



کلون و بیان فوتوپروتئین اکورین با استفاده از دنباله اینتین

الهه سادات سیدحسینی^۱، مهدی زین‌الدینی^{۱*}، جلیل فلاح^۱، علی‌رضا سعیدی‌نیا^۱

^۱پژوهشکده علوم و فناوری زیستی، دانشگاه صنعتی مالک اشتر، تهران، ایران

(دریافت مقاله: ۹۲/۹/۱۳- پذیرش مقاله: ۹۲/۱۱/۱۰)

چکیده

زمینه: اینتین (INT) بخش‌های درونی پروتئین است که می‌تواند در طی فرایند پیرایش پروتئین، خود را از پروتئین نابالغ جدا کند. این توالی برای جدا شدن، احتیاج به آنزیم یا کوفاکتور خاصی ندارد. از این توالی پروتئینی و ویژگی برش خود به خودی آن، در اثر اعمال تغییر دما، pH و یا القای تیولی در جهت تخلیص پروتئین استفاده می‌شود. مزیت این روش نسبت به بقیه روش‌های تخلیص پروتئین، عدم احتیاج به آنزیم‌های پروتئاز و مراحل حذف پروتئاز می‌باشد که این روش را از لحاظ اقتصادی حائز اهمیت می‌کند. در تحقیق حاضر فوتوپروتئین اکورین به صورت ملکولی با INT هیبرید شده و میزان بیان آن مورد ارزیابی قرار گرفته است.

مواد و روش‌ها: در این تحقیق ژن رمز کننده اکورین که در مطالعات قبلی درون وکتور pET21a کلون شده بود با استفاده از پرایمرها و آنزیم‌های محدودگر اختصاصی درون وکتور pTYB21، که حاوی دنباله INT است، کلون گردید. سپس وکتور pTY-aequorin حاصله به باکتری E.coli سویه بیانی ER2566 انتقال داده شد و با تکنیک‌های الکتروفورز (Electrophoresis)، وسترن بلات (Western Blot) و تعیین ترادف (Sequencing)، صحت کلون‌ها بررسی گردید.

یافته‌ها: ژن به رمز درآورنده فوتوپروتئین اکورین بین جایگاه‌های آنزیمی SapI و PstI درون وکتور pTYB21 به صورت صحیح کلون گردید و بیان پروتئین هیبریدی اکورین- اینتین با استفاده از روش‌های مرسوم تأیید گردید.

نتیجه‌گیری: ساخت سازه ژنی فوتوپروتئین اکورین، در حالت هیبریدی و متصل به INT با استفاده از روش‌های ملکولی تأیید شد. همچنین میزان بیان اکورین در حالت متصل شده با INT، درصد بیان بیش از ۲۵ درصد مجموعه پروتئین‌های سلولی را نشان می‌دهد.

واژگان کلیدی: اینتین، پیرایش پروتئین، کلون، بیان، فوتوپروتئین اکورین.

*تهران، پژوهشکده علوم و فناوری زیستی، دانشگاه صنعتی مالک اشتر

مقدمه

اینتین (INT)^۱ به معنی بخش درونی پروتئین است. این اصطلاح اولین بار در سال ۱۹۹۰ زمانی که دو گروه تحقیقاتی فعالیت گسترده‌ای را بر روی اضافه کردن قطعه‌ای درون ژن VMA1 آغاز کرده بودند مطرح شد. ژن مذکور به رمز درآورنده آنزیم ATPase غشایی از مخمر ساکارومایسیس سرویزیا است. مترادف نوکلئوتیدی ژن مذکور پیشگویی کننده پروتئینی با ۱۰۷۱ اسیدآمینه و وزنی حدود ۱۱۸ کیلودالتون است ولی اندازه واقعی پروتئین VMA1 در آزمایشات تکمیلی با استفاده از الکتروفورز، فقط ۶۷ کیلو دالتون به دست آمد. بر این اساس ایده پیرایش پروتئین^۲ اولیه جهت تولید پروتئین بالغ مشابه پیرایش mRNA مطرح گردید. در نتیجه INT را معادل ایترون و اکستین^۳ را معادل اگزون mRNA برای پروتئین اولیه تعریف کردند. اکستین بالا دستی به عنوان اکستین آمین^۴ و اکستین پایین دستی به نام اکستین-کربوکسیل^۵ نام گذاری شدند. به بیان دیگر فعالیت پس از ترجمه‌ای پروتئین اولیه که سبب حذف INT و اتصال N-Extein به C-Extein می‌شود را پیرایش پروتئین^۶ می‌نامند که محصول این فرایند، پروتئین بالغ و INT می‌باشد (۱-۶).

