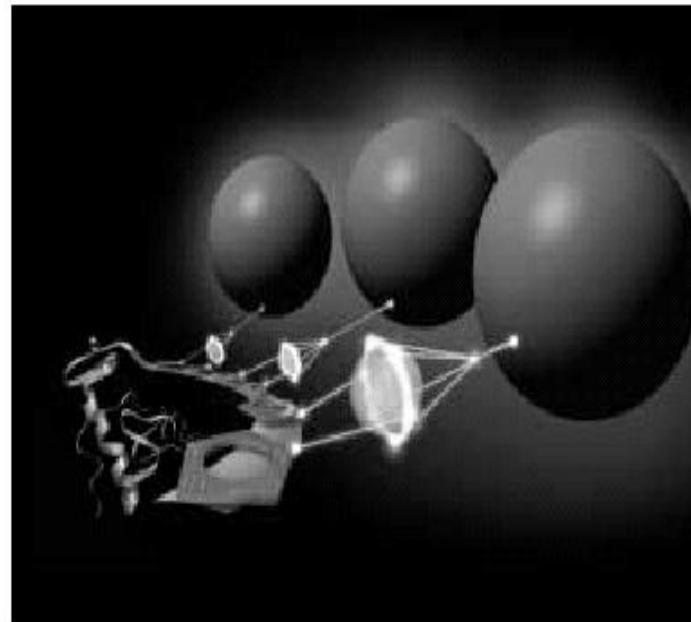
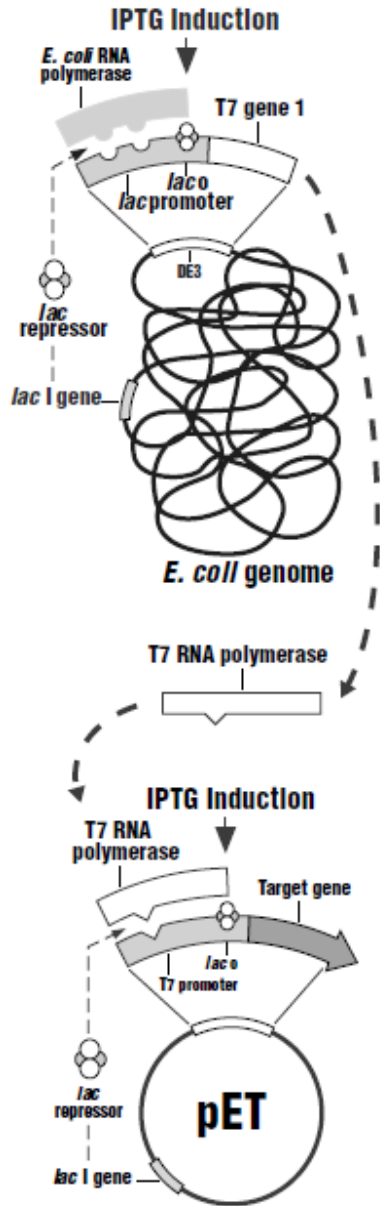


# Expese a purifikace rekombinantních proteinů



Radka Dopitová



# Rekombinantní proteiny

**Rekombinantní DNA** je arteficiální DNA sekvence, která vznikla novou kombinací různých DNA sekvencí.

**Rekombinantní proteiny** jsou proteiny získané vnesením rekombinantní DNA do heterologního hostitele (např. mikroorganismus, kvasinky), ve kterém dojde k expresi genu.

# Využití rekombinantních proteinů

Nadprodukce a purifikace rekombinantních proteinů jsou nezbytným předpokladem pro:

- **Biochemickou funkční charakteristiku proteinu** (určení přesných kinetických parametrů  $K_m$ ,  $k_{cat}$  pro enzymy se substrátem,  $K_i$  pro enzymy s inhibítorem,  $K_d$  pro protein - proteinové interakce či ligand -proteinové interakce)
- **Strukturní analýzu** (NMR, krystalografie)
- **Proteinové inženýrství** (zlepšení vlastnosti proteinů – aktivita, stabilita)
- **V průmyslovém měřítku jsou produkovány léky, vakcíny a potravinové doplňky.**

**Cíl:** Vysoký výtěžek homogenního proteinu (mg – kg proteinu)

Zachování biologické aktivity

# Proč vyrábět rekombinantní proteiny?

- Přirozený zdroj:**
- Obtížně se získává (tkáně, orgány).
  - Obtížně se kultivuje (bakterie, viry, tkáňové kultury).
  - Limitovaná exprese
  - Často obtížná purifikace proteinu

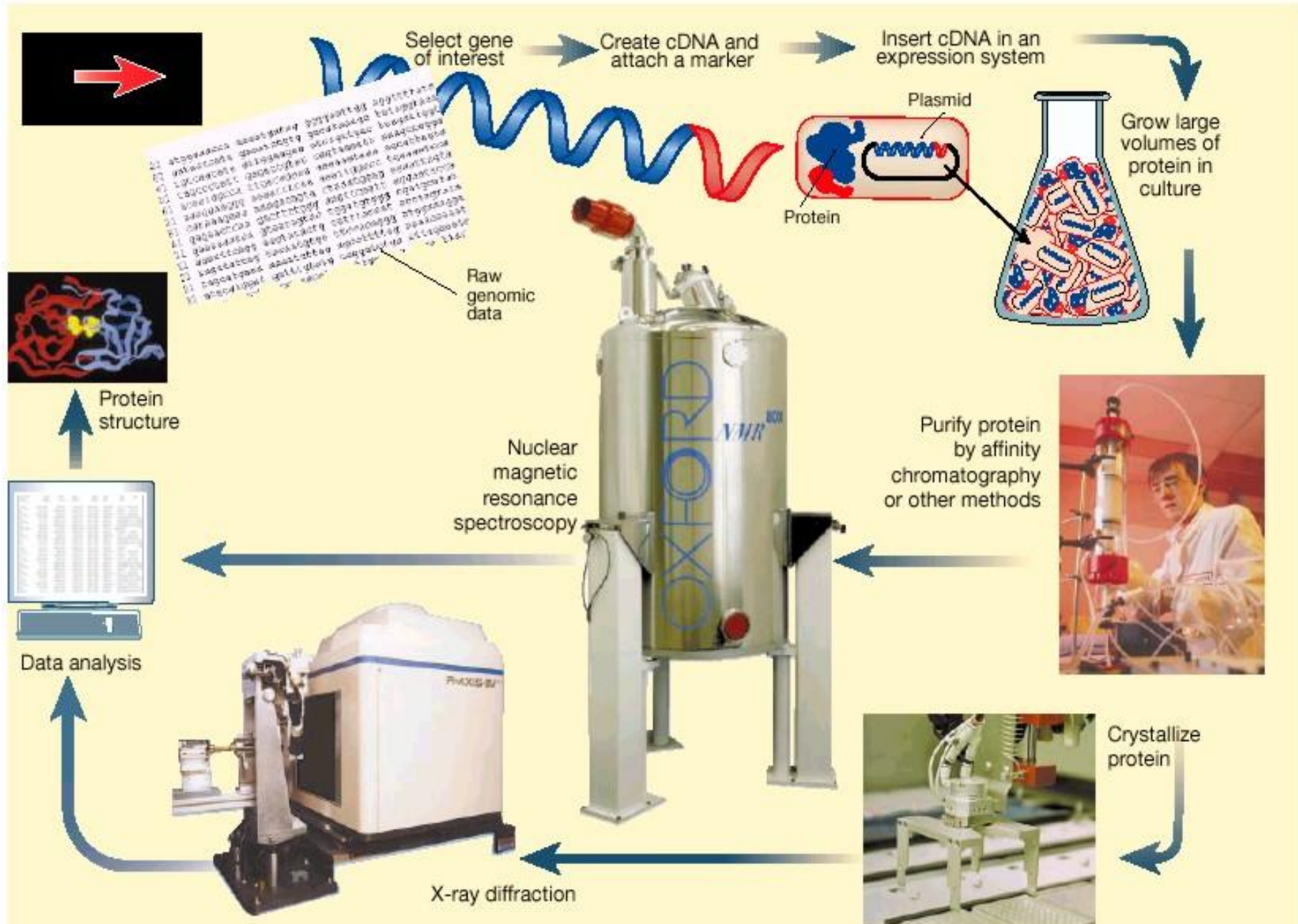
TABLE 1.2. Examples of low-abundance proteins and peptides isolated from natural biological sources

Protein	Source	Yield ( $\mu$ g)	Reference
Multipotential colony-stimulating factor	pokeweed mitogen-stimulated mouse spleen-cell-conditioned medium (10 liters)	1	Cutler et al. (1985)
Human A33 antigen	human colon cancer cell lines ( $10^{10}$ cells)	2.5	Catimel et al. (1996)
Platelet-derived growth factor (PDGF)	human serum (200 liters)	180	Heldin et al. (1981)
Granulocyte-colony-stimulating growth factor (G-CSF)	mouse lung-conditioned medium (3 liters)	40	Nicola et al. (1983)
Granulocyte-macrophage colony-stimulating growth factor (GM-CSF)	mouse lung-conditioned medium (3 liters)	12	Burgess et al. (1986)
Coelenterate morphogen Peptide YY (PYY)	sea anemone (200 kg) porcine intestine (4000 kg)	20 600	Schaller and Bodenmuller (1981) Tatemoto (1982)
Tumor necrosis factor (TNF)	HL60 tissue culture medium (18 liters)	20	Wang and Creasy (1985)
Murine transferrin receptor	NS-1 myeloma cells ( $10^{10}$ cells)	20	van Driel et al. (1984)
Fibroblast growth factor (FGF)	bovine brain (4 kg)	33	Gospodarowicz et al. (1984)
Transforming growth factor- $\beta$ (TGF- $\beta$ )	human placenta (8.8 kg)	47	Frolik et al. (1983)
Human interferon	human leukocyte-conditioned medium (10 liters)	21	Rubinstein et al. (1979)
Muscarinic acetylcholine receptor	porcine cerebrum (600 g)	6	Haga and Haga (1985)
$\beta_2$ -adrenergic receptor	rat liver (400 g)	2	Graziano et al. (1985)

Adapted, with permission, from Simpson and Nice (1989).



# Technologie rekombinantních proteinů

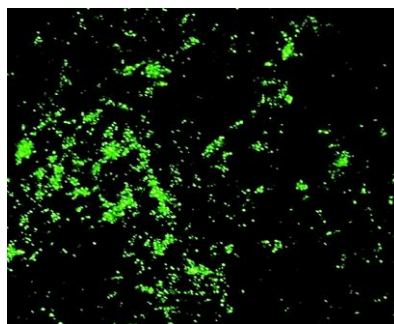


# Hostitelský organismus pro expresi rekombinantních proteinů

- Bakterie
- Kvasinky
- Rostliny
- Savčí buňky
- Hmyzí buňky s bakuloviry
- Transgenní živočichové
  
- Exprese proteinu in vitro

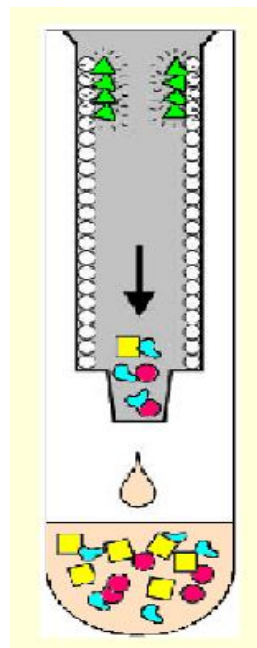
# Obsah přednášky

## 1. část: Expres rekombinantních proteinů v *E.coli*



Expres proteinů fúzovaných s GFP v *E. coli*

## 2. část: Purifikace rekombinantních proteinů



Purifikace proteinů fúzovaných s GFP pomocí hydrofóbní matrice

# Produkce heterologních proteinů v *E. Coli*

## VÝHODY :

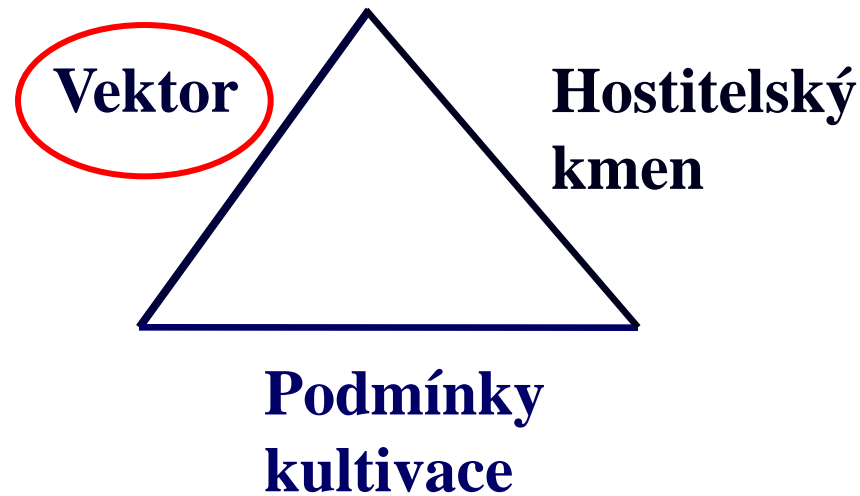
- Vysoká produkce rekombinantních proteinů
- Dobře prostudovaný genom a proteom-usnadnění genových manipulací
- Design řady vektorů usnadňuje klonování a expresi cizích genů
- Rychlý růst v poměrně levném médiu
- Přizpůsobivost systému

# Produkce heterologních proteinů v *E. Coli*

## NEVÝHODY:

- Potřeba cDNA zkoumaného proteinu
- Absence eukaryotických posttranslačních systémů (posttranslační modifikace)
- Tvorba nerozpustných inkluzních tělísek
- Omezená schopnost tvorby disulfidických vazeb
- Chybí sekreční mechanismus pro účinné uvolňování proteinu do kultivačního média

# Expresní systém pro produkci rekombinantních proteinů v *E.coli*



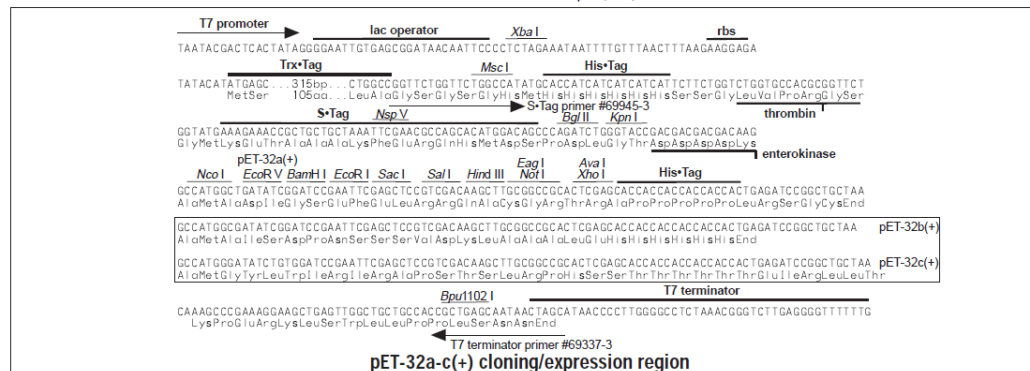
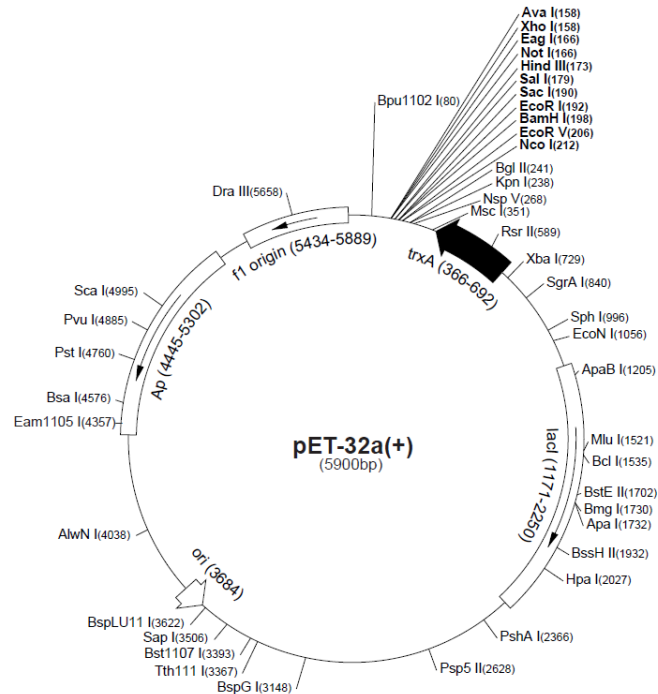
# Expresní vektor

= klonovací vektor, který obsahuje nezbytné regulační sekvence k tomu, aby podporoval expresi inzertů cizích genů.

## pET-32a(+) sequence landmarks

T7 promoter	764-780
T7 transcription start	763
Trx•Tag coding sequence	366-692
His•Tag coding sequence	327-344
S•Tag coding sequence	249-293
Multiple cloning sites ( <i>Nco</i> I - <i>Xho</i> I)	158-217
His•Tag coding sequence	140-157
T7 terminator	26-72
<i>lac</i> I coding sequence	1171-2250
pBR322 origin	3684
<i>bla</i> coding sequence	4445-5302
f1 origin	5434-5889

The maps for pET-32b(+) and pET-32c(+) are the same as pET-32a(+) (shown) with the following exceptions: pET-32b(+) is a 5899bp plasmid; subtract 1bp from each site beyond *Bam*HI at 198. pET-32c(+) is a 5901bp plasmid; add 1bp to each site beyond *Bam*HI at 198 except for *Eco*R V, which cuts at 209.



