

## تأثیر نوع پپتید راهنما بر انباشت پروتئین ضد ویروس گریفیتسین در توتون تراریخته

### Effect of signal peptide type on recombinant anti-HIV griffithsin protein accumulation in transgenic tobacco plants

یاور وفایی<sup>۱</sup>، مصباح بابالار<sup>۱</sup>، محمد افشار شاندیز<sup>۱</sup>، شکوفه صدراوی<sup>۲</sup>، هوشنگ عزیزاده<sup>۲\*</sup>

۱- استادیار، دانشگاه کردستان.

۲- به ترتیب استاد، کارشناس ارشد، دانشجوی کارشناس ارشد و استادیار پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران.

Vafae Y<sup>1</sup>, Babalar M<sup>2</sup>, Afshar Shandiz M<sup>2</sup>, Sadravi S<sup>2</sup>, Alizadeh H<sup>\*2</sup>

1. Assistant Professor, University of Kurdistan, Iran

2. Professor, Graduate Student, MSc Student and Assistant Professor, College of Agricultural and Natural Resources, University of Tehran, Karaj, Iran

\* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: halizade@ut.ac.ir

(تاریخ دریافت: ۹۱/۱۲/۲۶ - تاریخ پذیرش: ۹۲/۱۲/۱۱)

#### چکیده

تا سال ۲۰۱۰ حدود ۳۴ میلیون نفر آلوده به ویروس HIV بوده‌اند. ایدز با روش‌های کنونی قابل درمان نیست اما پروتئین گریفیتسین *GRFT* توانایی غیرفعال کردن HIV و جلوگیری از انتقال سلول به سلول HIV را دارد. در این تحقیق ابتدا توالی ژن بر اساس ترجیح کدونی گیاه بهینه‌سازی شد، سپس دو سازه ژنی pBIgR-ZR و pBIgR-KD ساخته شدند که ژن *GRFT* به ترتیب تحت کنترل پپتید راهنمای KDEL و بخش انتهایی N پپتید راهنمای Zera قرار گرفت. قطعات برگی توتون رقم سامسون با آگروباکتریوم سویه LBA4404 حاوی سازه‌های مورد نظر تلقیح شد. شاخساره‌های تشکیل شده بر روی محیط MS حاوی یک میلی‌گرم بر لیتر BA و ۰/۱ میلی‌گرم بر لیتر به محیط القای ریشه (MS ۱/۲ بدون هورمون) منتقل شدند. بررسی شاخساره‌های تراریخته مقاوم به کانامایسین با PCR و سادرن بلات الحاق موفق دو تا سه نسخه از ژن *GRFT* را در لاین‌های مورد بررسی نشان داد. بررسی بیان گریفیتسین در سطح رونوشت با RT-PCR و Real Time PCR نشان از قابلیت متفاوت لاین‌های تراریخته توتون در بیان *GRFT* داشت. بر اساس نتایج SDS-PAGE یک باند احتمالی در ناحیه ۲۷ KD مشاهده شد. آزمون وسترن بلات دو باند پروتئینی به صورت دایمر و مونومر به ترتیب با وزن‌های مولکولی ۱۳ و ۲۷ کیلوالتون را نشان داد. کمی‌سازی نتایج آزمون ELISA نشان داد که با هدف‌گذاری پروتئین در اجسام پروتئینی در مقایسه با شبکه آندوپلاسمی انباشت بالاتر پروتئین نو ترکیب را در پی دارد. بر اساس این تحقیق با بهینه‌سازی توالی ژن، انتخاب میزبان مناسب و استفاده از پپتید راهنمای موثر می‌توان سطوح بالایی از پروتئین نو ترکیب را به دست آورد.

#### واژه‌های کلیدی

آگروباکتریوم  
پپتید راهنما  
توتون  
گریفیتسین  
HIV

## مقدمه

عملکرد بالاتر پروتئین نوترکیب را در پی دارد. پپتید راهنمای KDEL باعث نگهداشت پروتئین در شبکه آندوپلاسمی می‌شود (Floss 2009). با توجه به اشباع پذیر بودن گیرنده‌های پروتئین در شبکه آندوپلاسمی، با KDEL نمی‌توان به سطوح بسیار بالایی از پروتئین خارجی دست یافت (Croft 1999). پپتید راهنمای Zera با تشکیل اندامک‌های مستقل، پروتئین نوترکیب را در این اجسام پروتئینی بسته‌بندی می‌کند و با چند سانتیفریوژ ساده می‌توان پروتئین نوترکیب را از عصاره گیاهی جدا کرد (Torrent 2009).

*GRFT* نوترکیب در باکتری و نیز به صورت موقت با ناقل‌های مبتنی بر ویروس در گیاه توتون بیان شده است (Giomarelli 2006; O'keef 2009) اما هزینه بالا و وجود اندوتوکسین‌ها از معایب این سیستم‌ها می‌باشد (Twyman 2003). از آنجا که گزارشی از بیان دائم *GRFT* در گیاهان وجود ندارد، در این تحقیق توالی بهینه شده ژن *GRFT* توسط آگروباکتریوم به ژنوم هسته‌ای توتون منتقل شد و اثر هدف‌گذاری پروتئین در شبکه آندوپلاسمی و اندامک‌های پروتئینی با الحاق ژن *GRFT* به بخش انتهای N پپتید راهنمای Zera و پپتید راهنمای KDEL بررسی شد. هدف اصلی این تحقیق دستیابی به یک سیستم پایدار و ارزان قیمت در تولید پروتئین‌های ضد ویروسی می‌باشد.