این توالی‌ها حالت خودشکافنده دارند و در اثر تغییرات دما، pH و یا القای تیولی، از پروتئین هدف جدا می‌شوند که می‌توان از این خاصیت در جهت تخلیص یک مرحله‌ای پروتئین استفاده نمود. مزیت

این روش نسبت به بقیه روش‌های تخلیص پروتئین عدم احتیاج به آنزیم‌های پروتئازی و مراحل حذف پروتئاز می‌باشد (۶ و ۷)، که این روش را از لحاظ اقتصادی حائز اهمیت می‌کند. بر این اساس وکتورهای تجاری pTXB1 و pTYB21 به بازار ارائه شده‌اند که در آن‌ها INT به دومین قابل اتصال به کتین^۷ (CBD) فیوز شده است.

بر این اساس پس از بیان پروتئین هیبریدی مذکور، این پروتئین قابلیت اتصال به رزین‌های حاوی کیتین را داراست. پس از انجام کروماتوگرافی تمایلی، بر اثر کاهش دما یا القاء تیولی، پروتئین هدف بدون دنباله اضافه، از ستون شسته و خالص می‌گردد (۸ و ۹).

با توجه به اینکه خالص‌سازی پروتئین‌های نوترکیب با درصد خلوص بالا، همواره از معضلات محققین فناوری زیستی است، اکثر محققین تمایل دارند با کمترین مراحل و در کوتاه‌ترین زمان به بالاترین درصد خلوص پروتئین دست یابند. لذا امروزه روش‌های متنوع و تک مرحله‌ای توسط دانشمندان ارائه شده است تا بر این معضلات چیره شوند (۱۰-۱۲). در این تحقیق به منظور ارزیابی کارایی روش تخلیص با INT، کلون و بیان فوتوپروتئین اکورین^۸ درون وکتور pTYB21 که دارای توالی INT و CBD است، مورد مطالعه و بررسی قرار گرفت.

اکورین، به عنوان پروتئین نوترکیب مدل مورد استفاده قرار گرفت. اکورین، فوتوپروتئینی است که اولین بار در نوعی عروس دریایی به نام *Aequoera victoria* شناسایی شد، که قادر است از خود نور آبی رنگ ساطع نماید. به دلیل حساسیت بالای اکورین به غلظت کلسیم و با توجه به اینکه در این

^۱Intein (Internal Protein)^۲Protein Splicing^۳External Protein^۴N-Extein^۵C-Extein^۶Protein Splicing^۷ Chitin Binding Domain^۸ Aequorin Photoprotein

بین پروتئین اکورین و INT اسید آمینه اضافی تشکیل نخواهد شد. در مرحله بعد پلاسمید pET-aequorin که حاوی ژن به رمز درآورنده اکورین است (۲۲)، به عنوان الگو در واکنش PCR با استفاده از پرایمرهای مذکور مورد استفاده قرار گرفت.

