شده و میزان این خطا را بین 10^{-4} تا $2/1 \times 10^{-6}$ بالا ۱/۶ به ازای هر نوکلئوتید در هر مرحله از تکثیر برآورد نموده اند (۳ و ۶). این آنزیم یک زنجیره یک کیلو بازی DNA را در دمای ۷۲ درجه سانتی گراد تقریباً در ۳۰ ثانیه تکثیر می نماید.

از زمان کشف Taq پلیمراز، تا به حال چندین DNA پلیمراز مقاوم به حرارت دیگر نیز شناسایی و در آزمایش های PCR مورد استفاده قرار گرفته اند. در حالی که Taq به عنوان رایج ترین آنزیم مقاوم به حرارت برای PCR استفاده می شود، پلیمرازهای حاصل از دیگر منابع ویژگی های متفاوتی دارند که از آن ها برای اهداف خاص می توان بهره برد (۱۴).

برای این منظور، مطالعات گسترده ای برای جداسازی آنزیم مقاوم به حرارت از منشأ های دیگر در جهان انجام گرفته است. به عنوان مثال آنزیم pfu که جزء آنزیم های خانواده B پلیمرازهاست و از باکتری *Pyrococcus furiosus* جداسازی شده و دارای فعالیت اگزونوکلازای ۵'^۳- نیز بوده و بنابراین در بسیاری از مطالعات بیولوژی مولکولی مثل تعیین توالی و نیز تکثیر ژن جهت اهداف تولید پروتئین نوترکیب که صحت بالای عملکرد آنزیم DNA پلیمراز یک امر ضروری است، کاربرد دارد. البته یکی از معایب این آنزیم، پایداری حرارتی خیلی پائین و نیز processivity پائین در فعالیت پلیمرازی این آنزیم است که کاربرد آن را محدود می سازد (۲۰). به همین دلیل با وجود این آنزیم ها، هنوز هم تحقیقات برای یافتن آنزیم هایی با خصوصیات بهتر همچنان ادامه دارد.

در این پروژه، ما قصد داریم به طور مصنوعی ژن Taq DNA polymerase باکتری *Thermus aquaticus* را با تغییراتی جهت ایجاد حساسیت به دمای پایین (به منظور Hot start شدن) سنتز و در وکتورهای بیان کننده^۷ در باکتری *E. coli* سویه BL_{۲۱} بیان نمائیم.

7 Expression vectors

مواد و روش‌ها

- انتقال ژن Taq به BL21 (ترانسفورماسیون)

سویه‌ای از E.coli به نام BL21(DE3)PlysS جهت انتقال پلاسمید pET28a حامل ژن Taq مورد استفاده قرار گرفت (لازم به ذکر است که این پلاسمید از شرکت GENERAY خریداری شده بود).

سوش باکتری موردنظر در محیط LB مایع به مدت یک شبانه‌روز در دمای ۳۷ درجه سانتی‌گراد رشد نمود. ترانسفورماسیون با استفاده از ۵۰mM CaCl_۲ انجام گرفت و پارامترهای مختلفی مثل کاتیونهای دوظرفیتی و عوامل کاهنده تاثیرگذار بودند. در همه مراحل کشت و تکثیر باکتری حامل پلاسمید موردنظر، از آنتی‌بیوتیک کانامایسین جهت انتخاب باکتری‌های تراریخت و پلاسمید موردنظر استفاده گردید.

- بیان، استخراج وخالص‌سازی آنزیم

سوش باکتری حامل ژن تولیدکننده آنزیم موردنظر، به محیط کشت LB مایع حاوی آنتی‌بیوتیک گزینشی تلقیح شد و به مدت ۳ ساعت در دمای ۳۷ درجه سانتی‌گراد نگهداری گردید. جهت بهینه کردن شرایط بیان پروتئین، القاء‌کننده IPTG به محیط اضافه شد و به مدت ۱۲ ساعت در دمای ۳۷ درجه سانتی‌گراد انکوبه گردید. پس از القاء، سلول‌های باکتری جمع‌آوری و خالص‌سازی اولیه آنزیم توسط امواج اولتراسوند به منظور شکسته شدن دیواره سلولی باکتری‌ها و همچنین به وسیله شوک حرارتی در ۷۲ درجه سانتی‌گراد انجام گردید. در ادامه لایه فوقانی توسط سانتریفوژ جداسازی شد. در این مرحله **۱۰۰ μl** از سوپرناتانت به عنوان نمونه crude lysis، نمونه‌گیری می‌شود.