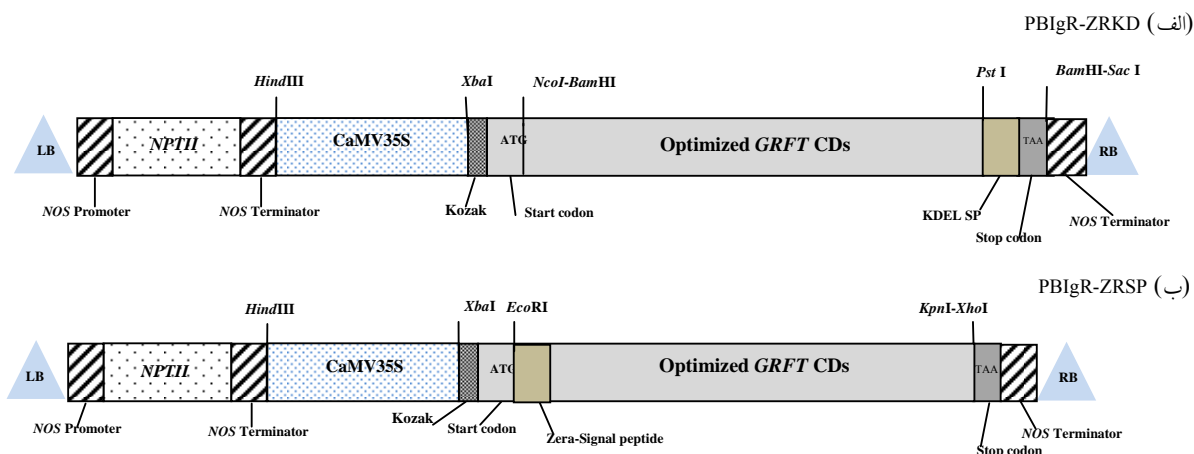
## مواد و روش‌ها

بهینه‌سازی توالی و طراحی ناقل سایت‌های برشی ناخواسته از توالی ژن *GRFT* (Gene ID:CS255217.1) با نرم‌افزار BIOlabs-NEB Cutter شناسایی و حذف شدند و برای اطمینان از حداکثر بیان ژن، بر اساس ترجیح کدونی گیاه (<http://www.kazusa.or.jp/codon>)، در بعضی نواحی ژن کدون‌های مناسب قرار داده شدند و سپس توالی از لحاظ میزان GC، ساختار ثانویه mRNA، ترکیب بازی مناسب و تنوع کدونی بهینه شد. توالی سنتزی ژن گریفیتسین همراه با پپتید راهنمای KDEL با برش آنزیمی *XbaI* و *BamHI* در ناقل pBI121 همسانه شد تا ناقل pBIgR-KD ساخته شود. برای ساخت ناقل pBIgR-ZR نیز ژن *GRFT* حاوی بخش انتهای N پپتید راهنمای Zera از ناقل pGH30222 با آنزیم‌های *XbaI* و *SacI* وارد ناقل pBI121 شد.

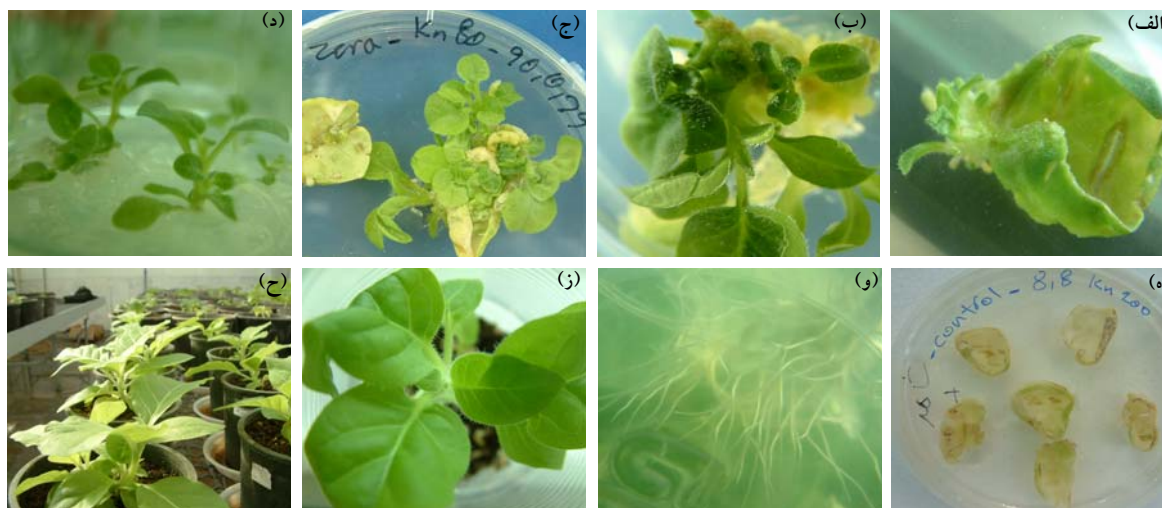
بر اساس گزارش سازمان بهداشت جهانی حدود ۳۴ میلیون نفر آلوده به ویروس ایدز بوده‌اند (UNAIDS/WHO 2010). علاوه بر HIV ویروس‌های کوروناویروس عامل SARS، ویروس H5N1 عامل آنفولانزای مرغی و ویروس هپاتیت C (HCV) نیز بیماری‌های اپیدمی خطرناک ایجاد کرده‌اند (Kim 2010; O'Keef 2010). ایدز در سال ۱۹۸۱ شناسایی شد و مبارزه با عامل آن یعنی HIV همچنان ادامه دارد (Krambovitis 2005). در فرآیند آلودگی، HIV از لایه اپیتلیوم مخاطی عبور کرده و سلول‌های دارای گیرنده CD4 را آلوده می‌کند (Ulrich 1988). تکثیر بعدی ویروس تعداد آن را به حدود ۱۰۰ میلیون مولکول RNA ویروس در هر میلی‌لیتر پلاسما خون می‌رساند (Holl 2010). گلیکوپروتئین‌های GP120 و GP41 سطح ویروس با اتصال به گیرنده‌های CD4 اولین مرحله آلودگی را رقم می‌زنند. بیشتر روش‌های درمانی کنونی محدودیت‌هایی همچون سمیت، دوره‌های درمانی سخت، داروشناسی ناقص و ظهور سوش‌های مقاوم HIV دارند (Trabattoni 2010).

