

تخلیص RBD ژن اسپایک ویروس SARS-CoV-2 بیان شده در سلول

پروکاریوتی و بررسی تمایل اتصال پپتیدهای ضدویروسی به این

پروتئین با استفاده از مطالعات بیوانفورماتیکی

نرگس معززی طهران خواه^۱، مجید صادقی زاده^{۲*}

۱- کارشناس ارشد، گروه ژنتیک، دانشکده علوم زیستی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران

۲- استاد، گروه ژنتیک، دانشکده علوم زیستی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران

* صندوق پستی ۱۷۵-۱۴۱۱۵، تهران، ایران

sadeghma@modares.ac.ir

پذیرش: ۱۴۰۳/۰۲/۲۶

دریافت: ۱۴۰۲/۱۱/۲۴

چکیده

همه گیری کرونا و مرگ شمار کثیری از انسان ها در جهان، شرایط اجتماعی و اقتصادی کشورها را با خطر روبرو کرده است. ویروس SARS-CoV-2 از خانواده کرونا ویرویده، عامل بیماری کرونا و مسبب شیوع آن در قرن اخیر است. به دلیل استفاده ویروس کرونای جدید از پروتئین اسپایک سطح خود برای ورود به سلول های میزبان و اتصال به پروتئین سطحی ACE2 برای ورود ماده ژنتیکی و عفونت زایی، مطالعه ناحیه اتصال به گیرنده (RBD) در پروتئین اسپایک برای دانشمندان بسیار مهم است؛ با مهار این پروتئین و ناحیه اتصال به گیرنده آن، می توان مانع از ورود ویروس به سلول شد. با استفاده از کلونینگ می توان ژن های این ویروس را تکثیر و پروتئین آن را خالص سازی کرد. به کارگیری پپتیدهای ضدویروسی برای درمان بیماری ها یکی از روش های بسیار کاربردی است و در درمان SARS-CoV-2، پپتیدهای ممانعت کننده از اتصال RBD به گیرنده ACE2، بسیار مورد توجه دانشمندان است. در پژوهش حاضر، کلونینگ RBD در وکتور بیانی PET28a، بیان پروتئین RBD و فیوژن پروتئین GFP/RBD در میزبان پروکاریوتی انجام شد. به دلیل محلول نبودن این پروتئین در میزبان پروکاریوت، ستون بازتاخوردگی (Column Refolding) با شیب اوره با ستون نیکل-آگارز انجام و پروتئین سنتز شده از طریق تکنیک وسترن بلات تایید شد. از مقالات ۳ پپتید برای مقایسه اتصال آنها با RBD با استفاده از بیوانفورماتیک کاندید و تمایل اتصال آنها به همدیگر با روش داکینگ مولکولی بررسی و مشخص شد می توان از پپتیدهای یاد شده به دلیل اتصال به RBD در صورت تایید میانکشی بین آنها در درمان عفونت این ویروس استفاده کرد.

کلید واژگان: SARS-CoV-2، RBD، بازتاخوردگی، پپتید ضد ویروسی

۱-مقدمه

دسته وسیعی از ویروس‌ها به نام کروناویروس‌ها می‌توانند طیف وسیعی از حیوانات را آلوده کرده و باعث عفونت‌های تنفسی متوسط تا شدید در انسان شوند. دو کروناویروس مشتق شده از حیوانات که بسیار بیماری‌زا هستند، به ترتیب SARS-CoV و MERS-CoV، برای اولین بار در سال‌های ۲۰۰۲ و ۲۰۱۲ در انسان ظاهر شدند و باعث عفونت‌های تنفسی کشنده شدند. این ویروس‌ها نگرانی مهم بهداشت عمومی در قرن بیست و یکم بودند [۱]. تعداد قابل توجهی از بیمارستان‌های ووهان چین موارد ذات‌الریه با علت نامشخص را در پایان دسامبر ۲۰۱۹ گزارش کردند [۲]. این بیماران از ذات‌الریه ویروسی رنج می‌بردند که به صورت تب، سرفه، درد قفسه سینه و در بیشتر موارد ارتشاح دو طرفه ریه و تنگی نفس ظاهر می‌شد. این علائم به‌طور مشابه در بیماران مبتلا به SARS و MERS وجود داشت [۶]. علت ذات‌الریه شدید یک بتاکرونا ویروس ناشناخته بود که عامل ایجاد آن توسط جداسازی ویروس از نمونه‌های خلط بیماران و تعیین توالی RNA متازنومیک آنها مشخص شد [۳]. پروتئین اسپایک از دو زیر واحد S1 و S2 تشکیل شده است که از سطح ویروس به‌عنوان یک هوموتریمر کامل گسترش یافته و یک اسپایک سطحی مجزا را تشکیل می‌دهد. پروتئین اسپایک دارای ۱۲۷۳ اسید آمینه در طول کل است که ۳۱۹-۵۴۱ آن در حوزه اتصال گیرنده (RBD) یافت می‌شود [۵ و ۴]. دامنه N ترمینال (NTD) و دامنه C ترمینال (CTD) که هر دو در تشکیل RBD نقش دارند، بخش اصلی زیر واحد ساختاری S1 را تشکیل می‌دهند. RBD یک بخش کلیدی در CTD این ویروس است که یک ناحیه مرکزی و یک حلقه گسترده به‌عنوان موتیف اتصال به گیرنده (RBM) دارد.

ویروس SARS-CoV-2 حفاظت بالایی از اکثر اسیدهای آمینه مورد نیاز برای اتصال به ACE2 انسانی را نشان می‌دهد.

مطالعات نشان می‌دهد که میل اتصال RBD-ACE2 نقش مهمی در تعیین عفونت‌زایی SARS-CoV ایفا می‌کند [۶].

از آنجا که، ویروس SARS-CoV-2 غشای خود را با غشای سلول میزبان ترکیب می‌کند و از طریق گیرنده ACE2 و فعال کننده‌های ورودی مانند پروتئین‌های انسانی وارد سلول می‌شود، داروهایی که از ورود ویروس به سلول جلوگیری می‌کنند ممکن است در درمان عفونت موثر باشند. درمان مبتنی بر پپتید یکی از مرزهای جدید در مبارزه با ویروس‌ها است [۷]. با هدف قرار دادن اختصاصی ویروس یا میزبان آن، پپتیدها می‌توانند عفونت را متوقف کنند [۸]. هدف قرار دادن ارتباط پروتئین-پروتئین هدف اصلی تولید دارو در ده سال گذشته بوده است، زیرا اساس فرایندهای سلولی مهم است [۹].

