

# **Zajištění exprese klonovaných genů v heterologních systémech a její optimalizace**

# Faktory ovlivňující expresi klonovaných genů

## A. Regulační sekvence pro genovou expresi

### 1. *Transkripční úroveň*

- Síla promotoru a jeho charakter
- Terminátor transkripce
- Stabilita mRNA, její posttranskripční úpravy

### 2. *Translační úroveň*

- Účinnost vazby mRNA na ribozom
- využívání kodonů
- stabilita proteinu, posttranslační úpravy

### 3. *Transport proteinu*

- charakter signální sekvence

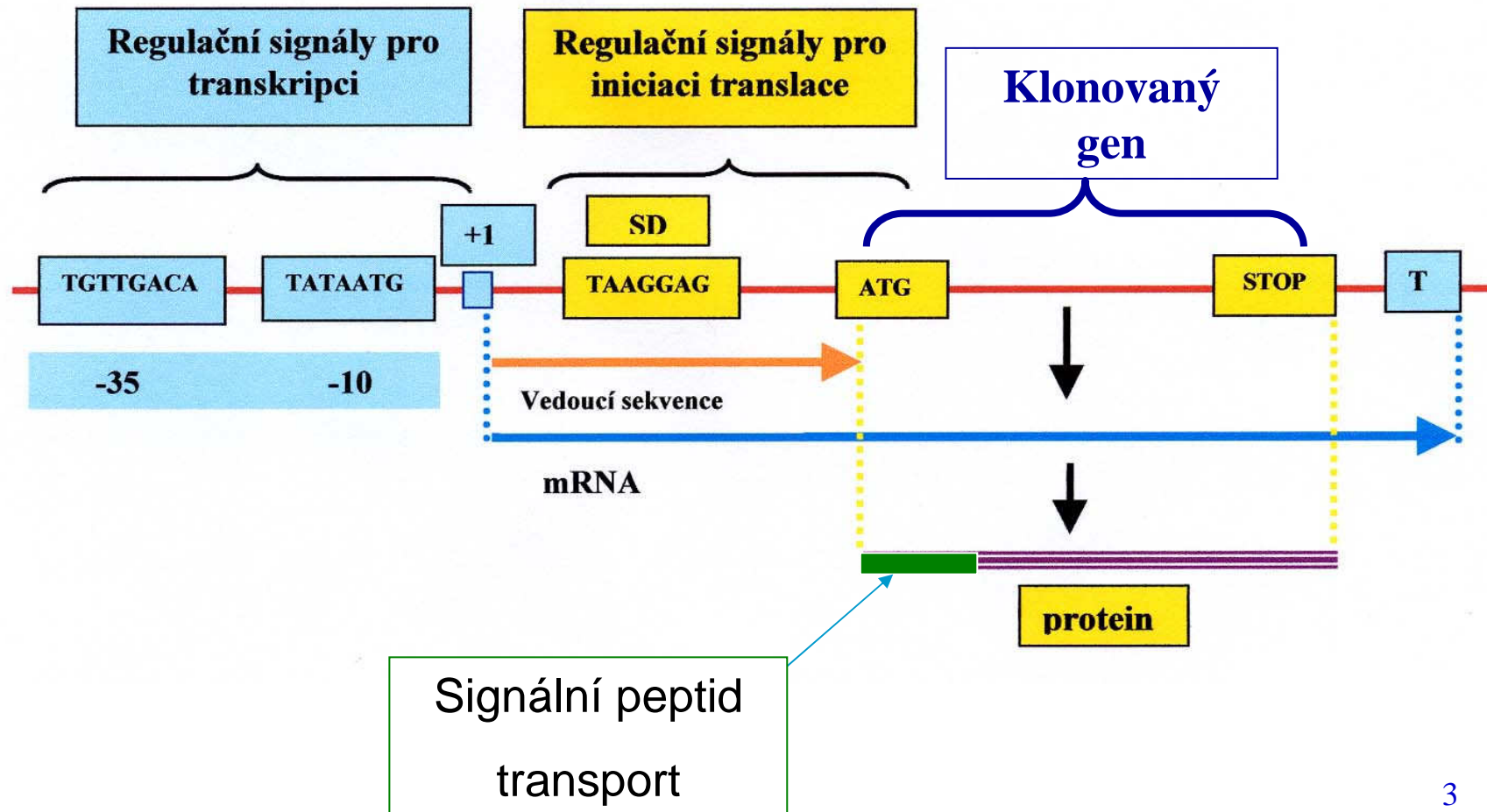
## B. Vlastnosti vektorů

- Počet kopií vektoru (počet kopií inzertu)
- Stabilita vektoru

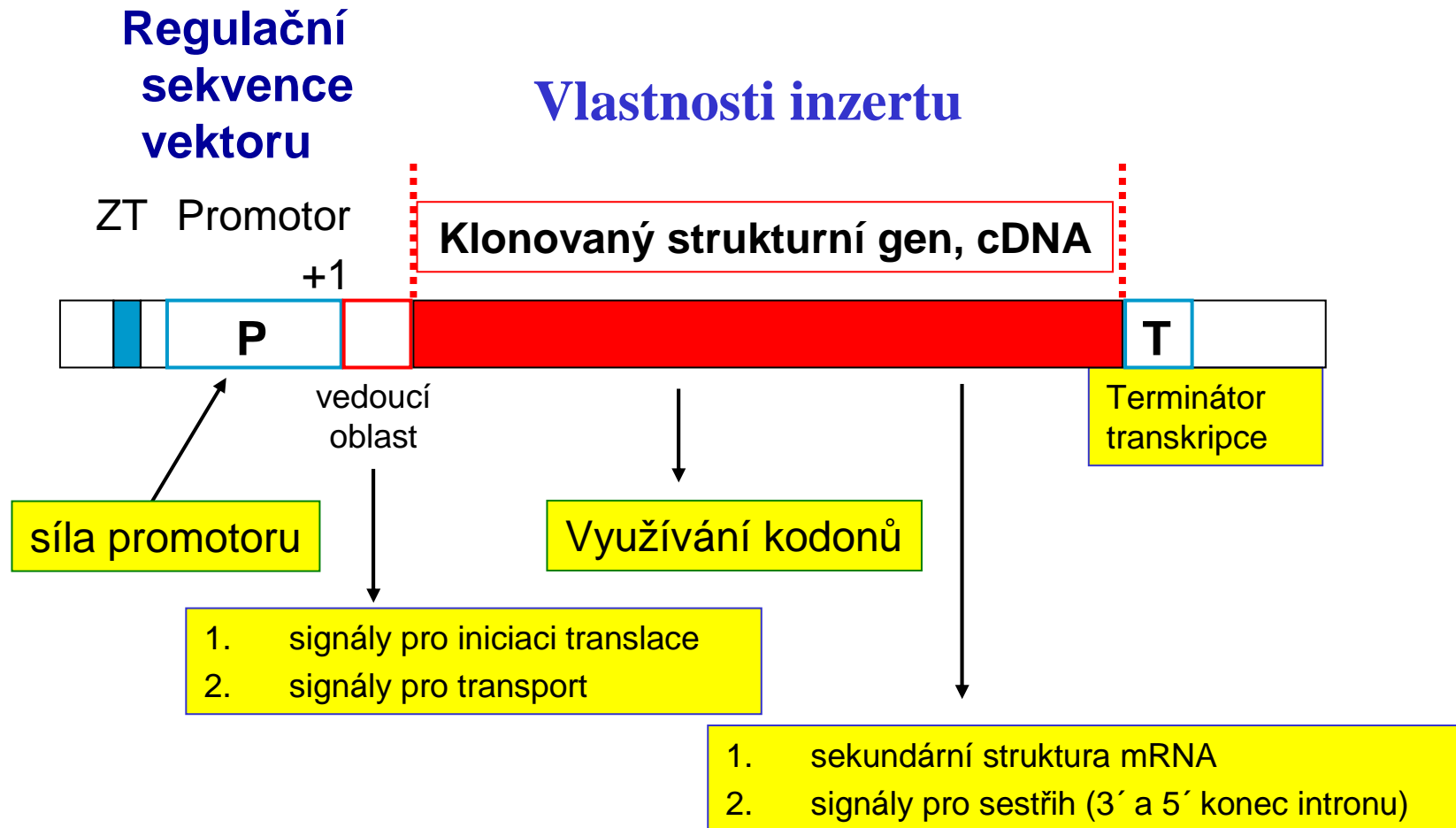
## C. Fyziologie hostitelské buňky

- růstové podmínky
