

Důvody pro klonování genů v eukaryotech

A. Funkce charakteristické pro eukaryotické buňky, které se u bakterií nevyskytují:

- lokalizace systému regenerujícího ATP v mitochondriích,
- spojení DNA s histony
- mitóza a meióza
- diferenciace buněk

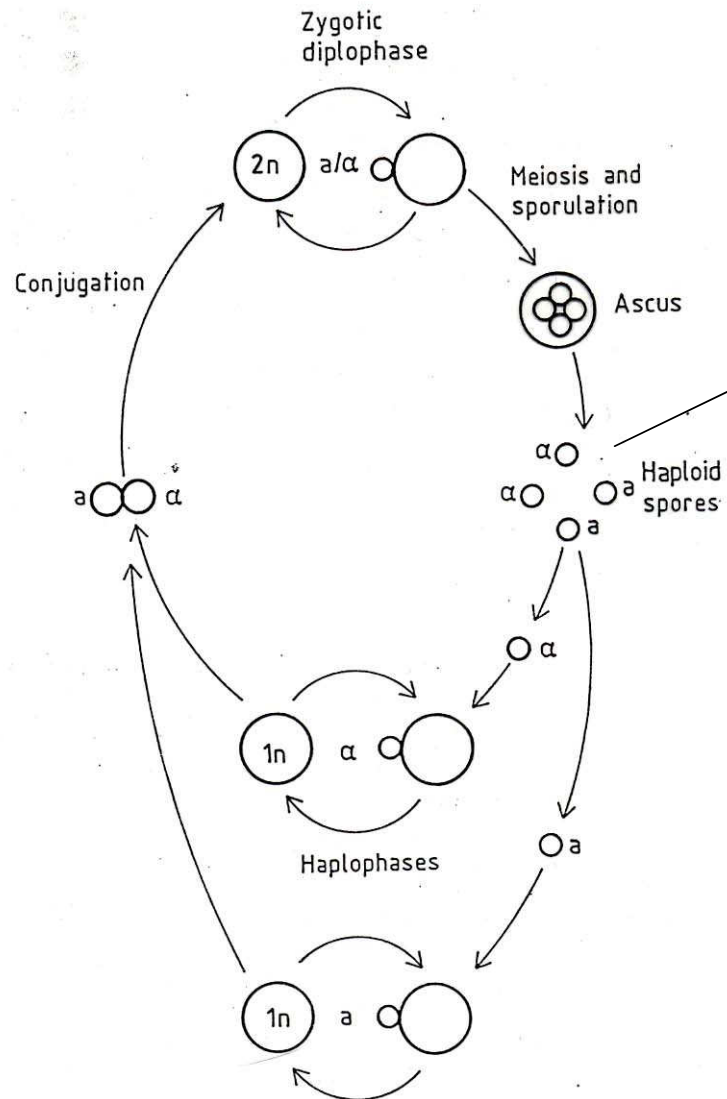
B. Rozdíly v expresi genů

- odlišnost regulačních sekvencí pro transkripci, translaci a export
- specifické posttranslační modifikace

Výhody kvasinek pro GI

- jednoduchá eukaryota s mikrobiálním charakterem, malý genom se známou sekvencí, řada mutant získaných a charakterizovaných klasickou i moderní genetikou
- řada genů homologních vyšším eukaryotům, podobná buněčná biochemie a regulace genů
- možnost stanovit dominanci a recesivitu alel (na haploidním pozadí)
- vysoká frekvence homologní rekombinace – záměny genů
- krátká generační doba a vysoký počet jedinců, kultivace na definovaných půdách a též ve velkokapacitních bioreaktorech
- tradiční dobře definovaný a bezpečný biotechnologický organismus, možnost přípravy farmak pro humánní medicínu
- eukaryotické proteiny vytváří v aktivní podobě, lze dosáhnout sekrece do prostředí

Životní cyklus kvasinek



tetrádová analýza

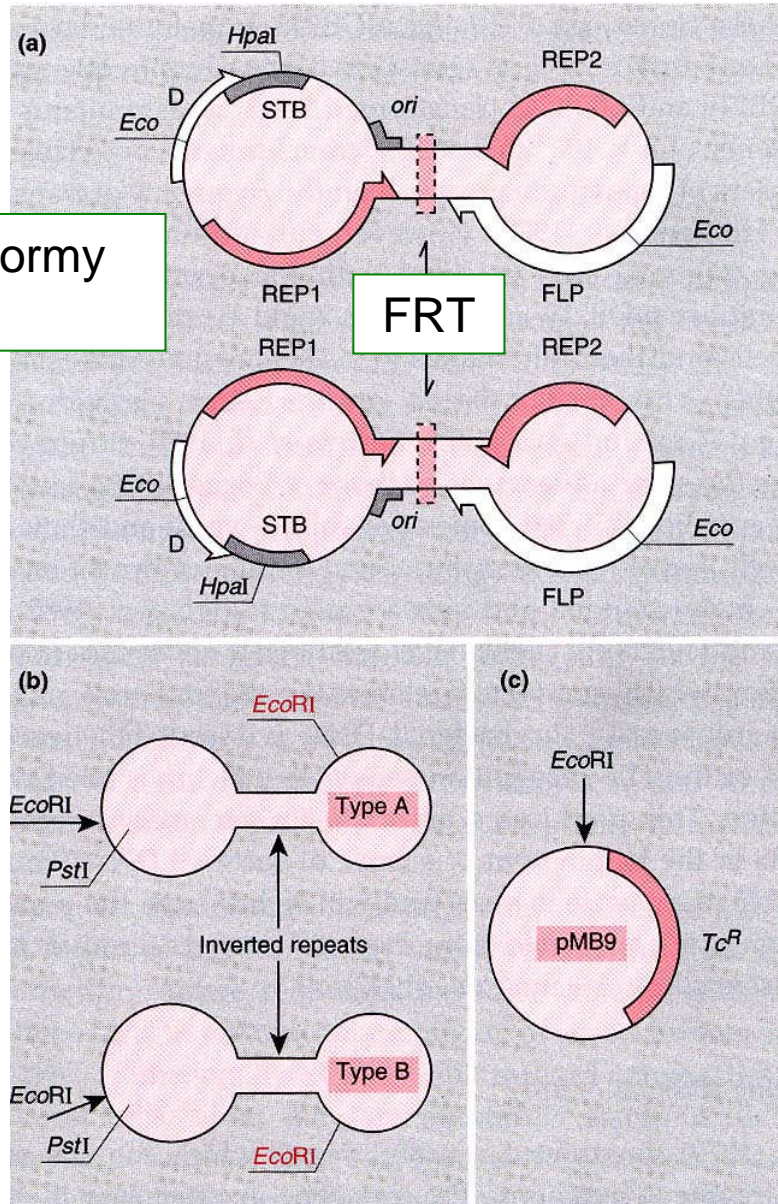
Dva typy haploidních buněk: a a α

Heterotalické kmeny – stabilní

Homotalické kmeny – nestabilní, haploidní buňky spontánně revertují na opačný buněčný typ

Molekulární struktura kvasinkového 2 μ plazmidu

Izomerní formy plazmidu



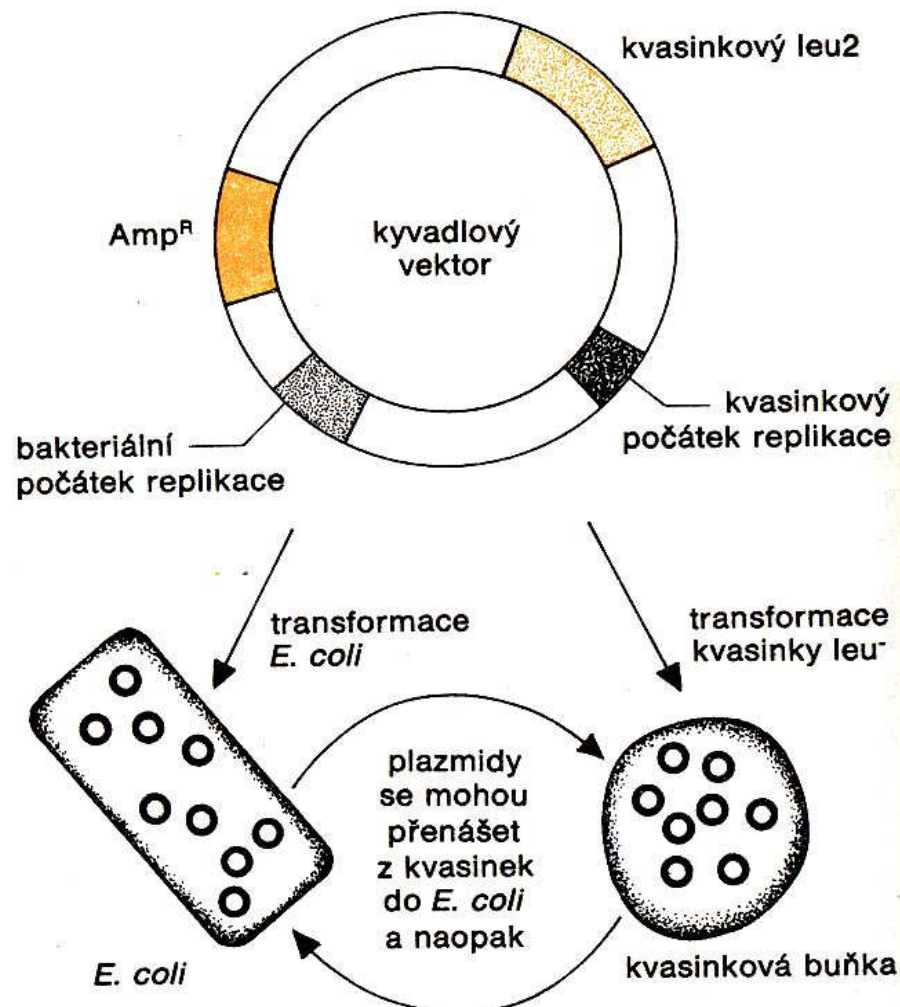
6,3 kb; 50-100 kopií

REP – replikace
FLP – rekombinace
STB – rozklad kointegrátu

FRT site = FRT recombination target
Flp recombinase = flippase
System Flp/FRT ~ Cre/loxP

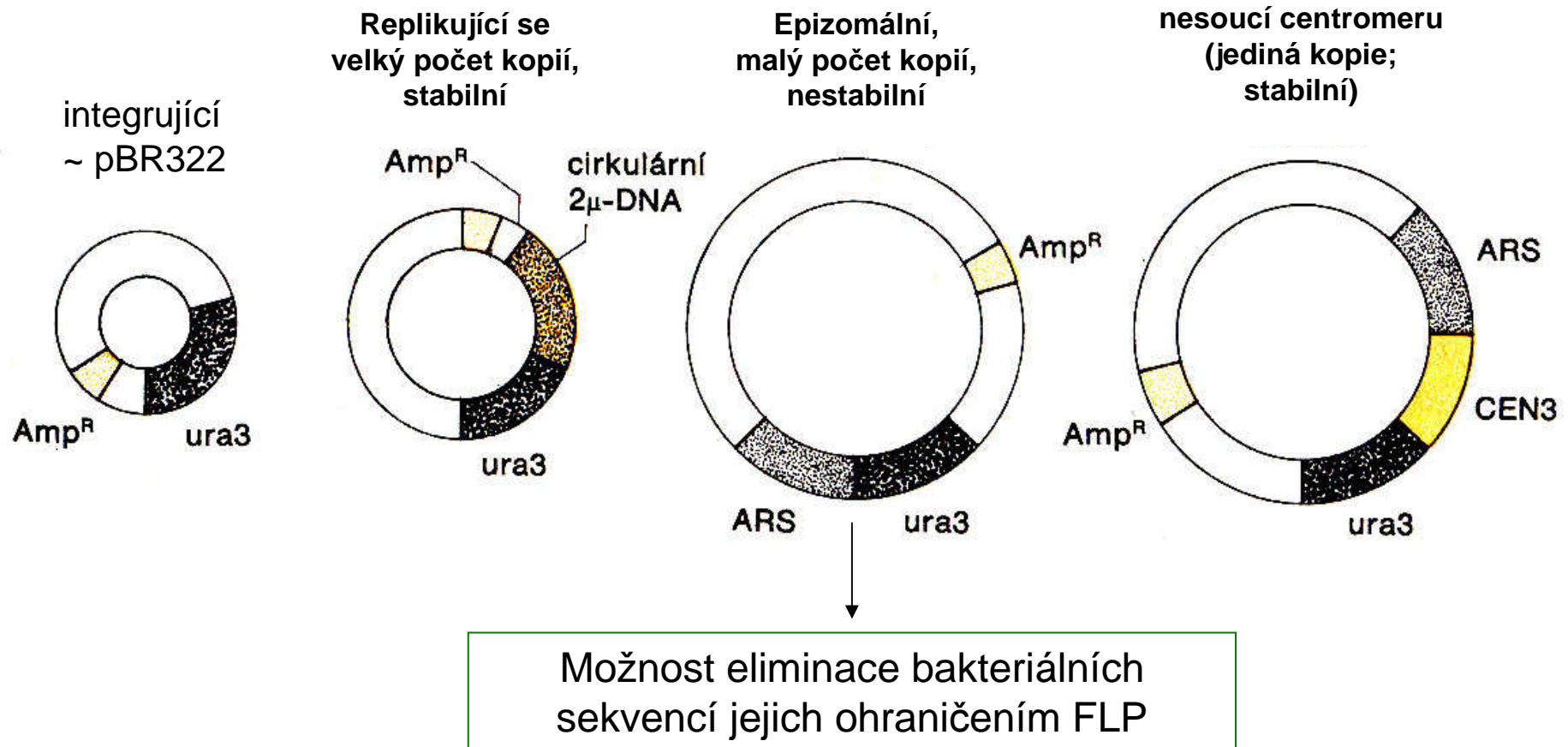
Chimerické plazmidy vytvořené spojením plazmidů 2 μ a pMB9 štěpených *EcoRI*, (dále pak vložení genu *leu2* z kvasinkového chromozomu do místa *PstI* na plazmidu)

Kyvadlové vektory pro klonování genů v kvasinkách



Přenos do kvasinek:
transformace protoplastů
elektroporace

Základní typy kvasinkových vektorů



Umělý kvasinkový chromozom (YAC)