لازم به توضیح است که PCR ابتدا با آنزیم پلیمرز Taq و سپس با آنزیم پلیمرز Pfu انجام شد. در ادامه هضم آنزیمی محصول PCR توسط دو آنزیم SapI و PstI صورت گرفت و دو انتهای چسبیده در ژن ایجاد شد، همچنین پلاسمید pTYB21 نیز توسط این دو آنزیم خطی شده و انتهای چسبیده در دو طرف آن ایجاد شد. پس از تخلیص ژن رمز کننده اکورین از روی ژل آگارز، قطعه مورد نظر در یک واکنش توسط آنزیم T4 به داخل پلاسمید بیانی pTYB21 انتقال یافت تا پلاسمید pTYB21-aequorin به دست آید. جهت تأیید کلون دو مسیر زیر انجام شد:

۱) هضم دو آنزیمی پلاسمید pTYB21-aequorin با استفاده از دو آنزیم NheI و PstI صورت گرفت. لازم به توضیح است که پس از کلون ژن به رمز درآورنده اکورین در پلاسمید pTYB21، جایگاه برش آنزیم SapI از بین می‌رود و نمی‌توان از این آنزیم جهت تأیید کلون استفاده نمود. بر اساس نقشه پلاسمیدی pTYB21-aequorin (شکل ۲)، محصول این هضم آنزیمی، قطعه هیبریدی INT-aequorin-CBD است. ۲) با استفاده از پرایمرهای عمومی T7، تعیین ترادف ژنی صورت گرفت.

پروتئین، درصد سیگنال نسبت به نوپس زمینه، بسیار بالا است، از این فوتوپروتئین در حوزه‌های مختلف زیست فناوری استفاده‌های زیادی می‌شود (۱۳-۱۵). از جمله کاربردهای اکورین در زیست فناوری می‌توان به استفاده از آن به عنوان نشانگر غلظت کلسیم (۱۶)، طراحی کیت‌های سنجش ایمنی (۱۷ و ۱۸)، طراحی حس‌گرهای سلولی (۱۹) و حتی مکمل غذایی جهت بیماران آلزایمری (۲۰) و (۲۱) اشاره نمود. هدف تحقیق حاضر بررسی میزان بیان پروتئین اکورین در حالت هیبرید شده با پروتئینی ۵۶ کیلو دالتونی (INT-CBD) و مقایسه میزان بیان با اکورین در حالت هیبریدی با دنباله هیستیدین است. تا در صورت موفقیت‌آمیز بودن کلون و بیان آن، در مطالعات بعدی عملکرد خود شکافندگی INT مورد بررسی قرار گیرد.

مواد و روش‌ها

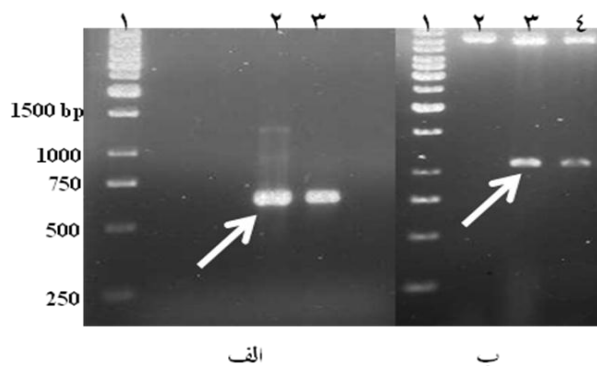
کلونینگ ژن به رمز درآورنده اکورین درون پلاسمید pTYB21

به منظور کلون ژن رمز کننده فوتوپروتئین اکورین درون وکتور pTYB21 (خریداری شده از شرکت BioLab، NEB#N6701)، ابتدا پرایمرهای اختصاصی به منظور تکثیر قطعه ژنی به همراه جایگاه‌های برش آنزیمی محدودگر مناسب طراحی گردید (جدول ۱). در پرایمرهای مربوطه جایگاه برش SapI در پرایمر پیشرو (Forward primer) و جایگاه برش PstI در پرایمر پیرو (Reverse Primer) طراحی گردید. بر این اساس