در ادامه به منظور آماده‌سازی ستون تصفیه آنزیم، ۵ میلی‌لیتر Ni²⁺-Sepharose به ستونی که قبلاً به فیلتری مجهز شده بود، اضافه شد. جهت ایجاد تعادل و نیز تنظیم PH ستون، ۱۵ میلی‌لیتر بافر متعادل‌کننده (۵۰mM NaH_۲PO_۴, ۳۰۰mM NaCl, ۱۰mM Imidazole) به آن اضافه شد. پس از خارج شدن این بافر از ستون، مخلوط آنزیم به آرامی به ستون اضافه گردید و به مدت ۲ ساعت در ۴ درجه سانتی‌گراد انکوبه شد. سپس از قسمت خروجی ستون نمونه‌گیری صورت گرفت و به عنوان نمونه super flow نامگذاری شد. برای

جمع‌آوری پروتئین‌های غیرضروری، طی دو مرحله بافر شستشو [Wash buffer (۵۰mM NaH_۲PO_۴, ۳۰۰mM NaCl, ۳۰mM Imidazole) به ستون اضافه گردید و نمونه‌گیری انجام شد. در نهایت با اضافه کردن (۵۰mM NaH_۲PO_۴, ۱۵۰mM Imidazole) به ستون، پروتئین موردنظر جمع‌آوری و خالص‌سازی شد. همه محلول‌های پروتئینی جدا شده در طی خالص‌سازی بر روی ژل SDS-PAGE الکتروفورز شدند و وزن مولکولی پروتئین خالص‌شده تخمین زده شد.

- سنجش غلظت پروتئین

در این مرحله از سنجش غلظت به روش برادفورد استفاده شد به این صورت که با تهیه استانداردهای مختلفی از (μg/μl) BSA (μg/μl) میزان OD آن در طول موج ۵۹۵nm قرائت گردید. سپس نمودار استاندارد برادفورد ترسیم شد.

- بررسی خاصیت Cold Sensitivity

در این مرحله، عملکرد Hot start آنزیم cold sensitive در مقایسه با آنزیم معمولی شرکت سیناژن، از طریق انکوباسیون هر دو آنزیم به مدت ۲ ساعت در دمای ۲۵ درجه سانتی‌گراد به منظور بررسی فعالیت آنزیم از طریق تکثیر حاصل از اتصالات اولیه پرایمرها صورت گرفت. در ادامه اجازه تکثیر از طریق واکنش زنجیره پلیمرز روی یکی از پرایمرهای متداول داده شد.

- بررسی خاصیت اندونوکلئازی

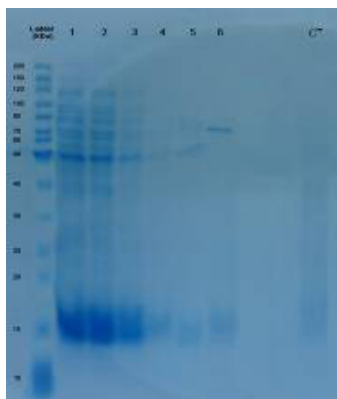
برای سنجش خاصیت اندونوکلئازی، تاثیر آنزیم تولیدشده بر روی DNA ژنومی مورد بررسی قرار گرفت. در این روش از ۱.۵mM MgCl_۲ استفاده شد. آنزیم موردنظر به مدت ۱۶ ساعت در دمای ۶۵ درجه سانتی‌گراد در مجاورت DNA ژنومی قرار داده شد. سپس فعالیت اندونوکلئازی آنزیم از طریق الکتروفورز واکنش روی ژل آگارز ارزیابی گردید.