گریفیتسین یک پروتئین حاصل از جلبک قرمز *Griffithsia* sp. قوی‌ترین ترکیب بین لکتین‌های ضد HIV می‌باشد. این پروتئین با ۶ جایگاه اتصال به کربوهیدرات، گلیکوپروتئین‌های gp120 و gp41 سطح ویروس را هدف قرار می‌دهد و این دلیل قابلیت فوق‌العاده *GRFT* در مهار ویروس‌ها است (Balzarini 2006). عدم سمیت سلولی، ثبات در pH و دماهای مختلف و حفظ ساختار در شرایط فیزیولوژیک بدن آن را به یکی از عوامل فعال در فرمولاسیون‌های ضد ویروس تبدیل کرده است (Kouokam 2011). *GRFT* در مهار ویروس‌های عامل SARS، H5N1 (آنفولانزای مرغی)، ویروس هپاتیت C و ویروس تب خال نیز موثر می‌باشد (Zeitlin 2009).

بیان پروتئین‌های نوترکیب در گیاهان به ۱۰-۲ درصد هزینه سیستم‌های میکروبی نیاز دارد (Twyman 2003) و گیاهان توانایی تغییرات پس از ترجمه پروتئین‌های پیچیده را دارند. تراژیش ژنوم هسته‌ای میزان چندان بالایی از پروتئین نوترکیب را در پی ندارد (Droan 2006) و هدایت پروتئین نوترکیب به سمت اندامک‌های سلول و حفظ آن‌ها از گزند پروتئازهای سلولی،



شکل ۱- سازه pBIgR-KD حاوی ژن *GRFT* و پپتید راهنما KDEL (الف) و سازه pBIgR-ZRSP حاوی بخش انتهایی N پپتید راهنمای Zera (ب). LB و RB نواحی مرزی راست و چپ؛ NOS-P و NOS-T به ترتیب راه انداز و خاتمه دهنده ژن نوپالین ستار و CaMV35S راه انداز ویروس موزائیک گل کلم.



شکل ۲- مراحل بازرایی گیاهان تراریخته. (الف) شروع بازرایی مستقیم ۱۲ روز بعد از تلقیح؛ (ب و ج) شاخساره‌های مقاوم به کانامیسین با برگ‌های کاملاً سبز بعد از گذشت یک ماه؛ (د) شاخساره‌های غیرتراریخت سفید شده تحت فشار ۱۰۰ میلی‌گرم بر لیتر آنتی‌بیوتیک کانامیسین؛ (و) ریشه‌های تشکیل شده در محیط ریشه‌زایی؛ (ز) گیاه تراریخت در مرحله عادت‌دهی؛ (ح) گیاهان توتون منتقل شده به گلخانه.

خورده به ابعاد  $5 \times 5 \times 0.5$  سانتی‌متر تهیه شده از برگ‌های جوان توتون به مدت ۸ دقیقه در محلول تلقیح قرار داده شدند و به محیط هم کشتی (محیط کامل MS حاوی  $1 \text{ mg/ml}$  یک BA و  $0.1 \text{ mg/ml}$  NAA بدون آنتی‌بیوتیک) به مدت ۲۴ ساعت کشت شدند. سپس به محیط القای شاخساره (MS به علاوه  $1 \text{ mg/ml}$  کانامیسین و  $500 \text{ mg/ml}$  سفاتوکسیم) منتقل شد. شاخساره‌های باززاشده (شکل ۲-الف، ب و ج)، به محیط افزایش طول شاخساره (شکل ۲-د) منتقل شدند و هنگامی که طول آنها

بعد از تایید، سازه‌های طراحی شده با روش انجماد و ذوب به سلول‌های مستعد آگروباکتریوم سویه LB4404 منتقل شدند. یک تک کلون تایید شده آگروباکتری در  $50$  میلی‌لیتر محیط کشت LB (حاوی  $50 \text{ } \mu\text{g/ml}$  کانامیسین و  $50 \text{ } \mu\text{g/ml}$  ریفامپسین)  $18-24$  ساعت در دمای  $28$  درجه سانتی‌گراد رشد داده شد و رسوب باکتری در  $20$  میلی‌لیتر محیط تلقیح (نمک‌های محیط کشت MS (Murashige and Skoog 1962) حاوی  $20$  گرم در لیتر گلوکز و  $150$  میکرومولار استوسپیرینگان) حل شد. ریزنمونه‌های زخم