- enzymový aparát hostitelské buňky

# Signály ovlivňující transkripci a translaci strukturního genu (bakterie *E. coli*)



# Faktory ovlivňující expresi klonované DNA



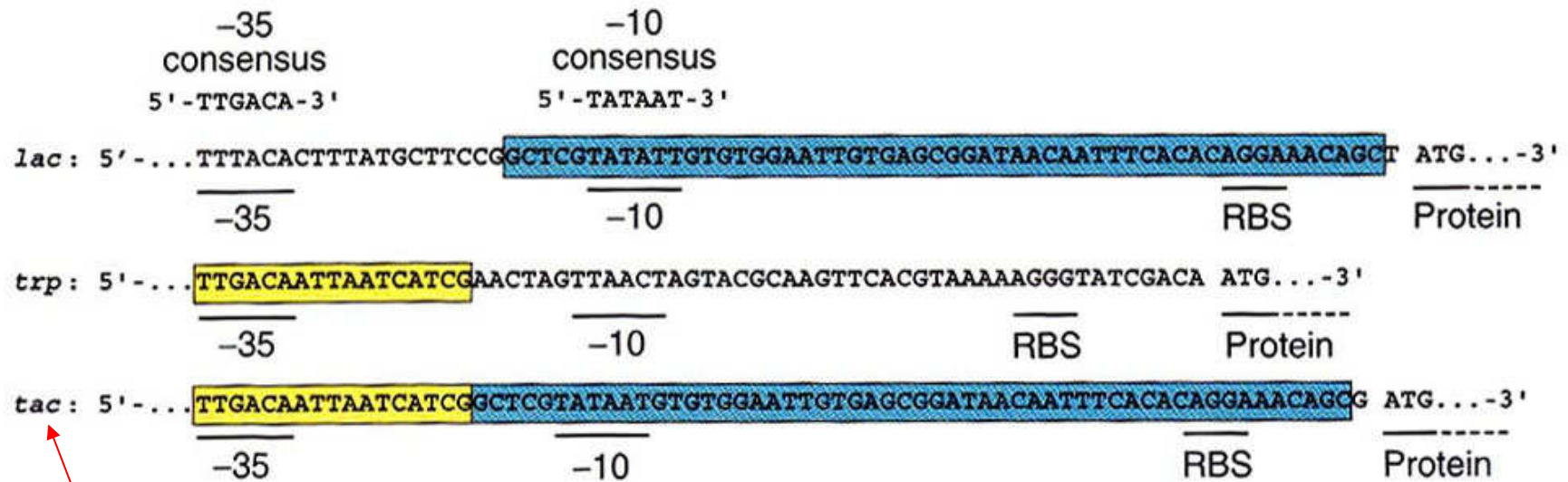
# Sekvence bakteriálních přirozených a hybridních promotorů

	-35 Region	17 bp	-10 Region
		1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17	
<b>CONSENSUS</b>	• • • T T G A C A	• • • • • • • • • •	• • • • • T A T A A T • •
<i>lac</i>	GGCTTTACACTTTATGCTTCCGGCTCGTATATTGT		
<i>trp</i>	CTGTTGACAATTAATCAT	CGAACTAGTTAACTAG	
$\lambda P_L$	GTGTTGACATAAATACCA	CTGGCGGTGATACTGA	
<i>rec A</i>	CACTTGATACTGTATGAA	GCATACAGTATAATTG	
<i>tacI</i>	CTGTTGACAATTAATCAT	CGGCTCGTATAATGT	
<i>tacII</i>	CTGTTGACAATTAATCAT	CGAACTAGTTTAATGT	

