

همسانه سازی و بیان توالی کد کننده ABRAA در باکتری اشرشیاکلی

Cloning and expression of the sequence coding ABRAA in *Escherichia coli*.

فریا رفیعی^۱، علی اکبر شاهنجات بوشهری^۱، هوشنگ علیزاده^{*۱}

۱- به ترتیب دانشجوی دکتری، استاد، دانشیار، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران، کرج

Rafiei F¹, Shah Nejat Boushehri AA¹, Alizadeh H^{*1}

1- Phd Student, Professor, Associate Professor, Department of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture, Tehran University, Karaj, Iran

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

(تاریخ دریافت: ۹۷/۲/۳۰ - تاریخ پذیرش: ۹۷/۷/۱۵)

چکیده

اگرچه پروتئین گیاهی سمی از خانواده پروتئین های بازدارنده ریوزومی و با ماهیت گلیکوپروتئینی است. این پروتئین شامل دو زنجیره متفاوت A و B است، زنجیره A با وزن ۳۰ کیلو دالتون و با فعالیت آن- گلیکوزیدازی rRNA و زنجیره B با وزن حدود ۳۵ کیلو دالتون و با خاصیت لکتینی که نقش آن تسهیل جذب زنجیره A به داخل سلول میزبان است. در این مطالعه، جداسازی توالی DNA کدکننده زنجیره A ابرین از گیاه *Abrus precatorius* با استفاده از تکنیک PCR انجام و در تی وکتور همسانه سازی شد. توالی حاصل به طول ۷۵۳ bp به عنوان اولین توالی ژنومی زنجیره A ابرین با شماره دسترسی MF573784 در پایگاه NCBI GenBank ثبت شد. در ادامه ساختار مولکولی و ویژگی های بیوشیمیایی آن مورد بررسی قرار گرفت. بررسی ساختارهای دوم و سوم توالی پروتئینی ABRAA با وزن مولکولی ۲۸/۰۷ کیلو دالتون، نشان داد که این پروتئین از نظر ساختاری مشابه با توالی پروتئین های بازدارنده ریوزومی نوع II گیاهی می باشد. بیان پروتئین نوترکیب در سویه BL21 (DE3) انجام و صحت آن با استفاده از آزمون لکه گذاری وسترن بلات تأیید شد.

واژه های کلیدی

اگرچه
پروتئین نوترکیب
همسانه سازی
وسترن بلات

مقدمه

پروتئین‌های بازدارنده‌ی ریپوزومی (RIPs)^۱، خانواده‌ای از آنزیم‌ها با فعالیت ان- گلیکوزیدازی هستند که باعث آزاد شدن یک نوکلئوتید آدنین از زیرواحد ریپوزومی 60S می‌شوند (Stirpe 1992). RIPها بر اساس ساختار اولیه به دو گروه تقسیم می‌شوند. RIPهای نوع I که آنزیم‌های تک واحدی با وزن تقریباً ۳۰ کیلو دالتون و با فعالیت ان- گلیکوزیدازی هستند و همچنین فراوان‌ترین نوع RIPهای موجود در طبیعت‌اند (Barbieri et al. 1993). RIPهای نوع II، شامل دو دمین متفاوت هستند، یک زنجیره A فعال ۳۰ کیلو دالتونی با فعالیت ان- گلیکوزیدازی rRNA و یک زنجیره B با وزن حدود ۳۵ کیلو دالتون و با خاصیت لکتینی که نقش آن تسهیل جذب زنجیره A به داخل سلول میزبان است. این دو زنجیره توسط یک پیوند دی‌سولفیدی به‌صورت کووالان بهم متصل می‌شوند (Hegde et al. 1991). مهم‌ترین RIPهای گیاهی نوع II عبارتند از: ریسین^۲، ساپورین^۳، گلونین^۴ و ابرین^۵ (Ferrerias et al. 2011). ابرین یک پروتئین سمی است که از گیاه *Abrus precatorius* L. به‌دست می‌آید (Carlini et al. 2002). *A. precatorius* گیاهی است چند ساله و از خانواده‌ی لگوم^۶، زیستگاه اصلی این گیاه مناطق جنگلی نواحی گرمسیری مانند شمال استرالیا، جنوب شرق آسیا، ناحیه گرمسیری آسیا و غرب اقیانوس آرام است. در طب سنتی از ترکیبات این گیاه برای درمان جراحتهایی که توسط حیواناتی چون سگ، گربه و موش ایجاد می‌شود، استفاده می‌شود. از این گیاه علاوه بر درمان بیماری هاری، در درمان بیماری‌های چون پسی و کزاز نیز استفاده می‌شود (Taur et al. 2017). تمام بافت‌های گیاه *A. precatorius* سمی است ولی بذرها به علت داشتن بالاترین میزان سم، بیش‌تر مورد توجه قرار گرفته‌اند (Nwodo et al. 2012). مکانیزم عمل این پروتئین سمی به این صورت است که ابتدا زنجیره B با ماهیت لکتینی به‌طور اختصاصی به گیرنده‌های سطحی سلول‌های یوکاریوتی متصل می‌شود، این گیرنده‌ها