REST به دست آمد و سطح نسبی بیان *GRFT* در مقادیر  $2^{-\Delta\Delta Ct}$  با روش (Livak and Schmittgen 2001) به دست آمد. استخراج پروتئین، SDS-PAG، وسترن بلات و ELISA به  $0.2$  گرم برگ پودر شده، یک میلی لیتر بافر استخراج ( $50 \text{ mM}$  بعد از  $20$  دقیقه سانتریفیوژ  $4000 \times g$ ، روشناور جدا و با روش Bradford (1970) غلظت پروتئین کل اندازه گیری شد. SDS-PAGE با  $30 \mu\text{g}$  پروتئین کل و رنگ آمیزی با کوماسی بلو صورت گرفت. برای آزمون وسترن بلات نیز پروتئین تفکیک شده بروی ژل SDS-PAGE  $12/5$  درصد به غشای PVDF منتقل شد. سپس بر اساس دستورالعمل (Sambrook and Russell 2001) به ترتیب مراحل بلوکه کردن (در بافر PBST حاوی  $5$  درصد شیرخشک)، اضافه کردن آنتی بادی پلی کلنال بر علیه پروتئین *GRFT* (آنتی بادی اولیه)، آنتی بادی ثانویه انجام گرفت و در نهایت با اضافه کردن سوسترا و بافر لومینسنس، در تاریکی غشا در معرض فیلم قرار گرفت. تعیین میزان انباشت *GRFT* با آزمون ELISA نیز بر اساس دستورالعمل (Sambrook and Russell 2001) صورت گرفت. جذب در تراکم نوری  $450$  نانومتر در  $3$  تکرار قرائت شد، اعداد مربوط به کنترل منفی از داده های حاصل کسر شد و بر اساس غلظت استانداردها ( $5$  تا  $20$  نانوگرم از *GRFT* خالص شده از *E. coli*)، غلظت نهایی پروتئین به صورت نانوگرم در گرم وزن تر برگ توتون به دست آمد.

### نتایج و بحث

جهت بررسی گیاهان تراریخته به واسطه بازایی و کارایی تراریزش بالا در رقم سامسون، از هر سازه ژنی حدود  $30$  گیاه تراریخت به گلخانه منتقل کنیم (شکل ۲-ح). PCR با آغازگرهای اختصاصی ژن و آغازگر 35S نشان از الحاق موفق ژن به ژنوم توتون داشت (شکل ۳-الف و ب). نتایج سادرن بلات نشان داد که لاین TLK (ژن با پیتید راهنمای KDEL) و TLZ (ژن همراه با بخش انتهای N پیتید راهنمای Zera) به ترتیب دارای یک و دو نسخه *GRFT* هستند (شکل ۳-ج). سنجش بیان *GRFT* در سطح رونوشت با تکثیر قطعه  $150$  جفت بازی از cDNA ساخته شده حاصل از mRNA لاین های انتخابی،

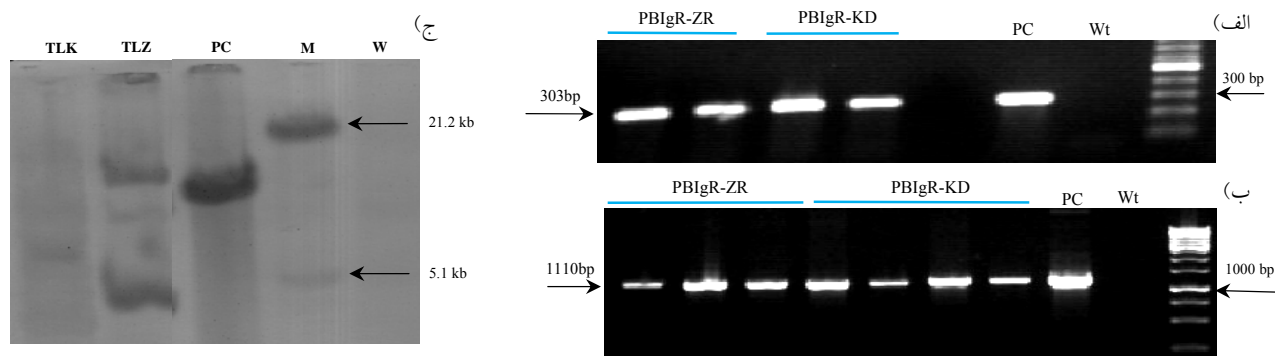
به حدود  $8$  سانتی متر رسید به محیط ریشه زایی (شکل ۲-و) و سپس برای عادت دهی به ظروف یکبار مصرف حاوی پرلیت/ورمیکولیت منتقل شدند (شکل ۲-ز) و در نهایت در گلدان ها خاکی در گلخانه کاشته شدند (شکل ۲-ح).