در این مطالعه RBD پروتئین سطحی ویروس SARS-CoV-2 کلون گردیده و ترکیب پروتئین GFP/RBD به مرحله خالص سازی رسانده شد. علاوه بر این، با توجه به اهمیت اتصال این پروتئین به گیرنده سطح سلولی انسانی ACE2 برای ورود و عفونت ویروس، نتیجه گرفته شد که مسدود کردن ارتباط این پروتئین با ویروس، گامی مهم در مهار آن و جلوگیری از آلوده کردن سلول‌های جدید توسط ویروس است. پپتیدها جایگزین مناسبی در این زمینه برای شکستن پیوند بین ACE2 و RBD هستند. با بررسی مقالات، ۳ پپتید که ظرفیت اتصال به RBD را دارند برگزیده شده و از نظر قدرت اتصال بررسی شدند. این پپتیدها با استفاده از PEP-FOLD مدل سازی شدند و سپس قدرت اتصال هر یک با RBD با استفاده از روش docking مقایسه شد. پپتید برتر انتخاب شده و در آینده برای کلونینگ و انجام داده‌های آزمایشگاهی استفاده خواهد شد.

۲-مواد و روش‌ها

۲-۱ محیط‌های کشت سلول‌های باکتریایی

قرار داده شدند و سپس به مدت ۹۰ ثانیه در دمای ۴۲ درجه سانتی‌گراد شوک حرارتی داده و دوباره روی یخ قرار گرفتند. سپس، بعد از گذشت ۵ دقیقه به هر ویال ۵۰۰ میکرولیتر محیط کشت مایع بدون آنتی‌بیوتیک بر روی یخ اضافه شد و ویال‌ها با شیکر ۲۵۰ دور در دمای ۳۷ درجه سانتی‌گراد به مدت ۱ الی ۲ ساعت قرار گرفتند تا باکتری‌ها فرصت رشد داشته باشند. پس از انتقال پلازمید نوترکیب به درون سلول در این مرحله هدف ایجاد تمایز در بین کلنی‌های واجد پلازمید نوترکیب و سایر کلنی‌ها بود. بدین منظور برای به دست آوردن تک کلنی، این باکتری‌ها بر روی محیط کشت جامد کشت داده شدند.

تک کلنی برداشته شده که حاوی پلازمید است، در ۱۰ میلی‌لیتر محیط کشت حاوی آنتی‌بیوتیک کانامایسین کشت داده شد و به مدت ۱۶ ساعت در دمای ۳۷ درجه، بر روی شیکر انکوبه گردید. روز بعد پس از انجام سانتریفیوژ (۳۵۰۰ rpm به مدت ۵ دقیقه در دمای اتاق)، مقداری از رسوب در ۰٫۵ سی سی محیط کشت مایع حل شده و هم حجم آن گلیسرول ۶۰ درصد برای نگهداری در فریزر ۸۰- اضافه شد. با استفاده از رسوب باقی‌مانده توسط کیت Favorgen استخراج پلازمید انجام شد.

۲-۴ تکثیر ژن و برش GFP و پلازمید توسط آنزیم های NdeI و BamHI

در این واکنش الگوی مورد نیاز برای تکثیر GFP، پلازمید PET21a دارای ژن GFP بود. بویسیله‌ی پرایمرهای طراحی شده واکنش PCR انجام و قطعه GFP تکثیر شد. فرایند برش آنزیمی برای پلازمید و قطعه GFP تکثیر شده با دو آنزیم NdeI و BamHI با حجم‌های یک میکرولیتر و با بافر مشترک (2x Tango) به صورت همزمان انجام شد و صحت و تایید برش از طریق الکتروفورز ژل آگارز انجام شد. این مواد در میکروتیوپ ۰٫۵ ریخته شده و به مدت ۶ ساعت در دمای ۳۷ درجه سانتی‌گراد انکوبه شد.

محیط کشت LB مایع که از ۱ گرم سدیم کلراید، ۱ گرم تریپتون، ۰٫۵ گرم عصاره‌ی مخمر، و ۱۰۰ میلی‌لیتر آب دو بار تقطیر در آزمایشگاه تشکیل شد. برای تهیه محیط LB جامد، به محتویات محیط مایع میزان ۱٫۵ گرم در هر ۱۰۰ میلی‌لیتر آگار اضافه شد. محیط کشت 2x YT با میزان ۱ گرم عصاره‌ی مخمر، ۱٫۶ گرم تریپتون، ۰٫۵ گرم سدیم کلراید و ۱۰۰ میلی‌لیتر آب دو بار تقطیر است، نیز در آزمایشگاه تهیه شد. این محیط، یک محیط استاندارد برای رشد میکروبی است که برای کشت باکتریوفاژ M13 و سویه‌های *E.coli* تهیه می‌شود.

۲-۲ بهینه سازی ژن RBD و ترانسفر کردن آن به درون باکتری

توالی ژن RBD از پایگاه داده NCBI گرفته شد و بهینه سازی کدون برای بیان پروتئین آن در میزبان باکتریایی انجام شد. مترادف ژنی در وکتور PET28a بین دو محل برش مورد نظر مورد ارزیابی قرار گرفت و سپس آن توالی به شرکت Molecular Biotech Shinegene برای سنتز ارسال شد. در این مرحله پلازمید نوترکیب به درون سلول باکتری *E.coli* سویه DH5α به عنوان میزبان وارد شد. سلول‌های مورد نظر در ابتدا برای انتقال مستعد شدند و سپس انتقال وکتور به درون سلول صورت گرفت. پلازمید نوترکیب وارد سلول میزبان شد. در این پژوهش به منظور بیان پروتئین از باکتری *E.coli* سویه BL21 و Shuffle به عنوان میزبان استفاده شد. در این مرحله نیز سلول‌های مورد نظر برای انتقال وکتور مستعد شده و سپس به درون سلول وارد می‌شوند.

۲-۳ استخراج پلازمیدهای نوترکیب

برای انتقال پلازمید به درون باکتری از روش شوک حرارتی استفاده شد. سلول مستعد در معرض پلازمید کنترل مثبت، پلازمید حاوی ژن سفارش داده شده و یا محصول لایگیشن قرار می‌گیرد و مخلوط می‌شود. ویال‌های حاوی سلول مستعد به مدت ۱۵ دقیقه روی یخ

بعد از گذشت مدت زمان لازم برای فرایند هضم آنزیمی، محصول هضم برای تایید برش توسط آنزیم محدود کننده بر روی ژل آگارز برده شد.

۲-۵ اتصال پلازمید و GFP برش خورده به هم و انتقال آن به باکتری

برای حذف قطعات غیراختصاصی و جلوگیری از پایین آمدن کارایی لایگیشن (اتصال قطعه تکثیر شده به پلازمید برش خورده)، محصول برش خورده توسط آنزیم های محدودالایثر، روی ژل آگارز برده شده و از روی ژل برش داده و تخلیص می گردند. تخلیص قطعه DNA از ژل آگارز با استفاده از کیت شرکت Favorgen انجام شد. باکتری مستعد تهیه و سپس ترنسفورم محصول اتصال انجام شد.