گلیکوپروتئین‌ها و گلیکولیپیدهای هستند که دارای β -۱ و ۴ متصل به رزیدوهای گالاکتوز می‌باشند، با اتصال زنجیره B به این گیرنده‌ها، زنجیره A ابرین، وارد سلول می‌شود (Olsnes 2004). هنگامی که زنجیره A سم ابرین به‌صورت اندوسیتوز وارد سلول می‌شود، اثرات سمی آن بر روی ریپوزوم 60S منجر به مهار فاکتورهای طول‌سازی EF-1 و EF-2 و جلوگیری از سنتز پروتئین شده، و نهایتاً منجر به مرگ سلولی می‌شود. در واقع فرآیند مهار سنتز پروتئین شامل غیرفعال‌سازی کاتالیتیکی ریپوزوم است که توسط زنجیره A سم ابرین انجام می‌شود، این عمل با حذف یک آدنین کلیدی از توالی GAGA loop حفاظت شده در جایگاه ۴۳۲۴ 28S rRNA زیرواحد 60S ریپوزوم، انجام می‌شود. rRNA پورین‌زدایی شده پس از آن، دیگر قادر نیست به فاکتور طول‌سازی پروتئین (EF-2)، متصل شود، این امر منجر به توقف سنتز پروتئین و نهایتاً مرگ سلول می‌شود (Karande et al. 2017; Audi et al. 2005). در واقع القاء مرگ سلولی برنامه ریزی شده^۷ توسط ابرین می‌تواند نتیجه‌ی فرآیند آسیب به DNA به‌علت آزاد شدن آدنین از چندین جایگاه باشد، که این امر منجر به ایجاد جایگاه‌های فاقد پورین/ فاقد پیریمیدین شده و باعث تضعیف ستون قند- فسفات DNA می‌شود. RIPها آدنین را نه تنها از RNA، بلکه از DNA، دم پلی A و کلاهاک mRNA نیز حذف می‌کنند (Reyes et al. 2012). بنابراین می‌توان از ابرین به‌عنوان یک القاء کننده مرگ سلولی برنامه‌ریزی شده، در از بین بردن سلول‌های سرطانی استفاده نمود. در روش‌های جدید، از پروتئین‌های سمی، در طراحی و ساخت ایمونوتوکسین^۸ استفاده می‌شود (Polito et al. 2011; Fuchs and Bachran 2012).

دسترسی محدود برای تهیه پروتئین سمی ابرین، روش‌های پیچیده استخراج، خالص‌سازی این پروتئین از گیاه و مقرون به صرفه نبودن این روش‌ها سبب شد تا در پی بیان این پروتئین دارویی در باکتری به‌منظور کاهش هزینه و دسترسی بهتر این دارو باشیم. با توجه به این‌که سیستم‌های پروکاریوتی جهت سنتز پروتئین‌های نوترکیب کوچک دارای مزایایی زیادی مانند رشد سریع سلولی، تولید سطوح بالایی از رهاسازی پروتئین در محیط کشت، کمک

¹ Ribosome inactivating protein² Ricin³ Saporin⁴ Gelonin⁵ Abrin⁶ Leguminosae⁷ Apoptosis⁸ Immunotoxins



الف

ب

شکل ۱- الف) رشد بذرهای جوانه زده *Abrus precatorius* پس از دو هفته در ژرمیناتور ۲۵ درجه سانتی‌گراد (۱۶ ساعت روشنائی، ۸ ساعت تاریکی). ب) رشد گیاه *Abrus precatorius* پس از دو ماه.

برای تکثیر توالی DNA کدکننده ABRaA، واکنش PCR با غلظت نهایی ۱/۴ میلی‌مولار $MgCl_2$ ، ۰/۲ میلی‌مولار dNTP، ۰/۴ میکرومولار آغازگر، ۲ میکرولیتر بافر (10X) و یک واحد آنزیم *Taq DNA* پلی‌مراز برای تکثیر انجام شد. برای دستیابی به دمای بهینه، تکثیر به صورت شیب دمایی از ۵۵ تا ۶۵ درجه سانتی‌گراد صورت گرفت تا دمای مناسب آغازگرها تعیین شود. به این منظور واسرشته‌سازی اولیه در دمای ۹۴ °C به مدت ۴ دقیقه و ۳۳ چرخه حرارتی شامل مرحله واسرشته‌سازی در دمای ۹۴ °C به مدت ۴۵ ثانیه، اتصال آغازگر در دمای ۶۵-۵۵ °C به مدت ۴۵ ثانیه و زمان بسط DNA در دمای ۷۲ °C به مدت ۶۰ ثانیه و هم‌چنین مدت زمان بسط نهایی ۱۰ دقیقه در نظر گرفته شد. در ادامه آنزیم *Pfu DNA* پلی‌مراز برای تکثیر قطعه جهت استفاده در همسانه‌سازی به‌کار گرفته شد. برای این منظور غلظت نهایی اجزای واکنش PCR با حجم نهایی ۲۵ میکرولیتر شامل ۵۰ نانوگرم DNA الگو، ۱/۵ میکرومولار آغازگر، ۰/۲ میلی‌مولار dNTP، یک واحد آنزیم *Pfu* (Bio Basic, Canada) و DNAPolymerase و ۲/۵ میکرولیتر بافر (10X) انجام شد. برنامه حرارتی PCR شامل واسرشته‌سازی اولیه به مدت ۴ دقیقه در دمای ۹۴ °C و ۳۳ چرخه حرارتی شامل مرحله واسرشته‌سازی در دمای ۹۴ °C به مدت ۳۰ ثانیه، اتصال آغازگر در دمای ۵۸ °C به مدت ۴۵ ثانیه و زمان بسط DNA در دمای ۷۲ °C به مدت دو دقیقه و هم‌چنین بسط نهایی به مدت ۱۰ دقیقه در نظر گرفته شد. محصول PCR بر روی ژل آگارز یک درصد به مدت ۴۵ دقیقه