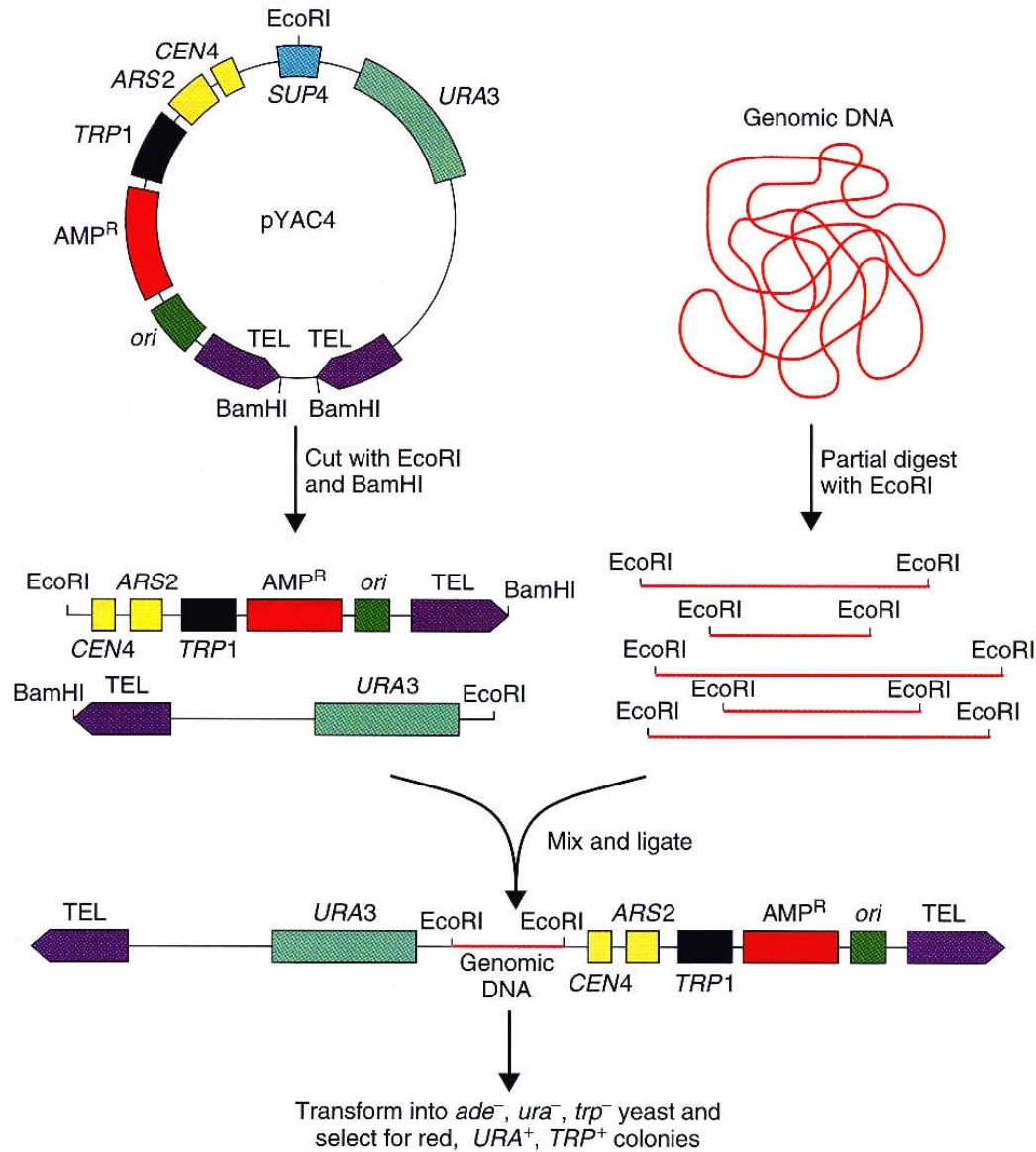
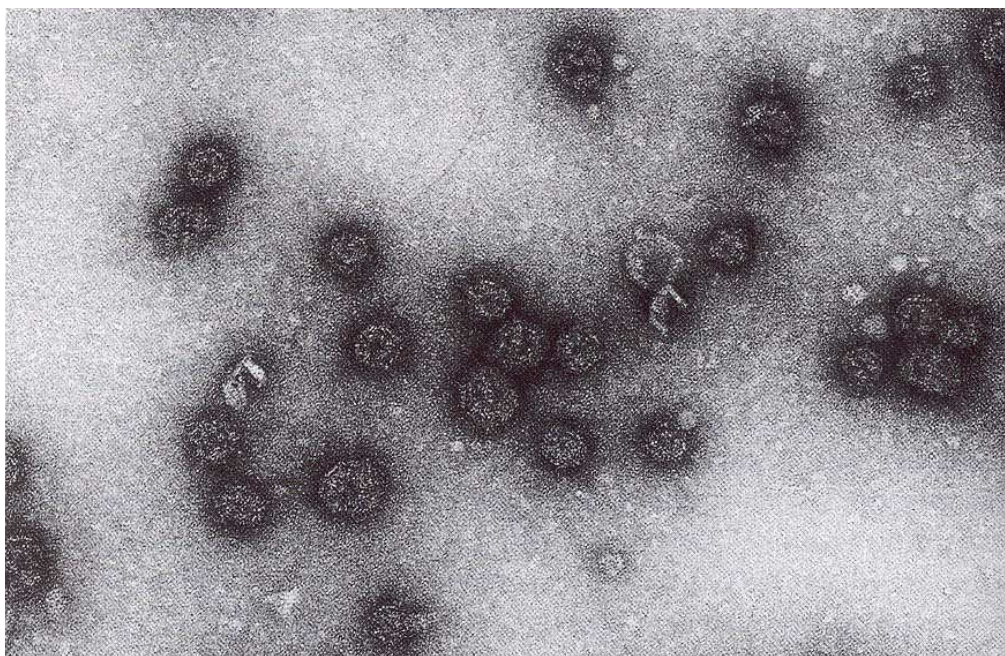


Table 13.1 Properties of different yeast vectors

VEKTOR	Vector	Transformation frequency	Copy no./ cell	Loss in non-selective medium	Disadvantages	Advantages
integrující se	YIp	10 ² transformants per µg DNA	1	Much less than 1% per generation	<ol style="list-style-type: none"> 1 Low transformation frequency 2 Can only be recovered from yeast by cutting chromosomal DNA with restriction endonuclease which does not cleave original vector containing cloned gene 	<ol style="list-style-type: none"> 1 Of all vectors, this kind give most stable maintenance of cloned genes 2 An integrated YIp plasmid behaves as an ordinary genetic marker, e.g. a diploid heterozygous for an integrated plasmid segregates the plasmid in a Mendelian fashion 3 Most useful for surrogate genetics of yeast, e.g. can be used to introduce deletions, inversions and transpositions (see Botstein & Davis 1982)
epizomální (ori 2 µ)	YE _p	10 ³ –10 ⁵ transformants per µg DNA	25–200	1% per generation	Novel recombinants generated <i>in vivo</i> by recombination with endogenous 2-µm plasmid	<ol style="list-style-type: none"> 1 Readily recovered from yeast 2 High copy number 3 High transformation frequency 4 Very useful for complementation studies
replikující se (ars)	YR _p	10 ⁴ transformants per µg DNA	1–20	Much greater than 1% per generation but can get chromosomal integration	Instability of transformants	<ol style="list-style-type: none"> 1 Readily recovered from yeast 2 High copy number. Note that the copy number is usually less than that of YE_p vectors but this may be useful if cloning gene whose product is deleterious to the cell if produced in excess 3 High transformation frequency 4 Very useful for complementation studies 5 Can integrate into the chromosome
centromérový	YC _p	10 ⁴ transformants per µg DNA	1–2	Less than 1% per generation	Low copy number makes recovery from yeast more difficult than that of YE _p or YR _p vectors	<ol style="list-style-type: none"> 1 Low copy number is useful if product of cloned gene is deleterious to cell 2 High transformation frequency 3 Very useful for complementation studies 4 At meiosis generally shows Mendelian segregation
umělý chromozom	YAC		1–2	Depends on length: the longer the YAC the more stable it is	Difficult to map by standard techniques	<ol style="list-style-type: none"> 1 High-capacity cloning system permitting DNA molecules greater than 40 kb to be cloned 2 Can amplify large DNA molecules in a simple genetic background
transpoziční	Ty	Depends on vector used to introduce Ty into cell	~20	Stable, since integrated into chromosome	Needs to be introduced into cell in another vector	Get amplification following chromosomal integration

Virům podobné částice odvozené z Ty elementů nesoucích kódující oblast HIV1 TAT



Ty-element: 30-40 kopií v genomu *S. cerevisiae*, velikost 5,9 kb
LTR – 334 bp, levá funguje jako promotor pro genů RT a integrázu
Pseudovirion (virus like particle, VLP) obsahuje mRNA, dsDNA, RT a integrázu

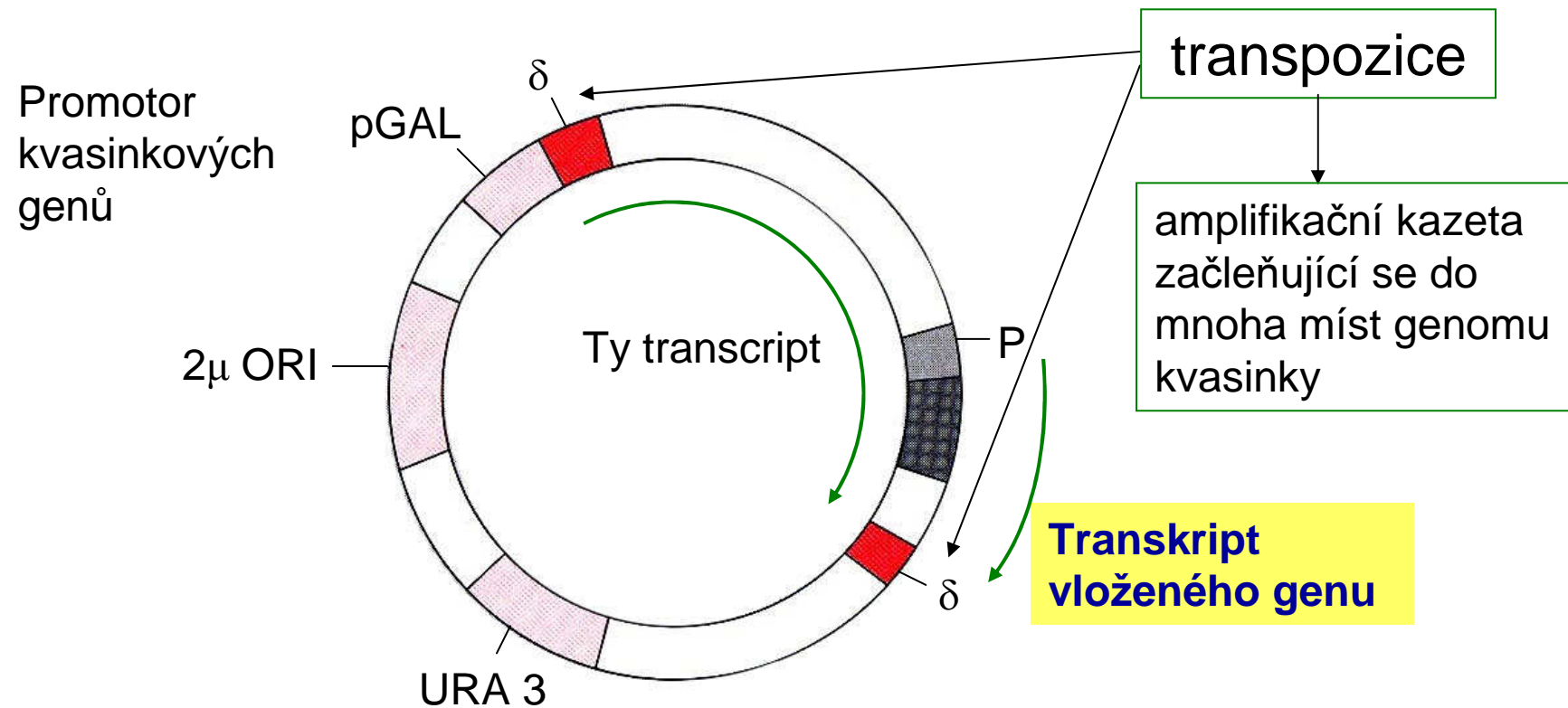


Fig. 13.6 Structure of the multicopy plasmid used for inserting a modified Ty element, carrying a cloned gene, into the yeast chromosome. pGAL and P are yeast promoters, δ represents the long-terminal repeats (delta sequences) and grey region represents the cloned gene.

Výhody dostupnosti různých typů kvasinkových vektorů

- Všechny kvasinkové vektory mohou být použity k vytváření částečných diploidů nebo částečných polyploidů, přičemž genové sekvence zavedené do buňky mohou být buď začleněny do chromozomu nebo přetrvávat v extrachromozomálním stavu.
- Do klonovaných genů mohou být zaváděny *in vitro* mutace a pozměněné geny lze pak vrátit do kvasinky a nahradit jimi alely standardního typu.

Selektovatelné markery u kvasinek

Gen	Enzym	Selekce
HIS3	Imidazole glycerolphosphate dehydratase	histidine
LEU2	β -Isopropylmalate dehydrogenase	leucine
LYS2	α -Aminoadipate reductase	lysine
TRP1	N-(5'-phosphoribosyl)-anthranilate isomerase	tryptophan
URA3	Orotidine-5'-phosphate decarboxylase	uracil

Pozitivní selekce na mediu bez příslušného faktoru

G418 – rezistence k geneticinu (Kan^R)

Reportérové geny

Gene	Protein	Size (amino acids)	Original source	Detection	Reference
<i>cat</i>	Chloroamphenicol acetyltransferase	219	<i>E. coli</i> Tn9 transposon	Acetylation of chloroamphenicol using ¹⁴ C acetyl-CoA	(Gorman, Moffat and Howard, 1982)
<i>lacZ</i>	β -galactosidase	1024	<i>E. coli</i>	Conversion of colourless ONPG to a yellow product; XGal blue–white screening	(Norton and Coffin, 1985)
<i>gusA</i>	β -glucuronidase	603	<i>E. coli</i>	Conversion of MUG in a fluorometric assay; XGluc blue–white screening	(Jefferson <i>et al.</i> , 1986)
<i>luc</i>	Luciferase	550	<i>Photinus pyralis</i> (firefly)	Oxidation of luciferin to produce light	(de Wet <i>et al.</i> , 1987)
GFP	Green fluorescent protein	238	<i>Aequoria victoria</i> (jellyfish)	Emits green fluorescence when exposed to blue or UV light	(Chalfie <i>et al.</i> , 1994)

ONPG – *o*-nitrophenyl- β -D-galactopyranoside.

XGal – 5-bromo-4-chloro-3-indolyl- β -D-galactopyranoside.

MUG – 4-methylumbelliferyl β -D-glucuronide.