جدول ۱) توالی و اندازه پرایمرهای مورد استفاده در این تحقیق

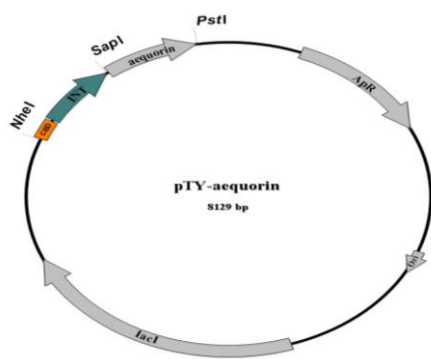
| نام پرایمر | توالی | اندازه (bp) |
|------------|--|-------------|
| F-TYaeq | 5'-GGTGGTTGCTCTTCCAACCTGTACGATGTACCAGATTATGCATC-3' | ۴۴ |
| R-TYaeq | 5'-GGTGGTCTGCAATCATGGTACCAGCCGCCGTACAG-3' | ۳۶ |

(به علت از بین رفتن سایت برش آنزیم Sapi پس از کلونینگ، نمی‌توان از آن در جهت بررسی کلونینگ استفاده کرد) (شکل ۱-ب).



شکل ۱ الف- آنالیز محصول PCR با پرایمرهای F-TY.aeq, R-TY.aeq و پلاسمید pET-aequorin به عنوان الگو، صورت گرفته با آنزیم Pfu (۱) Ladder 1 (۳ و ۲ kb محصول PCR در دمای ۶۰ و ۵۷ درجه سانتی‌گراد. ب- تأیید کلون aequorin در وکتور pTYB21 (۱) Ladder 1kb (۲) محصول هضم آنزیمی پلاسمید pTY-aequorin (کلون اول، ۳) کلون دوم، (۴) کلون سوم

بر اساس نقشه پلاسمیدی pTYB21 (NEB#N6701) و pTY-aequorin خروج قطعه حدود ۱۳۵۰ جفت بازی از کلون‌های دوم و سوم، نشانه‌ای بر تأیید کلونینگ می‌باشد (مجموع قطعه‌ی کلون شده حدود ۶۵۰ جفت بازی و بدنه وکتور حدود ۷۰۰ جفت بازی برش خورده می‌باشد). در نهایت نیز پلاسمید مربوطه به شرکت ژن فناوران جهت انجام تعیین ترادف ژنی منتقل گردید که نتایج به دست آمده صحت سازه ژنی pTY-aequorin را نشان داد (شکل ۲).



شکل ۲ سازه ژنی pTY-aequorin

ارزیابی بیان اکورین

پس از ساخت سازه ژنی pTY-aequorin، پلاسمید مربوطه درون باکتری مستعد شده ER2566، انتقال یافت. در ادامه القای بیان در OD_{۰.۷} با یک میلی مولار از IPTG^۹ در دمای ۳۰ درجه سانتی‌گراد (جهت افزایش پروتئین‌های محلول) به مدت ۴ ساعت انجام شد. در ادامه بیان پروتئین اکورین به کمک روش‌های SDS-PAGE و وسترن بلات (با استفاده از آنتی‌بادی پلی کلونال، anti-CBD، خریداری شده از شرکت BioLab، NEB#S6651)، ارزیابی گردید. در نهایت نیز میزان بیان فوتوپروتئین اکورین در حالت هیبرید شده با INT و CBD با بیان فوتوپروتئین اکورین اولیه (pET-aequorin) مقایسه شد.