به شکل‌گیری ساختار پروتئین، امکان دست‌ورزی ژنتیکی وکتور بیان، صرفه جویی در هزینه و جمع‌آوری پروتئین‌های ترشح‌شده در محیط کشت می‌باشند (Li et al. 2007)، در این تحقیق جداسازی توالی کدکننده زنجیره A ابرین از ژنوم گیاه *A. precatorius* و بیان این پروتئین در سیستم پروکاریوتی *E.coli* مورد توجه قرار گرفت.

مواد و روش‌ها

به‌منظور جداسازی توالی کدکننده زنجیره A پروتئین ابرین^۱ (ABRaA)، بذر گیاه *A. precatorius* تهیه و کشت داده شد. ابتدا بذرهای استریل شده (Mahmoodi et al. 2014) و سپس برای از بین بردن خواب بذر، بذرهای به مدت ۳۰ دقیقه در آب ۱۰۰ درجه سانتی‌گراد قرار داده شدند. سپس بذرهای در ژرمیناتور ۲۵ درجه سانتی‌گراد قرار گرفتند (Prakash et al. 2013). پس از دو هفته بذرهای جوانه زده به محیط کوکوپیت، پیت و پرلیت با نسبت‌های ۴:۲:۱ انتقال داده شدند و بعد از گذشت دو ماه از رشد گیاه (شکل-۱)، استخراج DNA ژنومی از برگ‌های گیاه به روش CTAB با اندکی تغییرات انجام گرفت (Doyle and Doyle 1987).

آغازگرهای اختصاصی بر اساس توالی cDNA کد کننده A-brin chain از مرکز ملی اطلاعات بیوتکنولوژی (NCBI) با شماره دسترسی (X76720)، با استفاده از نرم‌افزار Primer3 طراحی شدند:

Forward: 5'-
GAATTCGGATCCGAAGATAGGCCCATCAAGTTTT
CCACTG-3'

Reverse: 5'-
CTCGAGATTTGGCGGATTGCAGACAAAAAGCATC
-3'

(در سمت ۵' آغازگر پیشرو به‌ترتیب از جایگاه‌های برشی آنزیم‌های *EcoRI*-*BamHI* و در سمت ۵' آغازگر پیرو از جایگاه برشی آنزیم *XhoI* استفاده شد. آغازگرها توسط شرکت Bioneer کره جنوبی ساخته شدند).

¹ ABRaA :Abrin-a A chain

تفکیک شد و سپس با استفاده از کیت تخلیص از ژل Wizard SV (Promega, USA) Gel and PCR Clean-Up System استخراج شد. قطعه حاصل پس از افزودن تک نوکلئوتید A در تی وکتور pTG19 (Vivantis, Malaysia) طبق دستورالعمل آن شرکت همسازسازی شد. واکنش الحاق با استفاده از آنزیم (Takara,) *T4 DNA Ligase* (Japan) انجام شد و سپس به روش شوک حرارتی انتقال سازه به سلول‌های مستعد باکتری *E. coli* سویه DH5 α صورت گرفت (Sambrook and Russell 2001). برای غربال سلول‌های حاوی پلاسمید نوترکیب، از محیط کشت حاوی آنتی بیوتیک آمپی سیلین (با غلظت ۱۰۰ میلی گرم در لیتر) استفاده شد. کلون‌های نوترکیب به دست آمده بر روی محیط انتخابی آمپی سیلین، از طریق کلونی PCR تایید شدند و به منظور تایید نهایی استخراج پلاسمید مطابق روش لیز قلیایی انجام شد (Sambrook and Russell 2001) و هضم آنزیمی طبق دستورالعمل شرکت فرمتاز، جهت اطمینان از وجود قطعه صورت گرفت. توالی‌یابی DNA پلاسمید نوترکیب توسط شرکت SeqLab آلمان انجام گرفت.