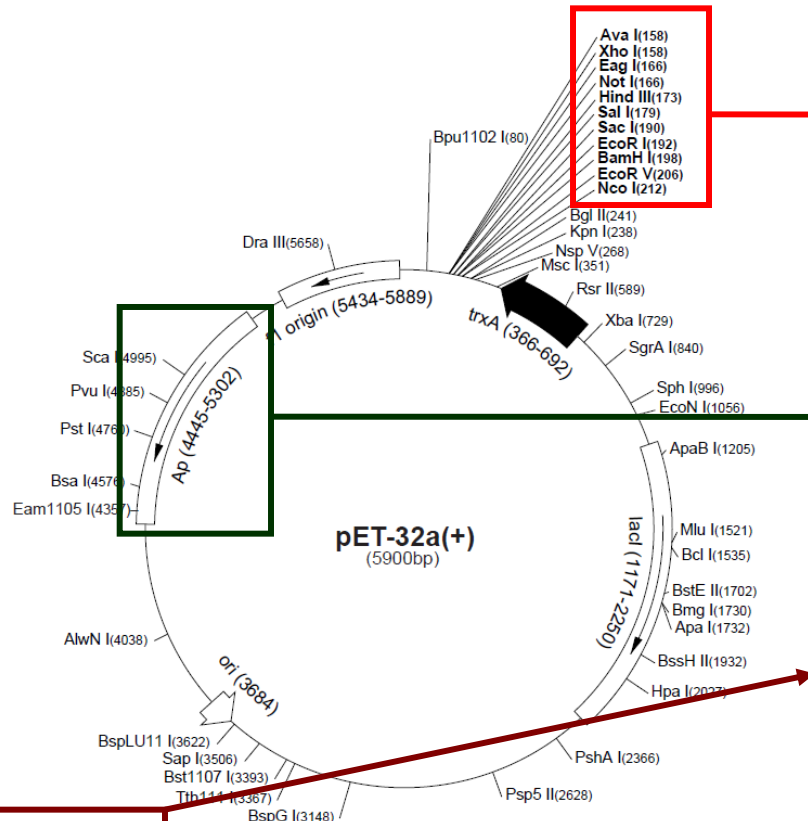


# Struktura vektoru pro účinnou expresi rekombinantních proteinů v *E.coli*

**pET-32a(+) sequence landmarks**

T7 promoter	764-780
T7 transcription start	763
Trx*Tag coding sequence	366-692
His*Tag coding sequence	327-344
S*Tag coding sequence	249-293
Multiple cloning sites ( <i>Nco</i> I - <i>Xho</i> I)	158-217
His*Tag coding sequence	140-157
T7 terminator	26-72
<i>lacI</i> coding sequence	1171-2250
pBR322 origin	3684
<i>bla</i> coding sequence	4445-5302
f1 origin	5434-5889

The maps for pET-32b(+) and pET-32c(+) are the same as pET-32a(+) (shown) with the following exceptions: pET-32b(+) is a 5899bp plasmid; subtract 1bp from each site beyond *Bam*HI at 198. pET-32c(+) is a 5901bp plasmid; add 1bp to each site beyond *Bam*HI at 198 except for *Eco*R V, which cuts at 209.



- Ava I (158)
- Xho I (158)
- Eag I (166)
- Not I (166)
- Hind III (173)
- Sal I (179)
- Sac I (190)
- EcoR I (192)
- BamH I (198)
- EcoR V (206)
- Nco I (212)

**Klonovací místo**

**Gen pro rezistenci k antibiotiku (ampicilin)**

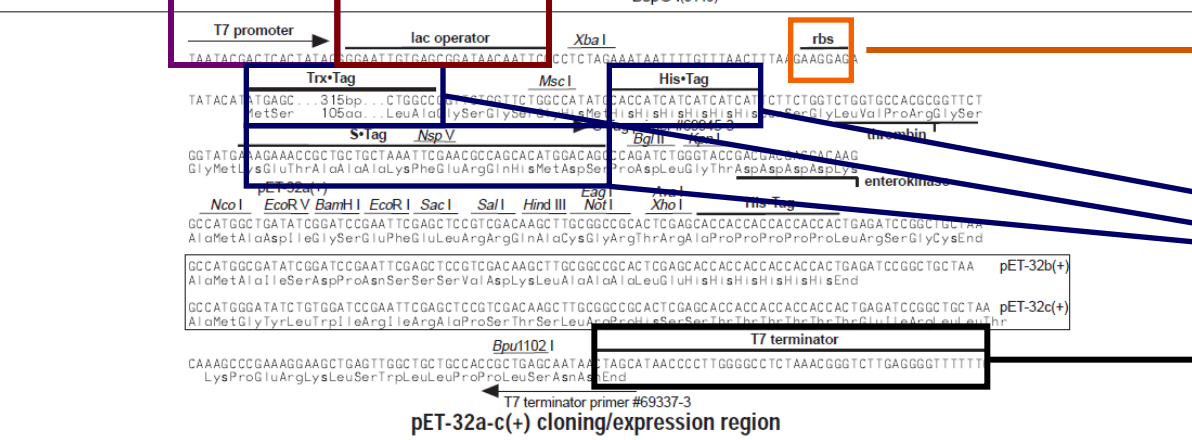
**Operátor - vazebné místo pro represor**

**Ribozom-vazebné místo**

**Fúzní/purifikační značky/kotvy**

**Transkripční terminátor**

**promotor**



pET-32a-c(+) cloning/expression region

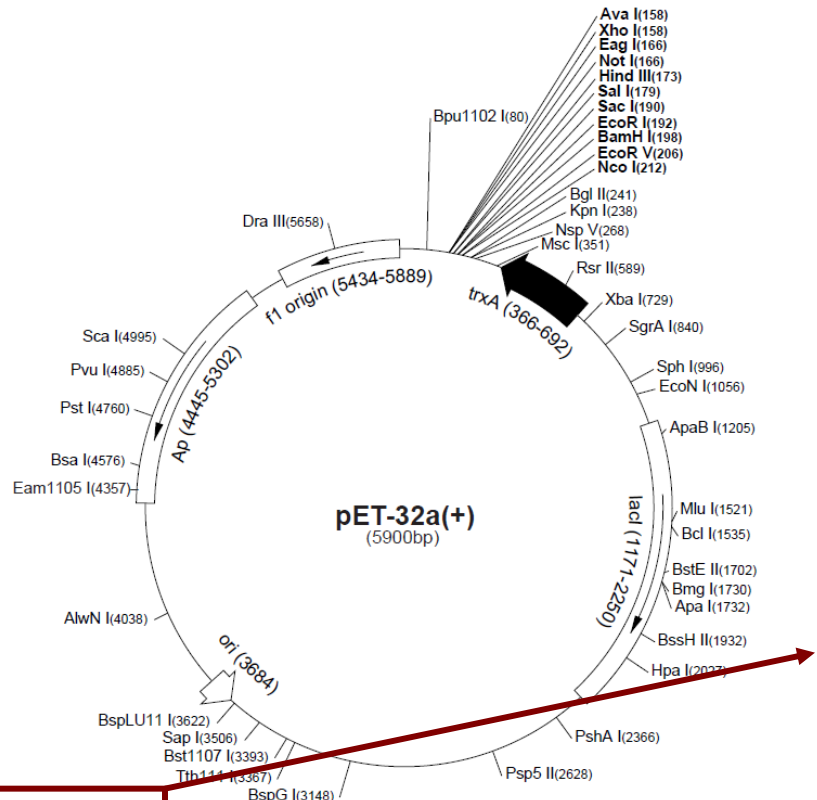


# Struktura vektoru pro účinnou expresi rekombinantních proteinů v *E.coli*

**pET-32a(+) sequence landmarks**

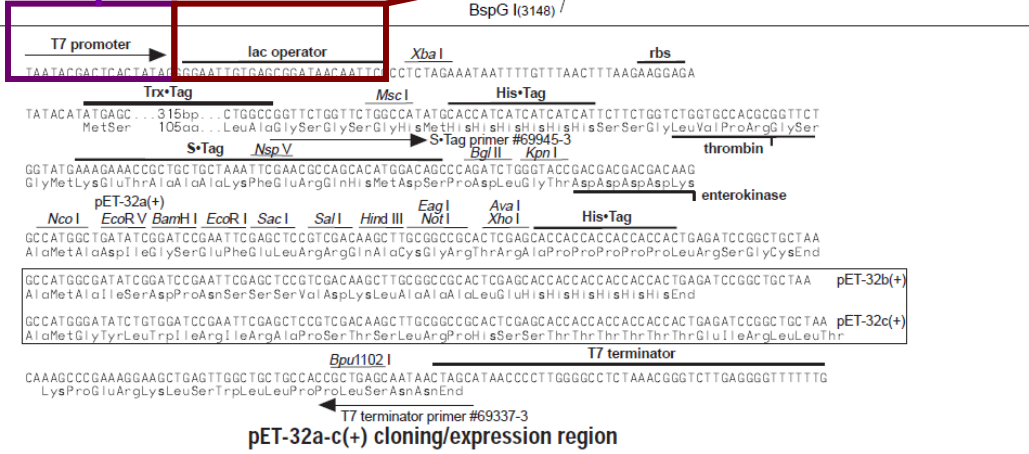
T7 promoter	764-780
T7 transcription start	763
Trx*Tag coding sequence	366-692
His*Tag coding sequence	327-344
S*Tag coding sequence	249-293
Multiple cloning sites ( <i>Nco</i> I - <i>Xho</i> I)	158-217
His*Tag coding sequence	140-157
T7 terminator	26-72
<i>lacI</i> coding sequence	1171-2250
pBR322 origin	3684
<i>bla</i> coding sequence	4445-5302
f1 origin	5434-5889

The maps for pET-32b(+) and pET-32c(+) are the same as pET-32a(+) (shown) with the following exceptions: pET-32b(+) is a 5899bp plasmid; subtract 1bp from each site beyond *Bam*HI at 198. pET-32c(+) is a 5901bp plasmid; add 1bp to each site beyond *Bam*HI at 198 except for *Eco*R V, which cuts at 209.



**Operátor -  
vazebné místo pro represor**

**promotor**



## **Vlastnosti promotoru:**

- **Silný promotor** (ptac, ptrp,  $\lambda$ pL, pT<sub>7</sub>)

- Protein zájmu by měl tvořit 10-30% a více z celkového bakteriálního proteinu.

- **Přenositelný do různých kmenů *E.coli***

- **Jednoduše a levně inducibilní**

- Teplotní indukce ( $\lambda$ pL)

- Chemická indukce (ptac, ptrp, pT7): IPTG (isopropyl- $\beta$ -D-thiogalaktopyranozid)

- **Vykazuje minimální hladinu bazální exprese**

- Pokud jsou proteiny netoxické dosahuje se vysokých výtěžků proteinů růstem buněk do vysokých hustot s následnou indukcí aktivity promotoru.

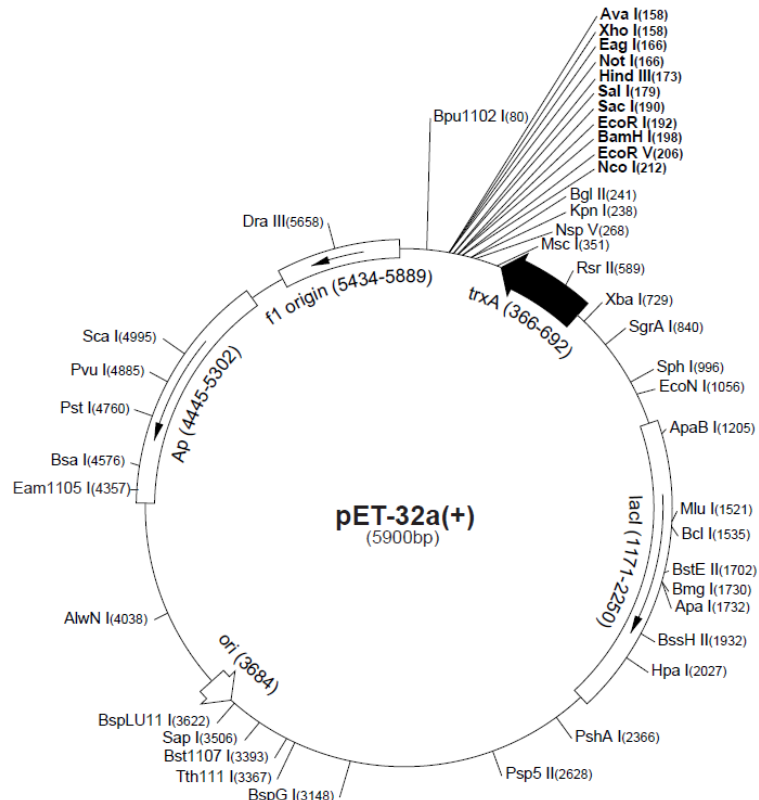
- U toxických proteinů je nutná minimalizace bazální transkripce před přidáním indukčního činidla pomocí vhodného represoru.

# Struktura vektoru pro účinnou expresi rekombinantních proteinů v *E.coli*

**pET-32a(+) sequence landmarks**

T7 promoter	764-780
T7 transcription start	763
Trx•Tag coding sequence	366-692
His•Tag coding sequence	327-344
S•Tag coding sequence	249-293
Multiple cloning sites ( <i>Nco</i> I - <i>Xho</i> I)	158-217
His•Tag coding sequence	140-157
T7 terminator	26-72
<i>lacI</i> coding sequence	1171-2250
pBR322 origin	3684
<i>bla</i> coding sequence	4445-5302
f1 origin	5434-5889

The maps for pET-32b(+) and pET-32c(+) are the same as pET-32a(+) (shown) with the following exceptions: pET-32b(+) is a 5899bp plasmid; subtract 1bp from each site beyond *Bam*HI at 198. pET-32c(+) is a 5901bp plasmid; add 1bp to each site beyond *Bam*HI at 198 except for *Eco*R V, which cuts at 209.



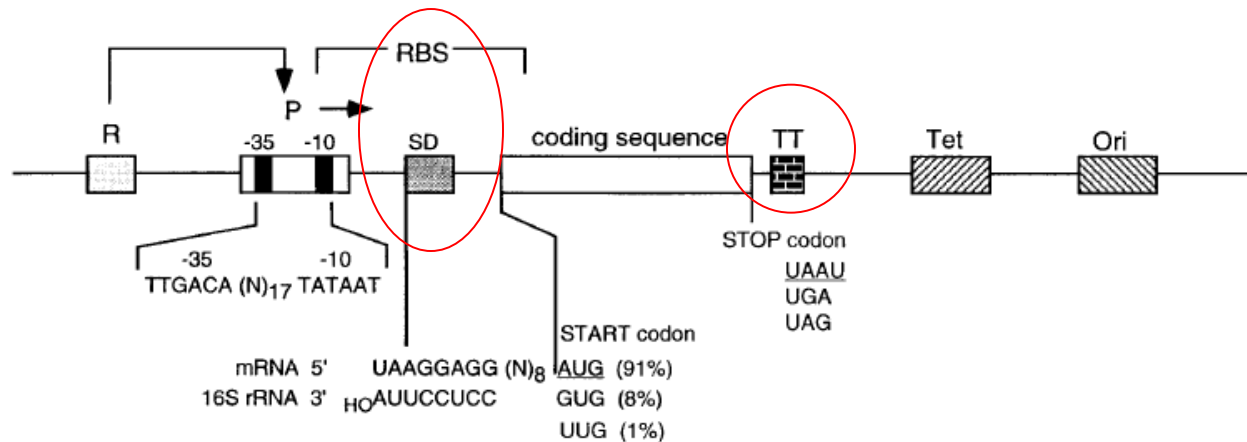
**Ribozom-vazebné místo**



**Transkripční terminátor**

pET-32a-c(+) cloning/expression region

# Struktura vektoru pro účinnou expresi rekombinantních proteinů v *E.coli*



**Ribozom-vazebné místo:** zahrnuje Shine-Dalgarnova (SD) sekvenci a translační iniciační kodon

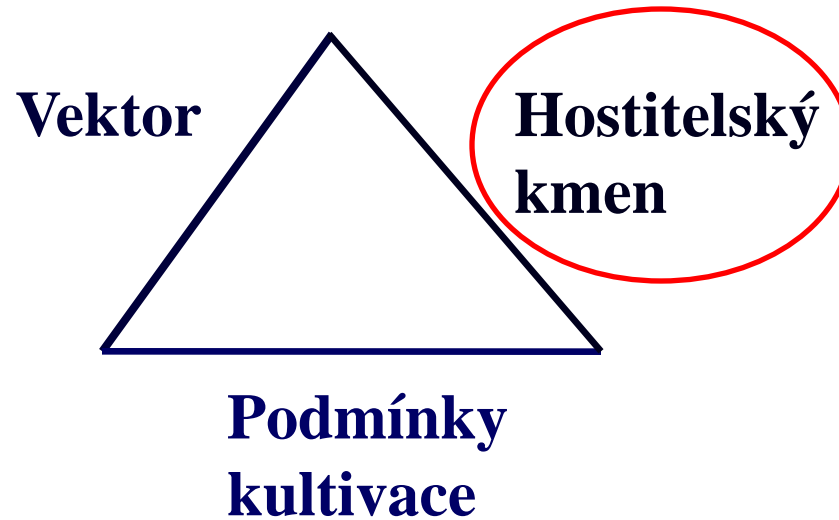
Vzdálenost mezi SD sekvencí a iniciačním kodonem AUG je 4-13 nukleotidů, tato vzdálenost ovlivňuje účinnost iniciace translace (**optimální vzdálenost je 4-8 nukleotidů**), oblast bohatá na AT páry.