یافته‌ها

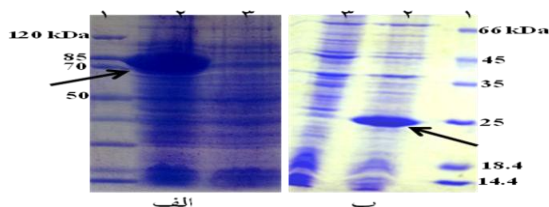
ساخت سازه ژنی pTY-aequorin

پس از انجام واکنش PCR، با استفاده از الگوی pET-aequorin، پرایمرهای F-TY.aeq, R-TY.aeq و آنزیم Pfu، محصول PCR بر روی ژل آگارز ۱ درصد مورد بررسی قرار گرفت که تکثیر باند حدود ۶۵۰ بازی، تأیید کننده تکثیر توالی ژنی اکورین می‌باشد (شکل ۱-الف) (۲۲). به منظور ساب کلون ژن به رمز درآورنده اکورین درون پلاسمید pTYB21، محصول PCR مرحله قبل و پلاسمید پایه pTYB21 با دو آنزیم محدودگر Sapi و PstI برش و سپس با آنزیم لیگاز، کلون گردید. در این مرحله سه کلونی انتخاب گردید و به منظور تأیید کلون‌های حاصله، هضم دو آنزیم پلاسمید pTY-aequorin با استفاده از آنزیم‌های PstI و NheI که دارای سایت برش درون پلاسمید pTYB21 بوده ولی بر روی توالی ژن کلون شده جایگاه ندارد، انجام شد

^۹ Isopropyl β-D-1-Thiogalactopyranoside

بیان پروتئین هیبریدی اکورین- CBD-INT

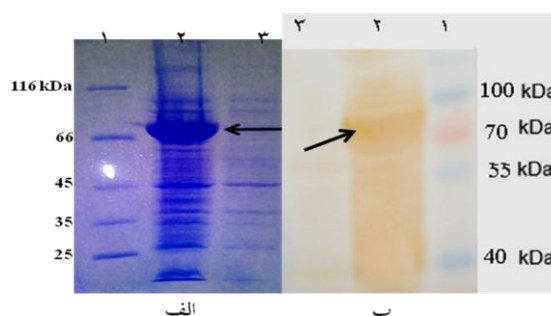
بعد از تأیید ملکولی سازه ژنی ساخته شده، پلاسمید pTY-aequorin به درون باکتری ER2566 انتقال یافته و القاء شد. بررسی بیان پروتئین در زمان‌های صفر و ۴ ساعت بعد از القاء با استفاده از SDS-PAGE و وسترن بلات صورت گرفت که مشاهده باند حدود ۷۹ کیلو دالتونی تأیید کننده بیان فوتوپروتئین اکورین همراه با INT و CBD می‌باشد (شکل ۳)، که در آن وزن مولکولی INT و CBD حدود ۵۶ کیلودالتون و وزن مولکولی پروتئین اکورین حدود ۲۳ کیلو دالتون می‌باشد (۲۲ و ۲۳).



شکل ۴) مقایسه بیان فوتوپروتئین اکورین در دو حالت فیوز شده به دنباله INT (الف) و هیستیدین (ب). (۱) مارکر وزن ملکولی، (۲) زمان ۴ ساعت بعد از القاء، (۳) زمان صفر قبل از القاء

بحث

در بین روش‌های مختلف تخلیص پروتئین‌های نوترکیب، کروماتوگرافی تمایلی^{۱۰} با دارا بودن مزیت‌های زیاد، از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. از سوی دیگر بین روش‌های تمایلی، استفاده از دنباله هیستیدین، با توجه به سادگی روش و افزودن تعداد کم اسید آمینه به پروتئین هدف، از سایر روش‌ها ارجحیت بیشتری داشته و بیشتر مورد علاقه محققین فناوری زیستی قرار گرفته است (۲۴). در این میان استفاده از دنباله اینتین، یک روش نوین جهت تخلیص پروتئین‌های نوترکیب به حساب می‌آید که در حدود ۲۰ سال است در قالب ایده پیرایش پروتئین اولیه در تولید پروتئین بالغ، مشابه پیرایش mRNA، مطرح گردیده است (۶-۱). متخصصان مهندسی ژنتیک با الگوبرداری از این مکانیسم خود شکافندگی طبیعی INT درون سلولی، توانسته‌اند وکتورهای تجاری ارائه دهند که به پروتئین نوترکیب هدف، دنباله INT به همراه CBD متصل می‌کند. براین اساس یک روش ساده تمایلی (برمبنای ستون‌های کتین) در جهت