تایید و بررسی گیاهان تراریخت

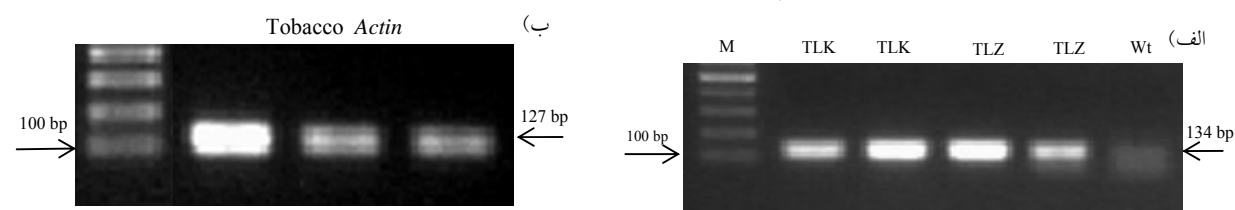
جهت گزینش با PCR از  $20$  شاخساره با روش Murray and Thompson (1980)، DNA استخراج شد. PCR با آغازگرهای Gr-Rev:  $5'-GGTGGTTCCTCTTCTCTGG-3'$  و Gr-F:  $5'-AAGATAATCACCAGCACTACCG-3'$  و نیز با آغازگر پیشرو راه انداز 35S ( $5'-AACCCACAGATGGTTAGAGAGG-3'$ ) و برگشت (گریفتسین) صورت گرفت. برای آزمون سادرن بلات،  $75$  میکروگرم DNA به وسیله آنزیم *EcoRI* برش داده شد و بعد از تفکیک بر روی ژل آگارز یک درصد، با استفاده از خاصیت کاپیلاری به غشای نایلونی منتقل شد. با استفاده از کیت DIG-DNA Labeling (Roche، آلمان) پروب نشان دار شده با دیگوکسیژن تئیه شد. بقیه مراحل بر اساس دستورالعمل مربوطه (Roche، آلمان) انجام گرفت و در نهایت از باندهای ظاهر شده با دستگاه (Bio Rad) GS-8000 (آمریکا) تصاویر با وضوح بالا تهیه شد.

واکنش RT-PCR و Real time PCR

RNA کل با روش bioZOL™ بر اساس دستورالعمل شرکت سازنده (BioWORLD، آمریکا) استخراج شد و بعد از تیمار DNase، رشته مکمل cDNA با استفاده از یک آغازگر اولیگو dT ( $25$  نوکلئوتیدی) ساخته شد. RT-PCR برای تایید حضور رونوشت با استفاده از آغازگرهای ( $5'-GGTGGTTCCTCTTCTCTGGTAACTTTCTCTACTTTTCAC-3'$  و Gr-RT-F:  $5'-CCACCATAAGGACCGAATCTTC-3'$ ) صورت گرفت. از ژن آکتین (Gene ID: CS255217.1) به عنوان شاهد (با آغازگرهای NtAct-F:  $5'-TGAAGGTTACGCCCTTCTC-3'$  و NtAct-Rev:  $5'-GCGGACAATTTCCCGTTC-3'$ ) استفاده شد. واکنش Real Time PCR با کیت Power SYBR® Green و با دستگاه ABI صورت گرفت. مقادیر Ct با نرم افزار



شکل ۳- تایید انتقال ژن به ژنوم هسته‌ای لاین‌های تراریخته توتون. الف) تکثیر قطعه ۳۰۳ جفت‌بازی ژن گریفیتسین؛ ب) تکثیر قطعه ۱۱۱۰ جفت‌بازی (۸۰۰ نوکلئوتید راه‌انداز CaMV همراه با ۳۱۰ نوکلئوتید از توالی ژن؛ ج) تعداد نسخه‌های الحاق شده از ژن گریفیتسین در ژنوم هسته‌ای توتون؛ برای آزمون سادرن از هر سازه ژنی یک گیاه انتخاب شد. W) گیاه شاهد غیر تراریخته؛ PC) شاهد مثبت (پلاسمید).



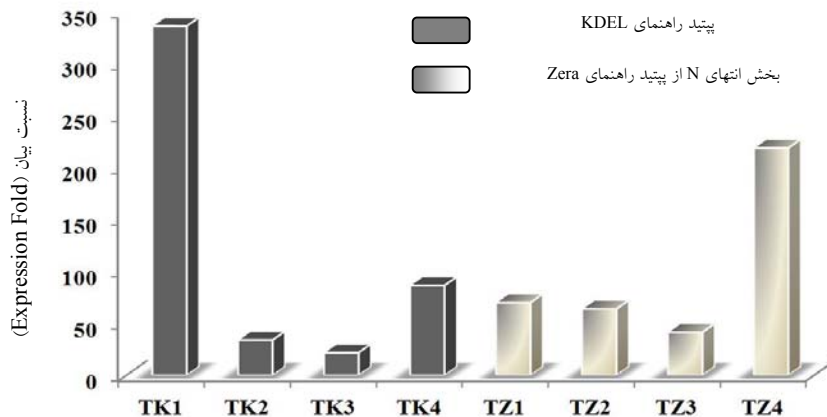
شکل ۴- تایید رونوشت‌برداری از ژن گریفیتسین در لاین‌های تراریخته توتون (الف) تکثیر رونوشت ۱۳۴ جفت‌بازی ژن *GRFT* از cDNA (ب) تکثیر قطعه ۱۲۷ جفت‌بازی از ژن آکتین به عنوان ژن استاندارد جهت مقایسه سطح بیان تراژن گریفیتسین در لاین‌های مورد بررسی.

نوترکیب *GRFT* را به صورت مونومر و دایمر نشان دادند (شکل ۶- ب). کمی‌سازی انباشت پروتئین به صورت میکروگرم گریفیتسین بر گرم وزن تر برگ نشان داد لاین‌هایی که ژن تحت کنترل پپتید راهنمای Zera بوده است در مقایسه با پپتید راهنمای KDEL انباشت پروتئینی بیشتری داشته‌اند (شکل ۷). با مقایسه میزان انباشت پروتئین هر لاین (شکل ۷) با میزان بیان و رونویسی ژن (شکل ۵) ارتباطی بین بیان ژن و میزان تولید پروتئین مشاهده نمی‌شود.