- بررسی پایداری حرارتی^۸

در این مرحله، خاصیت Heat Stability آنزیم موردنظر و آنزیم تجاری، با هم مقایسه گردید. بدین صورت که دو زمان دناتوراسیون ۲۰ و ۳۰ دقیقه در دمای ۹۵ درجه سانتی‌گراد به

⁸Heat Stability

ژل پلی آکریل آمید در حضور سدیم دودسیل سولفات انجام گرفت. نتایج حاصل از SDS-PAGE نشان دهنده وجود یک باند پروتئینی در ژل بوده که وزن مولکولی پروتئین مورد نظر با استفاده از مارکر پروتئینی^۹، ۷۶KDa برآورد گردید و نمونه کنترل منفی که یقین داشتیم پلاسمید نوترکیب را دریافت نکرده، فاقد باند مورد نظر بود (شکل ۲).



شکل ۲: نتایج حاصل از الکتروفورز پروتئین تخلیص شده با استفاده از ستون کروماتوگرافی

نمونه‌ها از چپ به راست: مارکر پروتئینی - Elution II- Elution I- Super flow- Wash I- Wash II- نمونه کنترل منفی (فاقد پلازمید نوترکیب)

- نتیجه سنجش غلظت پروتئین

به منظور سنجش غلظت پروتئین، رقت‌های مختلف محلول پروتئینی $(\mu\text{g}/\mu\text{l})$ BSA $(\mu\text{g}/\mu\text{l})$ تهیه شد و در طول موج ۵۹۵nm میزان OD هر یک از آن‌ها اندازه گیری گردید که نتایج آن در جدول ۱ آمده است. از روی این اعداد منحنی استاندارد برادفورد

جدول ۱: ODهای بدست آمده برای ترسیم منحنی استاندارد برادفورد

میزان OD بدست آمده در طول موج 595nm	غلظت محلول پروتئینی BSA برحسب میکروگرم
0.519	0.1
0.638	1
0.772	10
0.789	20

طور مجزا برای هر دو آنزیم در نظر گرفته شد و سپس مجدداً در واکنش PCR مورد استفاده قرار گرفتند.

یافته‌ها

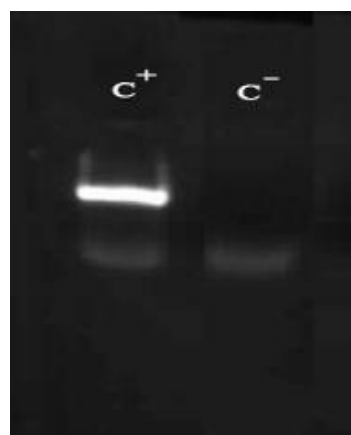
- نتیجه ترانسفورماسیون

نتایج حاصل از ترانسفورماسیون نشان دهنده این واقعیت بود که در اثر سرما و با کمک یونهای دو ظرفیتی موجود، قطعات DNA به سطح سلول متصل شدند و در اثر کاهش جنبش مولکولی، توسط freeze-thaw method به درون سلول زنده منتقل شدند. به دلیل استفاده از آنتی بیوتیک کانامایسین که جهت انتخاب باکتری‌های واجد پلاسمید مورد نظر به کار گرفته شده بود، کلنی‌های مناسبی از باکتری‌های ترانسفورم شده ایجاد شد.

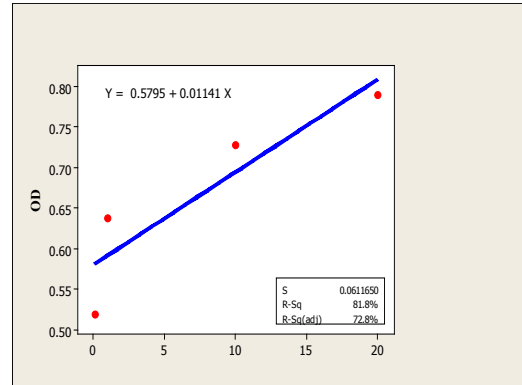
با توجه به اینکه ناقل pET۲۸(a) دارای پروموتور TV است و بیان پروتئین قابل القاء توسط IPTG ممکن است، اقدام به بیان پروتئین مورد نظر در این ناقل نمودیم.