Hybridní promotory



# Sekvence lac, trp a tac promotoru



Hybridní promotor

# Regulovatelné promotory používané v expresních vektorech

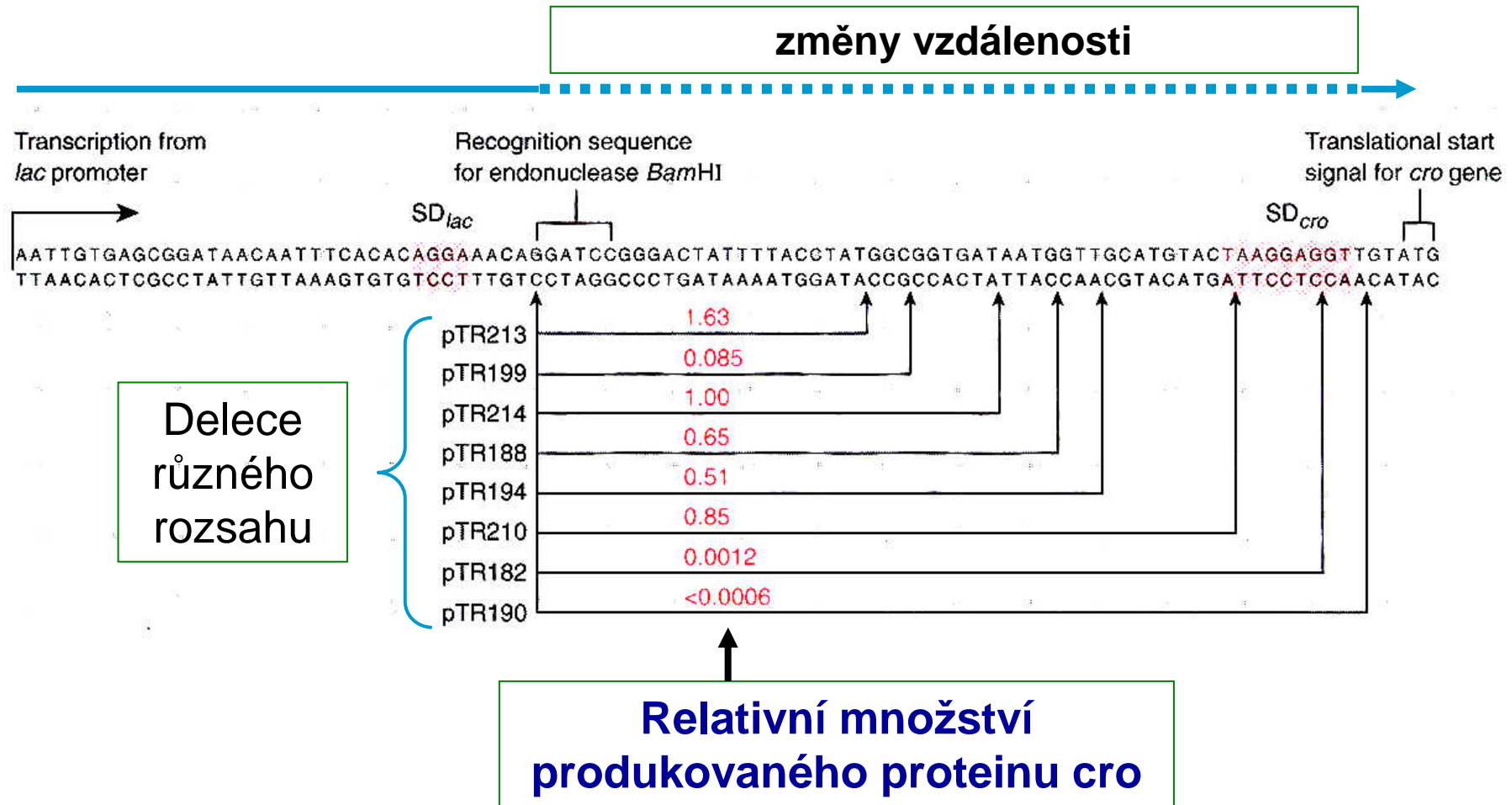
	Promotor	Zdroj	Způsob regulace	
			Off	On
<i>E. coli</i>	$\lambda$ pL, $\lambda$ pR	Leftward and rightward early promoters of $\lambda$	30°C	>37°C (in <i>cl<sub>857</sub></i> host)
<div style="border: 1px solid green; padding: 5px; width: fit-content;"> <b>lac-UV5</b>                      nezávislost na katabolické represi                 </div>	<i>lac</i>	<i>E. coli lac</i> operon	—	IPTG in medium
	<i>trp</i>	<i>E. coli trp</i> operon	Tryptophan in medium	Indoleacetic acid in medium
	<i>tac</i>	<i>trp</i> -35 region <i>lac</i> -10 region hybrid	—	IPTG in medium
	<i>phoA</i>	<i>E. coli</i> alkaline phosphatase operon	Excess phosphate in medium	Phosphate-limited medium
	<i>recA</i>	<i>E. coli recA</i> gene	—	Mitomycin C in medium
<div style="border: 1px solid yellow; padding: 5px; width: fit-content;"> <b>Využití u eukaryot</b> </div>	<i>tet</i>	Tn10 tetracycline-resistance gene	—	Tetracyclines in medium