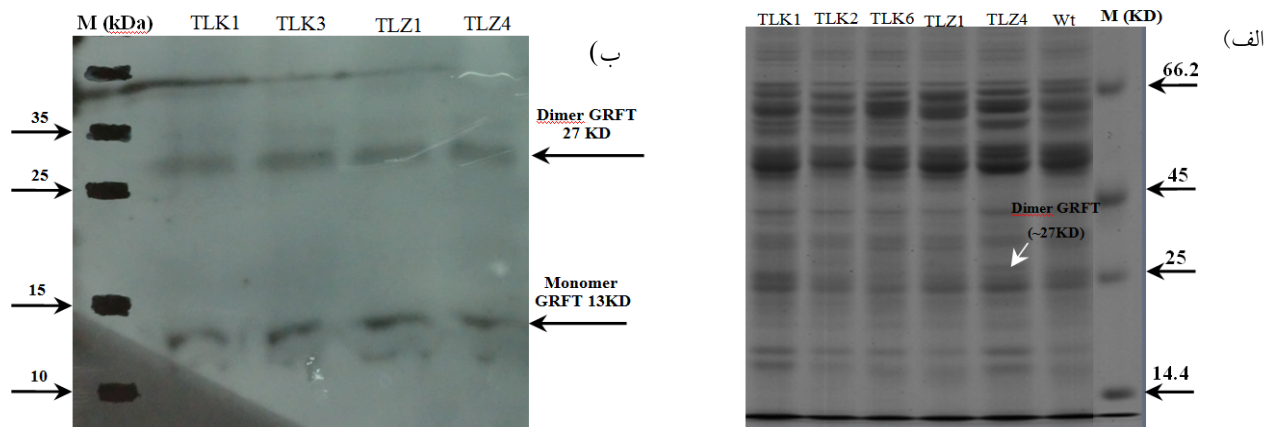
توتون توانایی بالایی در بیان و ترجمه پروتئین‌های نوترکیب دارد. در این تحقیق از هر ریزنمونه حدود ۱۰ شاخساره به دست آمد و حدود ۷۰ درصد آن‌ها با PCR مثبت بودند که نشان‌دهنده قابلیت بازایی و کارایی تراریزش بالا می‌باشد. وجود توالی‌های شبیه به SAR (نواحی اتصال داربست) دلیل کارایی تراریزش و بیان ژن توتون است (Shimizu et al. 2001). در این مطالعه تنها یک یا سه نسخه از تراژن به ژنوم توتون منتقل شد که ایده‌آل‌ترین حالت می‌باشد زیرا تعداد بالای نسخه‌های ژنی سبب خاموشی ژن و

رونوشت‌برداری از تراژن *GRFT* قرار گرفته در ژنوم این لاین‌ها نیز به اثبات رسید (شکل ۴). با مقایسه میزان بین ژن گریفیتسین نسبت به ژن آکتین به عنوان ژن کنترل درونی، بر اساس نتایج Real Time-PCR تفاوت چشمگیری بین لاین‌های تراریخته در بیان ژن *GRFT* وجود داشت طوری که بیشترین بیان ژن در لاین TK1 (۳۳۶ برابر) و کمترین در لاین TK3 (۱۹ برابر) بود (شکل ۵). بیان ژن گریفیتسین در لاین‌های تراریخته شده با سازه‌های pBIgR-ZRSP و pBIgR-KDSP نشان می‌دهد که نوع پپتید راهنما (KDEL و بخش انتهایی پپتید راهنمای Zera) تأثیر بروی رونوشت‌برداری نداشته است.

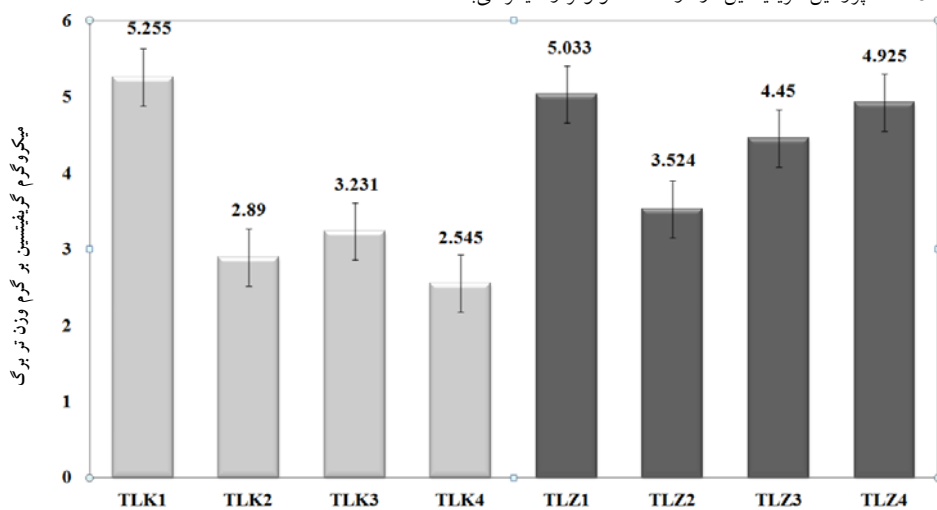
نتایج حاصل از SDS-PAGE، وسترن بلات و ELISA تفکیک پروتئین کل بر روی ژل SDS-PAGE یک باند احتمالی مربوط به گریفیتسین در ناحیه ۲۷ کیلودالتون را نشان داد (شکل ۶- الف). اما برای تایید بیشتر لاین‌های تراریخته وسترن بلات و ELISA نیز صورت گرفت. در آزمون وسترن بلات با استفاده از آنتی‌بادی پلی‌کلنال تولید شده در موش بر علیه پروتئین *GRFT* هر چهار لاین TLZ4، TLZ1، TLK3، TLK1 و TLZ4 بیان پروتئین



شکل ۵- نتایج حاصل از Real Time PCR. نسبت بیان بین لاین‌های تراریخته توتون حاصل از سازه‌های ژنی PBIgR-KD و PBIgR-ZR. از نظر نسبت بیان تراژن *GRFT*، لاین‌های مورد نظر اختلاف زیادی با یکدیگر نشان می‌دهند.