- نتیجه بیان، استخراج و خالص سازی

نتایج حاصل از بیان و خالص سازی نشان دادند که با جدا کردن آنزیم از سایر بقایای باکتری توسط امواج اولتراسوند و نگهداری سوپ حاصله در دمای ۷۲ درجه سانتی گراد، پروتئین مورد نظر فقط در سوپرناتانت مشاهده شد. در ادامه با اضافه کردن Elution buffer به ستون، آنزیم خالص حاصل گردید. در ارزیابی تکمیلی، عملکرد آنزیم حاصل با استفاده از DNA و پرایمر شناخته شده ۱۶srRNA در واکنش زنجیره پلیمرز (PCR) در تکثیر قطعه DNA بکار رفته در واکنش، موفقیت آمیز بود (شکل ۱).



شکل ۱: کیفیت آنزیم تولید شده در تکثیر قطعه DNA در واکنش PCR برای تعیین وزن مولکولی پروتئین، الکتروفورز پروتئین‌ها در



شکل ۳: نتایج حاصل از سنجش فعالیت Cold Sensitivity آنزیم تولیدشده در مقایسه با آنزیم تجاری

S_۱: پایداری آنزیم تولیدشده نسبت به دمای محیط

S_۲: ناپایداری آنزیم تجاری نسبت به دمای محیط

- نتیجه بررسی خاصیت اندونوکلئازی

نتایج حاصل از بررسی خاصیت اندونوکلئازی آنزیم تولیدشده نشان داد که به علت تشکیل باند و عدم شکستگی DNA بعد از انکوبه شدن در دمای ۶۵°C به مدت ۱۶ ساعت، آنزیم موردنظر، فاقد خاصیت اندونوکلئازی می‌باشد. شکل ۴ نمایانگر این واقعیت است.



شکل ۴: نتایج حاصل از بررسی خاصیت اندونوکلئازی آنزیم تولیدشده

۱- عدم شکستگی DNA بعد از انکوبه شدن در دمای ۶۵°C

۲- نمونه کنترل منفی به مدت ۱۶ ساعت، ۰°C

- نتیجه بررسی خاصیت پایداری حرارتی

نتایج حاصله از بررسی خاصیت Heat Stability آنزیم Taq DNA polymerase تولید شده در مقایسه با آنزیم سیناژن در بازه‌های زمانی ۲۰ و ۳۰ دقیقه، نشان می‌دهد که آنزیم موردنظر برخلاف آنزیم سیناژن، در دمای ۹۵ درجه سانتی‌گراد نه تنها تخریب نمی‌شود بلکه صد در صد یک آنزیم مقاوم به حرارت بوده و قادر به تحمل دمای بالا در این بازه زمانی نیز می‌باشد. شکل ۵ و کیفیت باندهای تشکیل شده نمایانگر این واقعیت

معادله حاصل برازش به صورت زیر بدست آمد:

$$y = 0.5795 + 0.01141x$$

$$R^2 = 81.8\%$$

جدول ۲: میزان جذب پروتئین مجهول در طول موج ۵۹۵nm

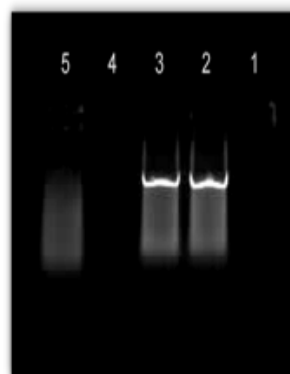
Purified Protein	
Name	OD
Taq	1.533

با توجه به معادله خطی به دست آمده از منحنی استاندارد و OD پروتئین مجهول (جدول ۲)، غلظت نهایی پروتئین تخلیص شده نیز محاسبه گردید. به این صورت که بعد از قرار دادن OD پروتئین مجهول در معادل حاصل برازش، غلظت نهایی پروتئین تخلیص شده، (۰.۵۹۷ μg/μl) بدست آمد.

- نتیجه بررسی خاصیت Cold Sensitivity

با توجه به شکل ۳، بعد از بررسی خاصیت Cold Sensitivity آنزیم تولیدشده و مقایسه آن با آنزیم Taq تجاری (CinnaGen)، نتایج نشان‌دهنده مقاومت آنزیم موردنظر به دمای محیط بوده به طوری که با استفاده از پرایمر یونیورسال ۱۶srRNA، یک باند در ناحیه ۱۴۰۰ bp مشاهده شده است. به طوری که آنزیم تجاری فاقد این خاصیت می‌باشد.