Promotory fága lambda vykazují velmi striktní kontrolu transkripce s krátkým lagem mezi neindukovaným a indukovaným stavem. V neindukovaném stavu nedochází vůbec k transkripci, na rozdíl od promotorů „metabolických“ operonů, kdy částečná transkripce probíhá pořád.

	Promotor	Zdroj	Způsob regulace	
			Off	On
<i>B. subtilis</i>	<i>bla</i>	<i>Bacillus licheniformis</i> β-lactamase gene	—	β-lactams in medium
	<i>cat</i>	<i>Bacillus pumilis</i> chloramphenicol acetyl transferase	—	Chloramphenicol in medium
<i>Streptomyces</i>	<i>gyl</i>	<i>Streptomyces coelicolor</i> glycerol operon	Glucose in medium	Glycerol in medium
<i>S. cerevisiae</i>	<i>ADH</i>	Yeast repressible alcohol dehydrogenase ( <i>ADR</i> ) gene	High glucose in medium	Low glucose in medium
	<i>GAL1</i>	Yeast galactose utilisation operon	Glucose in medium	Galactose in medium
	<i>GPD-PH05</i>	Hybrid between yeast glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase and alkaline phosphatase gene promoters	Excess phosphate in medium	Phosphate-limited medium



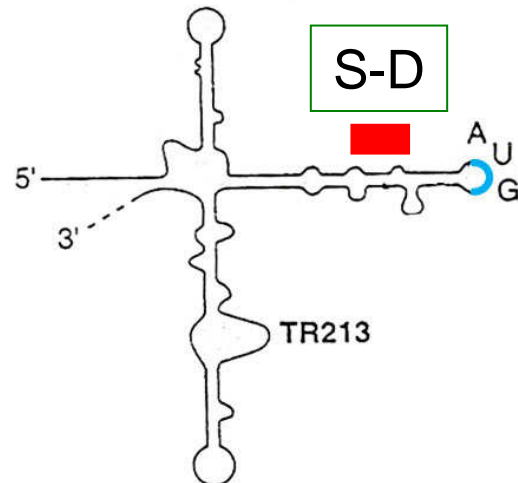
# Vliv vzdálenosti mezi promotorem a startem translace na množství vytvářeného proteinu cro