پس از تایید توالی کد کننده ABRaA، برای ساخت سازه جهت تولید پروتئین مورد نظر در باکتری، قطعه مورد نظر با برش *Bam*HI/*Xho*I در ناقل بیانی (pETABRaA) pET28a+ قرار گرفت. سپس انتقال pETABRaA به میزبان بیانی Bl21 (DE3) مطابق دستورالعمل (Sambrook and Russell 2001) صورت گرفت. تک کلون‌ها از سویه Bl21 (DE3) حاوی سازه مورد نظر به صورت کشت شبانه در محیط کشت LB حاوی کانامایسین در دمای ۳۷ درجه سانتی‌گراد قرار گرفتند. روز بعد کشت شبانه با محیط تازه به نسبت ۱:۲۰ رقیق شد و پس از رسیدن به OD₆₀₀ ۰/۳ تا ۰/۵، به محیط کشت باکتری IPTG^۱ با غلظت ۰/۸ میلی مولار اضافه شد. نمونه‌ها در دمای ۳۷ درجه سانتی‌گراد قرار گرفتند و پس از ۵ ساعت نمونه برداری انجام گرفت. پس از القای بیان، پروتئین‌های حاصل بر روی SDS-PAGE تفکیک شدند (Sambrook and Russell 2001). باکتری‌ها در شرایط ۴۰۰۰×g به مدت ۷ دقیقه رسوب داده شدند. استخراج پروتئین کل از باکتری با استفاده از دستگاه فراصوت با امواج صوتی ۹۰ w (سه

سیکل ۱۵ ثانیه‌ای) انجام شد و پروتئین‌های حاصل با استفاده از SDS-PAGE ۱۰ درصد بررسی شدند. تخلیص پروتئین نوترکیب با استفاده از کیت Ni-NTA Agaros (Qiagen, Germany) انجام شد. برای تأیید پروتئین مورد نظر روش وسترن بلات با استفاده از آنتی بادی هیستیدین در رقت ۱:۳۰۰۰ و آنتی بادی اختصاصی با رقت ۱:۶۰۰ انجام گرفت. توالی نوکلئوتیدی حاصل از توالی‌یابی با استفاده از برنامه Expasy مورد ترجمه قرار گرفته و خصوصیات بیوشیمیایی توالی اسیدآمینه به دست آمده، شامل شاخص‌های آلفایتیک، آب‌گریزی و ناپایداری با استفاده از برنامه‌های ProtParam و ProtScale به روش (Doolittle 1982) and Kyte and Doolittle (1982) مورد بررسی قرار گرفت (Gasteiger et al. 2005). همچنین پیش‌بینی موقعیت درون‌سلولی پروتئین کد شده توسط توالی ABRaA با استفاده از برنامه YLOC (Briesemeister et al. 2010) انجام گرفت. ساختارهای دوم و سوم توالی پروتئینی ABRaA با استفاده از برنامه I-TASSER تعیین شد. همچنین توالی اسیدآمینه به دست آمده به منظور یافتن توالی‌های پروتئینی مشابه در بانک‌های اطلاعاتی با استفاده از الگوریتم BLAST در مرکز ملی اطلاعات بیوتکنولوژی (NCBI) مورد جستجو قرار گرفت و تعدادی توالی از منابع مختلف که بیش‌ترین شباهت (بالاتر از ۵۰ درصد) را با توالی پروتئینی مورد نظر داشتند، انتخاب شدند. هم‌ردیفی چندگانه توالی پروتئینی ABRaA با استفاده از نرم‌افزار Clustal Omega انجام شد. بررسی وجود سیگنال پپتید، با کمک برنامه SignalP 4.1 انجام شد.

نتایج و بحث

طبق نتیجه حاصل از واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز که به صورت شیب دمایی ۵۵ تا ۶۵ درجه سانتی‌گراد، و با آنزیم *Taq DNA* پلی‌مراز انجام شد، قطعه ABRaA در دمای ۵۸ درجه سانتی‌گراد تکثیر شد (شکل ۲-الف). به منظور تکثیر با آنزیم *Pfu* پلی‌مراز دمای ۵۸ درجه سانتی‌گراد به عنوان دمای تکثیر انتخاب شد. قطعه مورد استفاده ABRaA برای همسازسازی در تی وکتور pTG19 در حضور آنزیم *Pfu* پلی‌مراز تکثیر شد (شکل ۲-ب). کلون‌های رشد کرده بر روی محیط انتخابی از طریق کلونی PCR با پرایمرهای اختصاصی، هضم آنزیمی و در نهایت با توالی‌یابی