۲-۶ کلونی PCR

برای این کار چند کلنی از بین کلنی های رشد کرده بر روی پلیت را انتخاب و در میکروتیوب حاوی ۲۰ میکرولیتر آب حل کرده و از آن به عنوان الگو برای انجام واکنش PCR استفاده شد. ۵ میکرولیتر مستر PCR، ۰٫۵ میکرولیتر از پرایمرها، ۱ میکرولیتر از کلنی حل شده در آب و ۳ میکرولیتر آب در میکروتیوب ۰٫۲ ریخته و برای چند کلنی این کار انجام شد. در این مرحله بهتر است که از پرایمرهای مربوط به بدنه وکتور برای انجام PCR و تایید حضور قطعه استفاده شود.

۲-۷ تکثیر و برش ژن RBD و پلازمید توسط آنزیم های XhoI و HindIII

در این واکنش الگوی مورد نیاز برای تکثیر RBD، پلازمید PET28a دارای ژن RBD سنتز شده بود. بویسیله ی پرایمرهای طراحی شده واکنش PCR انجام و قطعه RBD تکثیر شد. فرایند برش آنزیمی برای پلازمید و قطعه RBD تکثیر شده با دو آنزیم HindIII و XhoI با حجم های یک میکرولیتر و با بافر مشترک R به صورت همزمان انجام شد. این مواد در میکروتیوب ۰٫۵ ریخته شده و به مدت ۶

ساعت در دمای ۳۷ درجه سانتی گراد انکوبه شد. بعد از گذشت مدت زمان لازم برای فرایند هضم آنزیمی، محصول هضم برای تایید برش توسط آنزیم محدود کننده بر روی ژل آگارز برده شد.

۲-۸ اتصال پلازمید و RBD برش خورده به هم و انتقال آن به باکتری

برای حذف قطعات غیراختصاصی و همچنین برای جلوگیری از پایین آمدن کارایی لایگیشن (اتصال)، محصول برش خورده توسط آنزیم های محدودالایثر، روی ژل آگارز برده شده و از روی ژل برش داده و تخلیص می شوند. تخلیص قطعه DNA از ژل آگارز با استفاده از کیت شرکت Favorgen انجام شد. باکتری مستعد تهیه شده و سپس ترنسفورم محصول اتصال انجام شد.

۲-۹ بیان پروتئین RBD و GFP+RBD در میزبان های بیانی

هدف اصلی در بیان پروتئین نوترکیب به دست آوردن مقادیر بالایی از پروتئین محلول در سلول باکتریایی است. برای بیان پروتئین مورد نظر از محیط کشت 2X YT استفاده شد و برای القا از IPTG با غلظت ۰٫۱، ۰٫۳، ۰٫۵، ۰٫۷ و ۱ میلی مولار استفاده شد. باکتری *E. coli* BL21(DE3) حاوی پلازمید نوترکیب پس از کشت در محیط کشت LB مایع حاوی آنتی بیوتیک کانامایسین، شبانه بر روی شیکر (۱۸۰ دور در دقیقه) و در دمای ۳۷ درجه سانتی گراد قرار گرفت. عمل تلقیح سپس از همین کشت های شبانه در فالكون های محتوی محیط کشت 2X YT و حاوی کانامایسین بود انجام شد. از باکتری های رشد کرده، کشت مجدد در فالكون حاوی محیط کشت 2X YT انجام شد و باکتری ها مجددا در دمای ۳۷ درجه سانتی گراد بر روی شیکر با سرعت ۱۸۰ دور در دقیقه انکوبه گشتند. وقتی کدورت باکتری ها در طول موج ۶۰۰ نانومتر به ۰٫۶ رسید، IPTG با غلظت های ذکر شده به فالكون ها افزوده شد. دمای بیان برای RBD ۳۰ درجه

۱۱-۲ تخلیص پروتئین نو ترکیب محلول

به ازای رسوب به دست آمده از هر ۱۰۰ میلی لیتر محیط کشت باکتری ۵۰ میلی لیتر بافر لیز به رسوب اضافه شد و به حالت سوسپانسیون درآمد. سپس، با توجه به حجم نهایی مقداری به آن محلول پودر اوره اضافه شد تا غلظت نهایی اوره ۲ مولار، ۴ مولار، ۶ مولار و ۸ مولار شود. سپس، به مدت ۶ ساعت محلول حاصل بر روی Rotator در دمای ۴ درجه سانتی گراد قرار گرفت. نمونه حاصل برای انجام سونیکیشن به شیوه‌ی ذکر شده آماده و سپس بر روی ژل SDS ران شدند.

برای خالص سازی پروتئین های Refold شده با اوره، کروماتوگرافی تمایلی با استفاده از ستون نیکل آگارز انجام شد. نمونه پروتئینی روی ستونی که توسط بافر لیز به تعادل رسیده بود، برده شد و به ترتیب با بافر دارای اوره ۶ مولار سپس ۴ مولار و بعد ۲ مولار اوره شسته شد و در آخر برای جداسازی پروتئین نو ترکیب متصل به ستون، از بافر Elution فاقد اوره استفاده شد. رقابت ایمیدازول موجود در این بافر با دنباله هیستیدینی^۱ متصل به پروتئین برای اتصال به نیکل ستون، سبب خروج پروتئین از ستون می شود.

۱۲-۲ وسترن بلات

برای انجام وسترن بلات پس از آماده سازی نمونه ها به شیوه‌ی ذکر شده و ران کردن نمونه ها بر روی ژل SDS آماده شده، مارکر پروتئینی ۲۰ کیلودالتونی نیز در کنار نمونه ها لود می شود. پس از پایان الکتروفورز ژل از کاست جدا شده و برای انجام مرحله انتقال از ژل به کاغذ آماده می شود. کاغذ PVDF به اندازه ژل بریده شده و برای فعال شدن به مدت ۱ دقیقه در متانول شیک شده و با آب مقطر شسته می شود و درون بافر انتقال قرار می گیرد. انتقال پروتئین از ژل به کاغذ در دستگاه وسترن بلات انجام می شود. دستگاه و با ولتاژ ۱۲۰ میلی ولت به مدت ۴۰

سانتی گراد و برای GFP+RBD ۲۵ درجه سانتی گراد و مدت زمان بیان ۱۴ ساعت در نظر گرفته شد. سپس، نمونه های پروتئین پیش و پس از القا بر روی ژل آکریل آمید ۱۲،۵ درصد بررسی شدند.