**Transkripční terminátor**

T<sub>7</sub> term, rrnT1, T2

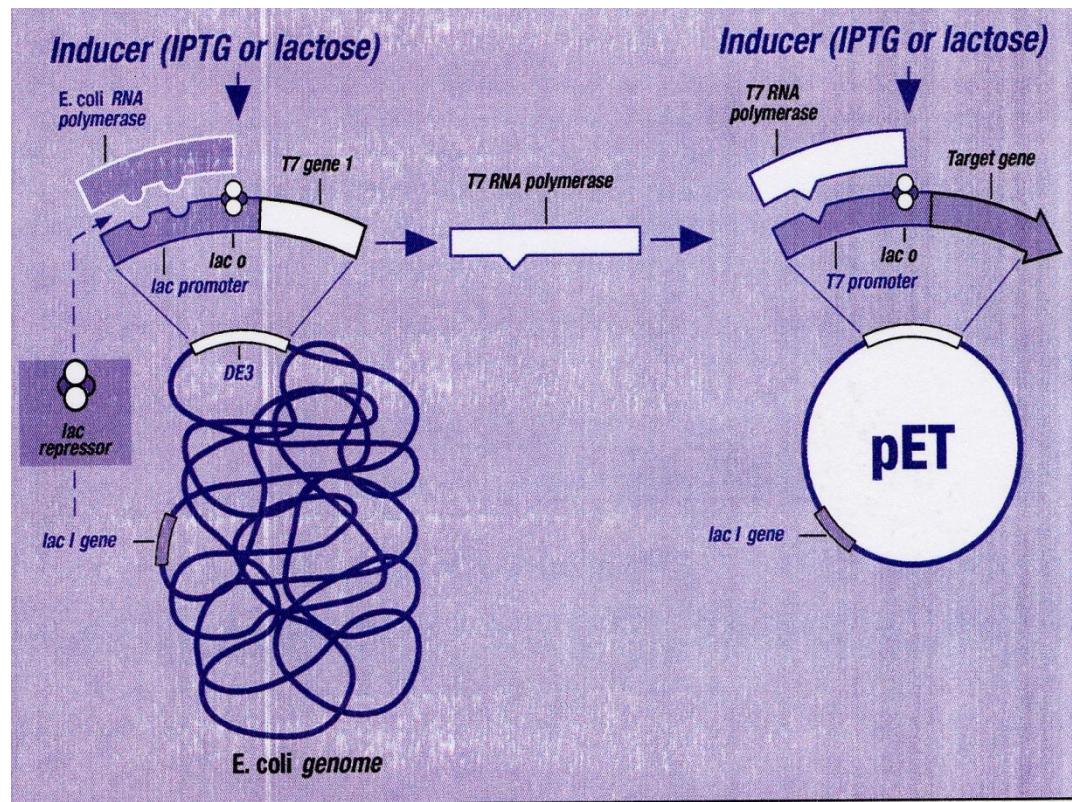
(zabraňuje okluzi promotoru, zvyšuje stabilitu mRNA)

# Expresní systém pro produkci rekombinantních proteinů v *E.coli*





# Inducibilní exprese v hostitelském kmeni *E. coli* BL21(DE3)



# **Toxicita rekombinantního proteinu pro hostitelský kmen**

- Není omezena na pouhý fakt, že je protein je pro buňku cizí, ale může být způsobena i tím, že je nadprodukován určitý nativní gen.

## **Pro hostitele jsou smrtelné:**

- Rekombinantní proteiny s hydrofóbními oblastmi mají toxický účinek - asociují s membránou nebo se inkorporují do membránového systému buňky (porušení membránového potenciálu).
- Proteiny, které inaktivují ribozomy.

# Výběr hostitelského kmene *E.coli* s ohledem na toxicitu proteinu pro hostitele



- Nutná přísná regulace expresního systému

Komerčně dostupné bakteriální kmeny s různými úrovněmi regulace exprese, zajišťujícími minimalizaci bazální exprese.

<b>BL21(DE3)</b>	firma Novagen
<b>BL21(DE3)pLysS</b>	firma Novagen

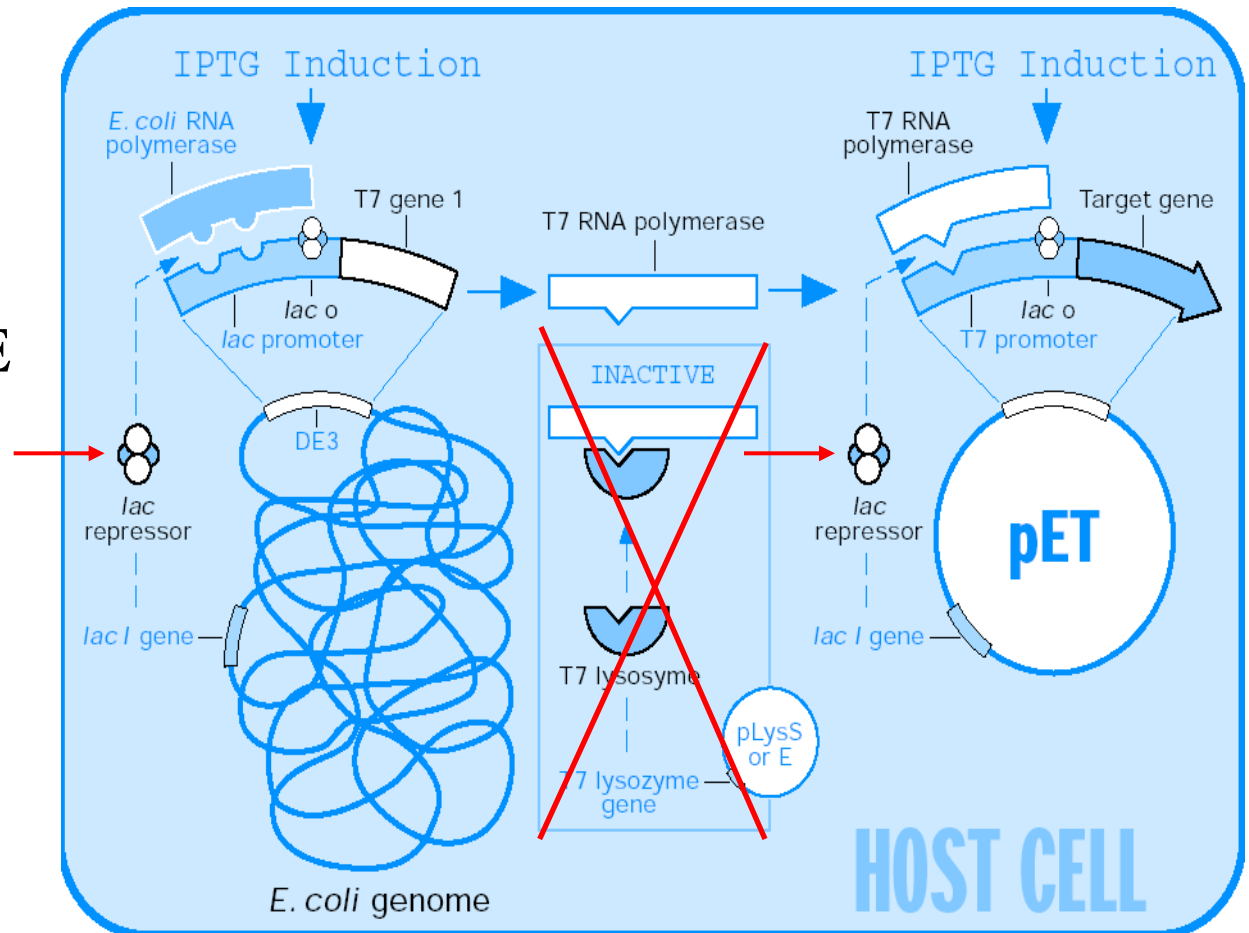


# Různé úrovně minimalizace bazální exprese

✓ **BL21(DE3)**

BL21(DE3)pLysS/E

BL21



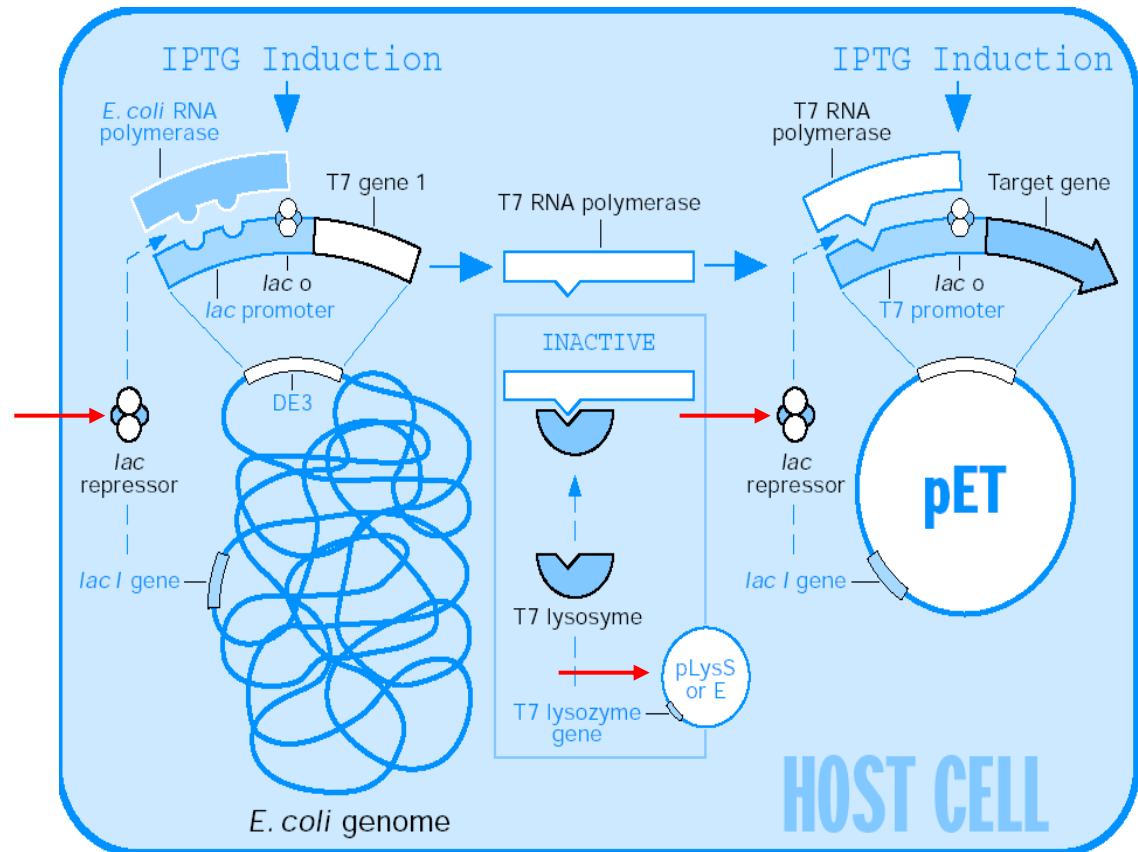
Cca 10 % hladina bazální exprese (před indukcí exprese) klonovaného genu.

# Různé úrovně minimalizace bazální exprese

BL21(DE3)

✓ **BL21(DE3)pLysS/E**

BL21



- Expresní kmen obsahující plazmidy pLysS nebo pLysE umožňující přísnou regulaci expresního systému využívající T7 promotor. Tyto plazmidy kódují lysozym, který se váže na T7 RNA polymerasu a inaktivuje ji a minimalizuje se tak bazální exprese.

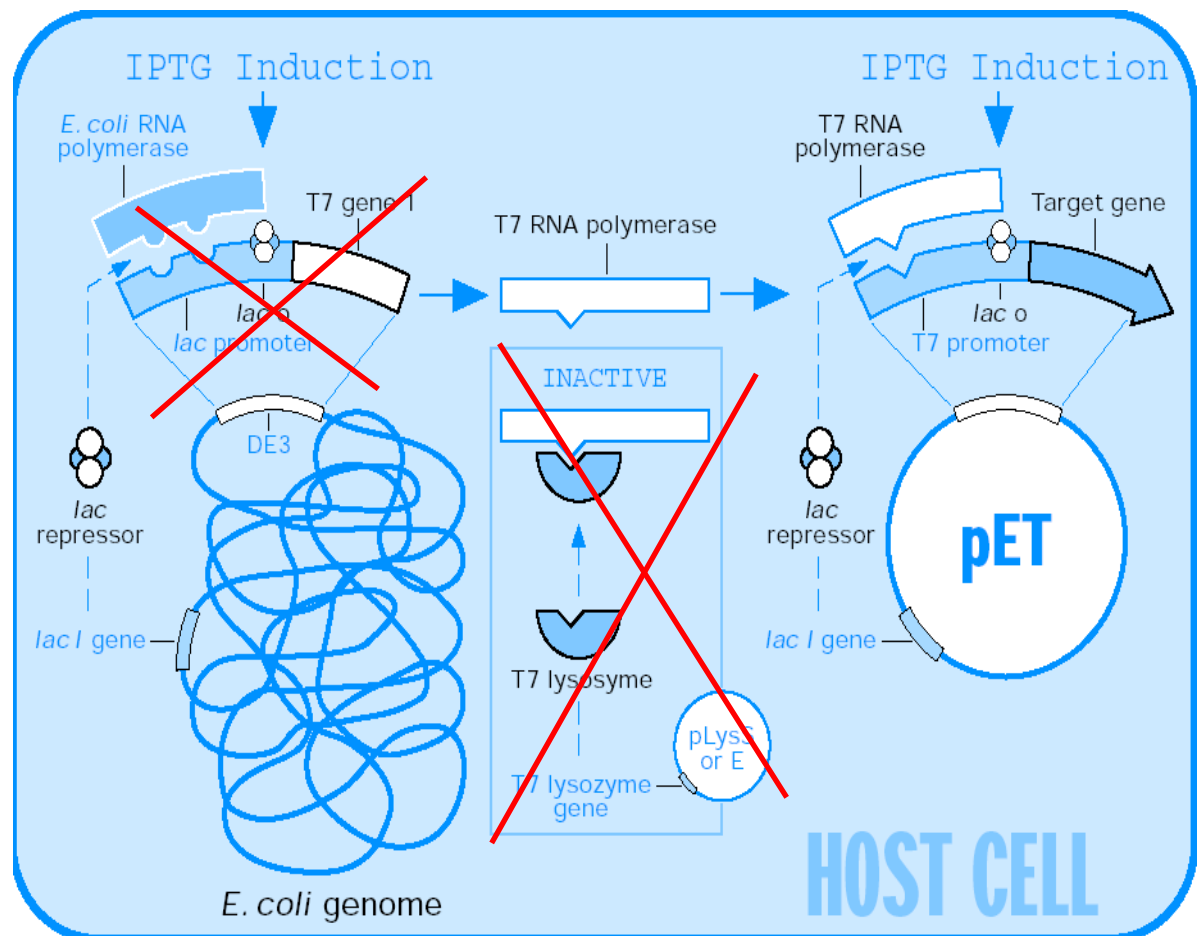
Cca 1-3% hladina bazální (před indukci exprese) exprese klonovaného genu.

# Různé úrovně minimalizace bazální exprese

BL21(DE3)

BL21(DE3)pLysS/E

✓ **BL21**

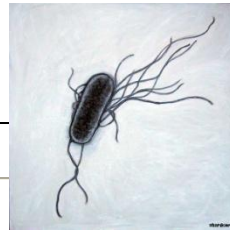


- Indukce exprese infekcí bakteriofágem CEG (gen pro T7 RNA polymerasu)

**Nejvyšší úroveň represe!!**

# Využívání kodonů *E.coli* (codon usage)

- Geny u prokaryot a eukaryot se vyznačují nenáhodným využíváním synonymních kodonů.
- Kodony zřídka využívané u *E. Coli* se mohou hojně vyskytovat u heterologních genů pocházejících z eukaryot, archebakterií aj.
- Frekvence využití synonymních kodonů obvykle odráží zastoupení jejich tRNA v cytoplasmě.



<i>Escherichia coli</i> K12 [gbct]: 14 CDS's (5122 codons)															
fields: [triplet] [frequency: per thousand] ([number])															
UUU 19.7 ( 101)	UCU 5.7 ( 29)	UAU 16.8 ( 86)	UGU 5.9 ( 30)	UUC 15.0 ( 77)	UCC 5.5 ( 28)	UAC 14.6 ( 75)	UGC 8.0 ( 41)	UUA 15.2 ( 78)	UCA 7.8 ( 40)	UAA 1.8 ( 9)	UGA 1.0 ( 5)	UUG 11.9 ( 61)	UCG 8.0 ( 41)	UAG 0.0 ( 0)	UGG 10.7 ( 55)
CUU 11.9 ( 61)	CCU 8.4 ( 43)	CAU 15.8 ( 81)	CGU 21.1 ( 108)	CUC 10.5 ( 54)	CCC 6.4 ( 33)	CAC 13.1 ( 67)	CGC 26.0 ( 133)	CUA 5.3 ( 27)	CCA 6.6 ( 34)	CAA 12.1 ( 62)	CGA 4.3 ( 22)	CUG 46.9 ( 240)	CCG 26.7 ( 137)	CAG 27.7 ( 142)	CGG 4.1 ( 21)
AUU 30.5 ( 156)	ACU 8.0 ( 41)	AAU 21.9 ( 112)	AGU 7.2 ( 37)	AUC 18.2 ( 93)	ACC 22.8 ( 117)	AAC 24.4 ( 125)	AGC 16.6 ( 85)	AUA 3.7 ( 19)	ACA 6.4 ( 33)	AAA 33.2 ( 170)	AGA 1.4 ( 7)	AUG 24.8 ( 127)	ACG 11.5 ( 59)	AAG 12.1 ( 62)	AGG 1.6 ( 8)
GUU 16.8 ( 86)	GCU 10.7 ( 55)	GAU 37.9 ( 194)	GGU 21.3 ( 109)	GUC 11.7 ( 60)	GCC 31.6 ( 162)	GAC 20.5 ( 105)	GGC 33.4 ( 171)	GUA 11.5 ( 59)	GCA 21.1 ( 108)	GAA 43.7 ( 224)	GGA 9.2 ( 47)	GUG 26.4 ( 135)	GCG 38.5 ( 197)	GAG 18.4 ( 94)	GGG 8.6 ( 44)

<i>Arabidopsis thaliana</i> [gbpln]: 80395 CDS's (31098475 codons)															
fields: [triplet] [frequency: per thousand] ([number])															
UUU 21.8 (678320)	UCU 25.2 (782818)	UAU 14.6 (455089)	UGU 10.5 (327640)	UUC 20.7 (642407)	UCC 11.2 (348173)	UAC 13.7 (427132)	UGC 7.2 (222769)	UUA 12.7 (394867)	UCA 18.3 (568570)	UAA 0.9 ( 29405)	UGA 1.2 ( 36260)	UUG 20.9 (649150)	UCG 9.3 (290158)	UAG 0.5 ( 16417)	UGG 12.5 (388049)
CUU 24.1 (750114)	CCU 18.7 (580962)	CAU 13.8 (428694)	CGU 9.0 (280392)	CUC 16.1 (500524)	CCC 5.3 (165252)	CAC 8.7 (271155)	CGC 3.8 (117543)	CUA 9.9 (307000)	CCA 16.1 (502101)	CAA 19.4 (604800)	CGA 6.3 (195736)	CUG 9.8 (305822)	CCG 8.6 (268115)	CAG 15.2 (473809)	CGG 4.9 (151572)
AUU 21.5 (668227)	ACU 17.5 (544807)	AAU 22.3 (693344)	AGU 14.0 (435738)	AUC 18.5 (576287)	ACC 10.3 (321640)	AAC 20.9 (650826)	AGC 11.3 (352568)	AUA 12.6 (391867)	ACA 15.7 (487161)	AAA 30.8 (957374)	AGA 19.0 (589788)	AUG 24.5 (762852)	ACG 7.7 (240652)	AAG 32.7 (1016176)	AGG 11.0 (340922)
GUU 27.2 (847061)	GCU 28.3 (880808)	GAU 36.6 (1139637)	GGU 22.2 (689891)	GUC 12.8 (397008)	GCC 10.3 (321500)	GAC 17.2 (535668)	GGC 9.2 (284681)	GUA 9.9 (308605)	GCA 17.5 (543180)	GAA 34.3 (1068012)	GGA 24.2 (751489)	GUG 17.4 (539873)	GCG 9.0 (280804)	GAG 32.2 (1002594)	GGG 10.2 (316620)

Coding GC 52.35% 1st letter GC 60.82% 2nd letter GC 40.61% 3rd letter GC 55.62%

Coding GC 44.59% 1st letter GC 50.84% 2nd letter GC 40.54% 3rd letter GC 42.38%

<http://www.kazusa.or.jp/codon/>

## Málo preferované kodony u *E.coli*

Codon(s)	Amino acid
AGA, AGG, CGA, CGG.....	Arg
UGU, UGC.....	Cys
GGA, GGG.....	Gly
AUA.....	Ile
CUA, CUC.....	Leu
CCC, CCU, CCA.....	Pro
UCA, AGU, UCG, UCC .....	Ser
ACA.....	Thr

Makrides, 1996

Expres heterologní genů obsahujících málo preferované kodony vede k translačním chybám !