می باشد.



شکل ۵: نتایج حاصل از بررسی خاصیت Heat Stability آنزیم تولیدشده (۱) کنترل منفی، (۲) ۳۰ دقیقه دناتوراسیون برای آنزیم تولید شده، (۳) ۲۰ دقیقه دناتوراسیون برای آنزیم تولید شده، (۴) ناپایداری آنزیم تجاری و عدم تشکیل باند در ناحیه موردنظر بعد از ۲۰ دقیقه دناتوراسیون

بحث و نتیجه گیری

طراحی و ساخت پروتئین و تغییر خصوصیات آن با استفاده از تکنیک های DNA نوترکیب، روش نوینی است که با استفاده از آن می توان ساختار، دینامیک و عملکرد یک پروتئین را به نحوه مطلوب و موردنظر، تغییر داد. امروزه مهندسی ماکرومولکول ها به عنوان یک روش کارا برای گسترش و تولید دارو مطرح است. از آنجایی که معمولاً پروتئین های طبیعی برای اهداف صنعتی مناسب نیستند (به عنوان مثال شرایط سخت دمایی و PH که در طول پروسه های صنعتی اجتناب ناپذیرند) و برای اهداف دارویی نیز بهینه نشده اند، نمی توان از آن ها در صنعت استفاده کرد و باید به نحوی آن ها را تغییر داد که قابل استفاده در صنعت باشند. از طرفی به کمک روش های مهندسی پروتئین می توان ساختار و عملکرد پروتئین طبیعی را نیز بهتر شناسایی کرد. کاربردهای متعددی برای مهندسی پروتئین مطرح شده است. در مورد آنزیم های مورد استفاده در صنعت با روش های مهندسی پروتئین می توان کارایی آنزیم را در واکنش آنزیمی افزایش داد (۱). یکی از این آنزیم ها، آنزیم Taq DNA polymerase می باشد.

Taq DNA polymerase متعلق به خانواده pol I از DNA polymerase است که همسانی ساختاری و عملکردی با pol I باکتری E.coli و DNA polymerase فاژ T_۷ (۲۰) دارد.

10 - T_۷ phage

انتخاب یک وکتور و میزبان بیانی بطور قابل توجهی در افزایش فعالیت و میزان تولید پروتئین هدف موثر است. وکتورهای سیستم pET از مناسب ترین سیستم های شناخته شده جهت بیان بالا و کنترل بیان می باشند که به دو دسته Transcription vectors شامل pET۲۱(+), pET۲۲(+), و pET۲۴(+)) که برای بیان ژن های هدفی که واجد بخش اتصال به ریبوزوم باکتریایی هستند، نامزد می شوند. این دسته از وکتورها فاقد (ribosome binding site) پروکاریوتی و همچنین کدون AUG شروع هستند و چنانچه ژنی واجد این نواحی باشد، می تواند درون آن ها کلون شود. دسته دیگر Translation vectors (غالب pETها) می باشند که این دسته واجد rbs قوی از RNA پروتئین بزرگ کپسیدی فاژ TV هستند که برای ژن های فاقد rbs پروکاریوتی استفاده می شوند (Novagen, ۲۰۰۵).

قدرت جذب DNA خارجی برای همه باکتری ها به یک میزان نمی باشد. به عنوان مثال E.coli، که پرکاربردترین باکتری در مهندسی ژنتیک و بیوتکنولوژی میکروبی است، در شرایط عادی قدرت جذب کمی دارد و میزان وقوع تراریختی در این شرایط مطلوب نخواهد بود. از این رو برای بهینه سازی میزان تراریختی، باید باکتری را تحت تیمارهای خاصی قرار داد تا قدرت جذب آن افزایش یابد (۲۳).

تاکنون کارهای مهندسی پروتئین زیادی بر روی آنزیم DNA پلیمرز به خصوص Taq DNA پلیمرز در جهان با اهداف مختلف صورت گرفته است (۱۲).