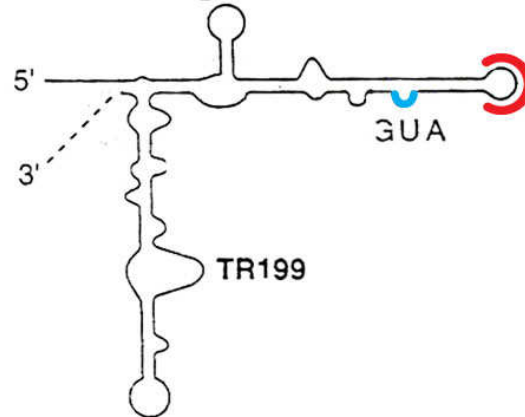
# Sekundární struktura cro-mRNA

Množství proteinu

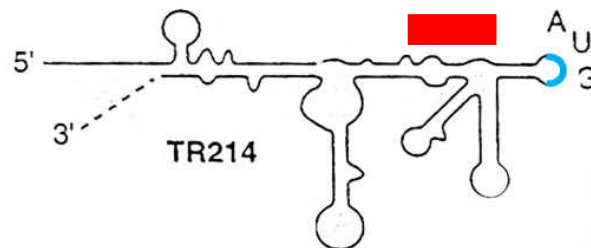
163%



8%



100%



Iniciační kodon AUG je součástí smyčky – protein cro se tvoří v malém množství

# Vliv regulačních sekvencí na výtěžek t-antigenu SV40 z různých plazmidových konstruktů

% celkového proteinu	Vzdálenost SD-ATG	Sekvence oblasti pro iniciaci translace	vektor
0.068	9	AGGAAACAGAAAGATGGAT	pTR436
1.0	9	AGGAAACAGCCAGATGGAT	HP1
0.01	5	GTCGAGGAATTCCATGGAT	pPLcSVt5-372
0.1	5	ATTGGAATTCCATGGAT	pPLcSVt5-37
2.5	8	TTGGAATTATTCCATGGAT	pPLcSVt5-379
1.0	9	TTGGAATTAATTCCATGGAT	pPLcSVt5-374
0.01	9	AGGAATTCCAAAGATGGAT	pPLcSVt5-72

SD

Inic.kodon

# Sekundární struktura mRNA (pro t-antigen) v oblasti iniciačního kodonu v různých plazmidových konstruktech

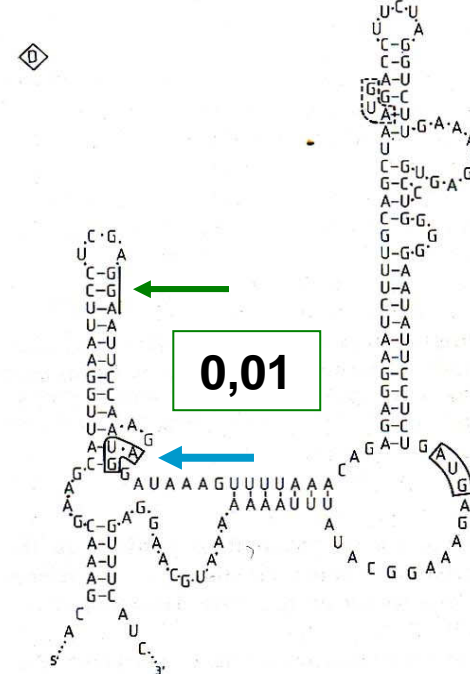
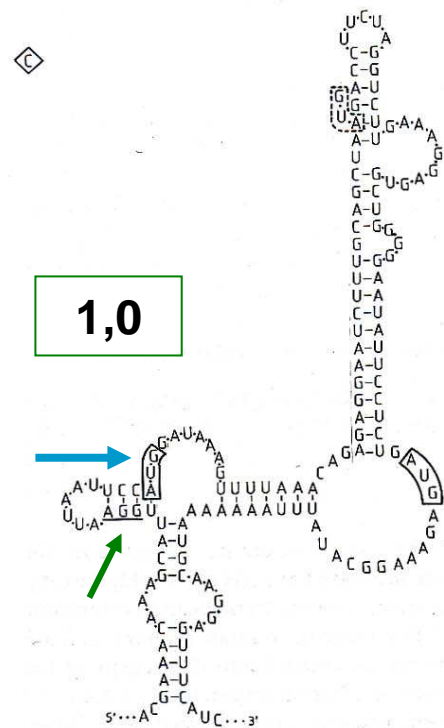
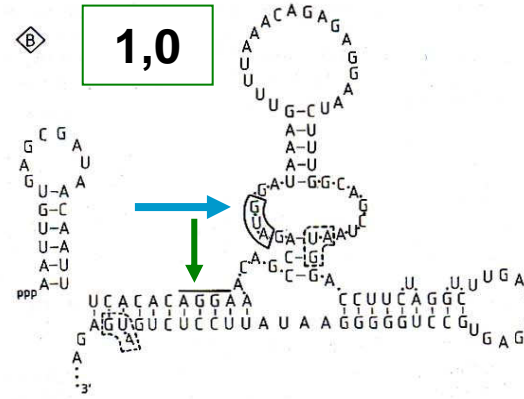
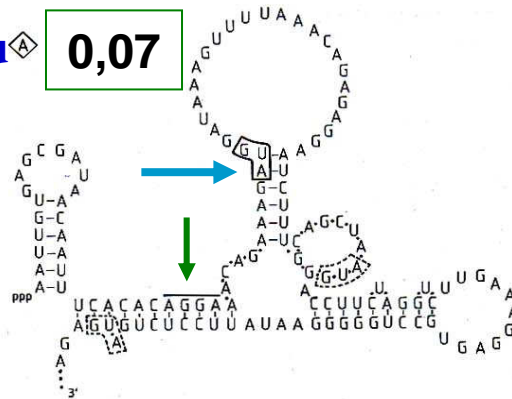
Množství proteinu