۱۰-۲ سونیکاسیون، الکتروفورز و SDS-PAGE

پس از پایان مدت زمان لازم برای بیان پروتئین، باکتری روی یخ گذاشته شده و تمامی مراحل پیش رو روی یخ انجام می شود. محیط حاوی باکتری القا شده به مدت ۲۰ دقیقه در دمای ۴ درجه سانتی گراد با دور 4000rpm سانتریفیوژ شده و پس از تخلیه کامل مایع رویی، رسوب سلولی حاصل از هر ۱۰۰ میلی لیتر محیط در ۵ میلی لیتر بافر لیز سوسپانسیون شده و ۳۰ دقیقه روی یخ باقی مانده و سپس روی یخ سونیکیت شدند. سونیکاسیون در مدت ۵ دقیقه به صورت ۱۰ ثانیه سونیکیت ۱۵ ثانیه استراحت روی یخ انجام شد. سلول های شکسته شده با سانتریفیوژ ۱۳۰۰۰ g به مدت ۲۰ دقیقه در ۴ درجه سانتی گراد ته نشین شده و فاز رویی و رسوب برای بررسی روی ژل SDS از هم جدا شده و در فریزر -۲۰ درجه سانتی گراد نگهداری می شوند.

برای آماده سازی نمونه برای SDS-PAGE به میزان ۱۰ میکرولیتر از نمونه رسوب و مایع رویی برداشته شده و به نسبت ۱:۴ با بافر نمونه حاوی مرکاپتو اتانول ترکیب شده و به مدت ۳ دقیقه در ۱۰۰ درجه قرار داده می شوند. این نمونه ها آماده برای لود بر روی ژل آکریل آمید می باشند. نمونه های پروتئینی آماده شده بر روی ژل SDS لود شده، و ولتاژ ۹۰ ولت به مدت ۴۰ دقیقه اعمال شد. پس از انجام الکتروفورز، ژل به مدت ۹۰ دقیقه در ظرف حاوی رنگ قرار داده شد و سپس رنگ خارج و رنگ بر اضافه شد. پس از ۶۰ دقیقه، رنگ بر با رنگ بر جدید تعویض شد. این کار طی ۲ مرحله انجام و در انتها رنگ بر اضافه شده در مرحله آخر در طول شب (۱۶ ساعت) باقی ماند.

^۱ His tag

Chemiluminescence می باشد. کیت ECL advanced reagents که در این بررسی استفاده شد شامل non-fat milk و Reagents A,B است.

۲-۱۳ مطالعات بیوانفورماتیکی

توالی فیوژن پروتئین های GFP/RBD و SUMO/RBD توسط نرم افزار آلفا فولد ۲ که یکی از برترین نرم افزارهای پیش بینی ساختار پروتئین مشخص شد.

بهترین پپتیدهای انتخابی ۳ مطالعه مختلف که در هر یک به روش متفاوتی تعدادی پپتید که توانایی اتصال به RBD را دارند [۱۰۶-۱۰۴]، پیش بینی شده اند، انتخاب شد (جدول ۱). ساختار این پپتیدها با استفاده از نرم افزار PEP-FOLD-3 پیش بینی شد.

اولین کمپلکس به دست آمده از هر نتیجه داکینگ به نرم افزار PDBSUM داده شد. این نتایج از نظر آمینواسیدهای درگیر و انرژی اتصال بررسی شده و مقایسه شدند.

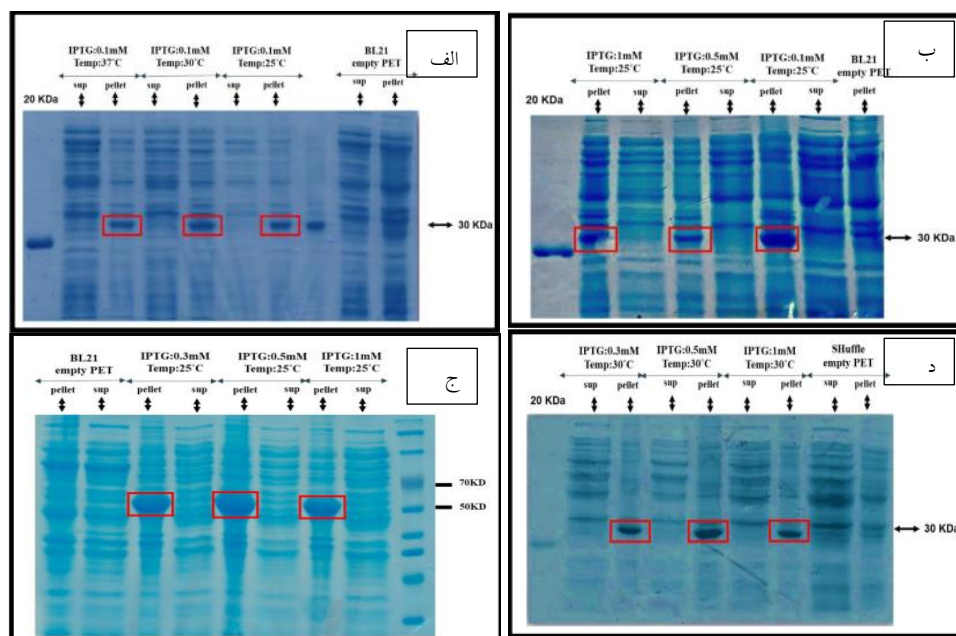
۳-نتایج

۳-۱ بیان پروتئین RBD و بیان فیوژن پروتئین GFP/RBD برای بیان پروتئین مورد نظر از سویه *E.coli* BL-21 و Shuffle استفاده شد. باکتری دارای پلازمید نوترکیب در محیط کشت مایع 2XYT کشت داده شد.

دقیقه به منبع مولد جریان متصل شده و پروتئین های موجود در ژل به کاغذ منتقل می شود. در مرحله بلاکینگ، برای پوشاندن کاغذ برای جلوگیری از واکنش غیراختصاصی آنتی بادی اولیه، محلول متوقف کننده (Blocking) به کار می رود. برای ساختن این محلول ۲ درصد شیر خشک بدون چربی در بافر TBS-T اضافه می شود، پس از اتمام انتقال پروتئین ها بر سطح کاغذ PVDF کاغذ به مدت ۷۵ دقیقه در دمای اتاق با محلول بلاکینگ شیک می شود. پس از پایان یافتن زمان بلاکینگ کاغذ با آنتی بادی اولیه ای که با محلول بلاکینگ به مقدار معین آنتی بادی اولیه His-Probe (sc-8036) مخلوط و رقیق شده است، به مدت ۱۶ تا ۱۸ ساعت انکوبه می شود. پس از اتمام مرحله قبل، کاغذ ۳ بار و هر بار به مدت ۱۵ دقیقه با بافر TBS-T شست و شو داده می شود. سپس، کاغذ با آنتی بادی ثانویه Anti-Rabbit با غلظت (۱:۱۰۰۰) برای تمام آنتی بادی های اولیه به مدت ۷۵ دقیقه در دمای اتاق شیک می شود. در پایان این مرحله نیز کاغذ ۳ بار و هر بار به مدت ۱۵ دقیقه با بافر TBS-T شست و شو داده می شود. از جمله دقیق ترین و حساس ترین تکنیک های آشکارسازی باند پروتئینی مورد نظر (که با آنتی بادی اولیه اختصاصی خود شناسایی شده است) استفاده از کیت های