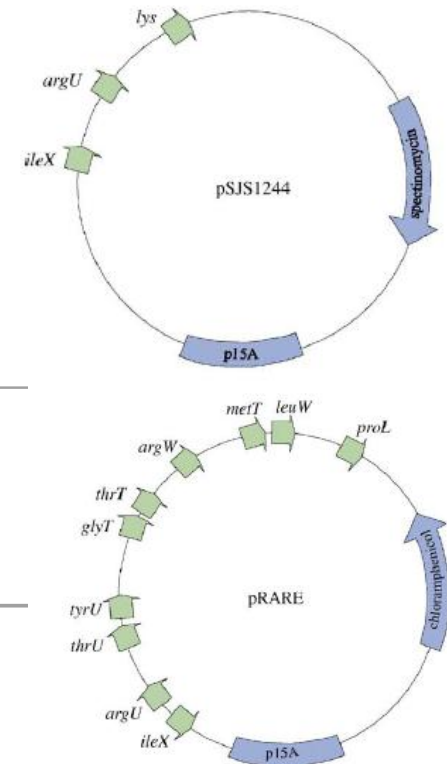
- Předčasné ukončení translace (zkrácený produkt)
- Posunutí čtecího rámce (posun až o 2 AK v místě kodonu AGA)
- Záměna aminokyseliny - často arginin (kodon AGA) za lyzin

# Výběr hostitelského kmene *E.coli*



- Pro produkci genů obsahující velké množství kodonů, které jsou málo využívané *E.coli*, je možné použít komerčně dodávané kmeny, které produkují tRNA málo užívaných kodonů.

Plasmidy komplementující tRNA.



•BL21 (DE3) CodonPlus-RIL	•AGG/AGA (arginine, <b>R</b> ), AUA (isoleucine, <b>I</b> ) and CUA (leucine, <b>L</b> )	firma Stratagene
•BL21 (DE3) CodonPlus-RP	•AGG/AGA (arginine, <b>R</b> ) and CCC (proline, <b>P</b> )	firma Stratagene
•Rosetta or Rosetta (DE3)	•AGG/AGA (arginine, <b>R</b> ), CGG (arginine, <b>R</b> ), AUA (isoleucine, <b>I</b> ) CUA (leucine, <b>L</b> )CCC (proline), and GGA (glycine, <b>G</b> )	firma Novagen

NEBO: Místně řízená mutageneze - záměna málo využívaného kodonu.

# Optimalizace kodonů – syntéza genu

Optimální složení kodonů pro produkci v jednom či více organismech s ohledem na vznik sekundárních struktur a stabilitu mRNA.

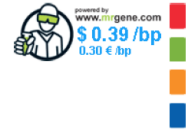
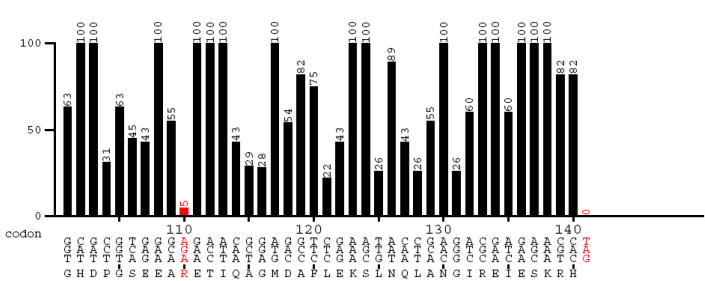
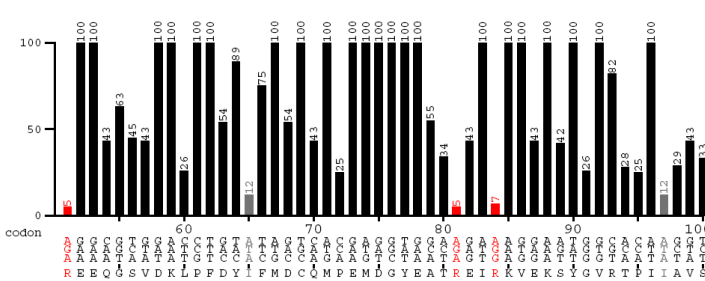
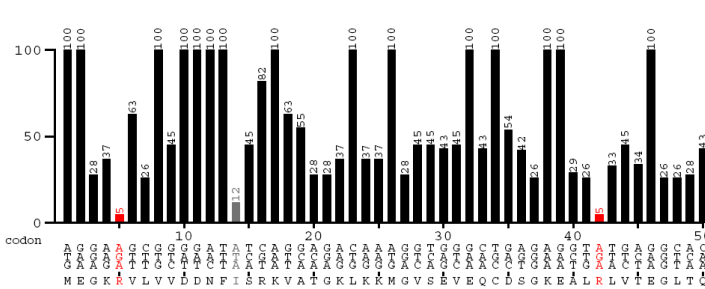


www.gcu.a.de  
created: 18.08.2011

CKIrd  
sequence derived from Arabidopsis\_thaliana

Codontable:  
Escherichia\_coli\_K12

Ordinate (y-axis): relative adaptiveness <20% <10%

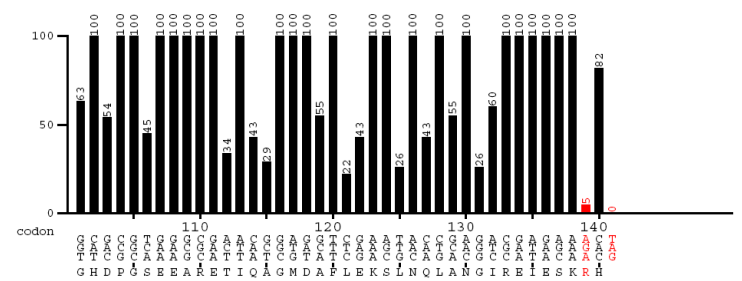
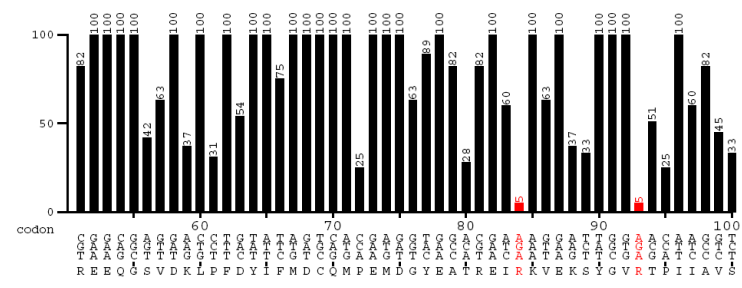
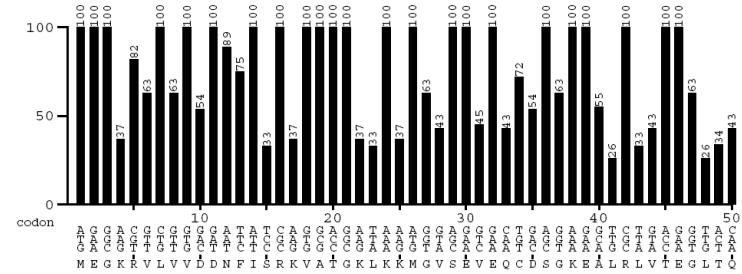


www.gcu.a.de  
created: 24.08.2011

CKIrd optim codon us  
sequence derived from Arabidopsis\_thaliana

Codontable:  
Escherichia\_coli\_K12

Ordinate (y-axis): relative adaptiveness <20% <10%



# Degradace proteinu

## Bakteriální proteolytický systém:

- *E. coli* obsahuje velké množství proteas, nejvíce v cytoplazmě
- Selektivně odstraňuje „abnormální“ proteiny:
  - Nekompletní polypeptidy
  - Proteiny se zaměněnými AK
  - Nadměrně syntetizované podjednotky multimerních proteinů
  - Proteiny poškozené oxidací nebo volnými radikály
  - Cizí, rekombinantní proteiny (problémem jsou proteiny < 10 kDa)



# Výběr hostitelského kmene *E.coli*



## Kmeny deficientní na proteasy

- Mutace, eliminující produkci proteas a tím proteolytickou degradaci rekombinantních proteinů.

Expresní kmeny **BL21** jsou deficientní na:

cytoplazmatickou proteasu *lon*  
periplazmatickou proteasu *ompT*

# Aminokyseliny redukující stabilitu heterologního proteinu

## 1. N-koncové pravidlo

- Stabilita proteinu je ovlivněna aminokyselinou, která následuje první aminokyselinu polypeptidového řetězce (methionin).
- Aminokyseliny na této pozici redukují stabilitu proteinu:

### Arg, Lys, Leu, Phe, Tyr a Trp

- Poločas rozpadu proteinu pouze 2 min

## 2. Lysin ve vnitřní sekvenci poblíž N-konce proteinu

- Degradace ubiquitin-dependentními proteasami

## 3. PEST hypotéza

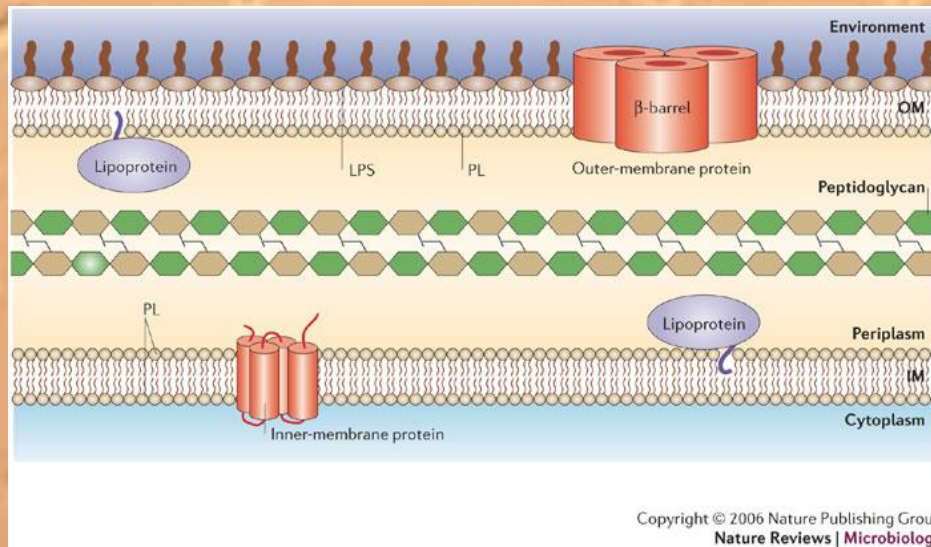
- Oblasti bohaté na Pro (P), Glu (E), Ser (S), Thr (T)
- Po fosforylaci PEST degradace proteinu Ca-dependentními proteasami

# Cílená exprese proteinu

**Cytoplazmatická exprese**

**Periplazmatická exprese**

**Extracelulární exprese  
(do kultivačního média)**



# Cytoplazmatická exprese

- Preferovaný způsob

## Výhody

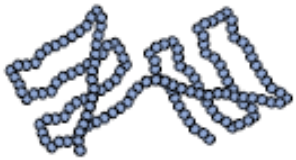
- Vysoký výtěžek proteinu
- Jednodušší plazmidové konstrukty
- Inkluzní tělíska

## Nevýhody

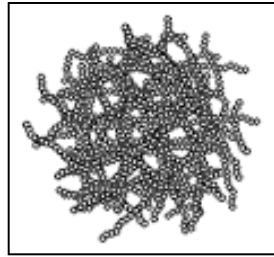
- Inkluzní tělíska
- Redukční prostředí
- Proteolýza
- Více komplexní purifikace

# Inkluzní tělíska

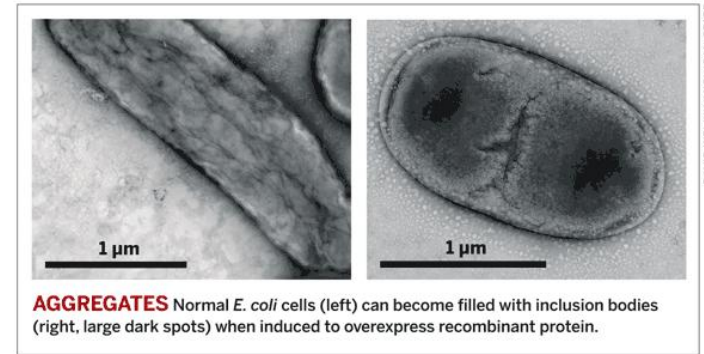
- Nerozpustné shluky špatně poskládaného rekombinantního proteinu.



Rozpustný protein



Inkluzní tělíska – nerozpustný protein



## Co způsobuje jejich tvorbu?

- Rychlá nadprodukce proteinu
- Absence eukaryotních chaperonů
- Omezená tvorba disulfidických vazeb v redukujícím prostředí cytoplazmy
- Ví se málo o mechanismu tvorby a struktuře inkluzních tělísek.
- Intramolekulární asociace exponovaných hydrofóbních domén nesbalených řetězců

# Inkluzní tělíska

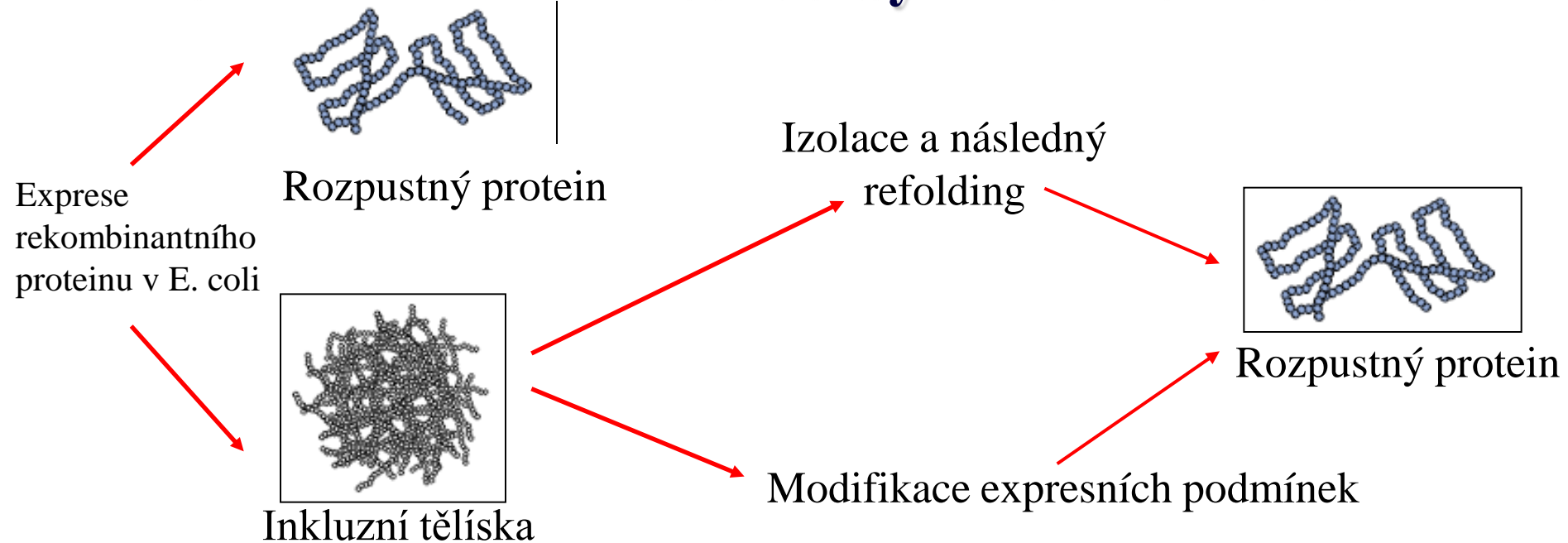
## Výhody

- Snadná izolace ve vysoké čistotě a koncentraci
- Ochrana před proteasami
- Pro produkci proteinů, jejichž aktivita je pro buňku letální

## Nevýhody

- Proteinová nerozpustnost
- Refolding pro opětné získání biologické aktivity
- Refolding nemusí vést k zaktivování proteinu
- Redukce výtěžku proteinu
- Zvyšují se náklady

# Možnosti minimalizace tvorby inkluzních tělísek



- Snížení teploty kultivace bakteriální kultury
- Koprodukce chaperonů
- Použití fúzního partnera zlepšujícího solubilizaci (thioredoxin)
- Selektce různých kmenů E.coli kmenů - např. bakteriální kmene deficientní na thioredoxin reduktasu

# Možnosti minimalizace tvorby inkluzních tělísek

## Výběr hostitelského kmene *E.coli*



- Pokud protein obsahuje jeden nebo více disulfidických vazeb, správné poskládání proteinu je stimulováno v hostiteli s více oxidujícím prostředím cytoplazmy.