0,07

1,0

AUG →

SD →

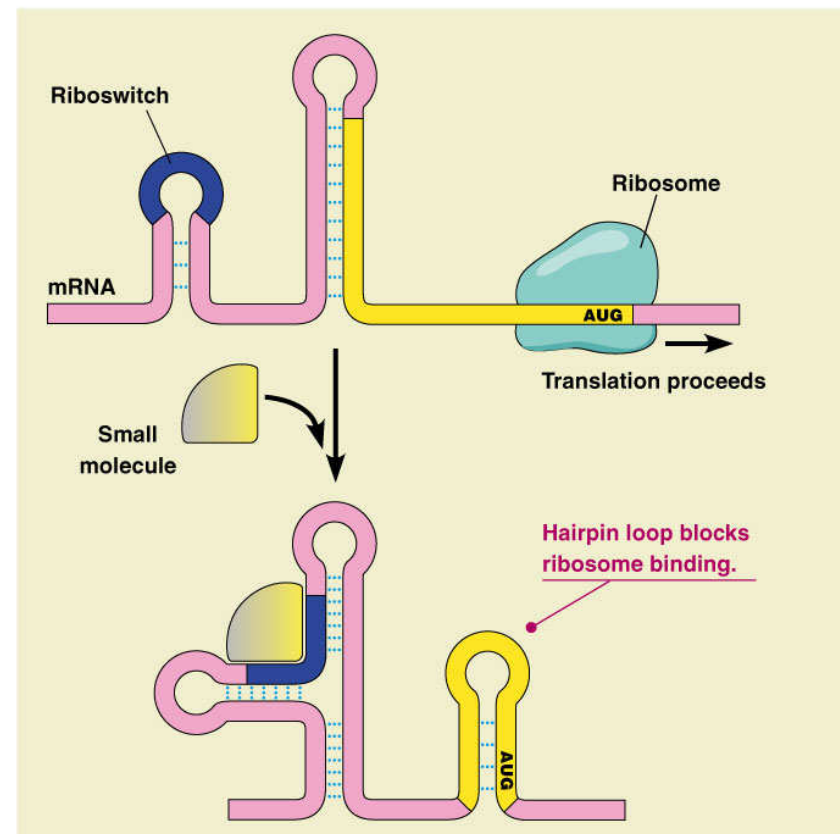
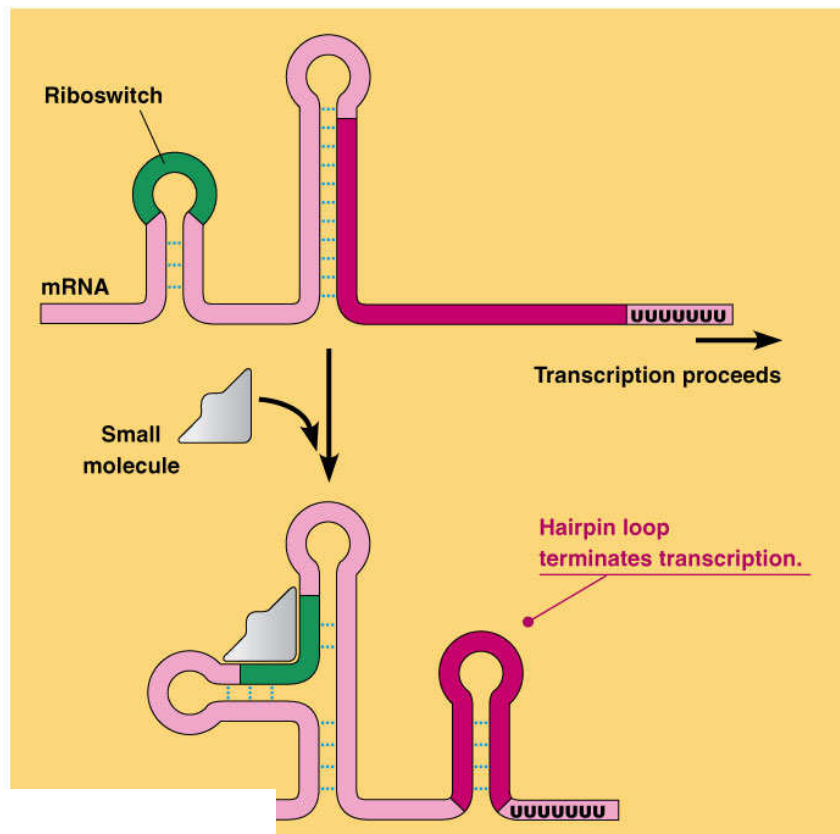