XGluc – 5-bromo-4-chloro-3-indolyl- β -D-glucuronide.

Expese genů v kvasinkách

- Pro účinnou expresi je žádoucí, aby klonované sekvence byly pod kontrolou kvasinkových promotorů – ty mají určitá specifika. Vektory proto mají promotory z kvasinek.
- Poločas mRNA (1-100 min) je silně ovlivněn netranslatovanými sekvencemi na 5´ a 3´ konci – jejich odstranění poločas zvýší
- Kvasinky mají jiné využívání kodonů než bakterie nebo vyšší eukaryota. Při chemické syntéze genů je třeba volit kodony, které jsou čteny (96% aminokyselin v kvasinkových proteinech je kódováno jen 25-ti z 61 možných kodonů)
- Exkrece proteinů: signální sekvence jsou dlouhé 20-90 aa. Přesná pravidla nejsou známa – u některých proteinů se exkrece nedaří. Sekrece zabrání rozkladu proteinu v cytoplazmě – proteolýze lze zabránit též změnou aa na N-konci (zábrana ubiquitace)

Exprese genů v kvasinkách

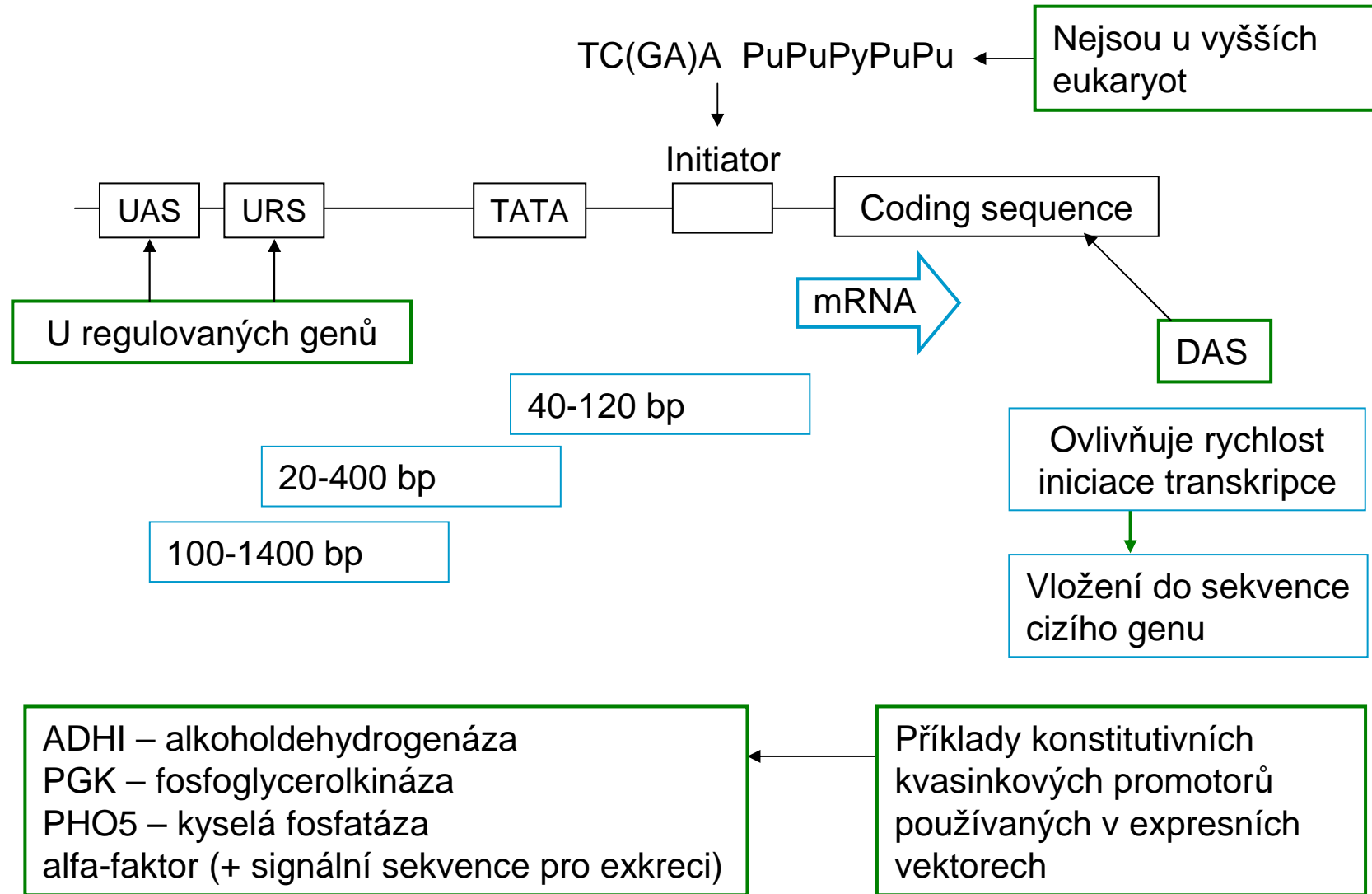
- Glykozylace – dochází ke glykozylaci cizích proteinů, ale struktura a sekvence oligosacharidů připojovaných na proteiny je odlišná než v přirozených hostitelích – to může mít důsledky pro stabilitu, imunogenitu a výslednou lokalizaci v tkáních (např. při terapeutickém používání)
- Stabilita proteinů. Rychlá degradace proteinů po jejich syntéze nebo po rozbití buněk a purifikaci endoproteinázami, karboxypeptidázami a aminopeptidázami přítomnými ve vakuolách. Byla zkonstruována řada mutantních kmenů s pozměněnou aktivitou těchto enzymů.
- Sestřih. Introny mají obecné rysy (5' GU – AG 3') a další konsenzuální sekvence. U kvasinek je před 3' místem sestřihu sekvence, která chybí u vyšších eukryot.

Struktura kvasinkového promotoru

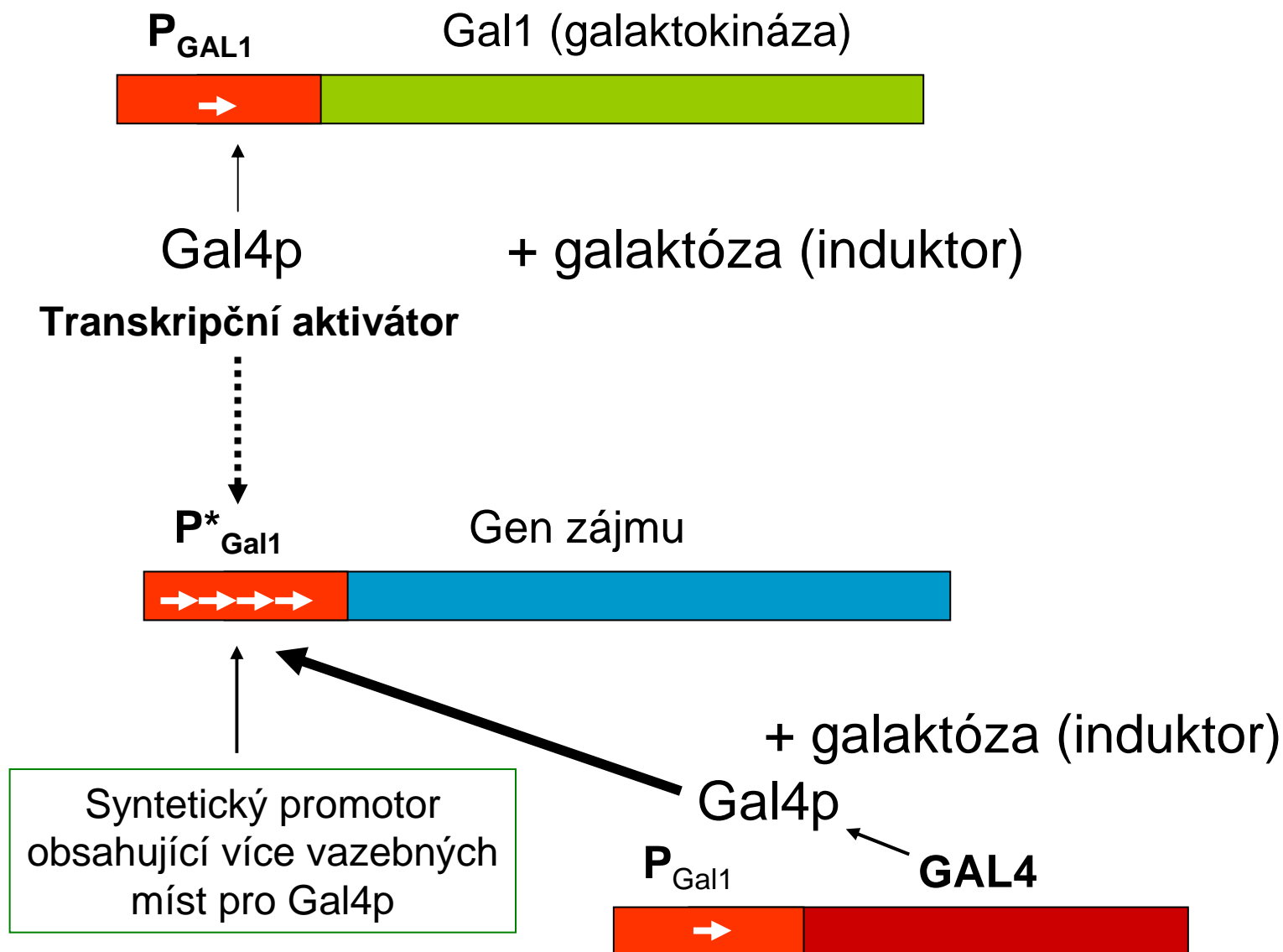
4 elementy:

1. **TC(G/A)A a PuPuPyPuPu** jsou u více než poloviny známých kvasinkových promotorů. Tyto sekvence nejsou u vyšších eukaryot, což ukazuje na rozdílný mechanismus jejich transkripčního aparátu.
2. **TATA box**, oblast 20-120 nukleotidů před místem iniciace.
3. Sekvence umístěné proti směru transkripce: tyto sekvence se nacházejí u genů, jejichž transkripce je regulována.
 - A. **sekvence aktivující transkripci (UAS)** – vazba pozitivního regulačního proteinu na UAS zvyšuje rychlost transkripce, zatímco delece UAS transkripci potlačí. Důležitým strukturním rysem UAS je přítomnost jedné nebo více oblastí s dvojitou symetrií.
 - B. **sekvence reprimující transkripci (URS)**. Vazba negativního regulačního proteinu na URS snižuje rychlost transkripce genů, které jsou regulovány negativně.
4. Sekvence umístěné uvnitř samotného genu, které se označují jako aktivující sekvence umístěné po směru transkripce (**downstream activating sekvence, DAS**). Nízká množství heterologních proteinů odráží nízké množství mRNA jako důsledek nízkého stupně iniciace. Vložení aktivující sekvence umístěné po směru transkripce genu PGK obnovuje rychlost transkripce mRNA.

Struktura typického kvasinkového promotoru

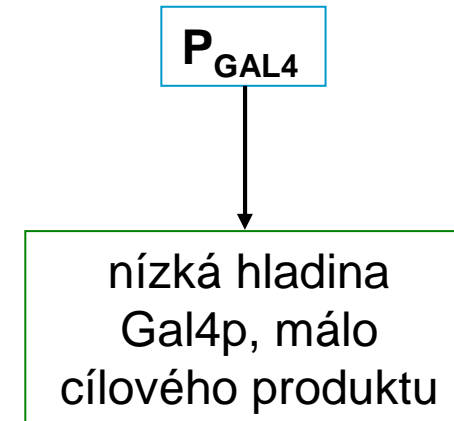
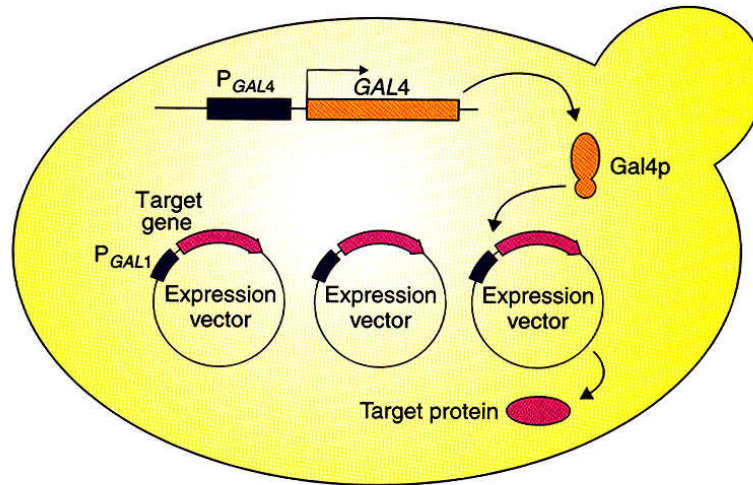


Gal systém *S. cerevisiae* využitý pro expresi genů



Expresse genů indukovaná galaktózou

A. Gal4p vytvářený z vlastního promotoru



B. Gal4p vytvářený z promotoru Gal1

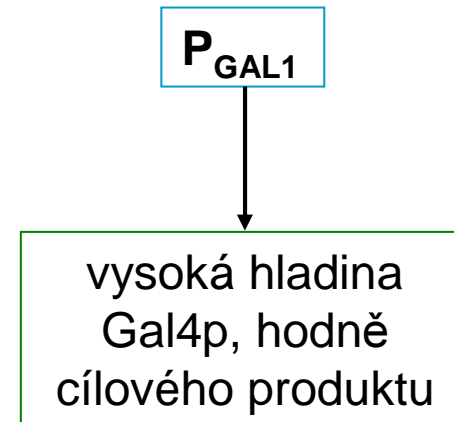
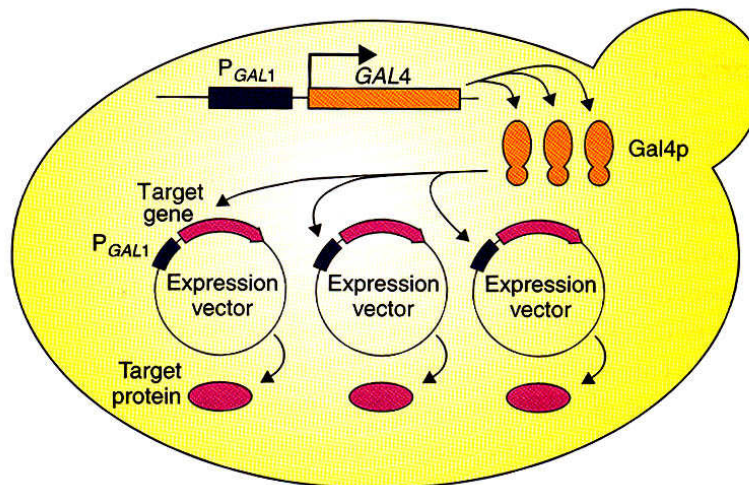