شکل ۶- الف) بررسی پروتئین کل گیاهان تراریخته توتون؛ در ناحیه حدود ۲۷ کیلو دالتونی یک باند پلی‌مورفیک در لاین توتون TLZ4 مشاهده می‌شود. در این لاین پروتئین نوترکیب تحت کنترل بخش انتهایی N پپتید راهنمای Zera قرار دارد. ب) بررسی لاین‌های تراریخت توتون با وسترن بلات، دو باند در نواحی ۱۳ و ۲۷ کیلو دالتون به ترتیب نشان‌دهنده پروتئین‌های گریفتسین در دو حالت مونومر و دایمر می‌باشد.



شکل ۷- نتایج حاصل از آزمون ELISA (نتایج به صورت میکروگرم گریفتسین در هر گرم وزن تر برگ می‌باشد). لاین TLK1 بیشترین (۵/۲۵۵) میکروگرم بر گرم وزن تر برگ) و لاین TLK4 کمترین (۵/۲۵۵) میکروگرم بر گرم وزن تر برگ) را دارا بوده‌اند.

مبتنی بر گیرنده‌های سطح شبکه آندوپلاسمی بوده و اشباع پذیر هستند (Croft et al. 1999). یعنی قسمتی از پروتئین نوترکیب، به پذیرنده‌های اختصاصی خود متصل نشده و در نتیجه با وزیکول‌های انتقالی به غشای پلاسمایی منتقل می‌شوند (Movafeghi 2006). اثر بهتر پپتید راهنمای Zera می‌تواند ناشی از بسته‌بندی پروتئین در اجسام پروتئینی باشد (Torrent et al. 2009). در این تحقیق هدف تنها ارزیابی میزان تولید پروتئین و مقایسه اثر دو پپتید راهنمای KDEL و بخش انتهایی N از Zera بود، در نتیجه هیچگونه توالی برجسته همانند His-Tag 6 جهت خلص‌سازی به توالی ژن الحاق نشد و فقط شرایط بیان ارزیابی شد. با انتخاب میزان گیاهی، راه‌انداز و پپتید راهنمای مناسب و توالی بهینه شده ژن می‌توان عملکرد پروتئین نوترکیب را افزایش داد. با توجه به عدم وجود گلیکوزیلاسیون در *GRFT* پیشنهاد می‌شود که پروتئین بیان شده در گیاه، خلص‌سازی شود و از نظر قابلیت غیرفعال‌سازی ویروس‌ها از جمله HIV بررسی شود.

#### منابع

Balzarini J (2006) Inhibition of HIV entry by carbohydrate-binding proteins. *Antiviral Research* 71: 237-247.

Bradford MM (1976) A rapid and sensitive method for the quantification of microgram quantities of protein utilizing the principle of protein-dye binding. *Analytical Biochemistry* 72: 248-54.

Crofts AJ, Leborgne-Castel N, Hillmer S, Robinson DG, Phillipson B, Carlsson LE, Ashford DA, Denecke J (1999) Saturation of the endoplasmic reticulum retention machinery reveals anterograde bulk flow. *Plant Cell* 11:2233-2248.

Doran PM (2006) Foreign protein degradation and instability in plants and plant tissue cultures. *Trends Biotechnology* 24:426-432.

Fischer U, Kuhlmann M, Pecinka A, Schmidt R, Mette MF (2008) Local DNA features affect RNA-directed transcriptional gene silencing and DNA methylation. *Plant Journal* 53:1-10.

Floss DM, Sack M, Arcalis E, Stadlmann J, Quendler H, Rademacher T, Stoger E, Scheller J, Fischer R, Conrad U (2009) Influence of elastin-like peptide fusions on the quantity and quality of a tobacco-derived human immunodeficiency virus-neutralizing antibody. *Plant Biotechnology Journal* 7:899-913.

عدم بیان ژن می‌شود (Vaucheret 2006). میزان رونوشت ژن *GRFT* در لاین TLK1 حدود ۳۳۶ برابر بود که می‌تواند ناشی از اثر راه‌انداز 35S و نیز استفاده از توالی بهینه شده باشد اما ارتباط چندان مشخصی با میزان پروتئین ترجمه شده وجود نداشت. اختلاف چشمگیر در بیان ژن بین لاین‌های توتون می‌تواند ناشی از "اثر موضعی" باشد که در آن بیان ژن خارجی متاثر از محل الحاق آن می‌باشد (Fischer et al. 2008). پس همیشه بیان بالای یک ژن، انباشت بالاتر پروتئین را در پی ندارد، موضوعی که در این تحقیق نمایان بود. با وجود مشاهده یک باند ۲۷ کیلودالتونی احتمالی بروی SDS-PAGE، چون بروی این نوع ژل پروتئین‌های بیش از یک درصد کل پروتئین محلول قابل مشاهده هستند و چون بیان در ژنوم هسته‌ای به ندرت به یک درصد پروتئین کل می‌رسد (Meyers et al. 2010)، پس برای تایید بیشتر از وسترن بلات و آزمون الیزا استفاده شد. نتایج ELISA نشان داد که بخش انتهایی N پپتید راهنمای Zera منجر به تجمع *GRFT* بیشتری در مقایسه با KDEL شده است. KDEL

Giomarelli B, Schumacher KM, Taylor TE, Sowder RC, Hartley JL, McMahon JB, Mori T (2006) Recombinant production of anti-HIV protein, griffithsin, by auto-induction in a fermentor culture. *Protein Expression and Purification* 47:194-202.