• <b>AD494</b>	• Mutace v genu pro thioredoxinreduktasu ( <b>trxB</b> )	• Novagen
• <b>Origami</b>	• Dvojitá mutace v genu pro thioredoxinreduktasu ( <b>trxB</b> ) and glutathionreduktasu ( <b>gor</b> )	• Novagen



# Periplazmatická exprese

- Periplazma obsahuje jen 4% všech buněčných proteinů (cca 100 proteinů)
- Transmembránový transport je zprostředkován signálním peptidem na N-konci proteinu
- Prokaryotické signální peptidy úspěšně použité v *E.coli* (ompA, ompT z *E.coli*, protein A z *S. Aureus*, endoglukanasa z *B.subtilis*)

## Výhody

- Jednodušší purifikace
- Není zde tak rozsáhlá proteolýza
- Zlepšení tvorby disulfidických můstků/foldingu

## Nevýhody

- Signální peptid nezajistí vždy transport do periplazmy
- Mohou se také tvořit inkluzní tělíčka

# Extracelulární exprese

- Sekrece proteinů do kultivačního média
- Chybí účinná cesta pro transport skrz vnější membránu (*E.coli* sekretuje velmi málo proteinů).
- Některé proteiny sekretované do periplazmy pasivně difundují do média.
- Zatím spíše neúspěšná manipulace s různými transportními cestami, které by usnadňovaly sekreci cizího proteinu.

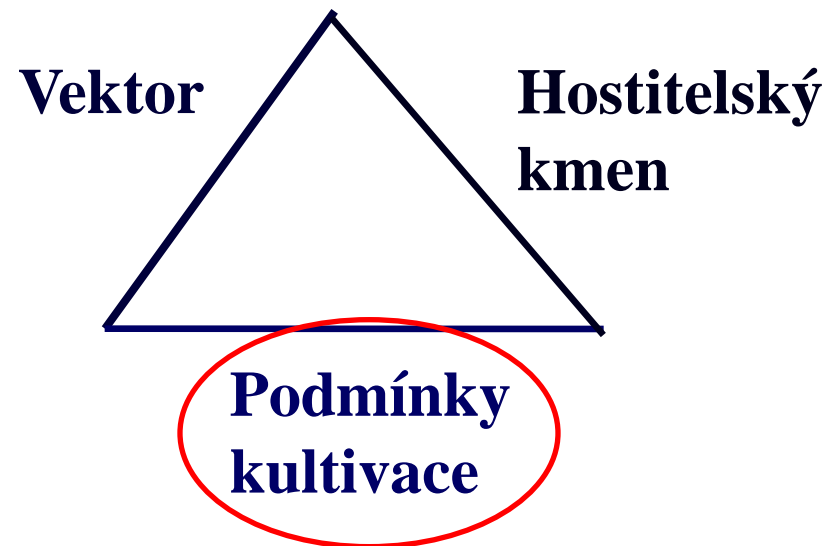
## Výhody

- Minimální kontaminace ostatními proteiny (jednodušší purifikace)
- Nejmenší hladina proteolýzy
- Zlepšení foldingu

## Nevýhody

- Často nízká sekrece
- Hodně zředěný protein

# Modifikace růstových podmínek



# Podmínky kultivace

## Možnosti zvýšení produkce rozpustného proteinu

Experimentálně se optimalizuje:

- Hustota buněčné kultury
- Složení média (pH, přídavek specifických substrátů, kofaktorů, složení živin-bohaté či minimální média)
- Teplota růstu bakterií a teplota po indukci exprese
- Koncentrace indukčního činidla
- Délka indukce exprese

# Vliv složení média na produkci rostlinné $\beta$ -glukosidasy v *E. coli*

Vliv různých podmínek exprese na aktivitu mutantní formy kukuřičné  $\beta$ -glukosidasy F461L.

- pH LB média
- Přítomnost substrátu (celobiosa na indukci exprese)

<i>podmínky</i>	<i>Specifická aktivita (nkat/mg)</i>
LB médium pH 6	2,0
LB médium pH 7	4,2
LB médium pH 8	2,8
1% celobiosa (na indukci exprese)	2,7

Specifická aktivita byla po expresi za uvedených podmínek měřena v nativních lyzátech použitím substrátu PNPG.

# Vliv teploty kultivace na produkci rostlinných AHP proteinů v *E. coli*

## Podmínky:

1. Médium: LB médium, bakteriální kmen BL21(DE3)pLysS

*Růst* ( $OD_{600} \sim 0.5-0.6$ )

*Indukce* 0,4 mM IPTG/3hodiny

22°C

22°C (3)

37°C

22°C (2)

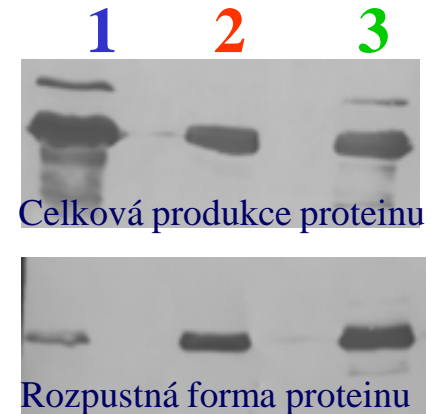
37°C

28°C (1)

## Test rozpustnosti:

2. Příprava proteinových lyzátů za silně denaturačních podmínek (celková produkce proteinu = rozpustná + nerozpustná forma) a za nativních podmínek (rozpustná forma proteinu).

3. SDS PAGE denaturačních a nativních proteinových lyzátů s následnou analýzou western blottingem.

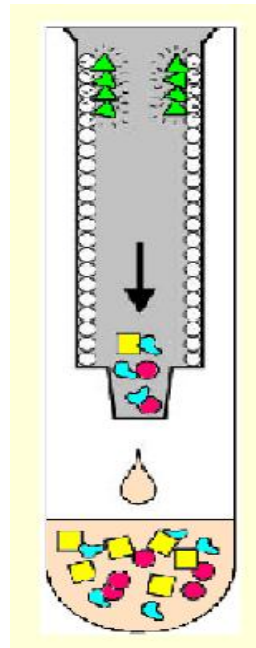


4. Detekce proteinu pomocí série protilátek a kvantifikace signálů pomocí programu pro analýzu 1-D gelů (př. Quantity One- BioRad, Quanti Scan-přístupný na internetu).

# Vliv teploty kultivace na produkci rostlinných AHP proteinů v *E. coli*

Procenta produkce AHP proteinů v rozpustné formě						
<i>t</i> (°C) <i>Růst/indukce</i>	AHP1	AHP2	AHP3	AHP4	AHP5	AHP6
37°C/28°C	8 %	85 %	100%	0	76 %	0
37°C/22°C	82 %	73 %	100%	0	81 %	51 %
22°C/22°C	71 %	78 %	100%	30 %	81 %	73 %

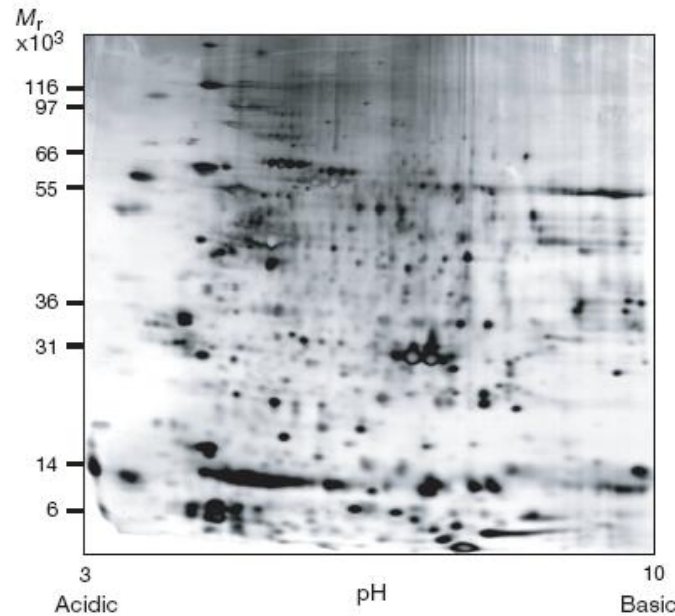
## 2. část: Purifikace rekombinantních proteinů



Purifikace proteinů fúzovaných s GFP  
pomocí hydrofóbní matrice



# Purifikace proteinu z komplexní směsi makromolekul přítomných v biologickém vzorku (buněčný nebo tkáňový extrakt)



Analýza buněčného extraktu 2D elektroforézou

- Několik tisíc proteinů z různými vlastnostmi ( $\sim 5000-8000$ ) a v různých množstvích (aktin  $\sim 10\%$ , unikátní transkripční faktor  $< 0,001\%$  z celkového proteinů)
- DNA, RNA, polysacharidy, lipidy

*Než začneme.....*

**1. *Proč???***

**Pro jaký účel ?**

**2. *Jak???***

**Jak protein detekovat?**

**3. *Co???***

**Jaké vlastnosti má protein ?**

# 1. Proč???

## Pro jaký účel ?

<b>Aplikace</b>	<b>Množství</b>	<b>Čistota</b>	<b>Poznámka</b>
<b>Identifikace</b>	<b>0,002-0,2 µg</b>	<b>vysoká (&gt;95%)</b>	<ul style="list-style-type: none"><li>• Edmanovo odbourávání (5-10 pmol), přístupy hmotnostní spektroskopie (0,2-1 pmol)</li></ul>
<b>Produkce protilátek</b>	<b>µg-mg</b>	<b>střední-vysoká</b>	<ul style="list-style-type: none"><li>• Pro imunizaci: ~ 0,1 µg proteinu</li><li>• Čím větší čistota tím větší a rychlejší šance pro získání vysoce specifické imunitní odpovědi.</li></ul>
<b>Enzymologie</b>	<b>1-5 mg</b>	<b>vysoká &gt; 95 %</b>	<ul style="list-style-type: none"><li>• Množství proteinu závisí na citlivosti analýzy.</li><li>• Čistota závisí na specifitě analýzy a ovlivnění výsledků analýzy kontaminacemi.</li></ul>
<b>Biofyzikální studie</b>	<b>mg-g</b>	<b>vysoká (&gt;95%)</b>	<ul style="list-style-type: none"><li>• CD spektroskopie, rezonance povrchových plasmonů, fluorimetrie, analytická ultracentrifugace, UV spektroskopie</li></ul>
<b>3D struktura (krystalizace, NMR)</b>	<b>10-20 mg</b>	<b>vysoká (&gt;95%)</b>	<ul style="list-style-type: none"><li>• Hledání krystalizačních podmínek ~ 1-2 mg proteinu, získání krystalu o velikosti dostatečné pro rentgenovou difrakci 5-10 mg proteinu</li><li>• Pro první 1-D NMR spektra se vyžaduje ~ 0,5 µmol proteinu, protein (velikost 5-20kDa) značený <sup>15</sup>N / <sup>13</sup>C je nutný pro vyřešení struktury.</li></ul>
<b>Farmaceutické účely</b>	<b>mg-kg</b>	<b>vysoká (99,9%)</b>	<ul style="list-style-type: none"><li>• Pro klinické účely nesmí proteiny obsahovat pyrogeny a bakteriální toxiny a musí být velmi stabilní kvůli dlouhodobému skladování.</li></ul>

## 2. *Jak???*

# Jak budeme protein analyzovat?

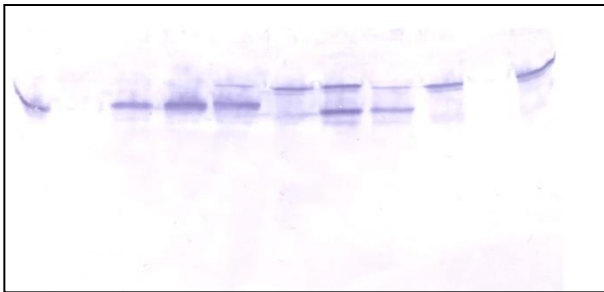
## 1. Polyakrylamidová gelová elektroforéza se specifickou detekcí :

### Detekce proteinu zájmu během jeho purifikace

- Pomocí protilátek

### Sledování biologické aktivity proteinu během purifikace

- U enzymů např. barvení v gelu pomocí chromogenních substrátů (nebo stanovení specifických konstant v komplexních vzorcích )



SDS PAGE s následných  
westernovým přenosem



nativní PAGE, zymogram

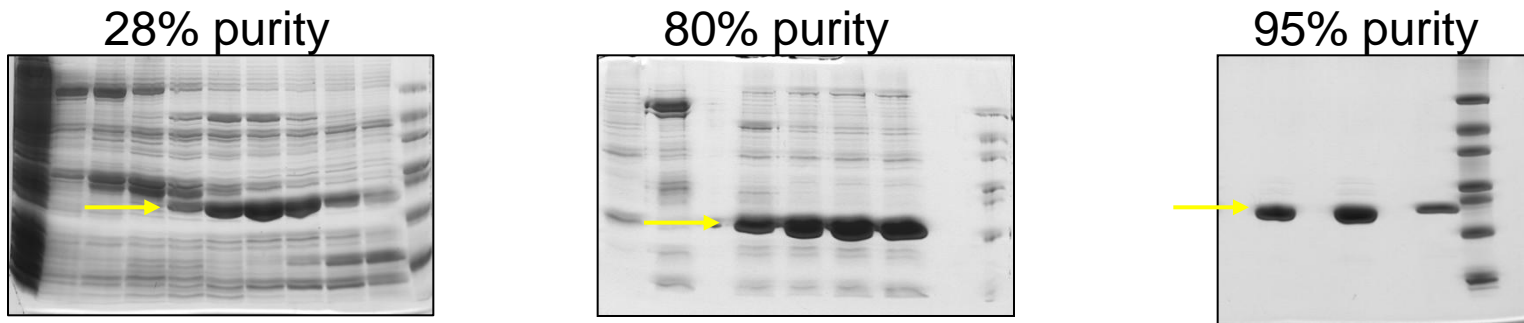
## 2. *Jak???*

# Jak budeme protein analyzovat?

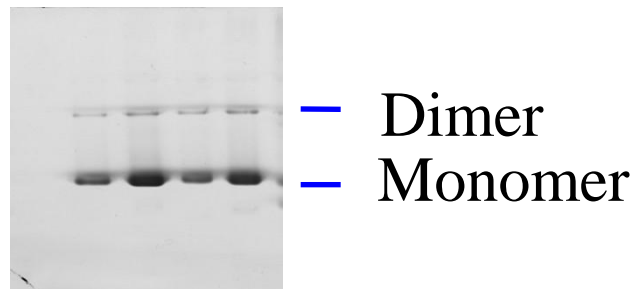
## 2. Polyakrylamidová gelová elektroforéza se nespecifickou detekcí

### Sledování čistoty a homogenity purifikovaného proteinu

- Barvení pomocí Coommasie blue, stříbra,...



### Nativní PAGE



## 3. Stanovení koncentrace proteinu

- Nejvíce využívané metody: dle Bradfordové, Lowryho metoda,....

### 3. Co???

## Jaké vlastnosti má protein ?

Informace o proteinu zájmu a příbuzných proteinech z databází nebo z pilotních experimentů:

- Velikost proteinu (SDS PAGE, gelová filtrace nebo analytická centrifugace)
- Izoelektrický bod (izoelektrická fokusace)
- Stabilita (pH, teplota, přítomnost solí, proteas, additiv zajišťujících rozpustnost proteinu)

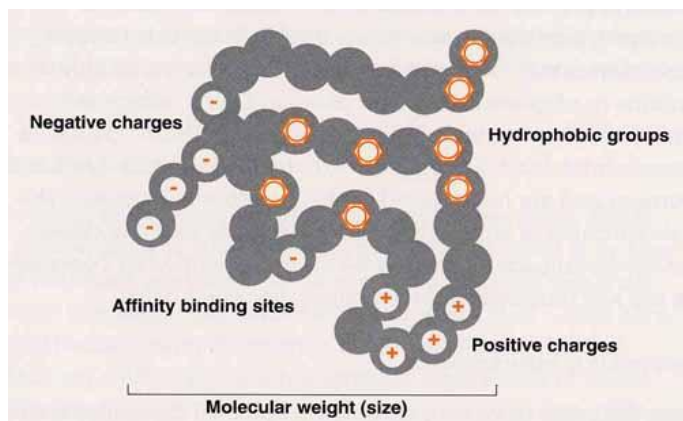
### 2D a nativní PAGE

- Komplexita vzorku, vlastnosti proteinu zájmu a i ostatních kontaminujících proteinů

Informace o proteinu zájmu a o příbuzných proteinech z literatury:

- Strategie purifikace (metody, pufrů, stabilita proteinu, .....