شکل ۳) آنالیز بیان پروتئین اکورین با استفاده از دو روش SDS-PAGE (الف) و وسترن بلات (ب). (۱) مارکر وزن ملکولی، (۲) باکتری نوترکیب بعد از القاء، (۳) باکتری نوترکیب قبل از القاء

با توجه به افزایش اندازه نمونه پروتئین هیبریدی بیان شده در پلاسمید pTY-aequorin، جهت ارزیابی و مقایسه میزان بیان پروتئین، تولید اکورین در حالت فیور شده به دنباله هیستیدین (pET-aequorin) و CBD-INT (pTY-aequorin)، با یکدیگر مقایسه شد که مطابق شکل ۴، بیان اکورین در حالت فیوز شده با INT کاهشی را نشان نداده، بلکه بیشتر نیز شده بود. مطابق شکل ۴، اکورین در حالت اولیه (فیور شده به دنباله هیستیدین) باندی در حدود ۲۳ کیلودالتون (شکل ۴-ب) و در حالت فیوز شده با

¹⁰ Affinity Chromatography

(Split intein mediated ultra rapid purification) نام می‌برند (۳۰). در تحقیق حاضر به منظور راه‌اندازی روش مذکور، کلون و بیان پروتئین اکورین در وکتور حاوی دنباله INT (pTYB21) انجام گرفت و بیان پروتئین هیبریدی با نمونه بدون دنباله INT، مقایسه شد. لازم به توضیح است که دنباله‌های INT خود به دو نوع بزرگ (Large Intein) و کوچک (Mini Intein) تقسیم می‌شوند (۳۱ و ۳۲) که در این تحقیق از وکتور pTYB21 که دارای دنباله INT بزرگ ۵۰ کیلودالتونی و CBD ۶ کیلودالتونی بود (۲۳)، استفاده شد. همان‌طور که در شکل ۴ مشاهده شد اتصال مولکولی و افزایش اندازه پروتئین از ۲۳ کیلو دالتون به ۷۹ کیلودالتون، نه تنها باعث کاهش بیان پروتئین مذکور نشد، بلکه میزان بیان به میزان محسوسی افزایش یافت که نشان دهنده عدم وجود نقش منفی استفاده از دنباله‌های پپتیدی بلند (نظیر INT) در کاهش بیان پروتئین می‌باشد. در نتیجه از این روش جهت تولید پروتئین‌های دارویی نو ترکیب می‌توان استفاده نمود.

تخلیص و تولید پروتئین‌های نو ترکیب، بدون نیاز به روش‌های بعدی به منظور حذف دنباله متصل شده، به دست می‌آید. مهم‌ترین ویژگی دنباله INT در تولید پروتئین‌های نو ترکیب، قابلیت خودشکافندگی آن، بدون اضافه شدن اسید آمینه به انتهای پروتئین هدف است. در نتیجه در این روش نیاز به آنزیم پروتئاز و انجام مراحل پیچیده و وقت‌گیر برای حذف آنزیم از پروتئین هدف، نمی‌باشد. به بیان دیگر، استفاده از این روش علاوه بر کاهش زمان و هزینه مسیر تولید پروتئین نو ترکیب، باعث افزایش بازده نهایی محصول نیز می‌گردد (۷-۱۱). امروزه تعداد مقالاتی که در آنها از این روش جهت تخلیص پروتئین‌های نو ترکیب استفاده شده، رشد زیادی کرده است. در مقالات متعدد، اهمیت استفاده از دنباله INT در تولید پروتئین‌های نو ترکیب در شکل‌های مختلف متصل شده به CBD، پروتئین شبه الاستین (ELP) و phasin (دومین اتصالی به پلی‌هیدروکسی بوتیرات، (PHB) (Poly Hydroxy Butyrate) ارائه شده است (۲۹-۲۵). همچنین از این روش به عنوان روشی فوق سریع در خالص‌سازی پروتئین‌های نو ترکیب (SIRP)

References:

1. Elleuche S, Poggeler S. Intein, valuable genetic elements in molecular biology and biotechnology. *Appl Microbiol Biotechnol* 2010; 87: 479-89.
2. Pezza JA, Allen KN, Tolan DR. Intein-mediated purification of a recombinantly expressed peptide. *Chem Commun* 2004; 21: 2412-13.
3. Gogarten JP, Senejani AG, Zhaxybayeva O, et al. Inteins: structure, function, and evolution. *Annu Rev Microbiol* 2002; 56: 263-87.
4. Chong S, Mersha FB, Comb DG, et al. Single-column purification of free recombinant proteins using a self-cleavable affinity tag derived from a protein splicing element. *Gene* 1997; 192: 277-81.
5. Chong S, Shao Y, Paulus H, et al. Protein splicing involving the *Saccharomyces cerevisiae* VMA intein: The steps in the splicing pathway, side reactions leading to protein cleavage, and establishment of an in vitro splicing system. *J Biol Chem* 1996; 271: 22159-68.
6. Anraku Y, Mizutani R, Satow Y. Protein splicing: Its discovery and structural insight into novel chemical mechanism. *IUBMB Life* 2005; 57(8): 563-74.
7. Terpe K. Overview of tag protein fusions: from molecular and biochemical fundamentals to commercial systems. *Appl Microbiol Biotechnol* 2003; 60: 523-33.
8. Banki MR, Wood DW. Inteins and affinity resin substitutes for protein purification and scale up. *Microb Cell Fact* 2005; 4: 32-37.
9. Wood DW, Wu W, Belfort G, et al. A genetic system yields self-cleaving inteins for bioseparations. *Nat Biotechnol* 1999; 17: 889-92.

10. Ashraf SS, Benson RE, Payne ES, et al. A novel multi-affinity tag system to produce high levels of soluble and biotinylated proteins in *Escherichia coli*. *Protein Expr Purif* 2004; 33: 238-45.
11. Arnau J, Lauritzen C, Petersen GE, et al. Current strategies for the use of affinity tags and tag removal for the purification and refolding of recombinant proteins. *Protein Expr Purif* 2006; 48: 1-13.
12. Glynnou K, Ioannou PC, Christopoulos TK. On step purification and refolding of recombinant photoprotein aequorin by immobilized metal-ion affinity chromatography. *Protein Expr Purif* 2003; 27: 384-90.
13. Shimomura O. A Short Story of Aequorin. *Biol Bull* 1995; 189: 1-5.
14. Head JF, Inouye S, Teranishi K, et al. The crystal structure of the photoprotein aequorin at 2.3 Å resolution. *Nature* 2000; 405: 372-6.
15. Inouye S. Blue fluorescent protein from the calcium-sensitive photoprotein aequorin is a heat resistant enzyme, catalyzing the oxidation of coelenterazine. *FEBS* 2004; 577: 105-10.
16. Brini M. Calcium-sensitive photoproteins. *Methods* 2008; 46: 160-6.
17. Erikaku T, Zenno S, Inouye S. Bioluminescent immunoassay using a monomeric Fab'-photoprotein aequorin conjugate. *Biochem Biophys Res Commun* 1991; 174: 1331-6.
18. Deo SK, Lewis JC, Daunert S. Bioluminescence Detection of Proteolytic Bond Cleavage by Using Recombinant Aequorin. *Anal Biochem* 2000; 281: 87-94.
19. Rider TH, Petrovick MS, Nargi FE, et al. A B cell-based sensor for rapid identification of pathogens. *Science* 2003; 301: 213-5.
20. Baimbridge KG, Celio MR, Rogers JH. Calcium-binding proteins in the nervous system. *Trends Neurosci* 1992; 15: 303-8.
21. Quincy Bioscience, Prevalence quality of life study, Data on file, 2009. <http://quincybioscience.com/files/Aequorin-Protects-Adult-and-Aging-Hippocampal-CA1-Neurons-From-Ischemic-Cell-Death.pdf>.
22. Zeinoddini M, Khajeh K, Hosseinkhani S, et al. Stabilisation of recombinant aequorin by polyols: activity, thermostability and limited proteolysis. *Appl Biochem Biotechnol* 2013; 170: 273-80.
23. Sharma SS, Chong S, Harcum SW. Intein-mediated protein purification of fusion proteins expressed under high-cell density conditions in *E. coli*. *J Biotechnol* 2006; 125: 48-56.
24. Loughran ST, Walls D. Purification of poly-histidine-tagged proteins. *Methods Mol Biol* 2011; 681: 311-35.
25. Naumann TA, Savinov SN, Benkovic SJ. Engineering an affinity tag for genetically encoded cyclic peptides. *Biotechnol Bioeng* 2005; 92: 820-30.
26. Tavassoli A, Benkovic SJ. Split-intein mediated circular ligation used in the synthesis of cyclic peptide libraries in *E. coli*. *Nat Protoc* 2007; 2: 1126-33.
27. Chong S, Mersha FB, Comb DG, et al. Single-column purification of free recombinant proteins using a self-cleavable affinity tag derived from a protein splicing element. *Gene* 1997; 192: 271-81.
28. Hassouneh W, Christensen T, Chilkoti A. Elastin-like polypeptides as a purification tag for recombinant proteins. *Curr Protoc Protein Sci* 2010; 6: 6-11.
29. Banki MR, Gerngross TU, Wood DW. Novel and economical purification of recombinant proteins: Intein-mediated protein purification using in vivo polyhydroxybutyrate (PHB) matrix association. *Protein Sci* 2005; 14: 1387-95.
30. Guan D, Ramirez M, Chen Z. Split intein mediated ultra-rapid purification of tagless protein (SIRP). *Biotechnol Bioeng* 2013; 110: 2471-81.
31. Elleuche S, Doring K, Poggeler S. Minimization of a eukaryotic mini-intein. *Biochem Biophys Res Commun* 2008; 366: 239-43.
32. Derbyshire V, Wood DW, Wu W, et al. Genetic definition of a protein-splicing domain: functional mini-inteins support structure predictions and a model for intein evolution. *Proc Natl Acad Sci* 1997; 94: 11466-71.