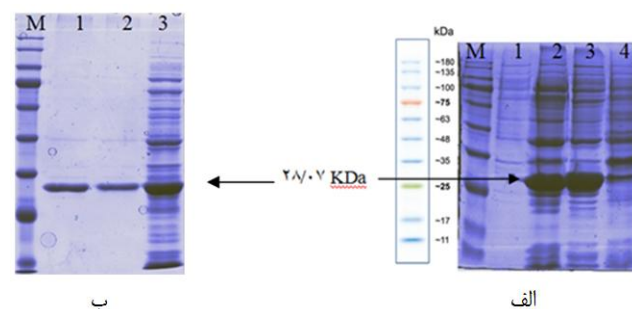
¹ Isopropyl B-D-thiogalactopyranoside

مورد تایید قرار گرفتند (شکل ۳). نتیجه حاصل از توالی‌یابی ABraA و بررسی هم‌ردیفی آن نشان داد که قطعه همسانه‌سازی شده، ژن کدکننده زنجیره A ابرین است (شکل ۴). بنابراین توالی DNA ژنومی کد کننده ABraA با شماره دسترسی MF573784 برای اولین بار در پایگاه توالی نوکلئوتیدی NCBI GenBank ثبت شد. طول این توالی ۷۵۳ bp بوده و یک پروتئین با ۲۵۱ اسید آمینه را کد می‌نماید. بررسی خصوصیات بیوشیمیایی پروتئین به‌دست آمده نشان داد که وزن مولکولی محاسبه شده و نقطه آیزوالکتریک پیش‌بینی شده توالی پروتئینی ژن ABraA با فرمول مولکولی $C_{1233}H_{1948}N_{356}O_{387}S_4$ به‌ترتیب برابر ۲۸/۰۷ کیلو دالتون و ۵/۶۶ است. همچنین شاخص ناپایداری این پروتئین در لوله آزمایش ۴۱/۸۳ بود که نشان دهنده ناپایداری این پروتئین است. ضریب آلفایاتیک پروتئین که بیانگر حجم اشغال شده توسط زنجیره جانبی اسیدآمینه‌های Ala، Val، Leu و Ile می‌باشد، ۸۷/۸۱ تعیین شد که نشان‌دهنده مقاومت حرارتی بالای این پروتئین است (Ikai 1980). شاخص آب‌گریزی^۱ محاسبه شده نشان داد که توالی پروتئینی کد شده توسط ABraA به‌میزان زیادی آب دوست بوده و از مجموع کل اسیدهای آمینه، ۲۹ اسید آمینه دارای بار منفی (Asp+Glu) و ۲۵ اسید آمینه با بار مثبت (Arg+Lys) بودند.

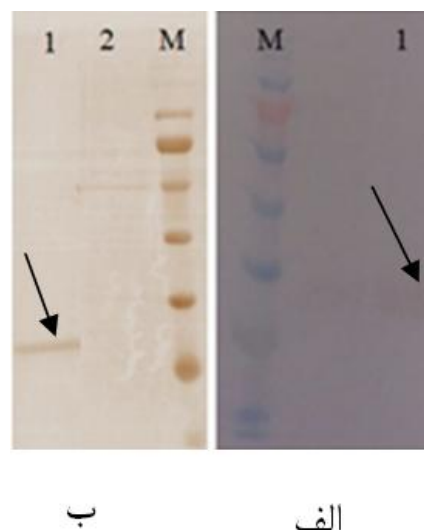
¹ Hydropathy

پروتئین‌های القا شده در سویه BL21 (DE3) بر روی SDS-PAGE ده درصد تفکیک شدند (شکل ۶). مطابق انتظار پروتئین مورد نظر با وزن ۲۸/۰۷ kDa بیان شد. با توجه به شکل ۶ پروتئین نو ترکیب حاصل به صورت محلول و همچنین پروتئین بادی به دست آمد. طبق پیش بینی برنامه ProtScale و بر اساس آب دوست بودن پروتئین، انتظار می‌رود که پروتئین به صورت محلول تولید شود. اما بخش زیادی از پروتئین به صورت پروتئین بادی مشاهده شد که در غلظت بالای پروتئین در *E.coli* امری طبیعی می‌باشد (Wilkinson and Harrison 1991). پروتئین نو ترکیب خالص شده با ستون نیکل به روش بردفورد تعیین غلظت شد (Bradford 1976). بیان پروتئین مورد نظر به کمک روش لکه گذاری وسترن با به کار گیری آنتی بادی هیستیدین و همچنین آنتی بادی اختصاصی مورد تایید قرار گرفت (Sambrook and Russell 2001) (شکل ۷-ب). نتیجه موفقیت آمیز وسترن نشان می‌دهد که میانکشن اختصاصی بین پروتئین نو ترکیب و آنتی بادی اختصاصی صورت گرفته است (شکل ۷-ج).

بررسی توالی آمینواسیدی نشان داد که توالی کد کننده ABRaA مانند توالی پروتئینی ژن *Abrin-a A chain* (شماره دسترسی 1ABR_A) دارای یک اسید آمینه Cys در موقعیت حفظ شده Cys247 است این اسید آمینه نقشی کلیدی در ایجاد پیوند دی سولفیدی بین زنجیره A و زنجیره B ابرین دارد (et al. 1995). همچنین توالی پروتئینی کد شده توسط ABRaA دارای یک جایگاه فعال با ۵ اسید آمینه ثابت Tyr113، Tyr74، Glu164، Arg167، Try198 و ۵ اسید آمینه در موقعیت‌های حفظ شده Asn72، Arg124، Gln160، Glu195 و Asn196 است. بررسی‌ها نشان می‌دهند که ۵ اسید آمینه ثابت Tyr113، Tyr74، Glu164، Arg167 و Try198 در جایگاه فعال زنجیره A ابرین، در همه RIPها حالت حفاظت شده دارند (Kimura et al. 1993; Mlsna et al. 1993). همچنین گزارش شده است که Glu164 و Arg167 این پروتئین مستقیماً در فعالیت کاتالیزوری هیدرولیز کردن پیوند ان - سی گلیکوزیداسیون نقش دارند (et al. 1995). بررسی‌ها نشان می‌دهند که دو اسید آمینه Glu164 و Arg167 در ابرین و ریسین، نقش کلیدی در ممانعت از بیوسنتز پروتئین ایفا می‌کنند (Hung et al. 1994). پیش‌بینی موقعیت