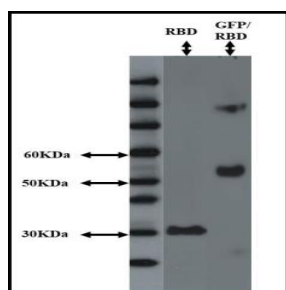
جدول ۱ لیست پپتیدهای انتخابی

روش انتخاب پپتید	مقاله مربوطه	توالی پپتید کاندید شده
Phage display	https://doi.org/10.1021/acsomega.1c04873	SCFDLNLWASCD
In silico study	https://doi.org/10.1016/j.combiomed.2021.104759	AWDFGSIGGVFTSVGKLVHQVFGTAYGVL
In silico study	https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2020.e05739	CRHCPKDWTFQGNCFMSN



شکل ۱ شرایط بهینه بیان RBD و GFP/RBD. الف) بیان پروتئین RBD در میزبان BL21 با غلظت‌های مختلف IPTG. ب) بیان پروتئین RBD در میزبان BL21 با غلظت ۰٫۱ میلی‌مولار IPTG در دماهای مختلف. ج) بیان پروتئین RBD در میزبان Shuffle با غلظت‌های مختلف IPTG. د) بیان فیوژن پروتئین GFP/RBD در میزبان BL21 در غلظت‌های مختلف IPTG

ژل ۱۲٫۵ درصد SDS-PAGE تفکیک و با روش وسترن بلاتینگ به کاغذ pvdf انتقال داده شدند. سپس، با آنتی بادی Anti-His Tag و آنتی‌بادی ثانویه انکوبه شد. برای مشاهده باندها از سوبسترا استفاده شد. پروتئین‌های نوترکیب تولید شده دارای دنباله‌ی هیستیدینی بودند (شکل ۲).



شکل ۲ وسترن بلات با آنتی‌بادی anti-His-Tag نشانگر باند RBD با وزن مولکولی ۳۰ کیلو دالتون و پروتئین GFP/RBD با وزن مولکولی ۵۵ کیلو دالتون است.

برای فراهم شدن بهترین شرایط بیان، باکتری‌ها در دمای ۲۵، ۳۰ و ۳۷ درجه سانتی‌گراد انکوبه شدند. همچنین، تاثیر غلظت‌های مختلف IPTG (۰٫۱، ۰٫۵ و ۱ میلی‌مولار) بر روی بیان در ۱۴ ساعت ارزیابی شد. نتایج این آزمایشات نشان داد که بهترین شرایط بیان در میزبان BL21 با غلظت ۰٫۱ میلی‌مولار IPTG در دمای ۳۰ درجه سانتی‌گراد به مدت ۱۴ ساعت و در میزبان SHuffle با غلظت ۰٫۵ میلی‌مولار IPTG، دمای ۳۰ درجه سانتی‌گراد به مدت ۱۴ ساعت تعیین شد (شکل ۱).

۲-۳ تعیین صحت هویت پروتئین‌های بیانی به روش وسترن بلاتینگ

بیان پروتئین نوترکیب مورد نظر و محلولیت آن توسط SDS-PAGE بررسی و به کمک متد وسترن بلات تعیین هویت شدند. برای تأیید هویت این پروتئین‌های RBD و GFP/RBD نمونه باکتریایی لیز شده پس از الکتروفورز در

۳-۳ تخلیص پروتئین های تولیدی به روش

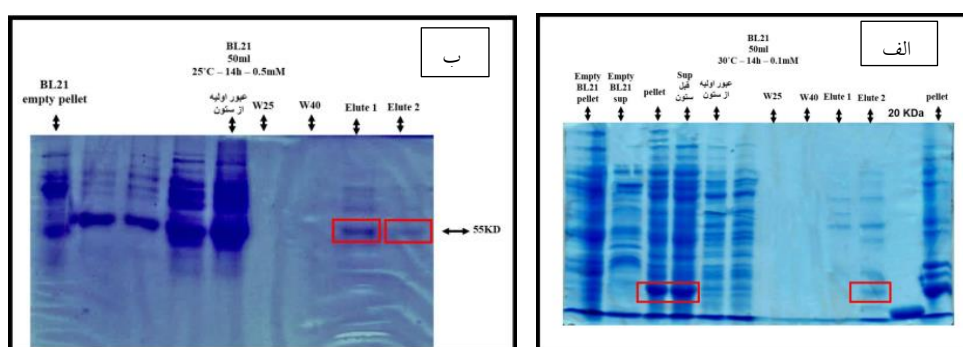
کروماتوگرافی تمایلی

از روش کروماتوگرافی تمایلی برای خالص سازی پروتئین استفاده شد. در این روش از ستون نیکل استفاده شد و نتایج در شکل ۳ از نظر شدت باندها قابل رویت است.

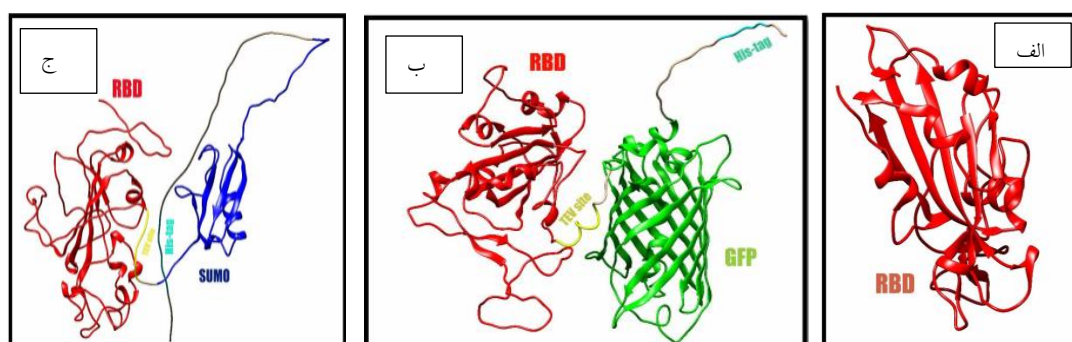
۳-۴ نتایج بیوانفورماتیکی

فایل PDB کمپلکس RBD/ACE2 که به روش X-ray diffraction به دست آمده با کد 6MOJ برای این کار انتخاب شد.