Table 7.1 Promoters for *S. cerevisiae* expression vectors

Promotor	Podmínky pro expresi	Tvorba produktu
Acid phosphatase (<i>PH05</i>)	Phosphate-deficient medium	Inducible
Alcohol dehydrogenase I (<i>ADHI</i>)	2–5% Glucose	Constitutive
Alcohol dehydrogenase II (<i>ADHII</i>)	0.1–0.2% Glucose	Inducible
Cytochrome c_1 (<i>CYC1</i>)	Glucose	Repressible
Gal-1-P Glc-1-P uridyltransferase	Galactose	Inducible
Galactokinase (<i>GAL1</i>)	Galactose	Inducible
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (<i>GAPD</i> , <i>GAPDH</i>)	2–5% Glucose	Constitutive
Metallothionein (<i>CUP1</i>)	0.03–0.1 mM copper	Inducible
Phosphoglycerate kinase (<i>PGK</i>)	2–5% Glucose	Constitutive
Triose phosphate isomerase (<i>TPI</i>)	2–5% Glucose	Constitutive
UDP galactose epimerase (<i>GAL10</i>)	Galactose	Inducible

Sekrece proteinů v kvasinkách

Hlavní rysy sekretovaných proteinů:

- jsou syntetizovány na endoplazmatickém retikulu
- z ER jsou transportovány do Golgiho aparátu, kde jsou upraveny a zabaleny do sekrečních váčků
- Fúze sekrečních váčků s plazmatickou membránou se děje konstitutivně nebo jako odpověď na externí signál
- Nakonec jsou lokalizovány na buněčném povrchu nebo exportovány z buňky

Proteiny přirozeně sekretované do růstového media

- a) párovací feromony (α -faktor, α -faktor)
- b) killer toxin (proteinový produkt dsRNA plazmidu); molekuly působící toxicky na jiné kmeny kvasinek).
- Polypeptidy určené k sekreci mají hydrofobní N-konec, který je odpovědný za translokaci do endoplazmatického retikula.
- N-konec je obvykle tvořen 20 aminokyselinami a odštěpen ze zralého proteinu uvnitř endoplazmatického retikula.

Bylo dosaženo sekrece řady ne-kvasinkových polypeptidů z rekombinantních plazmidů, ale pravidla pro sekreci nejsou zcela jasná.

Problémy při expresi některých proteinů v *S. cerevisiae*

- nízká exprese klonovaných genů, nízký výtěžek proteinu
- hyperglykozylace heterologních proteinů
- pozměněný transport sekretovaných proteinů
(zadržení v periplazmatickém prostoru)
- tvorba vysoké koncentrace alkoholu, který usmrcuje buňky a snižuje výtěžek proteinů

Cílení proteinů do jádra

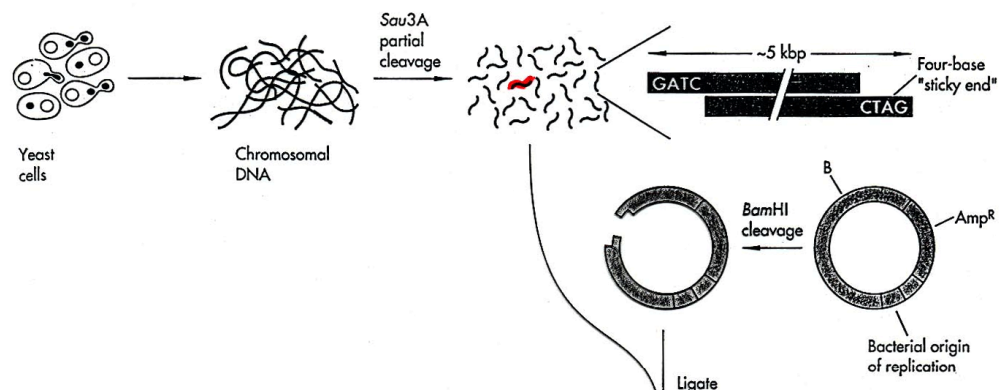
Jádro kvasinky obsahuje sadu proteinů, které jsou syntetizovány v cytoplazmě.

Pro objasnění mechanismu týkajícího se lokalizace proteinů v buňce byly zkonstruovány hybridní geny fúzí kvasinkového *Mata* genu, kódujícího předpokládaný jaderný protein, a genu *lacZ* z *E. coli*. Segment genového produktu MATalfa, který byl 13 aminokyselin dlouhý, byl schopen usměrnit β -galaktozidázovou aktivitu do jádra. To bylo potvrzeno imunofluorescencí. Podobné sekvence byly zjištěny u jiných proteinů a označeny jako

nuclear localization signals (NLS)

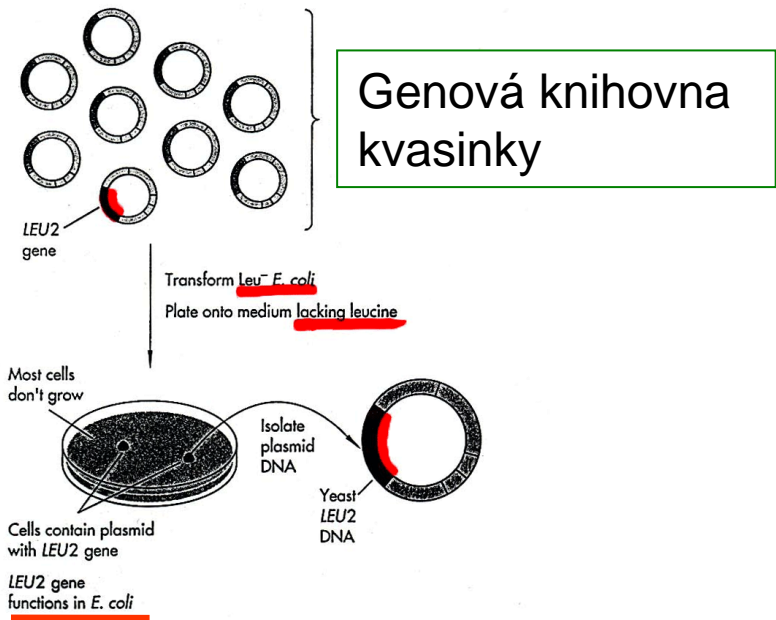
Podle současného modelu pro import jaderných proteinů jsou proteiny obsahující NLS rozpoznány specifickými receptory v cytoplazmě. Komplex NLS-receptor se pohybuje k jaderným pórům, které otvírá reakcí vyžadující ATP a dovoluje, aby protein vstoupil do jádra.

Klonování kvasinkových genů s využitím komplementace



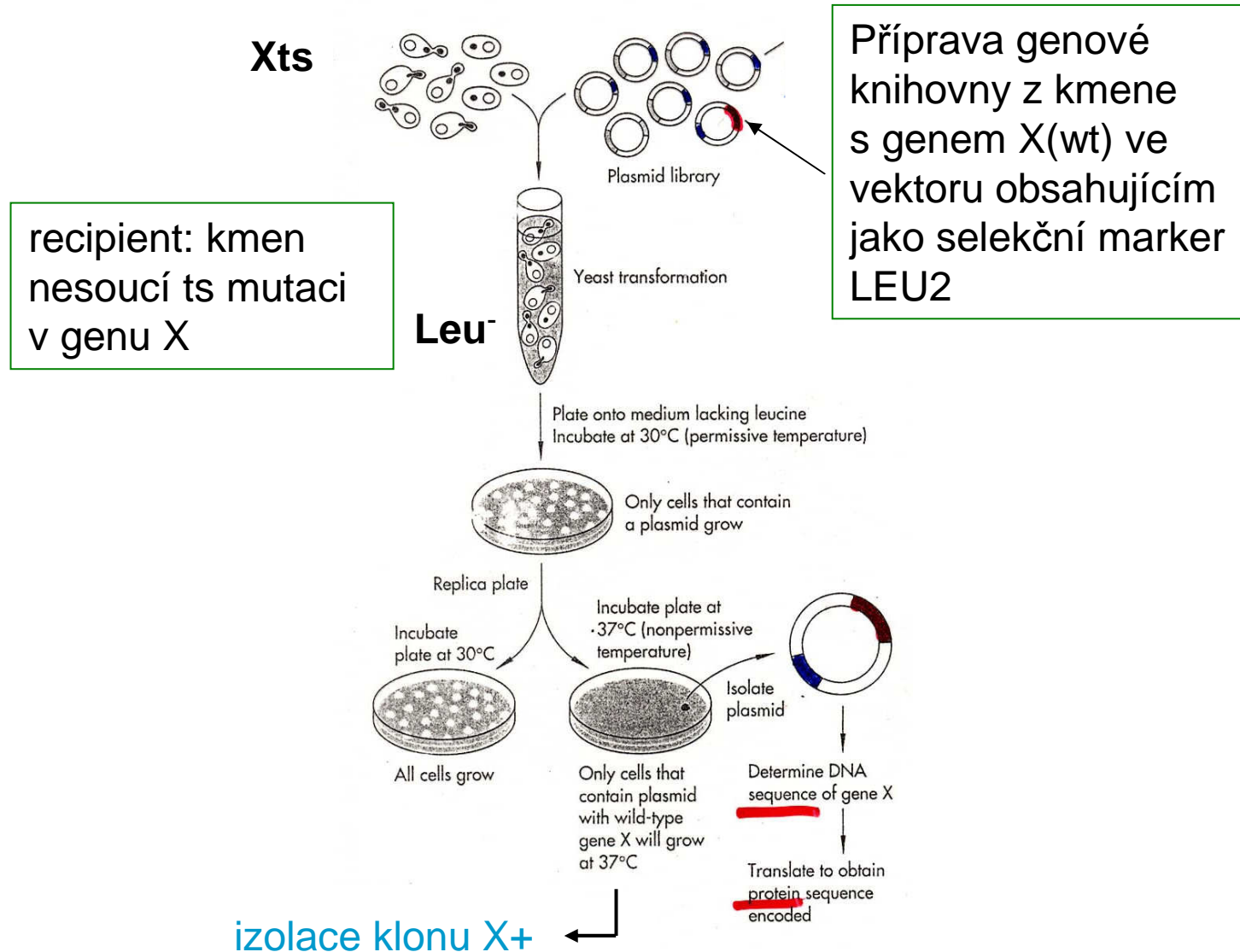
30 % genů kvasinek se exprimuje v *E. coli*