شکل ۶- نتیجه بیان و خالص سازی ABRaA از القای باکتری BL21 (DE3) حاوی سازه pETABRaA و تفکیک بر روی ژل اکریلامید ۱۰ درصد. (الف) شماره ۱ پروتئین نمونه شاهد (پروتئین باکتری بدون سازه)، شماره ۲ نمونه پروتئین کل واسرشته و نمونه ۳ نمونه پروتئین کل محلول استخراج شده با فراصوت. (ب) شماره‌های ۱ و ۲ نمونه‌های پروتئین خالص شده ABRaA با استفاده از روش کروماتوگرافی جذبی Ni-NTA آگارز، شماره ۳ پروتئین کل طبیعی استخراج شده با استفاده از فراصوت. M نشانگر (Prestained Protein marker Sinaclone).



شکل ۷- نتیجه بیان ABRaA از القای باکتری BL21 حاوی سازه pETABRaA و آزمون وسترن بلات برای تایید پروتئین مورد نظر. (الف) نتیجه وسترن بلات با آنتی بادی آنتی هیستیدین تگ. (ب) شماره ۱ نتیجه وسترن بلات با آنتی بادی آنتی اختصاصی ABRaA، شماره ۲ پروتئین شاهد (باکتری بدون سازه). M نشانگر (Prestained Protein marker Sinaclone).

به منظور بررسی بیان پروتئین مورد نظر، قطعه‌ای ABRaA در ناقل pET28a+ (pETABRaA) الحاق شد، با انجام کلونی PCR و هضم آنزیمی ناقل pETABRaA با دو آنزیم *BamHI/XhoI* حضور قطعه تایید شد (شکل ۵).

نتایج بررسی توالی پروتئینی کد شده توسط ABRaA با تعدادی از توالی‌های پروتئینی زنجیره A نشان داد که بالاترین تشابه را با ژن *Abrin-a A chain* به میزان ۸۴ درصد یکسانی دارد (شکل ۹). با بررسی تشابه ساختار دوم زنجیره A ابرین کد شده توسط توالی ABRaA مشخص شد که این پروتئین دارای ۹۶ اسیدآمینه در مارپیچ α (۳۸/۲۵ درصد)، ۶ اسیدآمینه در پیچ β (۲/۳۹ درصد) و ۹۸ آمینو اسید در مارپیچ تصادفی (۳۹/۰۴ درصد) است (شکل ۱۰).

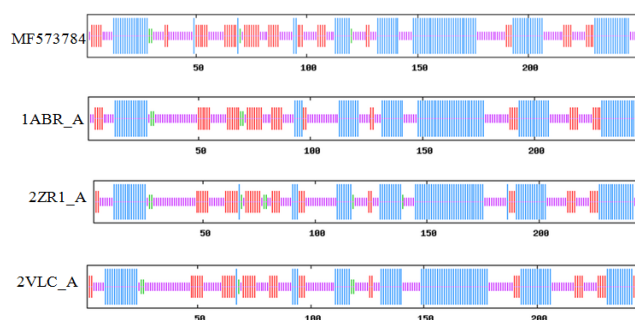
درون سلولی این پروتئین نیز نشان داد محل فعالیت آن مشابه سایر زنجیره‌های A موجود در ساختار RIP‌های نوع II، ستوپلاسم می‌باشد (Pascal et al. 2001).

نتایج حاصل از BLASTp توالی پروتئینی کد شده توسط ABRaA با توالی‌های پروتئینی مشابه موجود در پایگاه اطلاعاتی NCBI، جهت بررسی هم‌ردیف‌سازی چندگانه در جدول ۱ آمده است.

شکل ۹- هم‌ردیف‌سازی چندگانه توالی پروتئینی کد شده توسط ABRaA با توالی‌های پروتئینی مشابه با میزان شباهت بالاتر از ۵۰ درصد (ذکر شده در جدول-۱) با استفاده از نرم‌افزار ClustalX.

جدول ۱- مشخصات توالی‌های پروتئینی مورد استفاده برای تهیه هم‌ردیفی چندگانه به‌همراه شماره دسترسی موجود در پایگاه اطلاعات توالی NCBI (www.ncbi.nlm.nih.gov)

ردیف	نام علمی گیاه	E-value	میزان شباهت	نام ژن	شماره دسترسی
۱	<i>Abrus precatorius</i>	4e-158	٪۸۴	<i>Abrin-a A chain</i>	1ABR_A
۲	<i>Abrus precatorius</i>	2e-125	٪۶۹	<i>Chain A, Agglutinin</i>	2ZR1_A
۳	<i>Abrus precatorius</i>	2e-125	٪۶۹	<i>Chain A, Agglutinin (Apa-I)</i>	2Q3N_A
۴	<i>Abrus precatorius</i>	5e-68	٪۵۰	<i>Chain A, Crystal Structure Of Natural Cinnamomin</i>	2VLC_A



شکل ۱۰- ساختار دوم توالی پروتئینی کد شده توسط ژن ABRaA با استفاده از برنامه SOPMA و مقایسه آن با توالی‌های پپتیدی مشابه. مارپیچ‌های α ، صفحات β ، پیچ‌های β و مارپیچ‌های تصادفی به‌ترتیب با خطوط آبی، قرمز، سبز و بنفش نشان داده شده‌اند.