Original Article

Cloning and expression of aequorin photoprotein using intein tag

*E. Seyed Hosseini*¹, *M. Zeinoddini*^{1*}, *J. Fallah*¹, *AR. Saeedinia*¹

¹ *Department of Bioscience and Biotechnology, Mallek Ashtar University of Technology, Tehran, IRAN*

(Received 4 Dec, 2013 Accepted 30 Jan, 2014)

Abstract

Background: Intein (INT), is the internal parts of the protein which can be separated from the immature protein during protein splicing process. This sequence requires no specific enzyme or cofactor for separation. This protein sequence and their characteristic of self-cleavage by thiol induction, temperature and pH changes is used for protein purification. The advantage of this method compared to the other protein purification methods is that it doesn't require any protease enzyme and protease removal steps that make this method important economically. In this study, aequorin photoprotein was hybridized with INT in molecular form and its expression was evaluated.

Materials and Methods : In this study, aequorin coding gene that was cloned in pET21-a in the previous studies, was cloned in pTYB21 vector containing INT tag by specific primers and restriction enzymes. Then the resulting pTY-aequorin was transformed to the ER₂₅₆₆ expression strain and cloning accuracy was confirmed by electrophoresis, western blotting and sequencing.

Results: The photoprotein aequorin was cloned into SapI/PstI restriction site of pTYB21 plasmid accurately and successfully. Aequorin- INT hybrid protein expression confirmed using traditional methods.

Conclusion: The photoprotein aequorin construct in fused with INT confirmed by molecular methods. Also rate of Aequorin- INT expression determined about %25 of cell total protein.

Keyword: Intein, Protein splicing, Cloning, Expression, Aequorin photoprotein

*Address for correspondence: Department of Bioscience and Biotechnology, Mallek Ashtar University of Technology, Tehran, IRAN. E.mail: zeinoddini52@mut.ac.ir