# Vlastnosti/purifikační metody



**Rozpustnost**

**precipitace např. síranem amonným, nízké/vysoké pH**

**Stabilita**

**teplotní precipitace**

**Velikost/tvar**

**gelová filtrace (gelová permeační chromatografie)**

**pI (povrchový náboj)**

**iontově výměnná chromatografie**

**Hydrofobicita**

**hydrofóbní chromatografie**

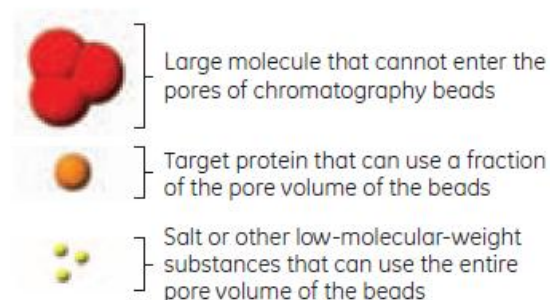
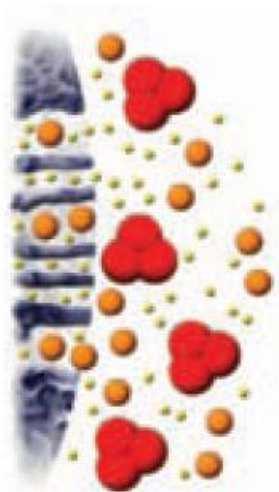
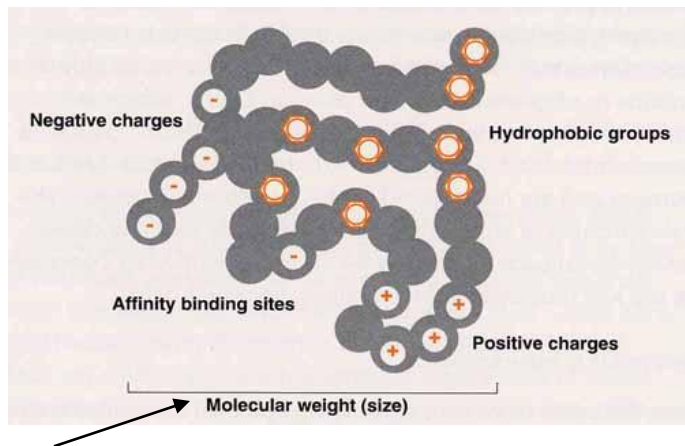
**Specifická vazba**

**afinitní chromatografie**

**Posttranslační modifikace**

**afinitní chromatografie**

# Vlastnosti/purifikační metody



Rozpustnost

precipitace např. síranem amonným, nízké/vysoké pH

Stabilita

teplotní precipitace

Velikost/tvar

**gelová filtrace (gelová permeační chromatografie)**

pI (povrchový náboj)

iontově výměnná chromatografie

Hydrofobicita

hydrofóbní chromatografie

Specifická vazba

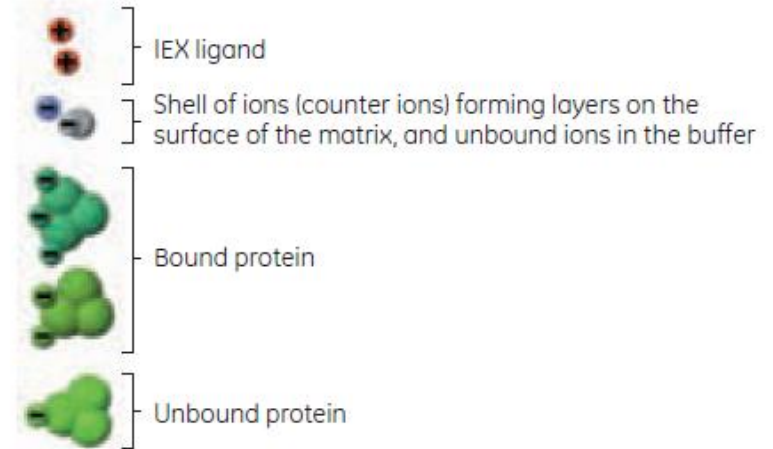
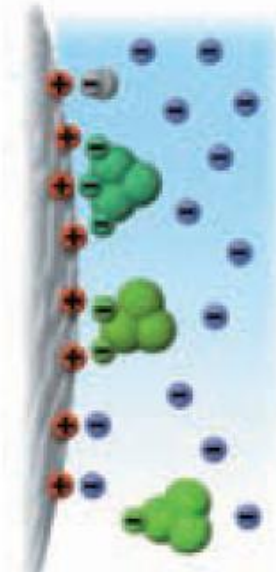
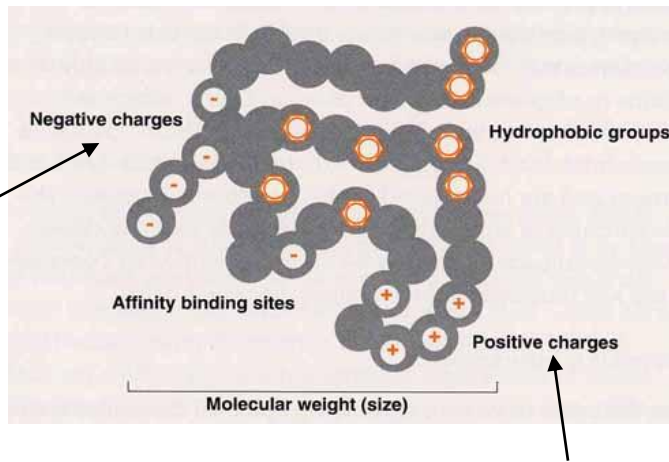
afinitní chromatografie

Posttranslační modifikace

afinitní chromatografie



# Vlastnosti/purifikační metody



Rozpustnost

precipitace např. síranem amonným, nízké/vysoké pH

Stabilita

teplotní precipitace

Velikost/tvar

gelová filtrace (gelová permeační chromatografie)

**pI (povrchový náboj)**

**iontově výměnná chromatografie**

Hydrofobicita

hydrofóbní chromatografie

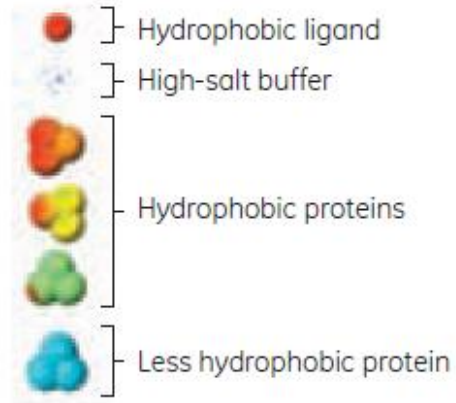
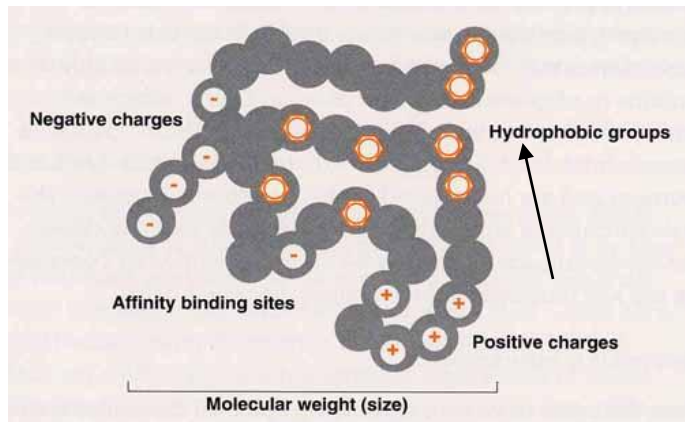
Specifická vazba

afinitní chromatografie

Posttranslační modifikace

afinitní chromatografie

# Vlastnosti/purifikační metody



Rozpustnost

precipitace např. síranem amonným, nízké/vysoké pH

Stabilita

teplotní precipitace

Velikost/tvar

gelová filtrace (gelová permeační chromatografie)

pI (povrchový náboj)

iontově výměnná chromatografie

**Hydrofobicita**

**hydrofóbní chromatografie**

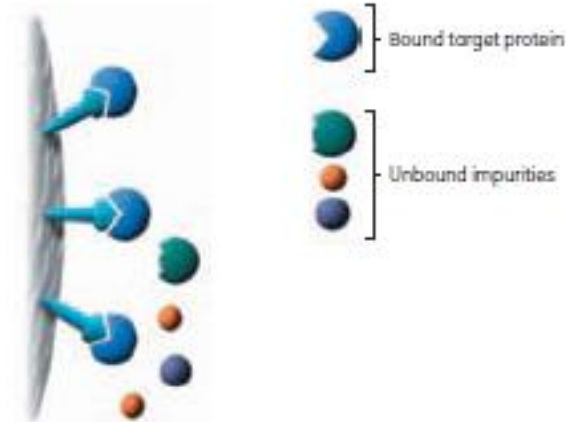
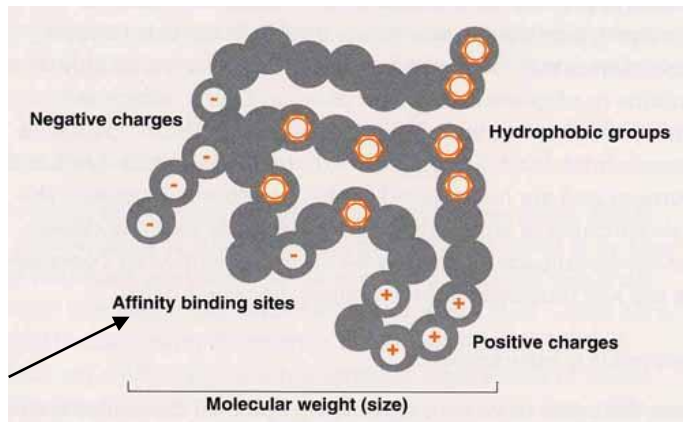
Specifická vazba

afinitní chromatografie

Posttranslační modifikace

afinitní chromatografie

# Vlastnosti/purifikační metody



Rozpustnost

precipitace např. síranem amonným, nízké/vysoké pH

Stabilita

teplotní precipitace

Velikost/tvar

gelová filtrace (gelová permeační chromatografie)

pI (povrchový náboj)

iontově výměnná chromatografie

Hydrofobicita

hydrofóbní chromatografie

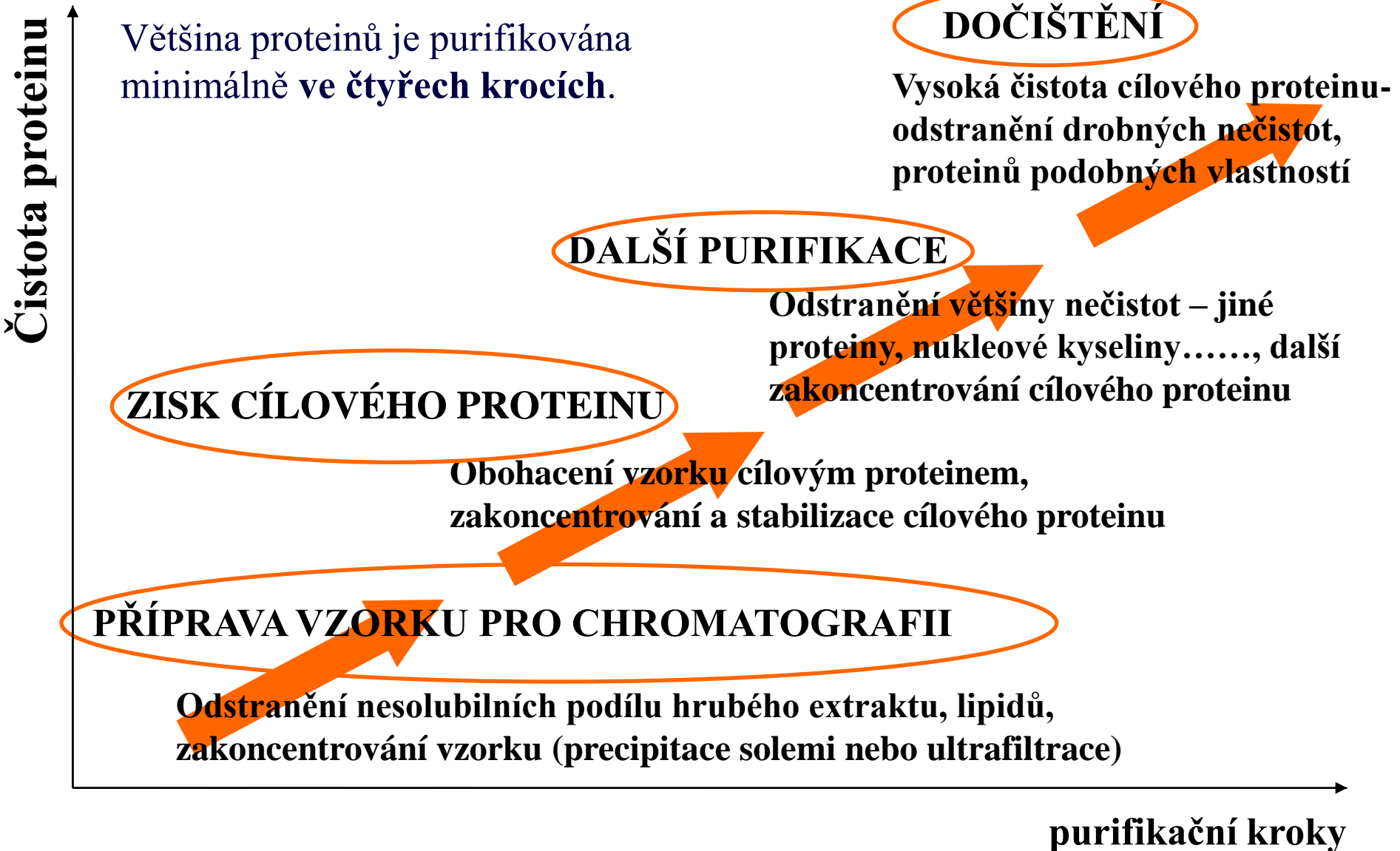
**Specifická vazba**

**afinitní chromatografie**

**Posttranslační modifikace**

**afinitní chromatografie**

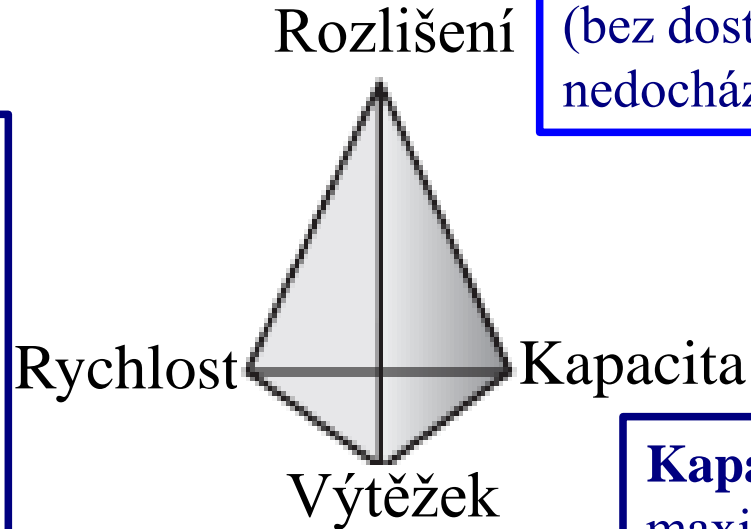
# Kolik purifikačních kroků je potřeba?



# Logická kombinace purifikačních kroků

Každá separační technika je vyznačuje rovnováhou mezi **čtyřmi parametry**.

**Rozlišení** je rozsah separace mezi dvěma chromatografickými píky (bez dostatečného rozlišení nedochází k separaci proteinů).



**Rychlost** kroku je důležitá zejména v kvůli možné degradaci cílového proteinu působením proteas v komplexním vzorku.

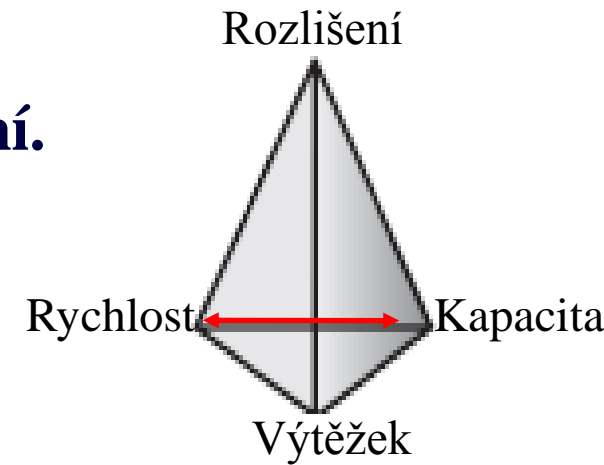
**Kapacita (max.)** je maximální množství vzorku, které může být navázáno na chromatografickou kolonu.