Získávání nových kvasinkových selekčních markerů

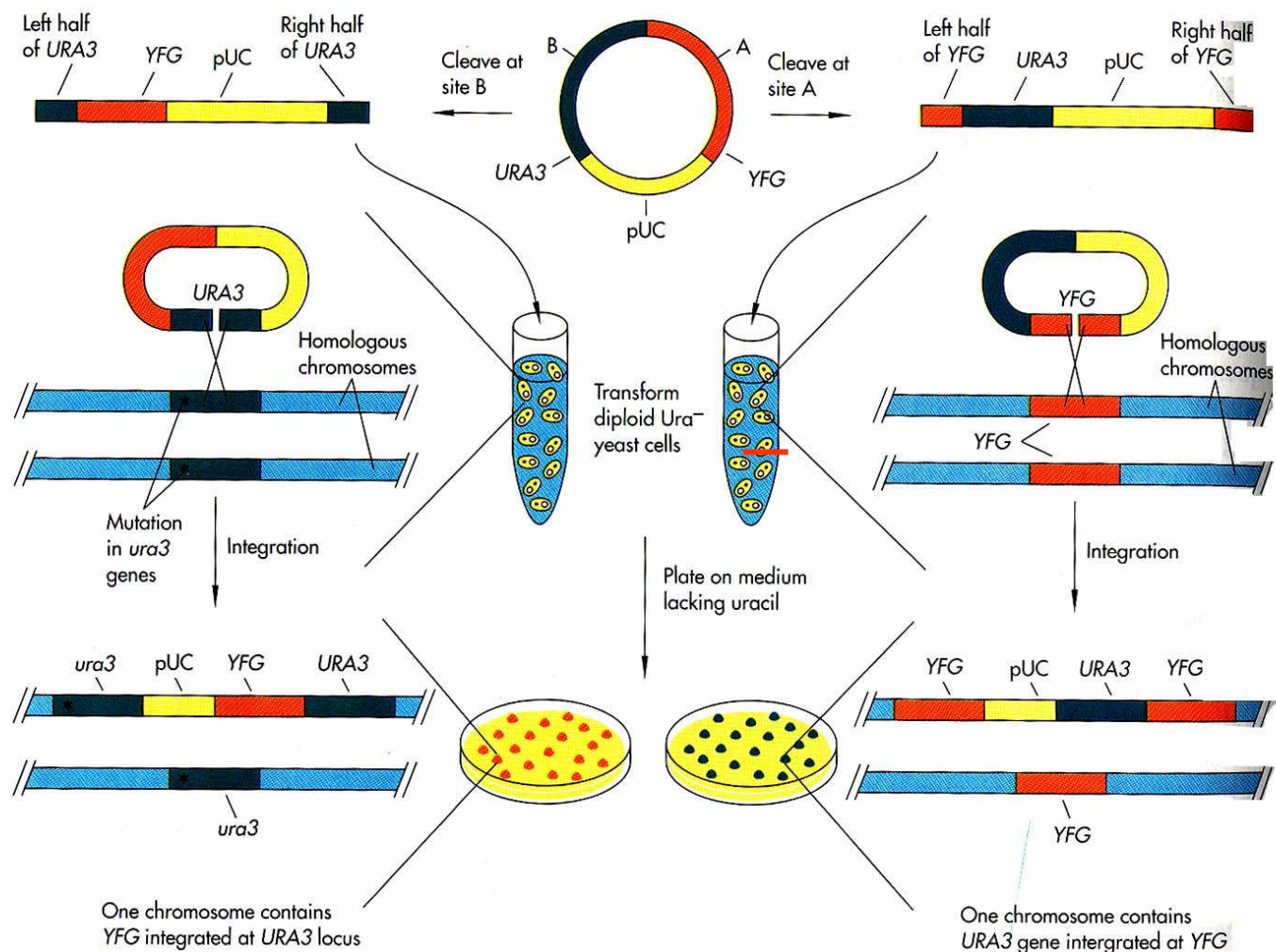


Genová knihovna kvasinky

Klonování kvasinkových genů na základě genetické komplementace

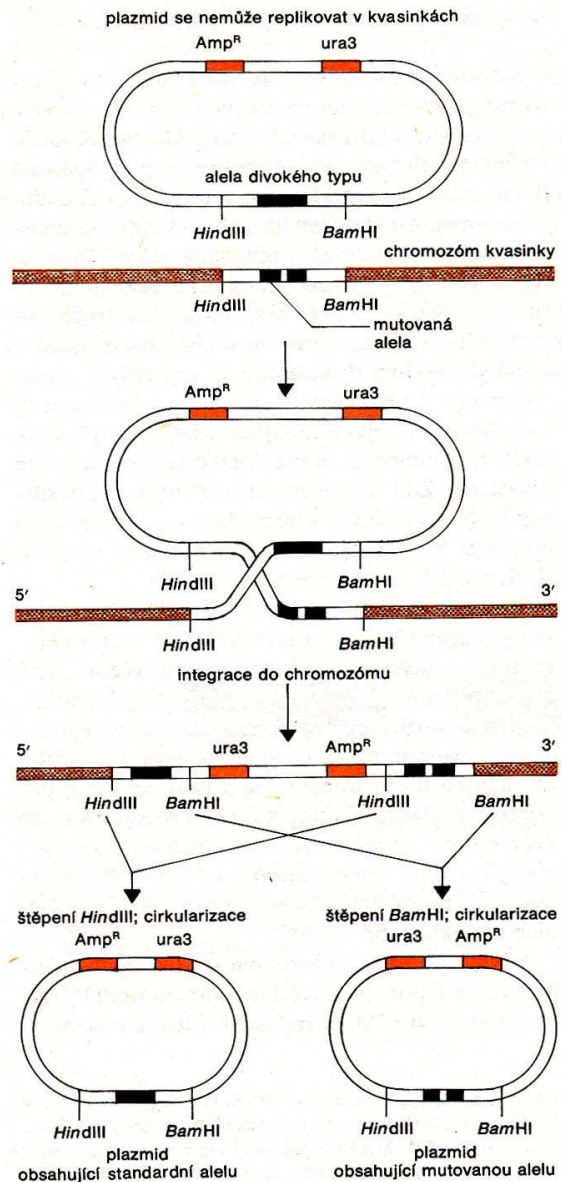


Začleňování genů homologní rekombinací



Linearizace plazmidu v místě homologie zvyšuje frekvenci začlenění asi 100x

Kvasinkový integrující se vyprošťovací vektor



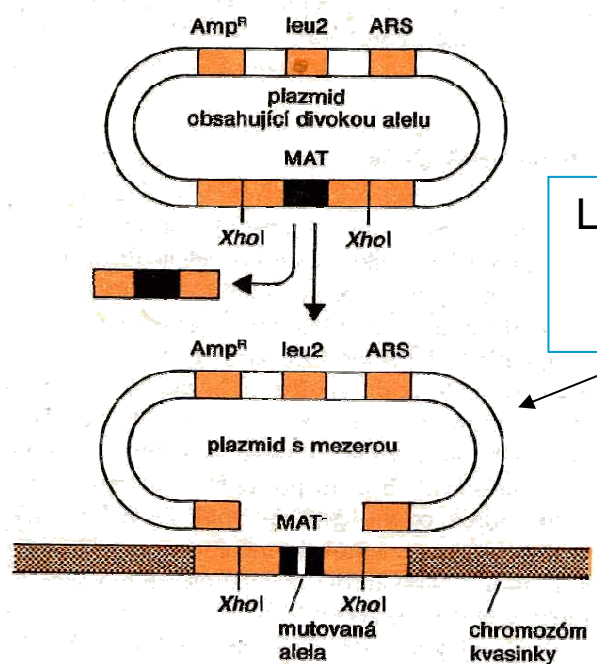
alela standardního genu
ohraničená vhodnými
RE-místy

začlenění do chromozomu

izolace DNA,
štěpení RE a cirkularizace

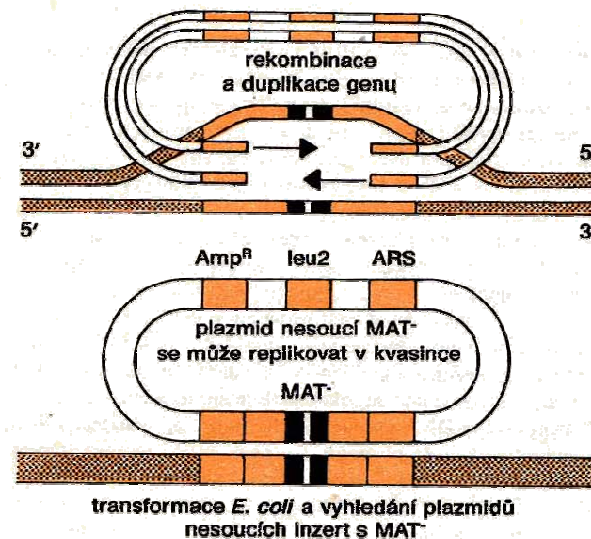
analýza mutace

Vyprošťovací replikující se vektor



Linearizovaný plazmid se nereplikuje

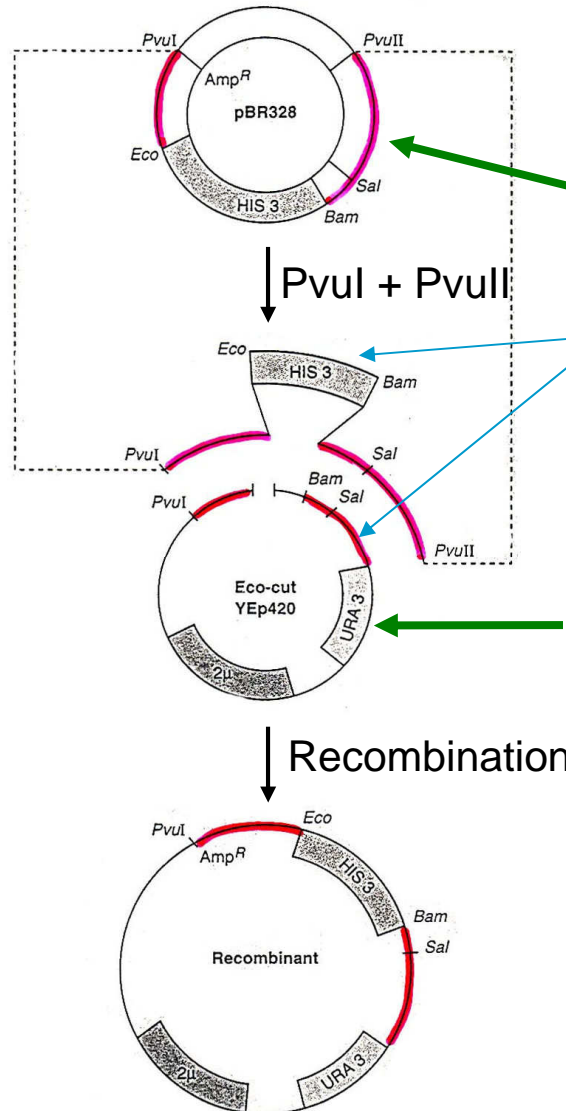
Část genu mat je vyštěpena, hraniční sekvence jsou ponechány



Homologní rekombinace a cirkularizace plazmidů, jejich izolace a přenos do *E. coli*, *studium mutantní alely MAT⁻*

Rekonstrukce plazmidu homologní rekombinací v kvasinkové buňce

Vložení nového selekčního markeru do plazmidu, překlonování genu zájmu do jiného typu vektoru



Plazmid, který se v kvasince nereplikuje

společně přeneseny do kvasinky transformací

Plazmid, který se v kvasince replikuje

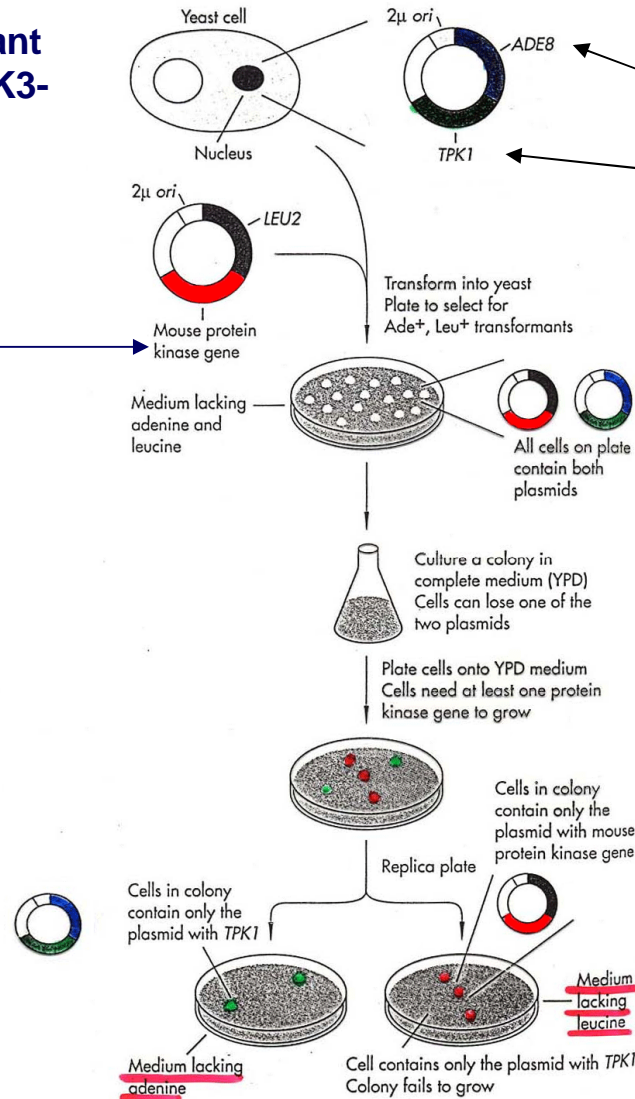
Selekce klonů na *HIS3*, případně na *URA3*

Vytěsnění a záměna plazmidů **Plasmid shuffle**

Studium funkce mutantních a cizích genů

Trojnásobný mutant
TPK1-, TPK2-, TPK3-
ura+, his+, trp+,
ade-, leu-

Myší cAMP
 dependentní PK



Umožňuje růst na mediu bez adeninu

Zajišťuje životaschopnost buňky

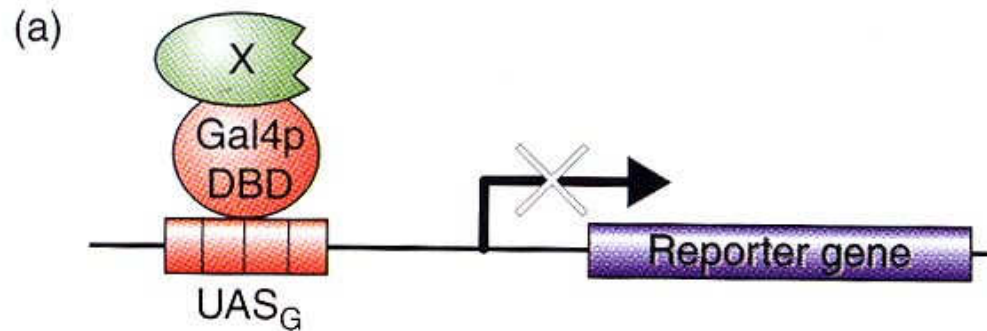
Selekce buněk obsahujících oba plazmidy

Kultivace buněk za neselektivních podmínek

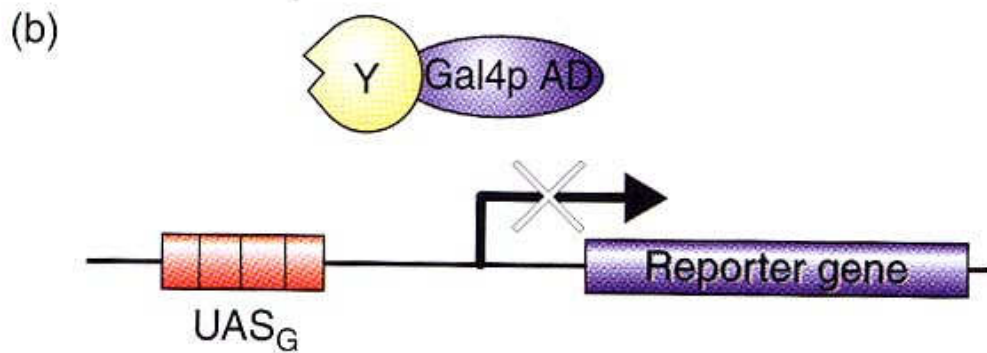
Buňka si musí alespoň jeden z plazmidů podržet

Gen pro myší proteinkinázu může nahradit gen TPK1-

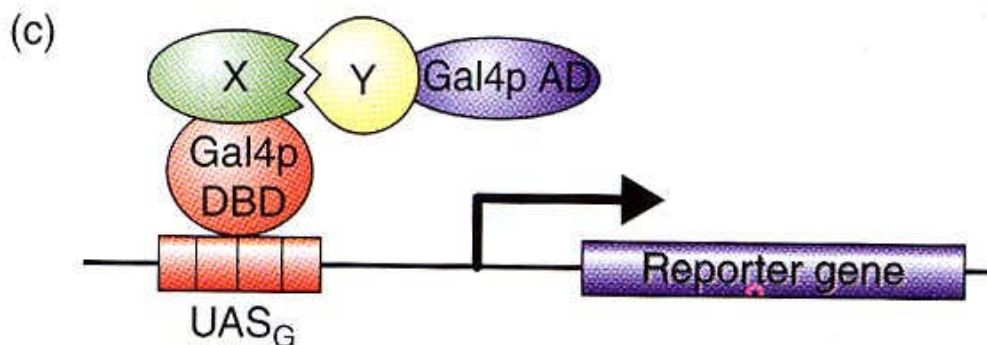
Dvouhybridní systém ke studiu interakce proteinů



Hybridní protein Gal4p-X se váže na promotor, ale není schopen aktivovat transkripci reportérového genu