## Mechanismus působení sekvence riboswitch na mRNA

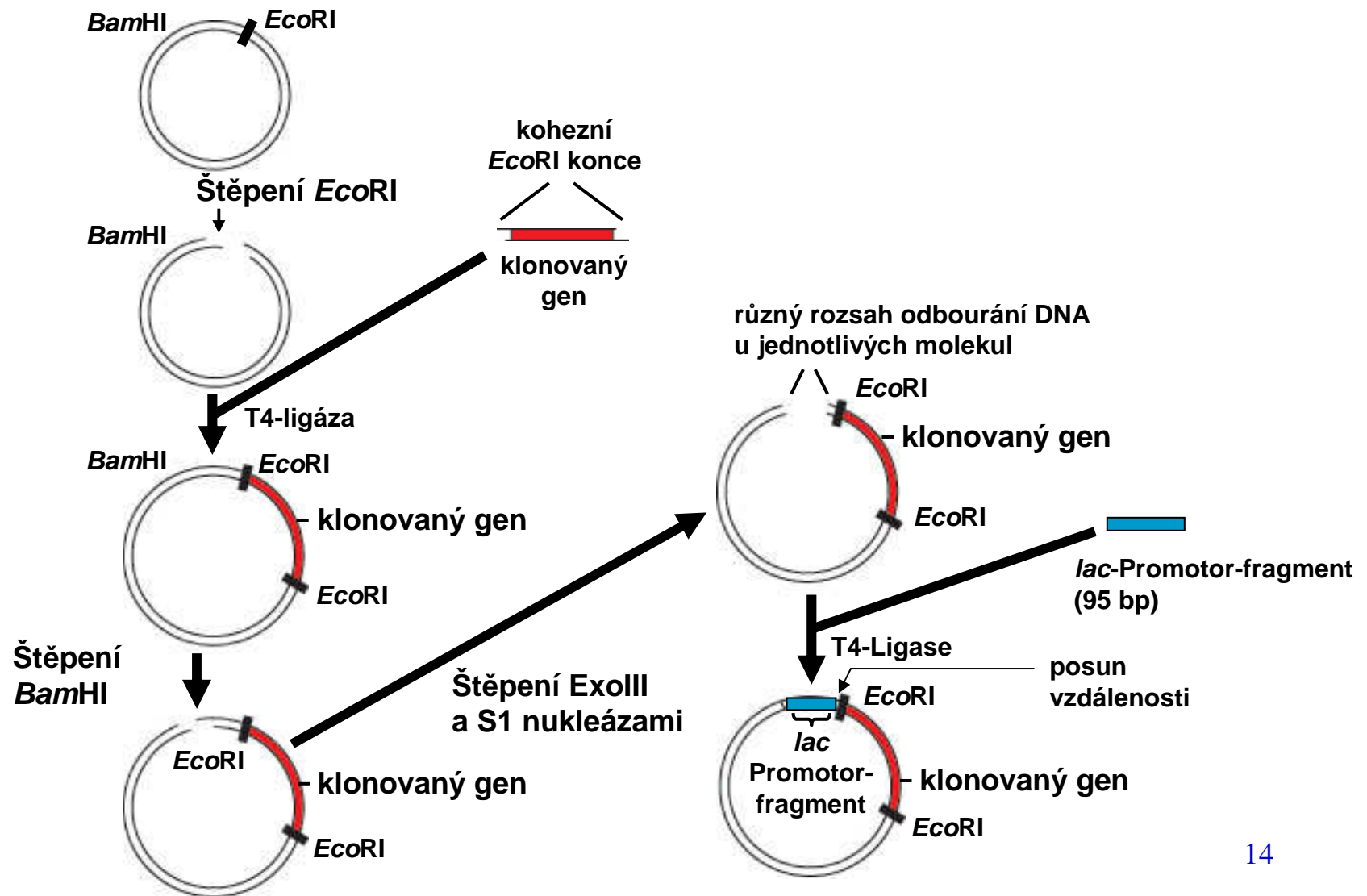
Riboswitch je regulační segment mRNA, který váže malou molekulu, což mění strukturu této mRNA a ovlivňuje transkripci (1) nebo translaci (2)

a) Terminace transkripce. Vazba malé molekuly na riboswitch ve vedoucí sekvenci mRNA navodí vytvoření vlásečkové smyčky, která ukončí transkripci.