**Výtěžek**-minimalizace ztráty proteinu během purifikace.

# Získ cílového proteinu z proteinového extraktu

**Cíl: rychlá izolace, stabilizace a zakoncentrování.**

**Purifikační techniky: afinitní chromatografie  
iontoměničová chromatografie  
hydrofóbní chromatografie**



*Column:* rProtein A Sepharose Fast Flow, XK16/20, bed height 4.8 cm (9.6 ml)  
*Sample:* 600 ml clarified cell culture containing 87.6 mg of IgG<sub>2a</sub>  
*Starting buffer:* 20 mM sodium phosphate, pH 7.0  
*Elution buffer:* 20 mM sodium citrate, pH 4.0  
*Flow rate:* 5 ml/min (150 cm/h)

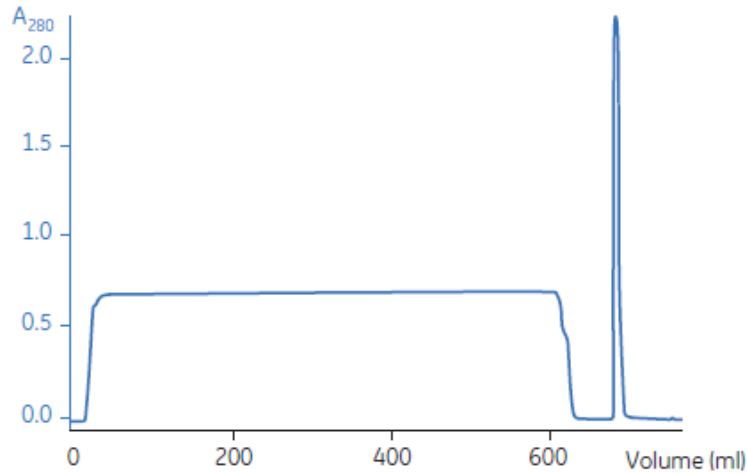
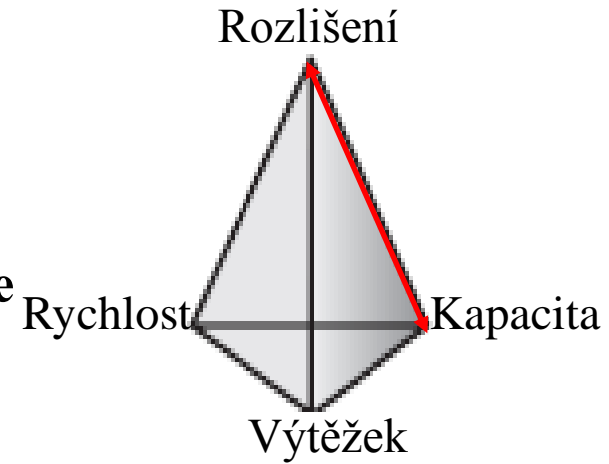


Fig 4.5. Example of capture step: Purification of IgG<sub>2a</sub> from clarified cell culture.

# Další purifikace proteinu

**Cíl:** Purifikace a zakoncentrování.

**Purifikační techniky:** iontoměničová chromatografie  
hydrofóbní chromatografie  
gelová filtrace  
afinitní purifikace



*Column:* XK 16/20 Butyl Sepharose 4 Fast Flow  
*Sample:* 5 ml of partially purified Annexin V expressed in *E. coli*  
*Buffer A:* 20 mM Sodium phosphate, pH 7.0, 1 M  $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$   
*Buffer B:* 20 mM Sodium phosphate, pH 7.0  
*Flow rate:* 100 cm/h  
*Gradient:* 0 to 50% B, 20 column volumes

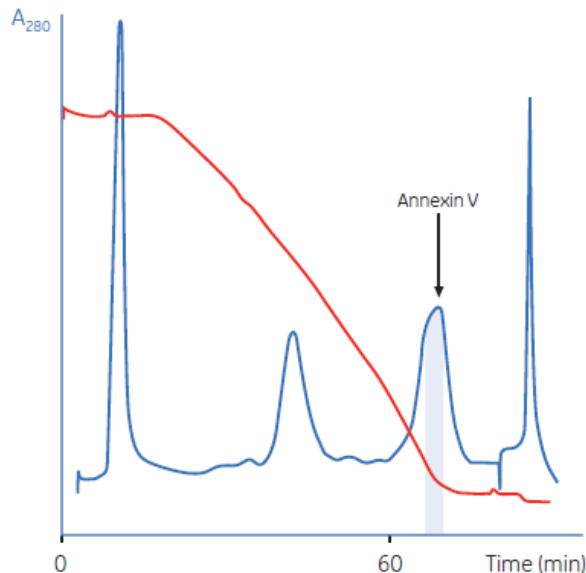
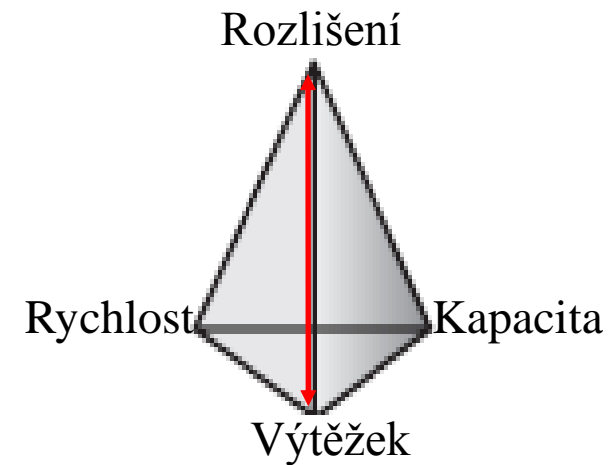


Fig 4.7. Example of an intermediate purification step: Purification of recombinant Annexin V by HIC.

# Dočištění proteinu a úprava podmínek pro jeho skladování (pH, soli, additiva)

**Cíl:** Produkt o požadované vysoké čistotě.

**Purifikační techniky:** gelová filtrace  
afinitní purifikace



*Column:* XK 16/60 packed with Superdex 75 prep grade  
*Sample:* 1.0 ml of partially purified ZZ-brain IGF  
*Buffer:* 300 mM ammonium acetate, pH 6.0  
*Flow rate:* 0.5 ml/min (15 cm/h)

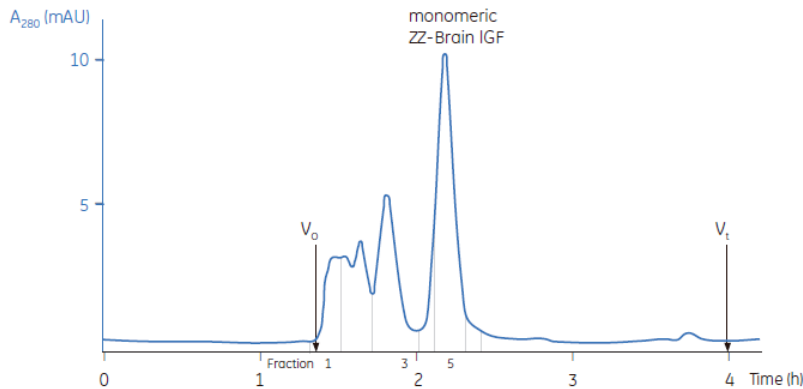


Fig 4.9. Example of polishing step: removal of dimers and multimers by GF.

*Column:* Mono S™ 5/50 GL  
*Sample:* 14.5 ml of partially purified and desalted transposase TniA  
*Binding buffer:* 20 mM MES pH 6.5, 1 mM EDTA, 2 mM MgCl<sub>2</sub>, 1 mM DTT  
*Elution buffer:* 20 mM MES pH 6.5, 1 mM EDTA, 2 mM MgCl<sub>2</sub>, 1 mM DTT, 1 M NaCl  
*Flow rate:* 1 ml/min  
*Gradient:* 0%–100% elution buffer, 20 CV

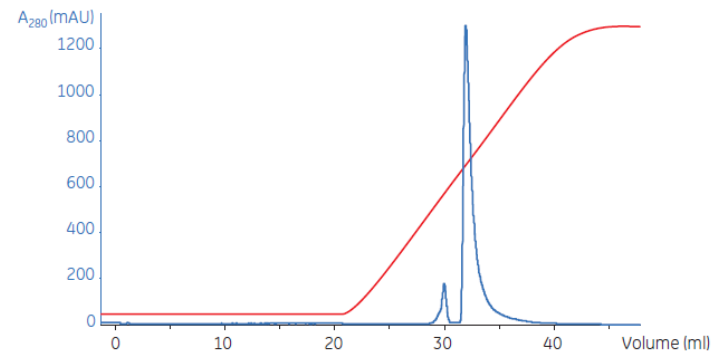


Fig 4.10. Example of polishing: removal of trace contaminants by high-resolution CIEX. Purification of the transposase TniA.



# Základní zásady pro pořadí purifikačních kroků

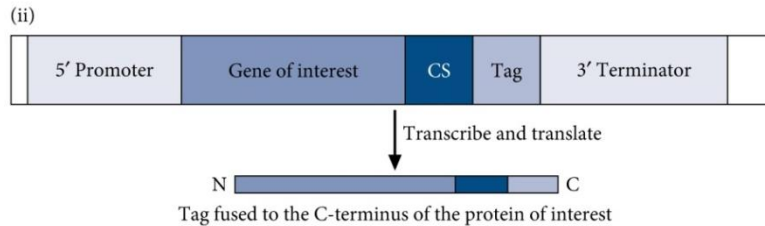
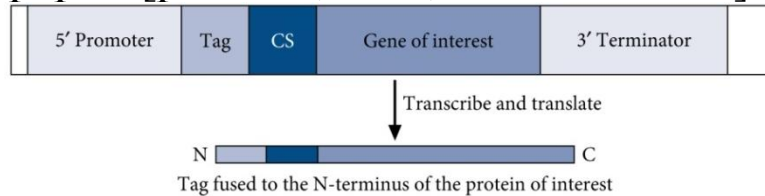
- Na začátek zařadit metody s vysokou kapacitou a malým výtěžkem a rozlišením → velké množství levného vstupního materiálu.
- Později metody s vysokým rozlišením a výtěžkem, kapacita méně významná → ve vzorku již investovaná práce, množství proteinu je menší.
- Pokud možno řadit metody za sebou racionálně, bez nutnosti mezikroků, jako je výměna pufru mezi jednotlivými separačními technikami  
příklad: po precipitaci síranem amonným nebo iontoměničové chromatografii (protein je eluován z kolony za vysokých koncentracích soli) zařadit hydrofóbní chromatografii (vzorek dávkován na kolonu ve vysoké koncentraci soli)
- Jednotlivé separační metody pokud možno neopakovat.
- Čím méně kroků, tím větší výtěžnost proteinu.

# Fúzní proteiny

Translační fúze sekvencí kódujících rekombinantní protein a

a) krátký peptid [př.  $(\text{His})_n$ ,  $(\text{Asp})_n$ ,  $(\text{Arg})_n$  ... ]

b) přirozený oligopeptid [př. MBP, GST, thioredoxin ... ]



- usnadnění purifikace (uniformita purifikace) rekombinantního proteinu
- zvýšení výtěžku
- zlepšení rozpustnosti
- umožnění detekce
- umožnění sekrece
- Fúzního partnera lze obvykle selektivně odštěpit.

<b>Fúzní partner</b>	<b>Velikost</b>	<b>Umístění</b>	<b>Využití</b>
<b>His-tag</b>	6, 8, or 10 aa	N-, C-, internal	purifikace
<b>thioredoxin</b>	109 aa (11.7 kDa)	N-,C-	purifikace, zvýšení solubility proteinu
<b>His-patch thioredoxin</b>	109 aa (11.7 kDa)	N-,C-	purifikace, zvýšení solubility proteinu
<b>chloramfenikol acetyltransferasa</b>	24 kDa	N-	sekrece, purifikace, detekce
<b>avidin/streptavidin <i>Strep</i>-tag</b>			purifikace, sekrece
<b>glutathion-S-transferasa-GST</b>	26 kDa	N-	purifikace
<b>maltosu vázající protein (MBP)</b>	40 kDa	N-, C-	purifikace, sekrece
<b>zeleně fluoreskující protein (GFP)</b>	220 aa	N-, C-	detekce, purifikace
<b>polyasparagová kyselina</b>	5-16 aa	C-	purifikace
<b>ompT /ompA</b>	22 aa /21 aa	N-	sekrece

# Odstranění fúzního partnera (tagu) – proteolytické štěpení

## pRSET B Multiple Cloning Site

21 T7 promoter RBS  
 AATACGACTC ACTATAGGGA GACCACAACG GTTCCCTCT AGAAATAATT TTGTTTAACT TTAAGAAGGA

91 Polyhistidine (6xHis) region  
 GATATACAT **ATG** CGG GGT TCT CAT CAT CAT CAT CAT CAT GGT ATG GCT AGC ATG ACT  
**Met** Arg Gly Ser His His His His His His Gly Met Ala Ser Met Thr

148 T7 gene 10 leader Xpress™ Epitope BamHI XhoI SacI  
 GGT GGA CAG CAA ATG GGT CGG GAT CTG TAC GAC GAT GAC GAT AAG GAT CCG ACC TCG  
 Gly Gly Gln Gln Met Gly Arg Asp Leu Tyr Asp Asp Asp Asp Lys Asp Pro Ser Ser  
EK recognition site EK cleavage site

205 BglII PstI PvuII KpnI NcoI EcoRI BsfBI HindIII  
 AGA TCT GCA GCT GGT ACC ATG GAA TTC GAA GCT TGA TCCGGCTGCT AACAAAGCCC  
 Arg Ser Ala Ala Gly Thr Met Glu Phe Glu Ala \*\*\*

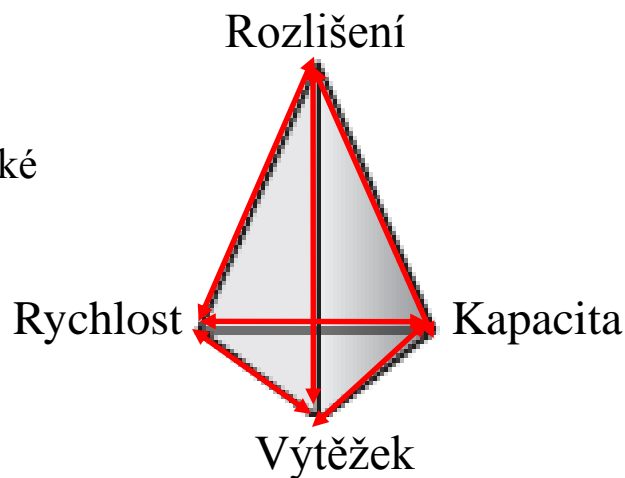
261 T7 reverse priming site  
 GAAAGGAAGC TGAGTTGGCT GCTGCCACCG CTGAGCAATA ACTAGCATAA

Enzyme	Cleavage site
Enterokinase	DDDDK*
Factor Xa	IDGR*
Thrombin	LVPR*GS
PreScission	LEVLFQ*GP
TEV protease	EQLYFQ*G
3C protease	ETLFQ*GP
Sortase A	LPET*G
Granzyme B	D*X, N*X, M*N, S*X

# Fúzní kotvy (tagy) využívající se k purifikaci

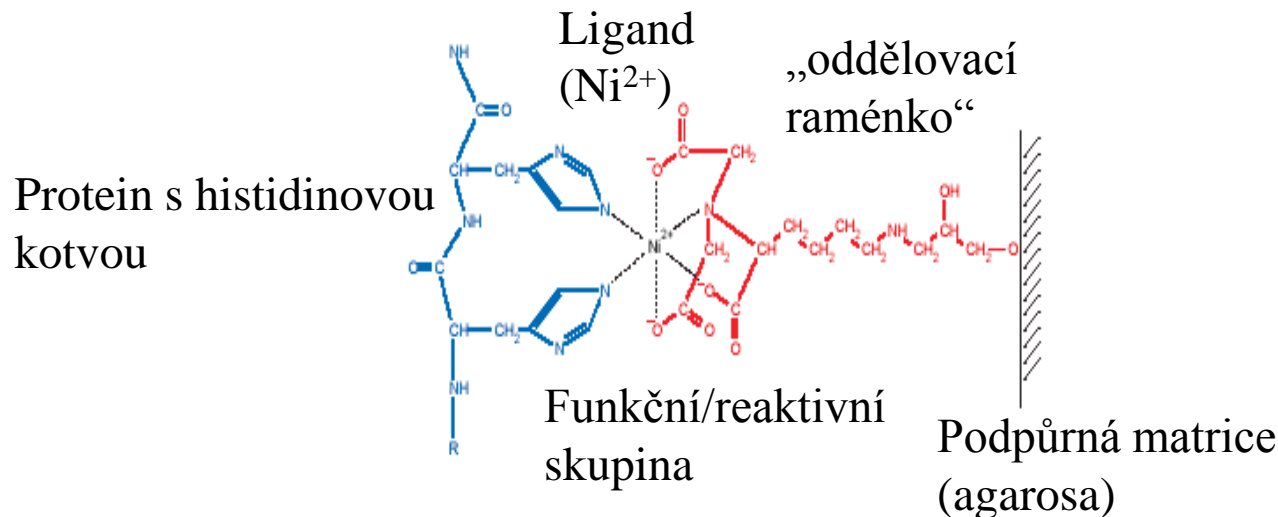
Kotva (tag)	Typ chromatografie	Princip separační techniky
poly [His]	afinitní	vazba na kov
IgG vazná doména	afinitní	vazba na protilátku
Poly [Asp]	iontoměničová	vazba na anion vázající matrici
Poly [Phe]	hydrofóbní	vazba na hydrofóbní matrici
<i>Strep</i> -tag	afinitní	vazba na streptavidin
Poly [Arg]	iontoměničová	vazba na kation vázající matrici

Separační techniky charakteristické rovnováhou všech parametrů.