Desai and Pfaffle - در سال ۱۹۹۵ کلونینگ Taq DNA polymerase را در داخل پلازمید pUC۱۸ گزارش کردند (۷). نتایج آزمایشات این محققین نشان داد که تکثیر ژن Taq DNA polymerase با موفقیت در آزمایشگاه انجام شد و این تحقیق شرایط را برای انجام مطالعات بعدی در زمینه بیان این ژن، تولید انبوه آنزیم و معرفی جهش های مهم برای افزایش کارایی آنزیم فراهم می کند.

Mohammad Roayaei و همکاران در سال ۲۰۰۸ مطالعاتی در زمینه کلونینگ ژن Taq DNA polymerase از Thermus aquaticus در باکتری E.coli انجام دادند. آن ها از پلازمید pTTQ که دارای دو سایت برشی EcoRI و SalI بوده و سویه TOP۱۰F^۲ باکتری E.coli استفاده نمودند. بیان با IPTG صورت

گرفت. فعالیت آن با نوع تجاری مقایسه شد. وزن مولکولی این پروتئین ۹۴ کیلودالتن بود که با سیستم SDS-PAGE تعیین شد (۲۱).

Mir Mohammad Sadeghi, H. و همکارانش در سال ۲۰۰۶ آزمایشاتی را در زمینه کلون سازی و افزایش ژن Taq DNA polymerase از *Thermus aquaticus* سویه YT-۱ انجام دادند. این دانشمندان از پرایمرهای خاص cDNA برای افزایش Taq DNA polymerase در داخل وکتورهای pTZ۵۷R با استفاده از تکنیک TA کلونینگ استفاده کردند. پلاسمیدهای نوترکیب با استفاده از آنزیمهای محدودگر شناسایی شدند. حضور ژن Taq DNA polymerase توسط توالی یابی DNA تأیید شد. در نتیجه سنتز ژن Taq DNA polymerase در آزمایشگاه صورت گرفت و توانستند از این ژن برای تولید مقادیر زیادی از این آنزیم استفاده نمایند (۱۷).

Barbes, M. و همکارانش در سال ۲۰۰۳ از جهش های حساس به سرما در Taq DNA polymerase برای تهیه آنزیم Hot Start در PCR استفاده کردند. آن ها بیان داشتند که حدود ۳۸۰۰ کلنی KlenTaq جهش یافته در پروموتور Lac افزایش می یابد. آن ها از پلازمید Pwb۳۰۲mk استفاده کردند. این محققین از جهش های احتمالی حساس به سرما در KlenTaq، برای افزایش تولید آنزیم Hot Start استفاده کردند. ابتدا ۴ جهش در نزدیکی سطح خارجی آنزیم، جایی که نزدیک سایت فعال است، اتفاق افتاد. آن ها نشان دادند که جهش های حساس به سرما می تواند آنزیم Hot start را برای بهتر شدن در واکنش PCR آماده کند (۲).

Yan - و همکارانش در سال ۲۰۰۴ با یک استراتژی جدید موفق به مهندسی Taq پلیمرز به منظور افزایش processivity آن و افزایش کارکرد آن در محیط *in vitro* شدند. در این تحقیق، با استفاده از یک DNA binding protein که به صورت فیوژن با انواع DNA پلیمرزهای A و B قرار می گرفت میزان processivity آنزیم به طور قابل توجهی افزایش یافته بود و هیچ گونه تأثیر منفی روی فعالیت کاتالیتیکی و پایداری آنزیم نداشت.

Khalaj- Kondori و همکارانش در سال ۲۰۰۷ مطالعه ای بر مبنای کلونینگ، توالی یابی و بیان ژن DNA پلیمرز I از

سوشهای ترموفیل و بومی انجام دادند. آن ها در این تحقیق سویه های ترموفیل بومی را مورد مطالعه قرار دادند. با توجه به ناشناخته بودن سویه های بومی، ابتدا سویه های مورد مطالعه به روش فیلوژنی مولکولی با استفاده از توالی ژن ۱۶S rDNA بررسی و تعیین هویت شد. این بررسی ها نشان دادند که سویه های مورد مطالعه متعلق به جنس *Geobacillus* می باشند. سپس از روش همولوژی و با الگو قراردادن توالی DNA پلیمرزهای نزدیک به سویه های مورد مطالعه، پرایمرهای دژنره برای تکثیر و دستیابی به توالی کامل ژن پلیمرز بومی استفاده شد.