انتخاب فایل با کد ذکر شده از پایگاه داده ها به دو دلیل روش ساختار سنجی پروتئین به کمک اشعه ایکس و بالا بودن امتیازهای مربوط به شاخص های Clash، Rfree، score، معیارهای رامچاندران^۲ انجام شد. برای حذف ACE2، فایل PDB با نرم افزار Chimera باز و زنجیره ACE2 از آن حذف شد و مجدداً برای ادامه کار فایل به فرمت PDB ذخیره شد. تصویر فولد صحیح RBD، GFP+RBD و SUMO+RBD در شکل ۴ آمده است.



شکل ۳ الف) تصویر ژل تخلیص پروتئین RBD به روش column refolding (ب) تصویر ژل تخلیص پروتئین GFP/RBD به روش column refolding

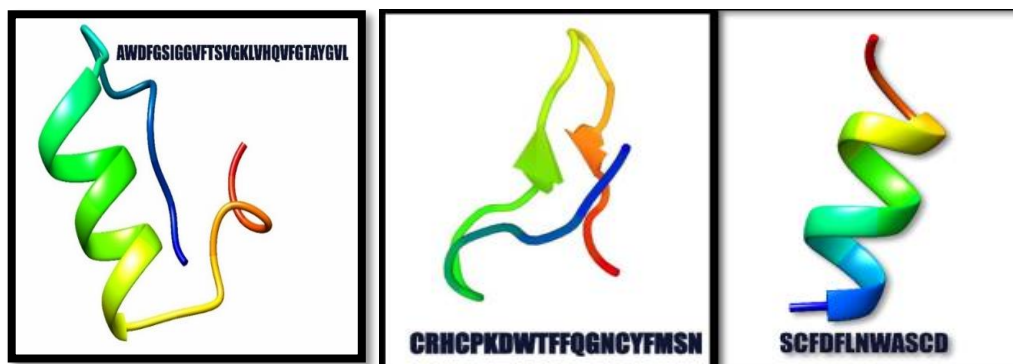


شکل ۴ الف) شکل ساختار شماتیک RBD با استفاده از نرم افزار Chimera. ب) تصویر ساختار پیش بینی شده فیوژن پروتئین GFP+RBD توسط نرم افزار آلفا فولد^۲. ج) تصویر ساختار پیش بینی شده فیوژن پروتئین SUMO+RBD توسط نرم افزار آلفا فولد^۲

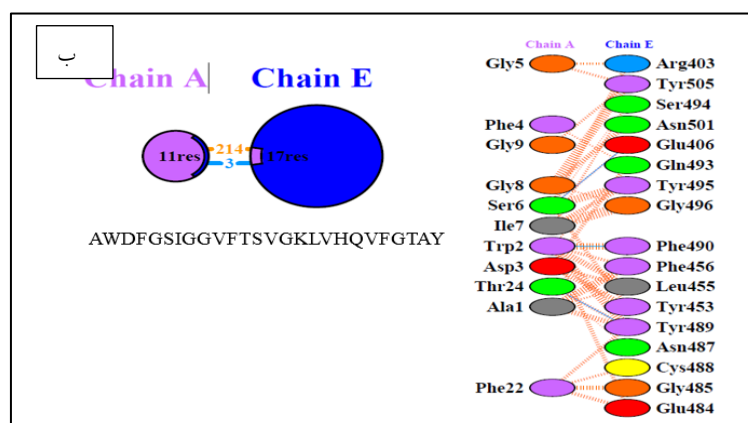
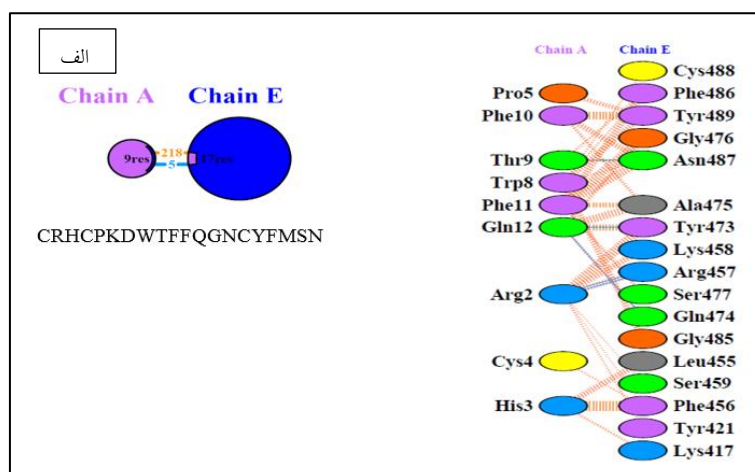
^۲ Ramachandran Outliers

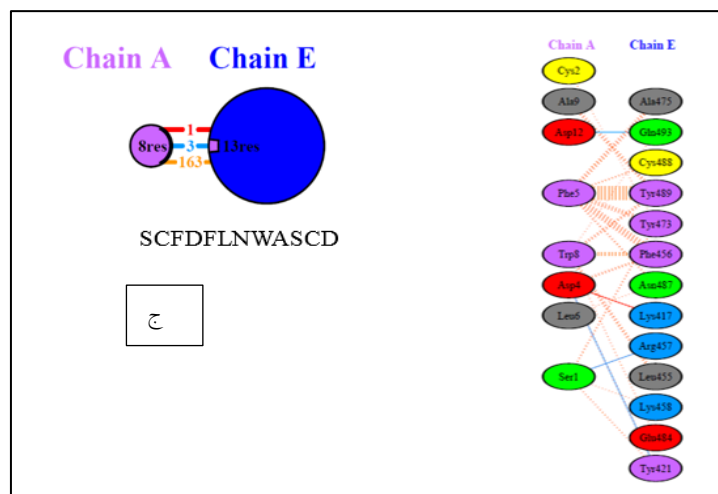
نرم افزار PEP FOLD 3 یکی از بهترین پایگاه های داده برای ساختار پپتیدهای طراحی شده است. ما با استفاده از این نرم افزار توالی ۳ پپتید انتخابی خود را پیش بینی کردیم.

شکل ۵ تصاویر مربوط به هر ۳ پپتید تصویر سازی با نرم افزار Chimera است. در نهایت داکینگ پپتیدها با RBD با استفاده از سرور Z-DOCK انجام شد (شکل ۶).



شکل ۵ ساختار شبیه سازی شده پپتیدهای انتخاب شده توسط نرم افزار PEP-FOLD-3





شکل ۶ الف) نتیجه داک مولکولی پپتید CRHCP با پروتئین RBD (نتایج داکینگ پروتئین RBD با ۳ پپتید انتخابی توسط سرور Z-DOCK). ب) نتیجه داک مولکولی پپتید AWDFG با پروتئین RBD. ج) نتیجه داک مولکولی پپتید SCFD با پروتئین RBD.