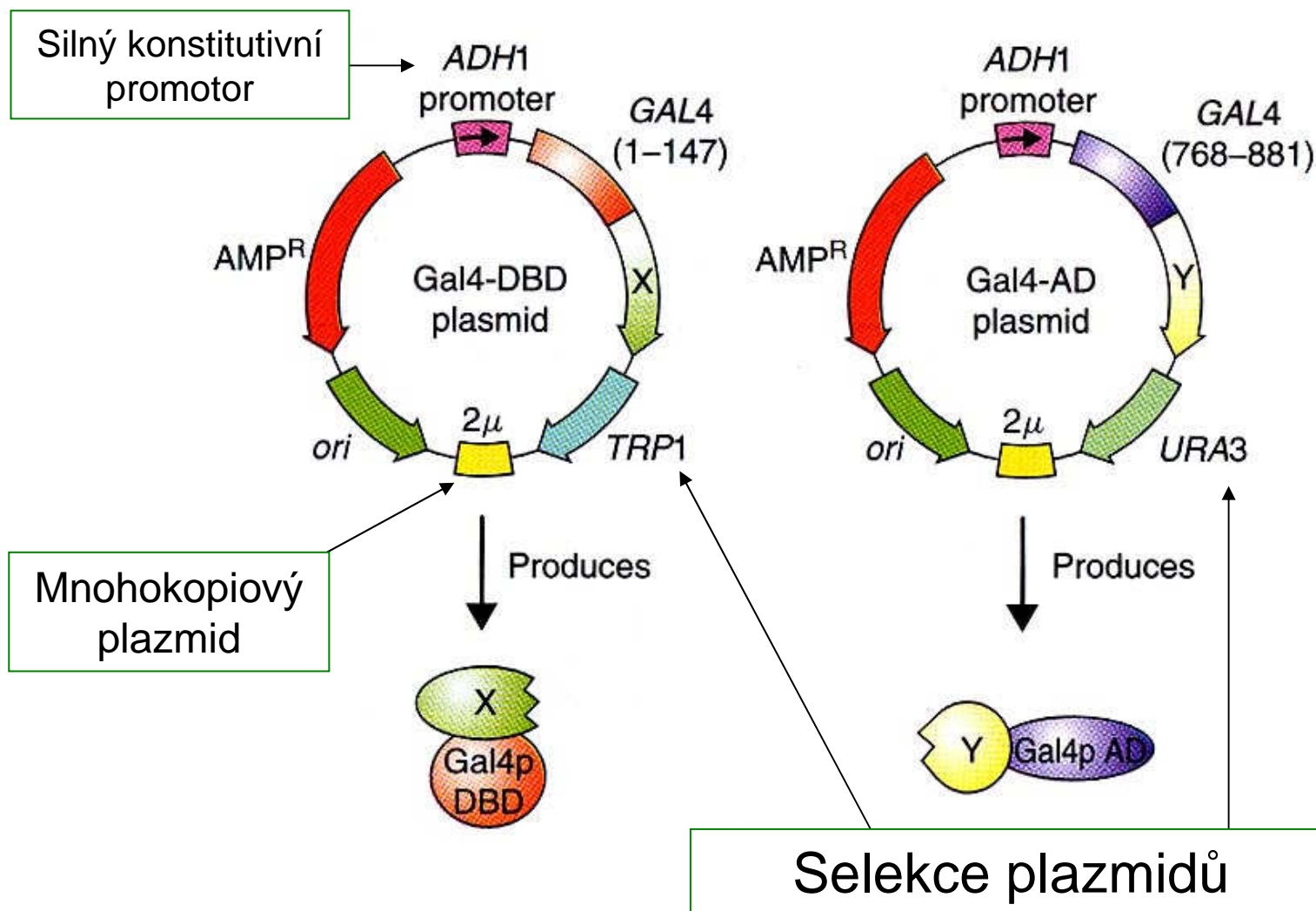


Hybridní protein Gal4p-Y se není schopen vázat na promotor a tudíž není schopen aktivovat transkripci

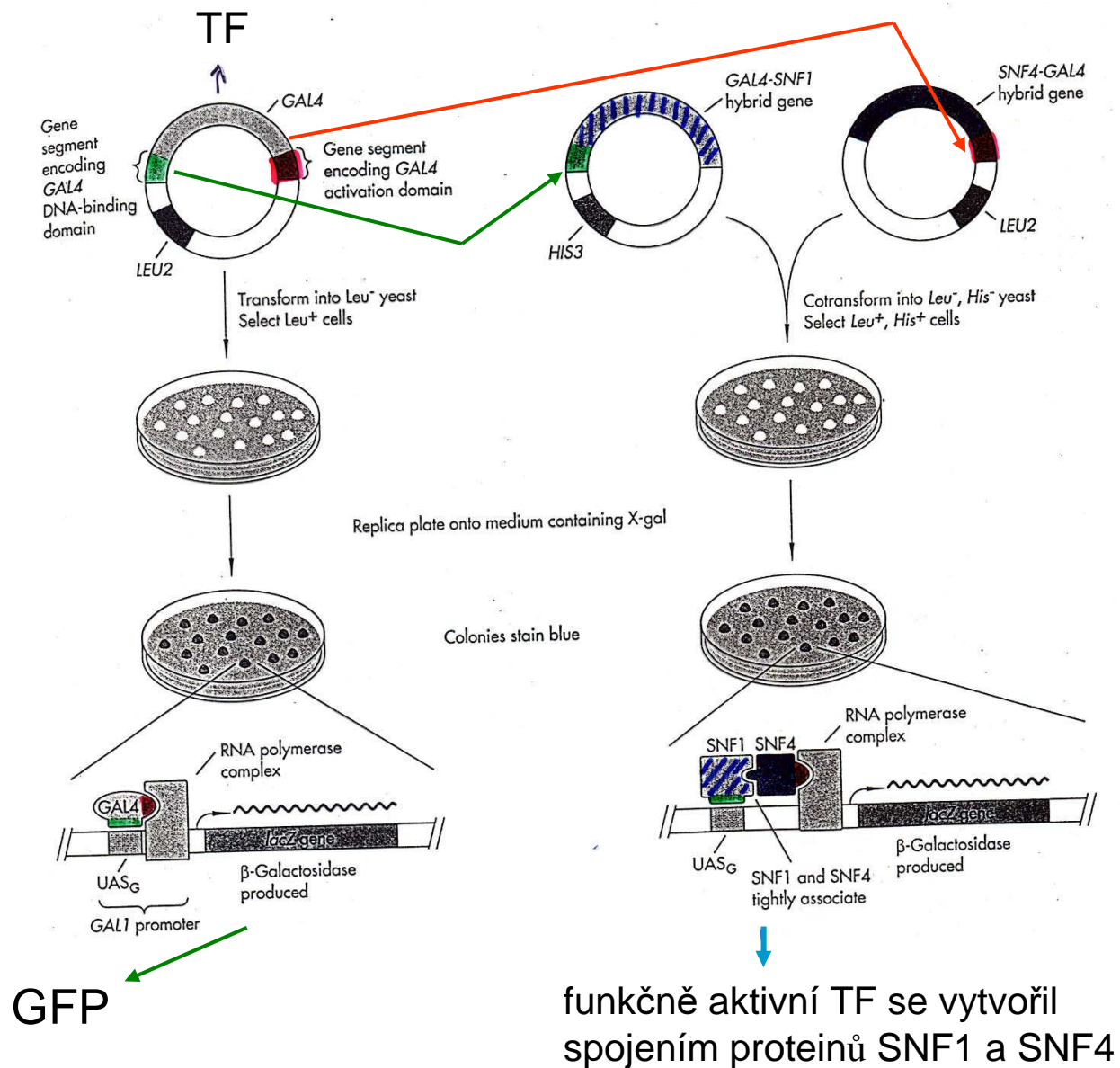


Interakce hybridních proteinů Gal4p-X::Gal4p-Y aktivuje transkripci

Plazmidy určené k vytváření fúzních proteinů s aktivačními doménami Gal4p (DBD a AD)