در نهایت، با توجه به مطالعات گسترده ای که داشتند دریافتند که DNA پلیمرز I تازه شناخته شده، با توجه به وقوع حذف شدگیها در سه ناحیه نسبت به کلنو و جایگزین شدن سه گروه از چهار گروه کربوکسیلات ضروری برای عمل اگزونوکلئازی، به احتمال زیاد فاقد خاصیت Proofreading می باشد (۱۳).

به دلیل اینکه Taq DNA polymerase مقاوم به حرارت، یکی از آنزیم هایی است که کارایی بالایی دارد و به طور متداول مورد استفاده قرار می گیرد، همچنین این آنزیم می تواند برای اهداف بیوتکنولوژی به خصوص در تکنیک DNA Sequencing کاربرد داشته باشد (۴)، ما تصمیم به تکثیر این ژن گرفتیم که با موفقیت در آزمایشگاه انجام شد. در این طرح از جهش های حساس به سرما در Taq DNA polymerase جهت Hot Start شدن، استفاده نمودیم. جهش های حساس به سرما می تواند آنزیم Hot Start را برای بهتر شدن در واکنش PCR آماده کنند (۲۲).

چندین آزمایش در شرایط مختلف و با درجه حرارت متغیر انجام گرفت که تعیین کننده بهترین شرایط برای تکثیر این آنزیم بوده است. Taq DNA polymerase مقاوم به حرارت و حساس به سرمای نوترکیب بیان شده در *E. coli*، برتری قابل توجه و عملکرد بهتری در مقایسه با آنزیم تجاری از نظر فعالیت و مقاومت در برابر حرارت نشان داده است.

با توجه به اهمیت و سطح کاربرد آنزیم Taq در مطالعات زیست شناسی مولکولی، روش مورد استفاده در تولید این آنزیم، روشی کاربردی و مقرون به صرفه می باشد. علاوه بر این، سهولت تولید این آنزیم در روش به کار رفته و نیز صحت و دقت عمل آنزیم تولید شده، دلیل مناسب و قابل قبولی برای تولید

آزمایشگاهی و محلی آنزیم Taq با خلوص بالا می باشد.

سپاسگزاری

از استاد ارجمندم جناب آقای دکتر علی ناظمی که ضمن راهنمایی و همکاری بی دریغ، سخاوتمندانه امکانات مورد نیاز این تحقیق را فراهم نمودند، بی نهایت سپاسگذارم. همچنین از مسئولان محترم آزمایشگاه دانشگاه آزاد اسلامی واحد تنکابن که امکان اجرای این پروژه را در اختیار این جانب قرار داده اند، قدردانی می نمایم.

به طور خلاصه نتایج بدست آمده نشان می دهند که برای اولین بار بعضی از اسید آمینه های کلیدی برای افزودن خاصیت Cold Sensitivity در یک مولکول جهش یافته Taq DNA Polymerase تغییر داده شدند و این فعالیت در آنزیم ایجاد گردید و در نهایت آنزیم جدیدی ساخته شد که علاوه بر ثابت ماندن فعالیت پلیمرازی ۳'-۵' و خاصیت اگزونوکلازازی ۳'-۵'، خاصیت پایداری حرارتی نیز به آن افزوده شد.

منابع:

- 1- Arnold F, H Volkov. Directed evolution of biocatalysts. *Current Opinion in Chemical Biology*, 1999; 3:54–59.
- 2- Barbes M and et al. Cold sensitive mutants of Taq DNA polymerase provide a hot start for PCR, 2003; Vol 31, No 21: 6139-6147.
- 3- Barnes WM. The fidelity of Taq polymerase catalyzing PCR is improved by n N-terminal deletion, *Gene*. 1992; 112: 29-35.
- 4- Bebenek K, Kunkel TA. Functions of DNA polymerases. *Adv. Protein, Chem*, 2004; 69:137–165.
- 5- Braithwaite DK, Ito J. Compilation, alignment and phylogenetic relationships of DNA polymerases. *Nucleic Acids Res*, 1993; 21:787–802.
- 6- Cariello NF, Swenberg JA. and Skopek TR. Fidelity of *Thermococcus litoralis* DNA polymerase (Vent) in PCR determined by denaturing gradient gel electrophoresis. *Nucleic Acids Res*, 1991; 19: 4193-4198.
- 7- Desai U, Pfaffle P. Single-step purification of thermostable DNA polymerase expressed in *Escherichia coli*. *Biotechniques*, 1995; 19:780- 784.
- 8- Garcia-Diaz M, Bebenek K, Krahn JM, Pedersen LC, Kunkel TA. Structural analysis of strand misalignment during DNA synthesis by a human DNA polymerase. *Cell*, 2006; 124:331–342.
- 9- Goodman MF, Tippin B. The expanding polymerase universe. *Nat. Rev. Mol. Cell. Biol*, 2000; 1:101–109.
- 10- Innis MA, Myabo KB, Gelfand DH, Brow MA. DNA sequencing with *Thermus aquaticus* DNA polymerase and direct sequencing of polymerase chain reaction amplified DNA. *Proceeding of the Natural Academy of Sciences of the USA*, 1988; 85:9436-9440.
- 11- Ito J, Braithwaite DK. Compilation and alignment of DNA polymerase sequences. *Nucleic Acids Res*, 1991; 19:4045–4057.
- 12- Kermekchiev MB, Tzekov A, and Barnes WM. Cold-sensitive mutants of Taq DNA polymerase provide a hot start for PCR. *Nucleic Acids Res*, 2003; 31(21): 6139–6147.
- 13- Khalaj-Kondori M, Sadeghizadeh M. Cloning, Sequence Analysis and Three- dimensional Structure Prediction of DNA Pol I from Thermophilic *Geobacillus* sp. MKK Isolated from an Iranian Hot Spring, 2007; 142: 200-208.
- 14- Komori K, Ishino Y. Functional interdependence of DNA polymerizing and 3'-5' exonucleolytic activities in *Pyrococcus furiosus* DNA polymerase I. *protein engineering*, 2000; 13(1): 41-47.
- 15- Lawyer F, Stoffel S, Saiki R. Isolation, characterization, and expression in *Escherichia coli* of the DNA polymerase gene from *Thermus aquaticus*. *J. Biol. Chem*, 1989; 264: 6427-6437.
- 16- Lehman IR, Bessman MJ, Simms ES, Kornberg A. Enzymatic synthesis of deoxyribonucleic acid. I. Preparation of substrates and partial purification of an enzyme from *Escherichia coli*. *J. Biol. Chem*, 1985; 233:163–170.
- 17- Mir Mohammad Sadeghi H, and et al. Amplification and cloning of Taq DNA polymerase gene from *Termus Aquaticus* strain YT-1. *Research in Pharmaceutical Sciences*, 2006; 1:49-52.
- 18- Patel PH, Suzuki M, Adman E, Shinkai A, Loeb LA. Prokaryotic DNA polymerase I: evolution, structure, and “base flipping” mechanism for nucleotide selection. *J. Mol. Biol*, 2001; 308(5): 823-37.
- 19- Plutheo FG. Rapid purification of high activity Taq DNA polymerase. *Nucleic Acids Res*, 1993; 21:4850-4851.
- 20- Rastgoo N. 2008, Study on a thermostable DNA polymerase I from hyperthermophilic bacteria of hot spring area of Iran to screen a novel enzyme with 3'-5' exonuclease activity by site directed mutagenesis, Tarbiat Modares University (Persian in text full).
- 21- Roayaei M, Galehdari H. Cloning and Expression of *Thermus aquaticus* DNA polymerase in *Escherichia coli*. *Jundishapur Journal of Microbiology*, 2008; 1(1): 1-5.
- 22- Suzuki M, Yoshida S, Adman ET, Blank A & Loeb LA. *Thermus aquaticus* DNA polymerase I mutants with altered fidelity: interacting mutations in the O helix. *J. Biol. Chem*, 2000; 275:32728-32735.
- 23- Xiaowei Li and et al. An improved calcium chloride method preparation and transformation of competent cells. 2010; 9(50): 8549-8554.