۴- بحث و نتیجه گیری

ثبات سیستم بهداشت جهانی به شدت تحت تأثیر SARS-CoV در سال ۲۰۲۰/۲۰۰۳، سندرم تنفسی خاورمیانه (MERS-CoV) در سال ۲۰۱۲/۲۰۱۳ و بیماری همه گیر فعلی SARS-CoV-2 قرار گرفته است. گروهی از بیماران با شرایط ژنتیکی، اپی ژنتیکی و پزشکی تخصصی باید از احتمال جهش های تهاجمی SARS-CoV-2 که میل پیوندی بالایی در محل های اتصال غشایی (گیرنده های عملکردی) دارند، آگاه باشند که می تواند تکثیر داخل سلولی ویروس، نرخ، میزان انتقال و میزان مرگ و میر را افزایش دهد. در حال حاضر، WHO در حال شناسایی و طبقه بندی انواع وسیع تری از گونه های ژنتیکی SARS-CoV-2 است. این گونه ها عامل نگرانی بوده و مورد بحث می باشند و نام آنها بر اساس الفبای یونانی (آلفا تا اومیکرون) است. اولین قدم حیاتی در توسعه منطقی و مؤثر و کاربرد تاکتیک های ضد کووید، درک ویژگی های مولکولی سویه های مختلف است [۱۰]. همانطور که در بخش های مختلف این مطالعه توضیح داده شد، پروتئین اسپایک ویروس به گیرنده سطح سلولی انسانی ACE2

متصل می شود. این اتصال سبب بروز وقایع بعدی می شود که در نهایت منجر به ورود ویروس به سلول و عفونت می شود. از بین اجزای مختلف این پروتئین، دامنه اتصال گیرنده (RBD) جزء اصلی است که در اتصال و اجازه ورود ویروس به سلول نقش دارد. با توجه به اهمیت بالای این دامنه در زمینه ی طراحی دارو و واکسن برای درمان و پیشگیری از این بیماری، در این پژوهش پروتئین RBD ویروس SARS-CoV-2 در میزبان پروکاریوتی بیان شد تا بتوان از آن برای انجام کارهای پایین دست من جمله طراحی پپتیدی با توانایی اتصال به RBD و نیز ایجاد اختلال در اتصال بین RBD و ACE2، استفاده کرد. تصور می شود که اولین و مهم ترین کاربرد فناوری DNA نو ترکیب در صنعت، افزایش تولید پروتئین های درمانی است. بیان پروتئین نو ترکیب هدف اصلی در آغاز پیشرفت های بیوتکنولوژی بود. پیشرفت ها در زمینه های ژنتیک، زیست شناسی مولکولی و علوم پروتئین، راه های جدیدی را برای سنتز پروتئین های نو ترکیب باز کرده است که می تواند برای بهبود انتخاب دارو و مدیریت بیماری استفاده شود [۹].

بیان این پروتئین در سلول‌های یوکاریوتی رخ می‌دهد. برای بیان آن در میزبان‌های پروکاریوتی، کدون‌ها بر اساس ترجیحات باکتریایی اصلاح شدند و سپس توالی مورد نظر سفارش داده شدند. یکی از مسائلی که در این پژوهش مطرح شد، حل نشدن پروتئین‌های بیانی بود که برای از بین بردن مشکل راهبردهای متمایز تا کردن مجدد استفاده شد. استفاده از اوره برای Refolding یکی از روش‌های متداول بوده اما کاربرد کارایی و کیفیت ستونی که مورد استفاده قرار می‌گیرد را به شدت کاهش می‌دهد. کاهش پایداری حلالیت پروتئین بیانی و اگرچه شدن پروتئین بعد از ۲۴ ساعت، در اوره با غلظت ۸ مولار یکی دیگر از مشکلات خالص سازی بود. بنابراین تخلیص به شیب اوره از طریق ستون نیکل-آگارز پس از انکوبه شدن پروتئین با اوره گزینه مناسب‌تر حلالیت آن در میزبان و عدم تشکیل IB می‌باشد. در این پژوهش ما از تگ SUMO در ناحیه N پروتئین برای حلال‌سازی و افزایش میزان بیان پروتئین استفاده شد.

GFP پروتئین فلورسنت مشتق شده از عروس دریایی *Aequorea victoria* بود که توانایی بالایی از تابش نور مرئی دارد. GFP با جهش در کدون‌های مختلف رنگ‌های مختلفی را ساطع می‌کند و برای ردیابی پروتئین‌ها، بررسی بیان ژنی و بررسی برهمکنش میان پروتئین‌ها به عنوان یک نشانگر استفاده می‌شود [۱۱].

در این مطالعه، برای پیش برد پروژه و انجام آزمایش‌هایی نظیر الایزا در تحقیقات آینده از فیوژن پروتئین GFP/RBD و نور منتشر شده از آن استفاده شد. تشکیل انکلوژن بدی و محلول نبودن پروتئین تولید شده مسیر رسیدن به هدف را دشوار کرد، به طوری که حتی پس از انجام بازتاخوردگی (Refolding) بوسیله‌ی اوره نور تولید شده از فیوژن پروتئین در مقایسه با پروتئین EGFP بسیار کمتر بوده و نظر بر این است که با انجام باز تاخوردگی

(Refolding) الزامی به برگشت پروتئین به ساختار و فولد صحیح وجود ندارد.

تاکنون بیش از صد نوع کروناویروس شناسایی شده است، اما هیچ درمان قطعی برای کروناویروس جدید SARS-CoV2، عامل بیماری کووید-۱۹ گزارش نشده است و این بیماری همچنان یکی از مهمترین علل مرگ و میر در جهان است. راهبردهای درمانی فراوانی مانند بررسی داروهای ضد ویروسی موجود، بررسی ماکرو مولکول‌های، طراحی ترکیبات مسدود کننده کمپلکس‌های همانندسازی ویروس، بلوکه کردن محورهای اتصال و ورود ویروس به سلول میزبان و تولید واکسن برای COVID-19، ارائه شده است [۱۳ و ۱۲].

همانطور که قبلاً اشاره شد، مسیر ورود ویروس SARS-CoV به سلول میزبان بوسیله‌ی تعامل بین پروتئین اسپایک ویروس و گیرنده ACE2 سلول میزبان است. بنابراین، اختلال در اتصال اسپایک و گیرنده سطح سلولی آن می‌تواند از ورود ویروس به سلول‌های انسانی جلوگیری کرده و یک مکانیسم درمانی مناسب باشد [۱۴].

از سویی داروهای پپتیدی با دوز مصرفی پایین، فعالیت بالایی را از خود نشان می‌دهند. این داروها با سمیت کم و اختصاصیت بالا و نیمه عمر پایین درون بدن تجمع نمی‌یابند. علاوه بر آن پپتیدها نسبت به پروتئین‌های بزرگ و آنتی‌بادی‌ها، در میزبان‌های بیانی پروکاریوتی آسان‌تر بیان شده و از لحاظ هزینه و زمان مقرون به صرفه می‌باشد. بنابراین، مهار تعامل ACE2 و RBD از طریق پپتید یکی از بهترین روش‌ها است [۱۵ و ۱۳].