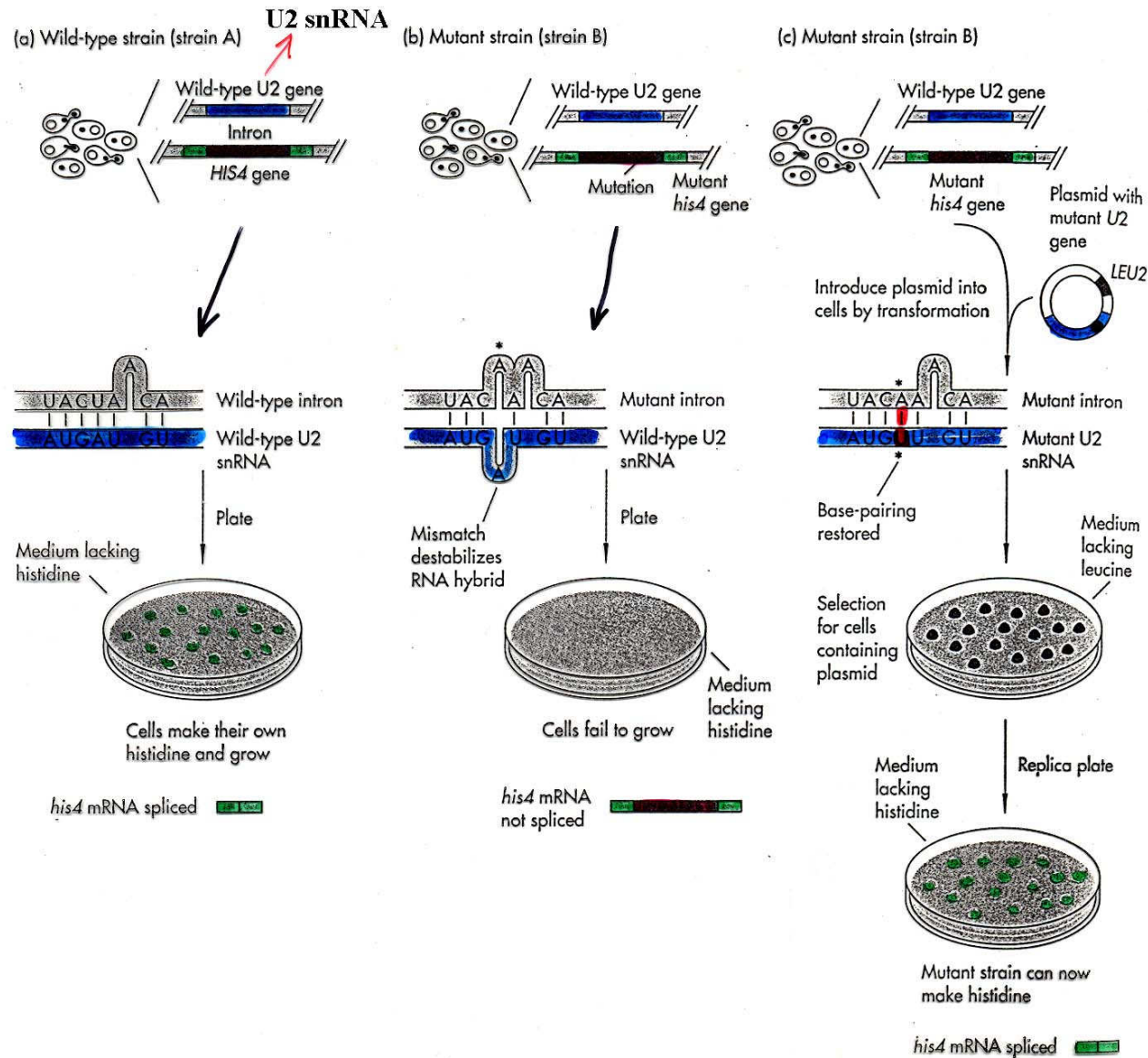


Vyhledání genů jejichž produkty interagují

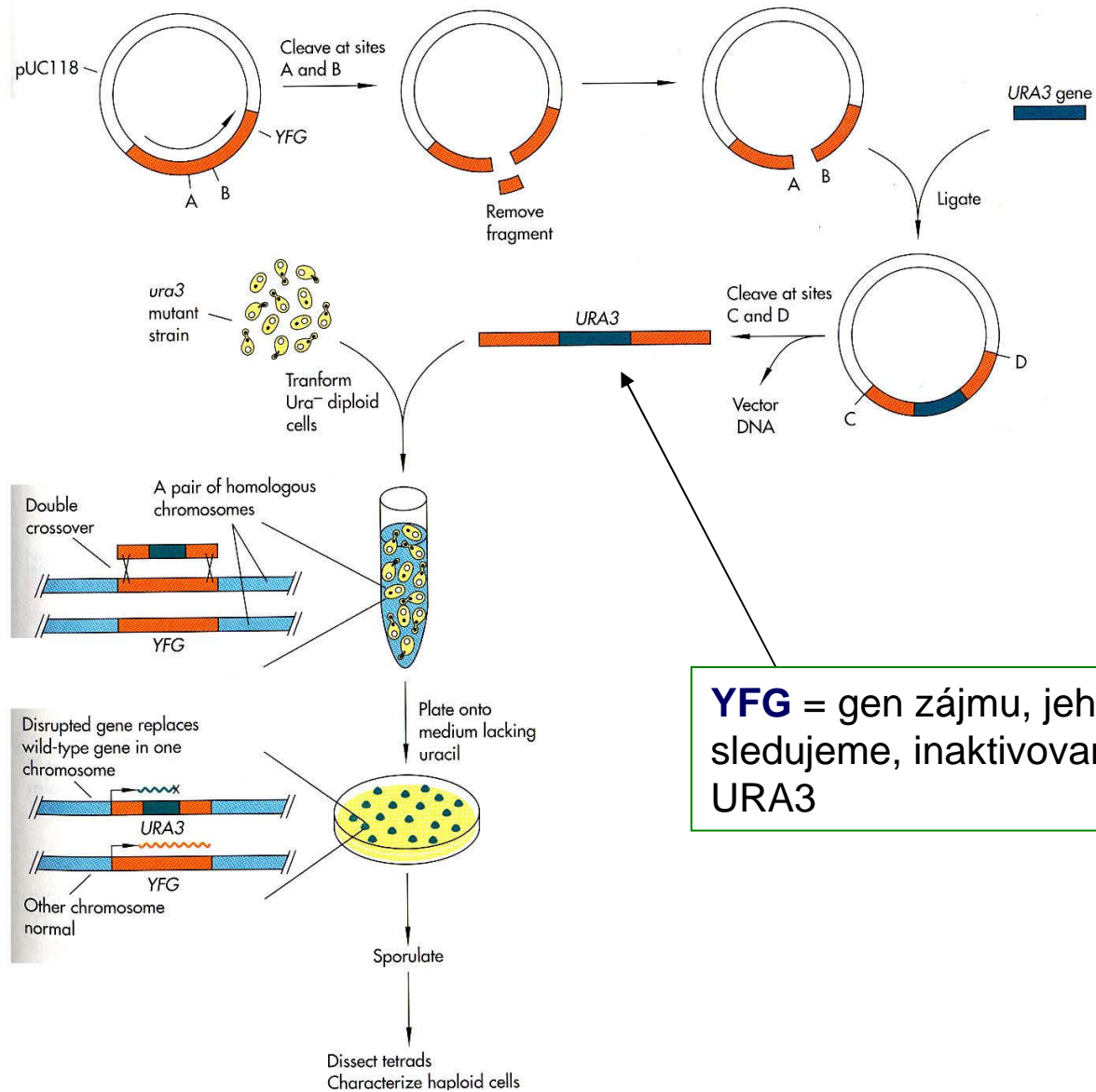


SNF1 a SNF4 asociují za vzniku produktu s protein-kinázovou aktivitou

Genetický důkaz funkce U2 snRNA

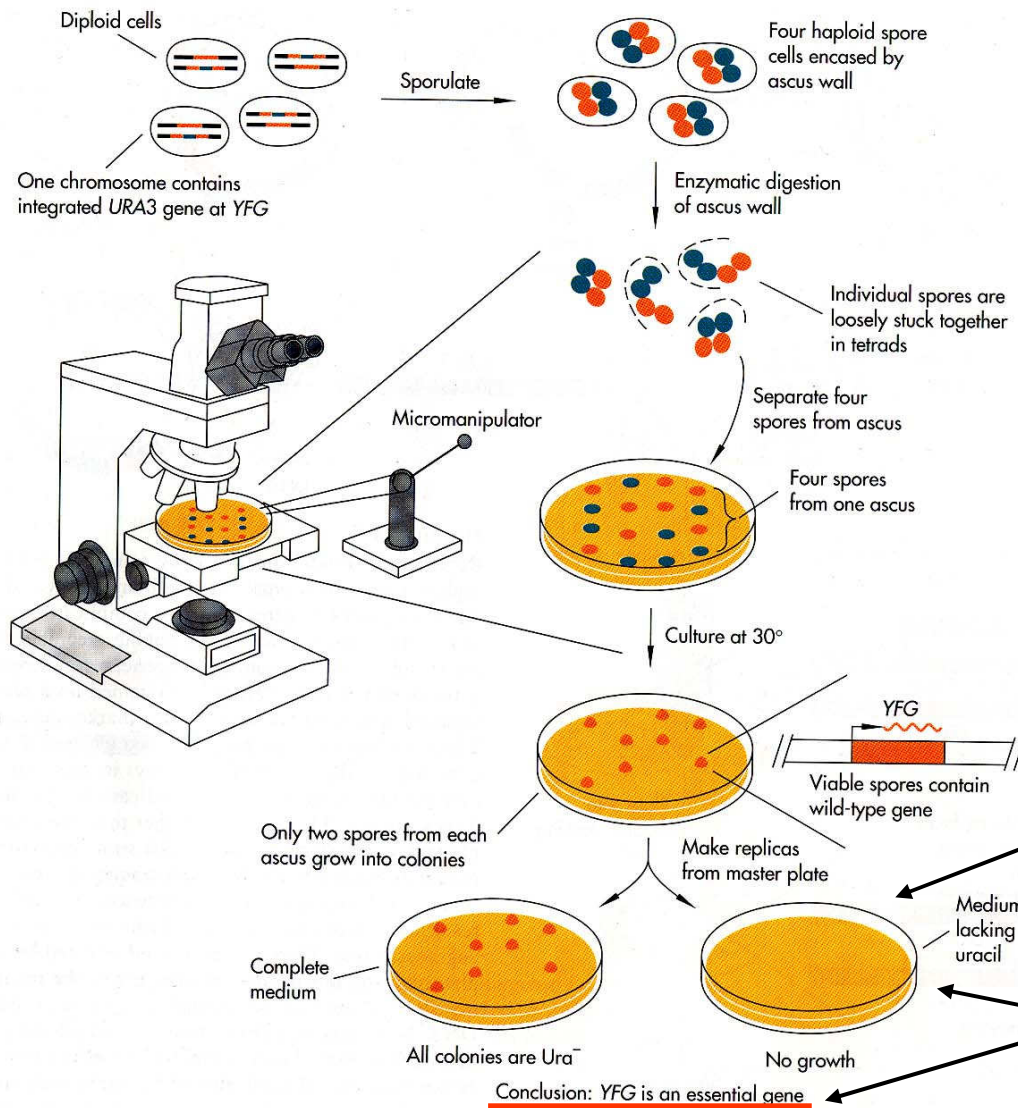


Náhrada chromozomového genu (gene knockout)



YFG = gen zájmu, jehož funkci sledujeme, inaktivovaný genem *URA3*

Tetrádová analýza: sporulací dochází k separaci mutantní a standardní alely



Pokud je funkce genu *YFG* nutná pro přežití, spory nebudou schopny růst na plotnách bez uracilu, neboť gen *URA3* je součástí pouze přerušovaných (inaktivovaných) genů.

Potvrzení inzerce *URA3* do *YFG*

VACCINES

Hepatitis B virus surface antigen
Malaria circumsporozoite protein
HIV-1 envelope protein

DIAGNOSTICS

Hepatitis C virus protein
HIV-1 antigens

HUMAN THERAPEUTIC AGENTS

Epidermal growth factor
Insulin
Insulin-like growth factor
Platelet-derived growth factor
Proinsulin
Fibroblast growth factor
Granulocyte-macrophage colony-stimulating factor
 α_1 antitrypsin
Blood coagulation factor XIIIa
Hirudin
Human growth factor
Human serum albumin

Figure 7.4 Recombinant proteins produced by *S. cerevisiae* expression systems. HIV-1, human immunodeficiency virus type 1.

Kvasinka *Pichia pastoris*

- Má schopnost metabolizovat metanol jako jediný zdroj uhlíku a energie
- Metabolismus metylotrofů umožňuje vytvářet „single-cell“ proteiny – krmivo pro dobytek bohaté na proteiny

Heterologní exprese proteinů v metylotrófní kvasince – *Pichia pastoris*

Další druhy: *Kluyveromyces lactis*, *Hansenula polymorpha*

1. Jednoduché techniky pro genetickou manipulaci u *Pichia*, podobné jako u *S. cerevisiae*.
2. Kultivace za definovaných podmínek včetně velkokapacitní kultivace
3. Schopnost *P.* tvořit proteiny ve velkém množství, buď intra- nebo extracelulárně (samy tvoří jen málo vlastních exkretovaných proteinů)
4. Schopnost provádět eukaryotické posttranslační modifikace (glykozylace, tvorba disulfidických můstků a proteolytický procesing).
5. Dostupnost tohoto systému pro komerční účely.

Vektory pro expresi v Pichia

- a) jsou kyvadlové (+ E. coli)
- b) mají markery pro E. coli a pro kvasinky (ura, his, ade atd)
- c) mají expresní kazetu odvozenou z genu AOX
 - 5'-promotorové sekvence
 - terminátor transkripce
 - mezi promotorem a terminátorem je MCS
- d) u sekrečních vektorů jsou signály z kyselé fosfatázy (PHO) nebo alfa-MAT

Hostitelské kmeny:

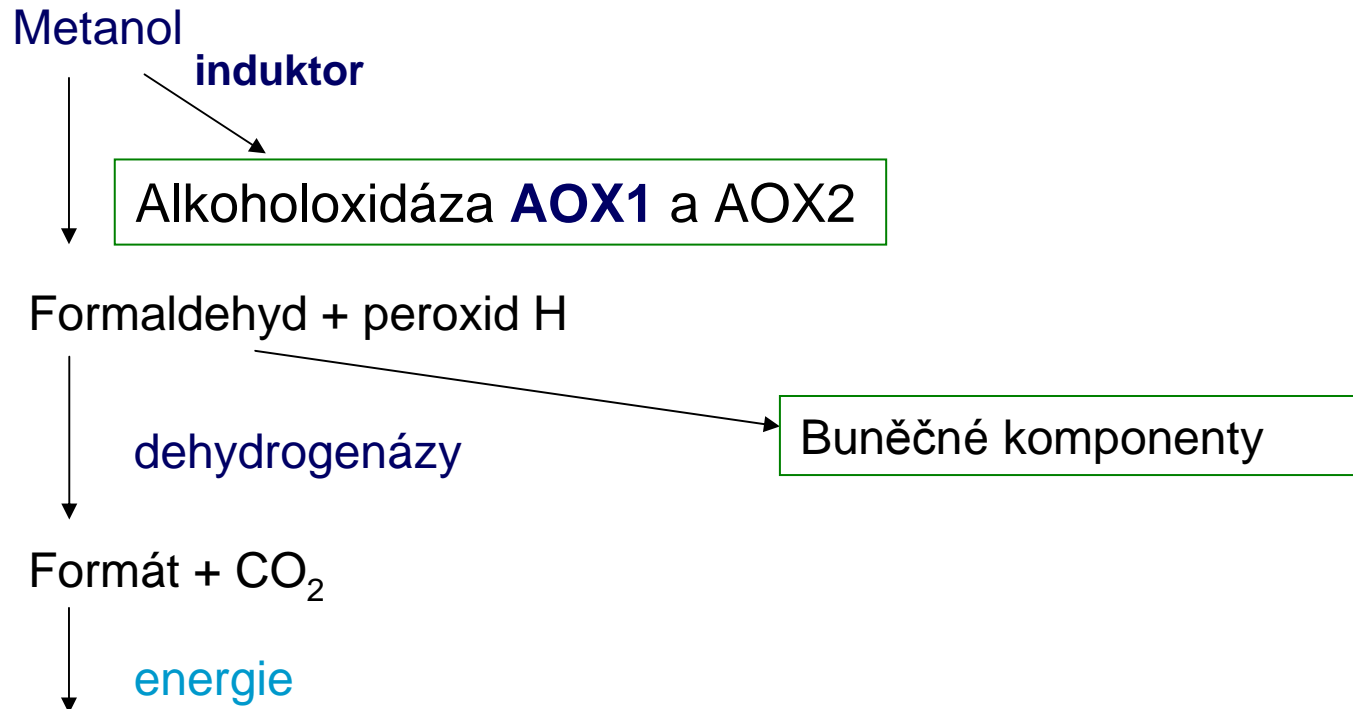
- nesou auxotrofní mutace pro selekci vektorů
- jsou proteáza deficientní

Expresní vektory často inzertovány do chromozomu

Vektory s vícenásobnou kopií cizorodého genu

- a) kopie genu uspořádány „hlava k patě“
- b) vektor obsahující gen kanR – amplifikace pomocí G418