Holl H, Xu K, Peressin M, Lederle A, Elizabeth M, Biedma ME, Delaporte M, Decoville T, Schmidt S, Laumond G, Aubertin AM, Moog C (2010) Stimulation of HIV-1 replication in immature dendritic cells in contact with primary CD4 T- or B-lymphocytes. *Journal of Virology* 84: 4172-4182.

Kazusa DNA Research Institute (2011) <http://www.kazusa.or.jp/codon/cgi-bin/showcodon.cgi?species=4236>.

Kim JH, Hatta M, Watanabe S, Neumann G, Watanabe T, Kawaoka T (2010) Role of host-specific amino acids in the pathogenicity of avian H5N1 influenza viruses in mice. *Journal of General Virology* 91: 1284-1289.

Kouokam JC, Huskens D, Schols D, Johannemann A, Riedell SK, Walter W, Walker JM, Matoba N, O'Keefe BR, Palmer KE (2011) Investigation of Griffithsin's Interactions with Human Cells Confirms Its Outstanding Safety and Efficacy Profile as a Microbicide Candidate. *Public Library of Science ONE* 8: 1-15.

Krambovitis K, Porchis F, Spandidos DA (2005) HIV entry inhibitors: a new generation of antiretroviral drugs. *Acta Pharmacologica Sinica* 26: 1165-1173.

- Livak KJ, Schmittgen TD (2001) Analysis of relative gene expression data using Real-Time quantitative PCR and the  $2^{-\Delta\Delta Ct}$  method. *Methods* 25: 402-408.
- Meyers B, Zaltsman A, Lacroix B, Kozlovsky SV, Krichinsky A (2010) Nuclear and plastid genetic engineering of plants: Comparison of opportunities and challenges. *Biotechnology Advances* 28: 747-756.
- Movafeghi A (2006) Study of the role of C-terminal HDEL signal sequence of proteins using immunogold labeling of transgenic and wild tobacco cells. *Iranian Journal of Biology* 3: 282-289 (In Farsi).
- Murashige T, Skoog F (1962) A revised medium for rapid growth and bioassay with tobacco tissue culture. *Plant* 15: 473-497.
- Murray MG, Thompson WF (1980) Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. *Nucleic Acids Research* 8:4321-4325.
- O'Keefe B, Mori T, McMahon J (2010) Antiviral griffithsin compound, composition and methods use. US Patent. US 2010/021242 A1.
- O'Keefe BR, Vojdani F, Buffa Y, Shattock RG, Montefiori DC, Bakke J, Mirsalis J, d'Andrea DA, Hume SD, Bratcher B, Saucedo CJ, McMahon JB, Pogue JP, Palmer KP (2009) Scaleable manufacture of HIV-1 entry inhibitor griffithsin and validation of its safety and efficacy as a topical microbicide component. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* 106: 6099-6104.
- Sambrook J, Russell DW (2001) *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, 3rd edn. Cold Spring Harbor: Cold Spring Harbor Laboratory Press.
- Schmidt MA, Parrott WA (2001) Quantitative detection of transgenes in soybean [*Glycine max* L. Merrill] and peanut (*Arachis hypogaea* L.) by Real-Time polymerase chain reaction. *Plant Cell Reports* 20:422-428.
- Shimizu K, Takahashi M, Goshima N, Kawakami S, Irifune K, Morikawa H (2001) Presence of an SAR-like sequence in junction regions between an introduced transgene and genomic DNA of cultured tobacco cells: its effect on transformation frequency. *Plant Journal* 26: 375-384.
- Torrent M, Llop-Tous I, Ludevid MD (2009) Protein body induction: a new tool to produce and recover recombinant proteins in plants. *Methods Molecular Biology* 483:193-208.
- Trabattoni D, Lo Caputo S, Biasin M, Seminari E, Di Pietro M, Ravasi G, Mazzotta F, Maserati R, Clerici M, (2002) Modulation of human immunodeficiency virus (HIV)-specific immune response by using efavirenz, nelfinavir, and stavudine in a rescue therapy regimen for HIV-infected, drug-experienced patients. *Clinical and Diagnostic Laboratory Immunology* 9: 1114-1118.
- Twyman RM, Stoger E, Schillberg S, Christou P, Fischer R (2003) Molecular farming in plants: host systems and expression technology. *Trends in Biotechnology* 12: 570-578.
- Ullrich R, Schmidt W, Zippel T, Schneider T, Zeitz M, Riecken EO (1998) Mucosal HIV infection. *Pathobiology* 66: 145-50.
- Vaucheret H (2006) Post-transcriptional small RNA pathways in plants: mechanisms and regulations. *Genes and Development* 20:759-71.
- Wandeltt C, Rafiqul M, Khan SC, Harmut ES, Spencer D, Higgins TJV (1992) Vicilin with carboxy-terminal KDEL is retained in the endoplasmic reticulum and accumulates to high levels in the leaves of transgenic plants. *Plant Journal* 2:181-192.
- Zeitlin L, Pauly M, Whaley KJ (2009) Second-generation HIV microbicides: Continued development of griffithsin. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* 15: 6029-6030.