تاکنون پپتیدهای زیادی طراحی و بررسی شده‌اند. این پپتیدهای مسدود کننده شبیه دامین RBD پروتئین اسپایک بوده و توانایی به گیرنده ACE2 اتصال دارند و یا از توالی طبیعی پروتئین ACE2 منشأ گرفته و از ورود به ویروس به درون سلول میزبان جلوگیری می‌کنند. با توجه به نقش کلیدی گیرنده ACE2 در بدن، در این پروژه تصمیم بر آن

- [6] Wan Y, Shang J, Graham R, Baric RS, Li F. Receptor recognition by the novel coronavirus from Wuhan: an analysis based on decade-long structural studies of SARS coronavirus. *Journal of virology*. 2020;94(7):10.1128/jvi. 00127-20.
- [7] Agarwal G, Gabrani R. Antiviral peptides: identification and validation. *International journal of peptide research and therapeutics*. 2021;27:149-68.
- [8] Chew M-F, Poh K-S, Poh C-L. Peptides as therapeutic agents for dengue virus. *International journal of medical sciences*. 2017;14(13):1342.
- [9] Lee AC-L, Harris JL, Khanna KK, Hong J-H. A comprehensive review on current advances in peptide drug development and design. *International journal of molecular sciences*. 2019;20(10):2383.
- [10] Papanikolaou V, Chrysovergis A, Ragos V, Tsiambas E, Katsinis S, Manoli A, et al. From delta to Omicron: S1-RBD/S2 mutation/deletion equilibrium in SARS-CoV-2 defined variants. *Gene*. 2022;814:146134.
- [11] Zimmer M. Green fluorescent protein (GFP): applications, structure, and related photophysical behavior. *Chemical reviews*. 2002;102(3):759-82.
- [12] Song HC, Seo M-Y, Stadler K, Yoo BJ, Choo Q-L, Coates SR, et al. Synthesis and characterization of a native, oligomeric form of recombinant severe acute respiratory syndrome coronavirus spike glycoprotein. *Journal of virology*. 2004;78(19):10328-35.
- [13] Chi XS, Landt Y, Crimmins DL, Dieckgraefe BK, Ladenson JH. Isolation and characterization of rabbit single chain antibodies to human Reg Iα protein. *Journal of immunological methods*. 2002;266(1-2):197-207.
- [14] Barbas 3rd C, Kang AS, Lerner RA, Benkovic SJ. Assembly of combinatorial antibody libraries on phage surfaces: the gene III site. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 1991;88(18):7978-82.
- [15] Groves D, Morris B. Veterinary sources of nonrodent monoclonal antibodies: interspecific and intraspecific hybridomas. *Hybridoma*. 2000;19(3):201-14.

شد پپتیدی ضد دامین RBD ویروس طراحی و ارزیابی شود. در راستای پیدا کردن پپتید مناسب برای اتصال رقابتی آن با RBD و اختلال در اتصال آن به گیرنده‌ی خود یعنی ACE2، با مطالعه‌ی مقالات چاپ شده ۳ مطالعه که به روش‌های بیوانفورماتیکی و نمایش فازی پپتیدهایی را برای اتصال به RBD به‌دست آورده بودند، انتخاب شدند و بهترین پپتیدهای این مقالات برای انجام داکینگ و مقایسه اتصال آنها به RBD برگزیده شدند.

تقدیر و تشکر: نویسندگان از معاونت پژوهشی دانشگاه تربیت مدرس و بنیاد ملی علم ایران (INSF) با توجه به طرح مصوب شماره ۹۹۰۱۵۱۰۰ قدردانی می‌کنند.

۵- منابع

- [1] Cui J, Li F, Shi Z-L. Origin and evolution of pathogenic coronaviruses. *Nature reviews microbiology*. 2019;17(3):181-92.
- [2] Zhu N, Zhang D, Wang W, Li X, Yang B, Song J, et al. A novel coronavirus from patients with pneumonia in China, 2019. *New England journal of medicine*. 2020;382(8):727-33.
- [3] Zhou P, Yang X-L, Wang X-G, Hu B, Zhang L, Zhang W, et al. A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. *nature*. 2020;579(7798):270-3.
- [4] Walls AC, Tortorici MA, Bosch B-J, Frenz B, Rottier PJ, DiMaio F, et al. Cryo-electron microscopy structure of a coronavirus spike glycoprotein trimer. *Nature*. 2016;531(7592):114-7.
- [5] Shajahan A, Archer-Hartmann S, Supekar NT, Gleinich AS, Heiss C, Azadi P. Comprehensive characterization of N-and O-glycosylation of SARS-CoV-2 human receptor angiotensin converting enzyme 2. *Glycobiology*. 2021;31(4):410-24.

Purification of the RBD of SARS-COV-2 spike gene expressed in prokaryotic cells and studying the binding affinity of antiviral peptides to this protein using bioinformatics studies

Narges Moazezi Tehrankhah¹, Majid Sadeghizadeh^{2*}

1. Master of Sciences, Department of Molecular Genetics, Faculty of Biological Sciences, Tarbiat Modares University, Tehran, Iran
2. Professor, Department of Molecular Genetics, Faculty of Biological Sciences, Tarbiat Modares University, Tehran, Iran

Sadeghma@modares.ac.ir

Receipt: 2024/02/13

Accepted: 2024/05/15

Abstract

The countries' social and economic conditions have been threatened by corona epidemic and a large number of people's death in the world. SARS-CoV-2 virus, a form of corona virus family, is responsible for corona disease and its spread in the present century. The study of the receptor binding region (RBD) in the spike protein is very important for scientists because the new corona virus uses its surface spike protein for binding to the ACE2 surface protein and entering its genetic material to the host cells. By this protein and its receptor binding region inhibition, the prevention of virus entrance to the cell is possible. The virus's genes can be multiplied by cloning and its protein can be purified. The usage of antiviral peptides as the most practical methods and binding inhibitory peptides of RBD to the ACE2 receptor for SARS-CoV-2 treatment, are of great interest to scientists. In the present research, RBD cloning in PET28a expression vector, RBD protein expression and GFP/RBD fusion protein were performed in prokaryotic host. Due to this protein's insolubility in the prokaryotic host, column refolding was performed with urea gradient with a nickel-agarose column and the synthesized protein was confirmed through western blot technique. Three nominated peptides from articles used to compare their binding to RBD using bioinformatics and their tendency to bind to each other was investigated by molecular docking. The mentioned peptides can be used in this virus infection treatment due to their binding potential to RBD, if their interaction is proven.

Keywords: SARS-CoV-2, RBD, Refolding, Antiviral peptides