شکل ۱۱-
مدل‌های

سه بعدی توالی پروتئینی کد شده توسط توالی ABRAA با استفاده از برنامه I-TASSER

نتیجه‌گیری کلی

در این بررسی توالی DNA کدکننده زنجیره A ابرین جداسازی و پس از تایید توالی‌یابی و بررسی خصوصیات ساختاری و بیوشیمیایی با استفاده از نرم‌افزارهای مختلف و تایید نهایی با استفاده از آنتی بادی اختصاصی، این توالی برای اولین بار در پایگاه اطلاعاتی NCBI ثبت شد. در این پروتئین شباهت بالایی در ساختار دوم با پروتئین‌های بازدارنده ریپوزومی نوع II مشاهده شد، این پروتئین مشابه با ریسین و سایر پروتئین‌های بازدارنده ریپوزومی نوع II دارای ۵ اسیدآمینو ثابت در جایگاه فعال و ۵ اسیدآمینو در موقعیت‌های حفاظت شده بود.

یکی از کاربردهای پروتئین سمی ابرین، استفاده هدفمند از این پروتئین در درمان سلول‌های سرطانی می‌باشد که به‌منظور دریافت اختصاصی سم توسط سلول‌های سرطانی، نیاز به استفاده از توالی‌های اختصاصی یا بخش‌های برای هدف‌مندی و ارسال سم به دورن سلول می‌باشد (Fuchs et al. 2012).

این نتایج با ساختار دوم توالی پپتیدی سایر ژن‌ها نشان داد که پروتئین Abrin-a A chain (با شماره دسترسی 1ABR_A) دارای ۹۸ اسیدآمینو در مارپیچ α (۳۹/۰۴ درصد)، ۶ آمینو اسید در پیچ β (۲/۳۹ درصد) و ۱۰۳ آمینو اسید در مارپیچ تصادفی (۴۱/۰۴ درصد)، پروتئین Chain A گلوٹنین (با شماره دسترسی 2ZR1_A) دارای ۹۸ اسیدآمینو در مارپیچ α (۳۹/۵۲ درصد)، ۷ اسیدآمینو در پیچ β (۳/۸۲ درصد) و ۱۰۱ اسیدآمینو در مارپیچ تصادفی (۴۰/۷۳ درصد) و پروتئین a-chain گیاه *Natural Cinnamomin* (با شماره دسترسی 2VLC_A) نیز دارای ۹۴ اسیدآمینو در مارپیچ α (۳۷/۹ درصد)، ۵ اسیدآمینو در پیچ β (۲/۰۲ درصد) و ۱۰۴ اسیدآمینو در مارپیچ تصادفی (۴۱/۹۴ درصد)، دارای بالاترین تشابه بودند.

پیش‌بینی ساختار سه بعدی پروتئین توالی پروتئینی کد شده توسط ABRAA نشان داد که ساختار سه‌بعدی این پروتئین مشابه با ساختار سه بعدی پروتئین abrin a a-chain شناسایی شده توسط (Tahirov et al. 1995) می‌باشد. این پروتئین abrin a a-chain سه دمین تشکیل شده‌است که دمین ۱ شامل اسیدآمینوهای ۱ تا ۱۰۹ بوده و از ۶ صفحه β و ۲ مارپیچ α تشکیل شده‌است، دومین ۲ نیز شامل اسیدآمینوهای ۱۱۰ تا ۱۹۷ بوده و از ۵ مارپیچ α تشکیل شده‌است، بررسی‌ها نشان می‌دهند توالی اسیدآمینوهای دمین ۲ در زنجیره A ابرین و ریسین به‌شدت حفاظت شده‌است که توالی این دمین با توالی دمین ۲ کد شده توسط ABRAA کاملاً مطابقت داشت (Tahirov et al. 1995). دومین سوم که شامل اسیدآمینوهای ۱۹۸ تا ۲۵۱ می‌شود و از ۲ صفحه β ، ۲ مارپیچ α و یک مارپیچ تصادفی تشکیل شده‌است (شکل ۱۱).

منابع

- Audi J, Belson M, Patel M, Schier J, Osterloh J (2005) Ricin poisoning: a comprehensive review. JAMA The Journal of the American 294:2342-51.
- Barbieri L, Battelli MG, Stirpe F (1993) Ribosome inactivating proteins from plants. Biochim Biophys Acta 1154:237-82.
- Bendtsen JD, Nielsen H, von Heijne G, Brunak S (2004) Improved prediction of signal peptides. SignalP 3.0. Journal of Molecular Biology 340:783-95.

- Bradford MM (1976) Rapid and sensitive method for quantitation of microgram quantities of protein utilizing principle of protein-dye binding. Analytical Biochemistry 72:248-254.
- Briesemeister S, Rahnenführer J, Kohlbacher O (2010) Going from where to why interpretable prediction of protein subcellular localization. Bioinformatics 26:1232-8.