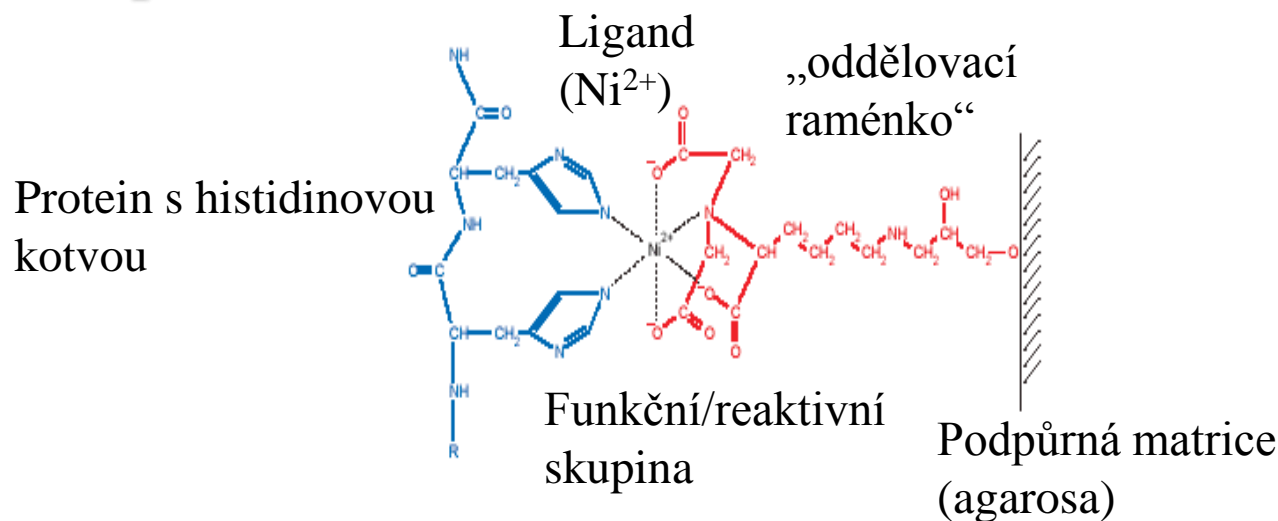


# Metalochelatační afinitní chromatografie

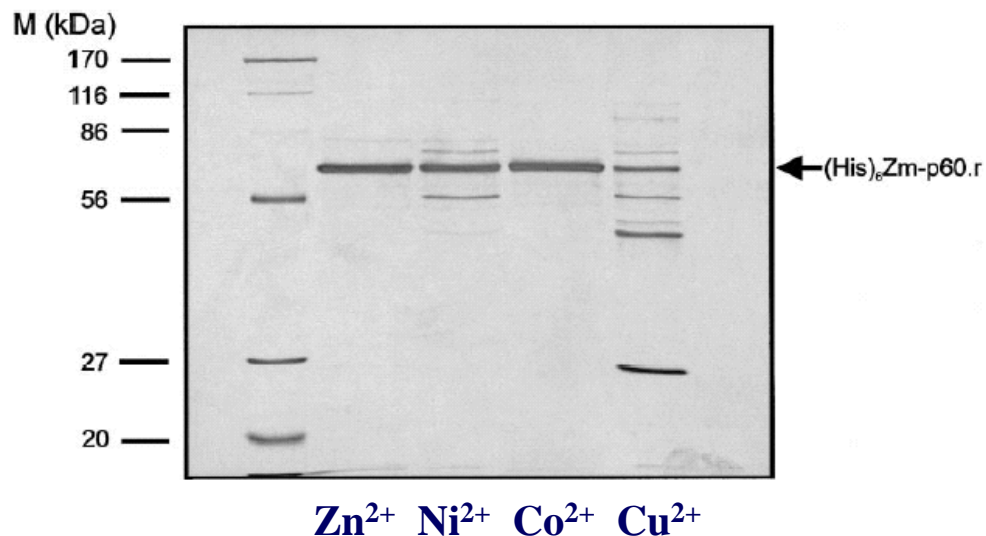
- R.1975- uveřejnil Porath a kol. metodu frakcionace sérových proteinů.
- Konstrukce umělých **oligohistidinových domén (poly [His])** fúzovaných k N- nebo C- konci proteinu metodami molekulární biologie.
- Nyní jeden ze základních purifikačních postupů rekombinantních proteinů.
- Interakce proteinu s matricí je zprostředkována neobsazenými d-orbitaly iontů přechodných kovů, které vážou volné elektronové páry převážně z dusíkového atomu imidazolových skupin histidinových zbytků v proteinu.



# Matrice pro metalochelatační afinitní chromatografii

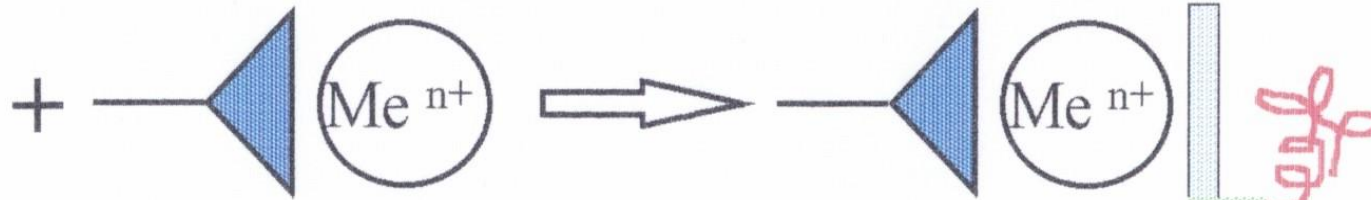


## Efekt kovového iontu navázaného na matici

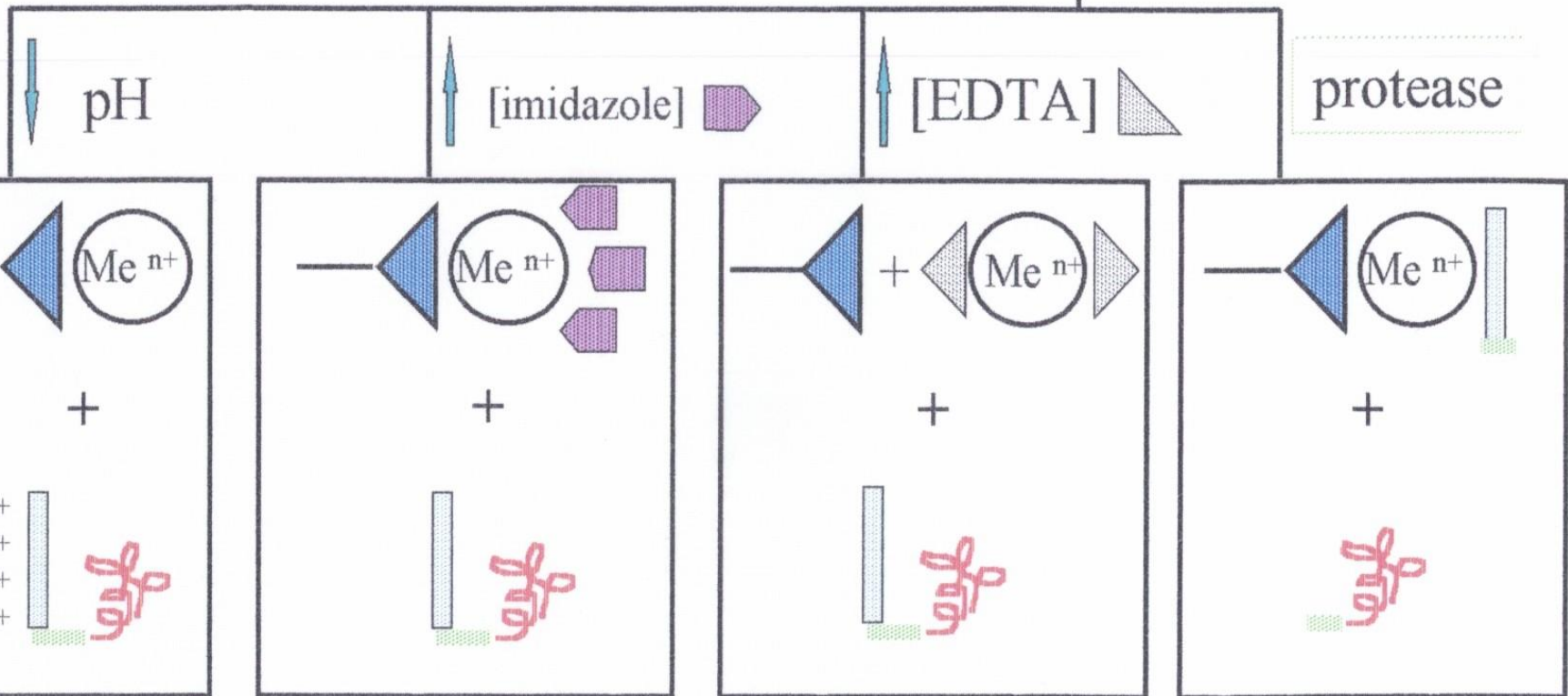


Síla vazby:  $\text{Cu}^{2+} > \text{Ni}^{2+} > \text{Zn}^{2+} \sim \text{Co}^{2+}$

# Immobilized metal affinity chromatography (IMAC)



charged metal chelate resin





# Metalochelatační afinitní chromatografie

## *Purifikace za nativních podmínek*

Protokol nativní IMAC konkrétního proteinu je zčásti nepřenositelný na jiné proteiny!

**Obecně lze navrhnout:**

- ➔ Pufry o pH 7-8 pro vazbu rek. proteinu s kovovým iontem
- ➔ Pufry s vysokou koncentrací solí (např. 0,5-1 mol/l NaCl)
- ➔ Nižší koncentrace imidazolu nebo snížení pH pro odstranění balastních proteinů
- ➔ Eluce použitím gradientu imidazolu (0-1 mol/l), výrazným snížením pH nebo využitím EDTA

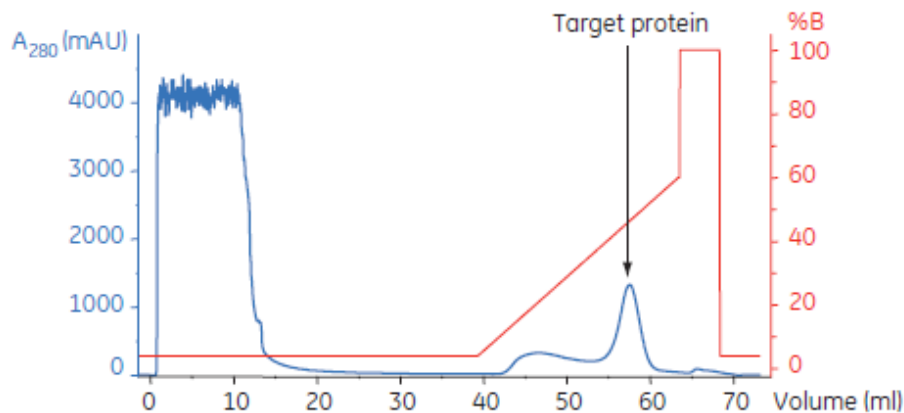


Fig 2.3. Typical IMAC purification with gradient elution.

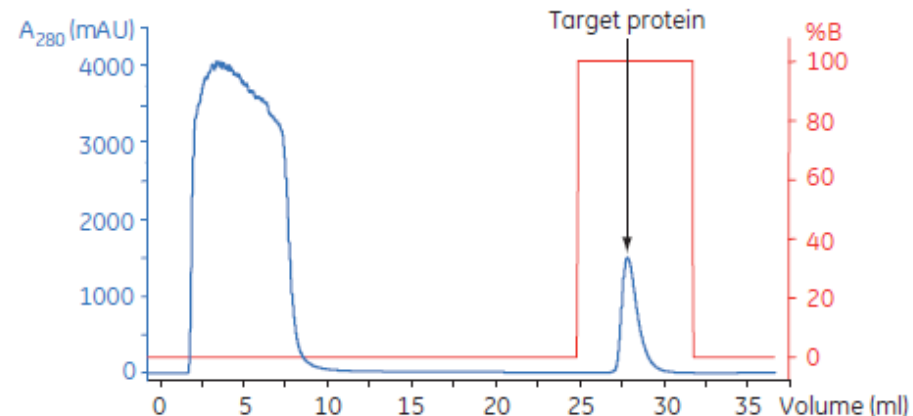


Fig 2.4. Typical IMAC purification with step elution.

# Metalochelatační afinitní chromatografie

## *Purifikace za denaturačních podmínek*

### Denaturační IMAC – purifikace proteinů v inkluzních těliscích

- ➔ Purifikace za vysokých koncentrací močoviny nebo guanidinium chloridu
  - ➔ čistý protein, ale porušení kvartérní struktury (postačí však např. na imunizace)

Získání nativního konformeru: - Nutné pro měření enzymové kinetiky, rtg analýza,...

- Eluce proteinu z kolony a jeho renaturace dialýzou nebo výrazným zředěním v renaturačních pufrů
- Renaturace enzymu vázaného na matrici:
  - ➔ Gradient z denaturačních do renaturačních pufrů
  - ➔ Pulzní renaturace

# Purifikace proteinu AHP2 (Arabidopsis histidin phosphotransfer protein 2)

4L bakteriální kultury

## Metalochelatační afinitní chromatografie

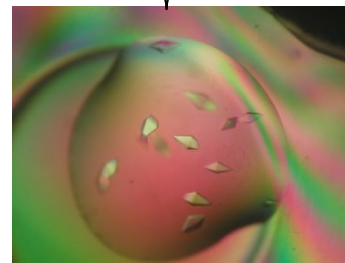
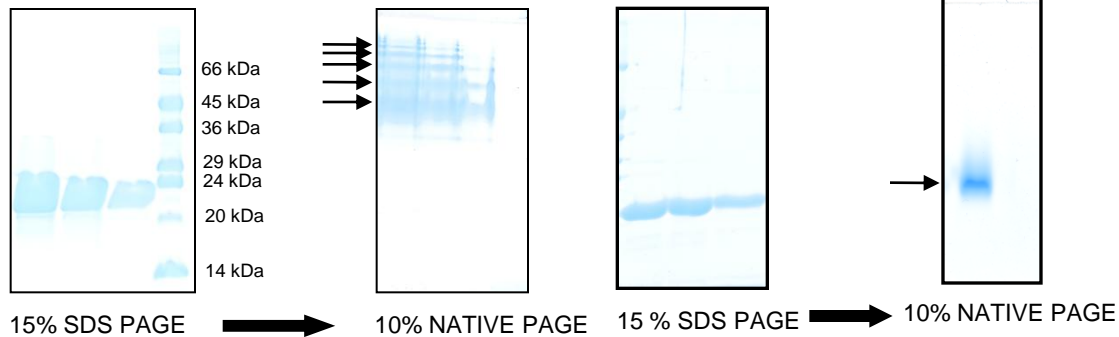
Pufr: 50 mM Tris pH 7.9, 300 mM NaCl, 10 % glycerol, 20 mM imidazol, 3.9 mM mercaptoethanol  
Gradientová eluce: 20 -500 mM imidazol

## Gelová filtrace

Pufr: 20 mM Tris pH 7.9, 250 mM NaCl  
Isocratická eluce

## Anion výměnná chromatografie

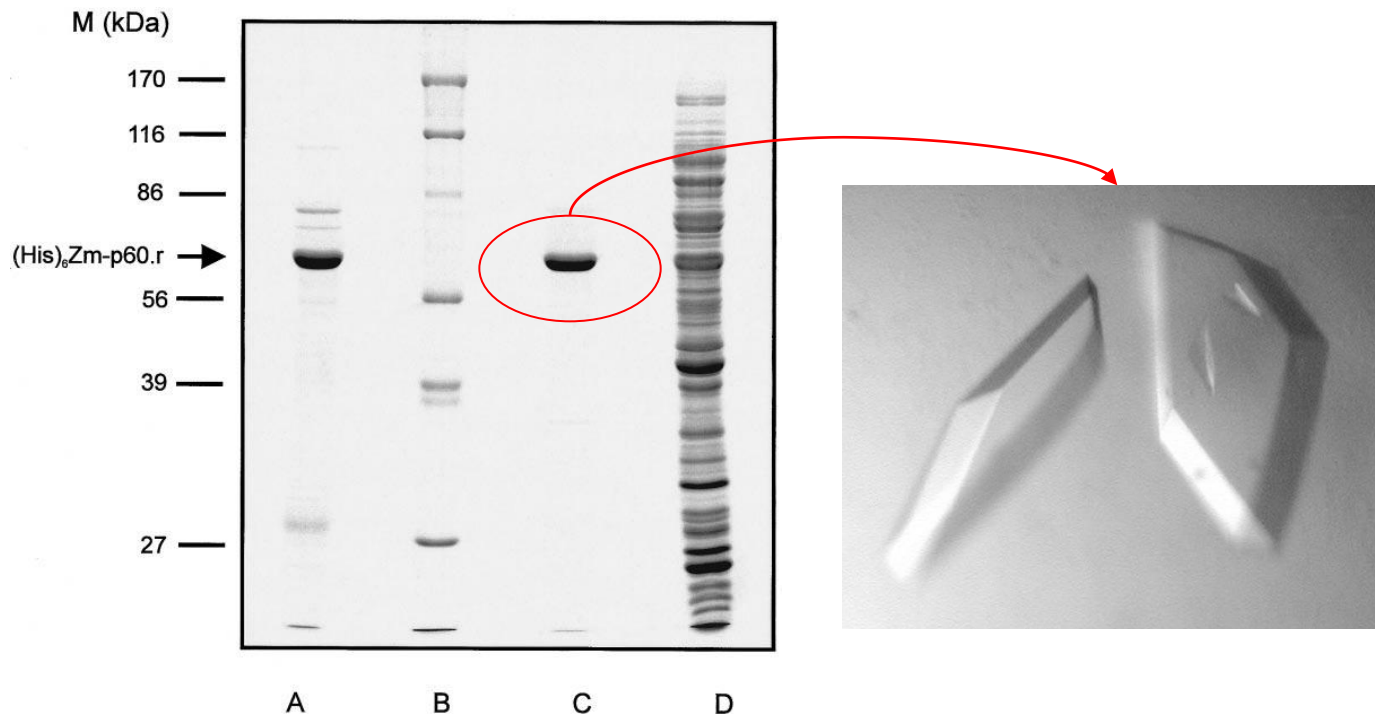
Pufr: 20 mM Tris pH 7.9  
Gradientová eluce: 0 - 1M NaCl



# His-tagged protein and IMAC under native conditions

## One-step purification of maize $\beta$ -glucosidase

- Perfusion matrix: POROS MC/M
- Functional group: iminodiacetate, metal ion  $Zn^{2+}$
- Removing contaminated proteins: linear gradient of imidazole (0–50 mM) and pH (pH 6.1–7)
- Protein elution: 0.1 M EDTA
- 80% recovery, 95 fold purification
- Common production and isolation of wild type protein and soluble mutant form for enzymatic measurements and crystallization.



# Doporučená literatura

Makrides SV (1996) **Strategies for Achieving High-Level Expression of Genes in *Escherichia coli***. Microb.Review 60, (512-538).

Simpson RJ; Adams PD; Golemis E

**Basic methods in protein purification and analysis: a laboratory manual,**

Cold Spring Harbor, N.Y. : Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2009,

436 s., ISBN 978-0-87969-868-3