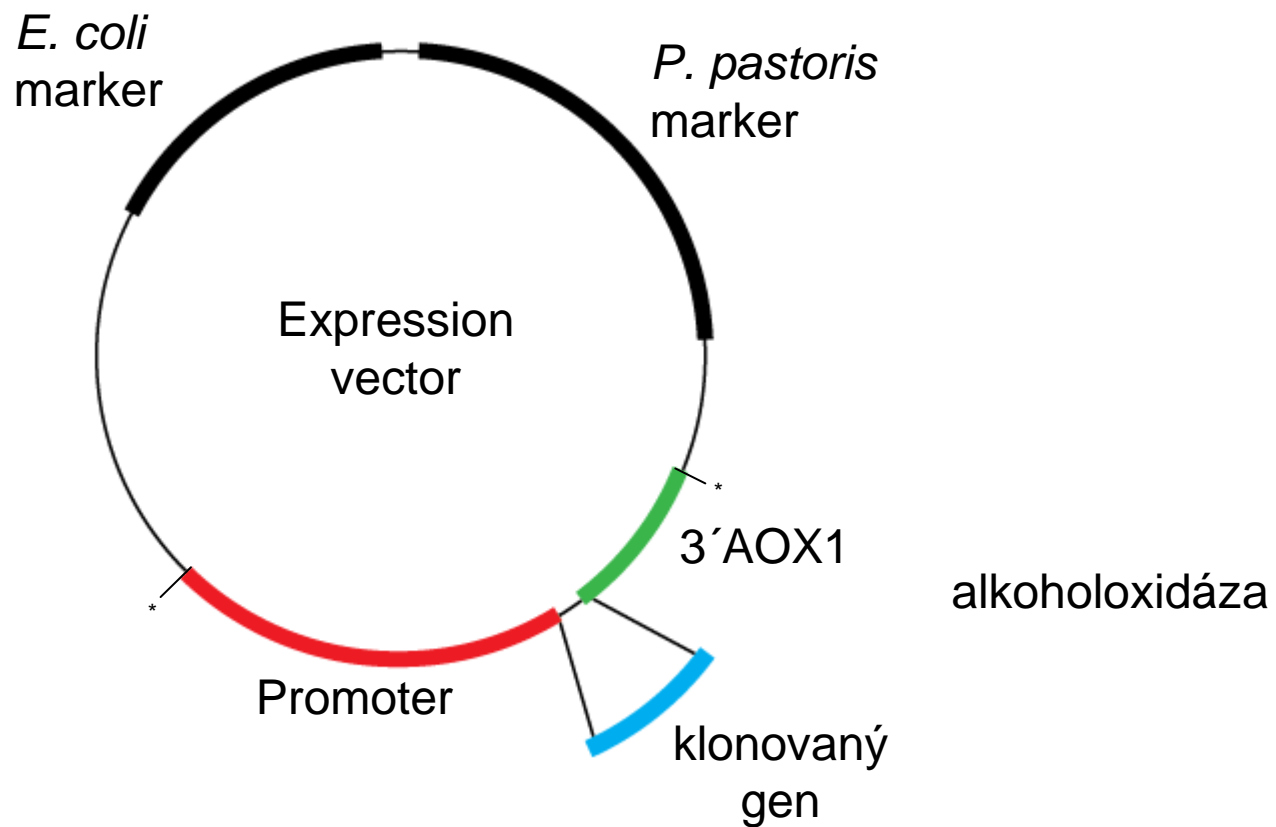
Metabolizmus metanolu



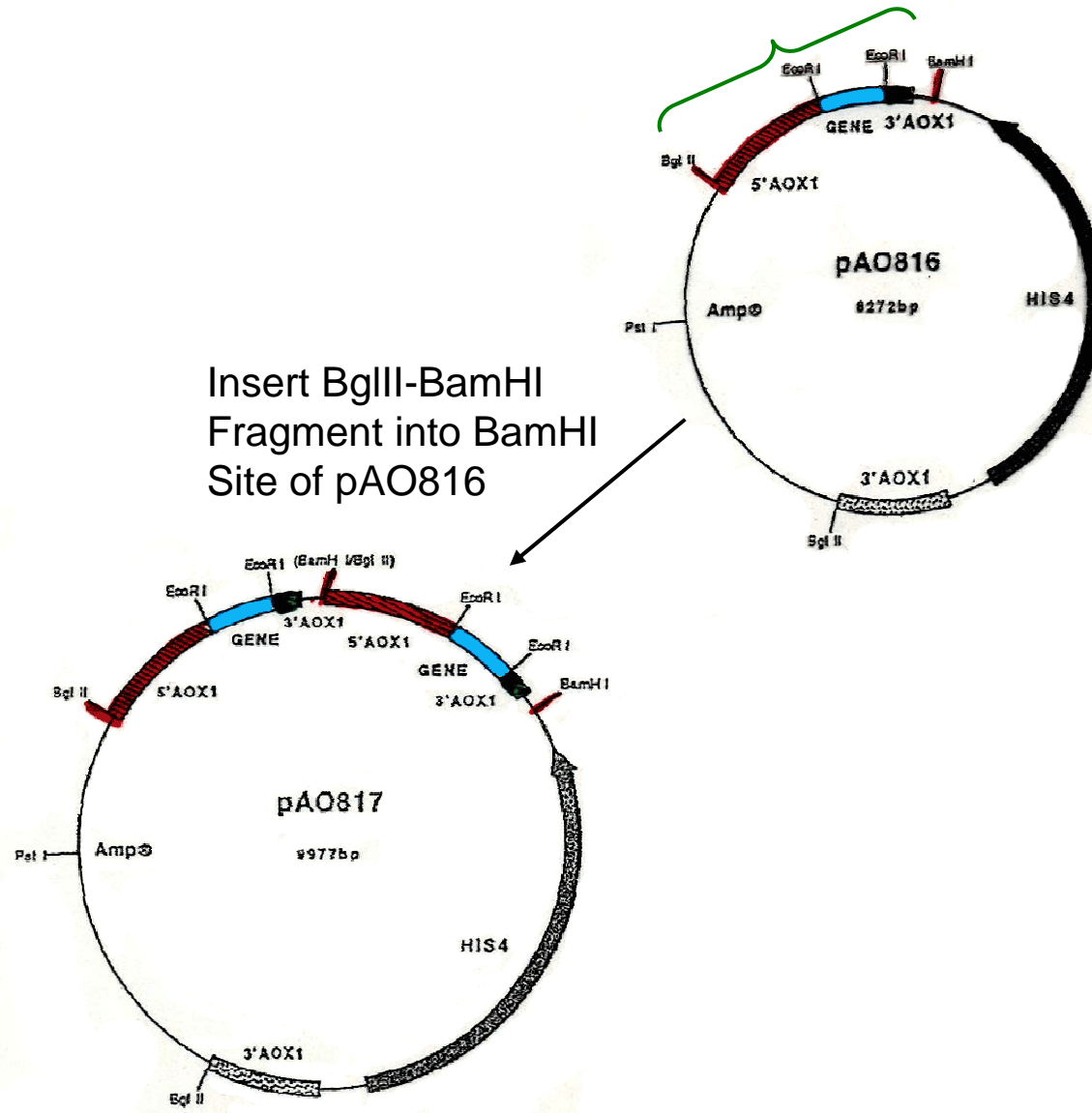
Po indukci metanolem je 5 % transkriptů tvořeno genem pro alkoholoxidázu, která dosahuje až 30 % všech proteinů v buňce

V přítomnosti jiných substrátů (glukóza, glycerol, etanol) je hladina AOX nízká

Expresní vektor *P. pastoris*



Konstrukce vektorů s kopiemi expresní kazety



Začlenění genu klonovaného v integračním vektoru do specifického místa chromozomu *P. pastoris*

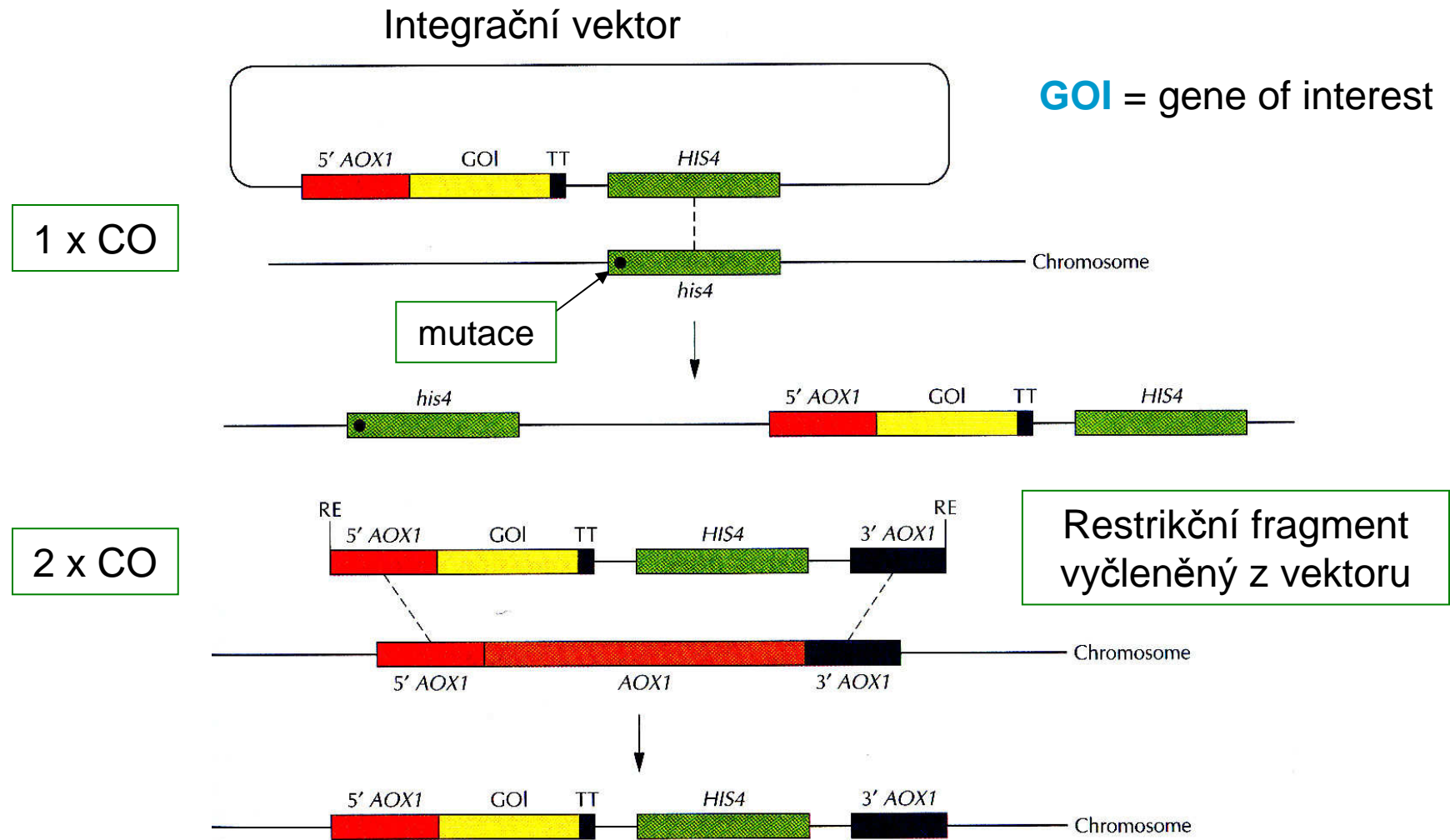


Table 3: Heterologous proteins expressed in *P. pastoris*

Protein

Comments: mode, amount, Reference
signal sequence

Bacteria

<i>Bacillus licheniformis</i> α-amylase	S, 2.5 g l ⁻¹ , SUC2	[51,60]
<i>Bacillus steurothermophilus</i> D-alanine carboxypeptidase	S, 100 mg l ⁻¹ , native	[61]
<i>Bordetella pertussis</i> pertussis pertactin (P69)	I, 3 g l ⁻¹	[62]
<i>Clostridium botulinum</i> neurotoxin (BoNT) serotype A and B	I, 78 mg l ⁻¹	[63]
<i>Clostridium botulinum</i> neurotoxin heavy chain fragment, serotype B	I, 390 μg g ⁻¹	[64]
<i>Clostridium botulinum</i> neurotoxin serotype A binding domain	I, 2.4 mg total	[65]
<i>Clostridium tetani</i> tetanus toxin fragment C	I, 12 g l ⁻¹	[66]
<i>Escherichia coli</i> acid phosphatase/phytase (appA2)	S, 28.9 U mg ⁻¹	[67]
<i>Escherichia coli</i> β-galactosidase	I, 2.0 × 10 ³ U mg ⁻¹	[7]
<i>Escherichia coli</i> β-lactamase	I	[20]
<i>Leishmania major</i> cathepsin B-like protease	S, α-MF	[68]
<i>Staphylococcus aureus</i> staphylokinase	S, 50 mg l ⁻¹ , α-MF	[69]
<i>Streptococcus equisimilis</i> streptokinase	I, 77 mg l ⁻¹	[70]
<i>Streptomyces</i> subtilisin inhibitor	S	[71]
<i>Streptomyces viridosporus</i> T7A peroxidase, endoglucanase	S, 2.47 g l ⁻¹ total protein, α-MF	[72]
<i>Toxoplasma gondii</i> SAG1 antigen	S, 12 mg l ⁻¹ , α-MF	[73]
<i>Vibrio cholerae</i> accessory cholera enterotoxin (Acc)	S, 7 mg l ⁻¹ , α-MF	[74]
Fungi		
<i>Alternaria</i> Alt 1 allergen	S, α-MF	[75]
<i>Aspergillus awamori</i> glucoamylase	S, 400 mg l ⁻¹ , native	[76]
<i>Aspergillus awamori</i> glucoamylase catalytic domain	S, 400 mg l ⁻¹ , PHO1	[47]
<i>Aspergillus fumigatus</i> catalase L	S, 2.3 g l ⁻¹ , PHO1	[77]
<i>Aspergillus fumigatus</i> dipeptidyl peptidase IV (DPP IV)	S, PHO1	[78]
<i>Aspergillus fumigatus</i> dipeptidyl peptidase V (DPP V)	S, 0.15 mg l ⁻¹ , PHO1	[79]
<i>Aspergillus giganteus</i> α-sarcin ribotoxin	S, 1 mg l ⁻¹ , synthetic native, PHO1	[43]
<i>Aspergillus niger</i> phytase (phyA)	S, 65 U ml ⁻¹ , α-MF	[80]
<i>Candida guilliermondii</i> xylose reductase gene (xyll)	I, 0.65 U mg ⁻¹ ; S, 0.18 U mg ⁻¹ , α-MF	[81]
<i>Candida rugosa</i> lipase I (CRL)	S, 150 U ml ⁻¹ , α-MF	[42]
<i>Fusarium solani</i> pectate lyase (pelC)	S, 1 mg l ⁻¹ , PHO1	[82]
<i>Fusarium solani</i> pectate lyase (pelD)	S, native	[83]
<i>Geotrichum candidum</i> lipase isoenzymes	S, 60 mg l ⁻¹ , α-MF	[84]
<i>Phytophthora cryptogea</i> β-cryptogein	S, 45 mg l ⁻¹ , PHO1	[85]
<i>Rhizopus oryzae</i> lipase	S, 60 mg l ⁻¹ , α-MF	[86]
<i>Saccharomyces cerevisiae</i> invertase	S, 2.5 g l ⁻¹ , native	[30]
<i>Saccharomyces cerevisiae</i> Ktrlp	S, 400 mg l ⁻¹ ; PHO1	[87]
<i>Saccharomyces cerevisiae</i> (α-1,2-mannosyltransferase)	S, 40 mg l ⁻¹ , PHO1	[87]
<i>Schizophyllum commune</i> vitamin B2-aldehyde-forming enzyme	S, 120 mg l ⁻¹ , α-MF	[88]
<i>Trametes versicolor</i> (white rot fungus) laccase (lccI)	S, native and α-MF	[89]
<i>Trichoderma harzianum</i> β-(1-6)-glucanase	S, 9.3 mg l ⁻¹	[90]

I = intracelulární,
S = sekretovaný

Table 3: Heterologous proteins expressed in *P. pastoris*

Protein

Comments: mode, amount, Reference signal sequence

Protists

<i>Chondrus crispus</i> red alga hexose oxidase	I	[91]
<i>Gracilaria lemaneiformis</i> red alga α -1,4-glucan lyase (GLq1)	I	[92]
<i>Plasmodium falciparum</i> merozoite surface protein 1 (MSP-1)	S, 24 mg l ⁻¹ , α -MF	[93]
<i>Plasmodium vivax</i> apical membrane antigen 1 (AMA-1)	S, 50 mg l ⁻¹ , PHO1	[94]
<i>Reticulomyxa filosa</i> (giant freshwater amoeba) α 2, β 2 tubulin isoforms	I, 400 μ g g ⁻¹	[95]
<i>Trypanosoma cruzi</i> acid α -mannosidase	S, 11.5 μ g l ⁻¹ , native	[96]
Plants		
<i>Allium sativum</i> (garlic) alliin lyase	I, 2.167 U g ⁻¹	[97]
<i>Arabidopsis thaliana</i> NADH:nitrate reductase	I, 18 μ g g ⁻¹	[98,99]
Barley (<i>Hordeum vulgare</i>) sucrose fructan 6-fructosyl transferase	S, α -MF	[100]
Barley α -amylase 1	S, 50 mg l ⁻¹ , native	[48]
Barley α -amylase 2	S, 1 mg l ⁻¹ , native	[48]
Barley aleurone tissue α -glucosidase	S, α -MF	[101]
Coffee bean α -galactosidase	S, 400 mg l ⁻¹ , α -MF	[102]
<i>Cynara cardunculus</i> (cardoon) cyprosin	S, 1 mg l ⁻¹ , native	[103]
<i>Cynodon dactylon</i> (Bermuda grass) Cyn d I	S, 1.5 g l ⁻¹ , PHO1	[104,105]
<i>Galanthus nivalis</i> agglutinin	S, PHA-E	[45]
<i>Hevea brasiliensis</i> hydroxynitrile lyase	I, 22 g l ⁻¹	[106]
<i>Hevea brasiliensis</i> Hev b 7 patatin-like allergen	S, 10 mg l ⁻¹ , α -MF	[107,108]
Maize cytokinin oxidase	S, native	[109]
Oat phytochrome A, phA	I, 30 μ g g ⁻¹	[110,111]
Oat phytochrome A, phyA65 apoprotein	I, 20 μ g g ⁻¹	[112]

I = intracelulární,
S = sekretovaný

- Účinnost translace je patrně primárně kontrolována rychlostí iniciace translace, která je ovlivňována 5'-netranslatovanou vedoucí sekvencí. Sekvence mRNA může ovlivňovat její strukturu, což následně ovlivňuje rychlost translace a stabilitu (poločas rozkladu) mRNA.
- Množství proteinu antigenu viru hepatitidy B za přítomnosti sekvencí na 5' a 3' konci představovalo 0,05% celkových rozpustných proteinů. Po delecí virových sekvencí na 5' konci se zvýšil výtěžek proteinu na 26%, zatímco delece sekvencí na 5' a 3' koncích zvýšilo výtěžek na 41%. Hladina mRNA přitom byla v obou případech stejná.