- Carlini CR, Grossi MF (2002) Plant toxic proteins with insecticidal properties. A review on their potentialities as bioinsecticides. *Toxicon* 40:515-1539.
- Doyle JJ, Doyle JL (1987) A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochemistry Bulletin* 19:11-15.
- Ferreras JM, Citores L, Iglesias R, Jimenez P, Girbe' sT (2011) Use of ribosome-inactivating proteins from sambucus for the construction of immunotoxins and conjugates for cancer therapy. *Toxins* 3:420-41.
- Fuchs H, Bachran C (2012) Drug Delivery in Oncology: From Basic Research to Cancer Therapy. Wiley-VCH Verlag GmbH & Co. KGaA Press, Berlin, Germany, 1443-1487.
- Gasteiger E, Hoogland C, Gattiker A, Duvaud S, Wilkins MR, Appel R D, Bairoch A (2005) Protein identification and analysis tools on the ExPASy server. In: Walker JM (Ed.) The proteomics protocols handbook. Humana Press, New York 571-607.
- Hedge R, Maiti, TK, Podder SK (1991) Purification and characterization of three toxins and two agglutinins from *A. precatorius* *precatorius* seed by using lactamyl-sepharose affinity chromatography. *Analytical Biochemistry* 194:101-109.
- Hung CH, Lee MC, Chen JK, Lin JY (1994) Cloning and expression of three abrin A-chains and their mutants derived by site-specific mutagenesis in *Escherichia coli*. *European Journal of Biochemistry* 219:83-7.
- Ikai A (1980) Thermostability and Aliphatic Index of Globular Proteins. *The Journal of Biochemistry* 88:1895-8.
- Karande AA, Bagaria K, Tiwari V (2017) A chimeric protein of abrin and *Abrus precatorius* agglutinin that neutralizes abrin mediated lethality in mice. *Toxicon* 127:122-129.
- Kimura M, Sumizawa T, Funatsu G (1993) The complete amino acid sequences of the B-chains of abrin-a and abrin-b, toxic proteins from the seeds of *Abrus precatorius*. *Bioscience Biotechnology and Biochemistry* 57:166-169.
- Kyte J, Doolittle RF (1982) A simple method for displaying the hydropathic character of a protein. *Journal of Molecular Biology* 157:105-132.
- Li P, Anumanthan A, Gao XG, Ilangovan K, Suzara VV, Düzgüne N, enugopalakrishnan V (2007) Expression of Recombinant Proteins in *Pichia Pastoris*. *Applied Biochemistry Biotechnology* 142:105-124.
- Mahmoodi A, Bezhan zadeh E, Shekari M (2014) Different methods of breaking seed dormancy on germination of forest plants *Acacia victoriae* and *Prspopis juliflora*. *Desert Ecosystem Engineering Journal* 4:35-42. (In Farsi).
- Mlsna D, Monzingo AF, Katzin BJ, Ernst S, Robertus JD (1993) Structure of recombinant ricin A chain at 2.3 Å. *Protein Science* 2:429-35.
- Nwodo NJ, Nwodo OFC (2012) Antitrypanosomal potentials of the extract and fractions of *Abrus precatorius* seeds. *Asian Pacific Journal of Tropical Medicine* 5:857-861.
- Olsnes S (2004) The history of ricin, abrin and related toxins. *Toxicon* 44:361-70.
- Pascal JM, Day PJ, Monzingo AF, Ernst SR, Robertus JD, Iglesias R, Pérez Y, Ferreras JM, Citores L, Gírbés T (2001) 2.8-Å crystal structure of a nontoxic type-II ribosome-inactivating protein, ebulin 1. *Proteins* 43:319-326.
- Polito L, Bortolotti M, Pedrazzi M, Bolognesi A (2011) Immunotoxins and other conjugates containing saporin-s6 for cancer therapy. *Toxins* 3:697-720.
- Prakash V, Nainwal A (2013) Enhancement Of Germination In *Abrus Precatorius* L. Seeds By Specific Pre-Sowing Treatments. *International Journal of Conservation Science* 4:237-242.
- Reyes AG, Anne J, Mejia A (2012) Ribosome – inactivating proteins with an emphasis on bacterial RIPs and their potential medical applications. *Future Microbiol* 7:705-717.
- Sambrook J, Russell DW (2001) Molecular cloning: A laboratory manual. Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York, USA.
- Stirpe F, Barbieri L, Battelli MG, Soria M, Lappi DA (1992) Ribosome-inactivating proteins from plants: present status and future prospects. *Biotechnology* 10:405-12.
- Tahirov TH, Lu TH, Liar YC, Chen YL, Lin JY (1995) Crystal structure of abrin-A at 2.14 Å. *Journal Molecular Biology* 250:354-357.
- Taur DJ, Patil RN, Patil RY (2017) Antiasthmatic related properties of *Abrus precatorius* leaves on various models. *Journal of Traditional and Complementary Medicine* 7:428-432.
- Wilkinson DL, Harrison RG (1991) Predicting the solubility of recombinant proteins in *Escherichia coli*. *Biotechnology (NY)* 9:443-8.