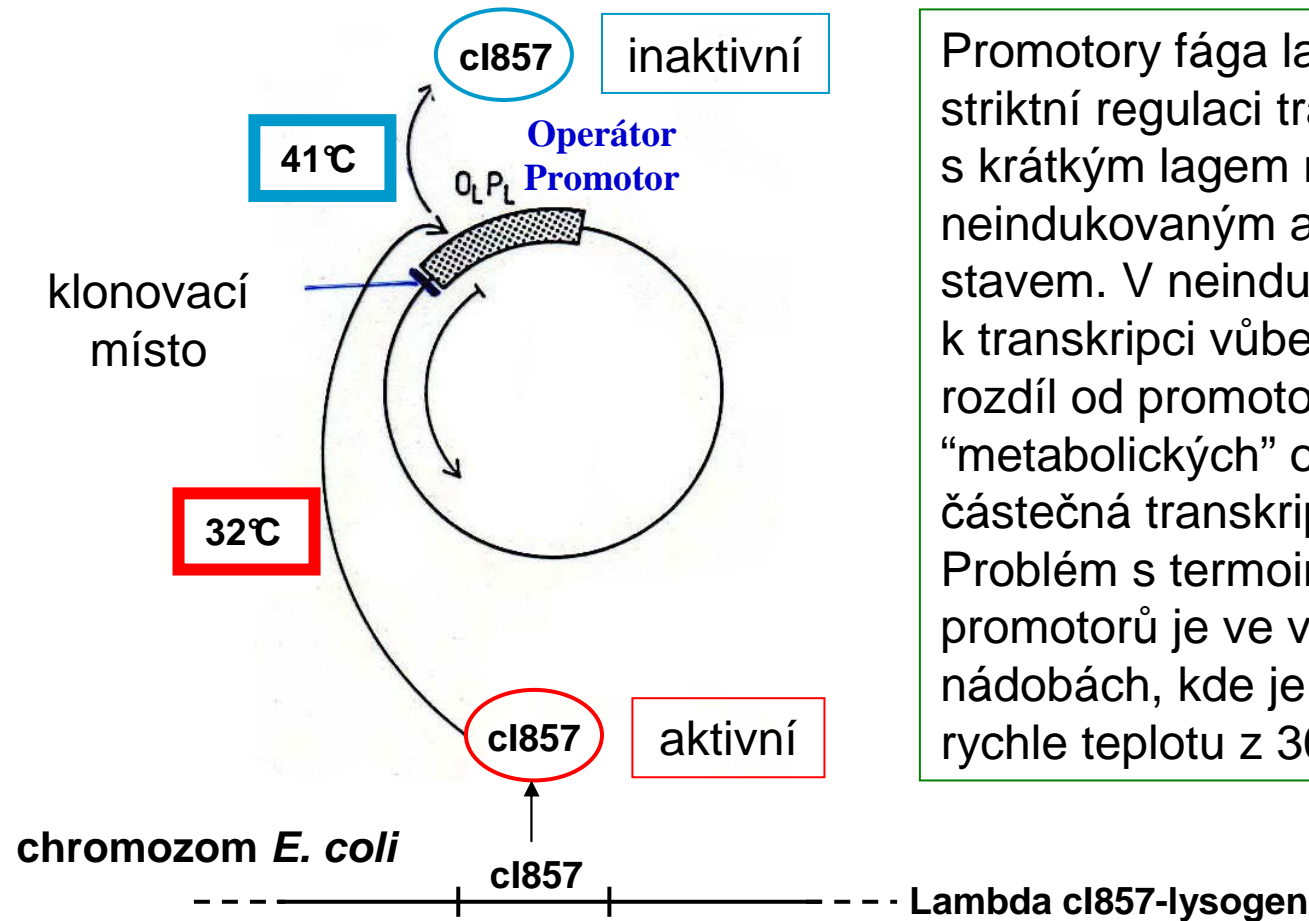
b) Iniciací translace. Vazba malé molekuly na riboswitch navodí vytvoření vlásečkové smyčky, v níž se nachází RBS. Ribozom se nenaváže a translace nezačne.



# Posun vzdálenosti mezi promotorem a klonovaným genem



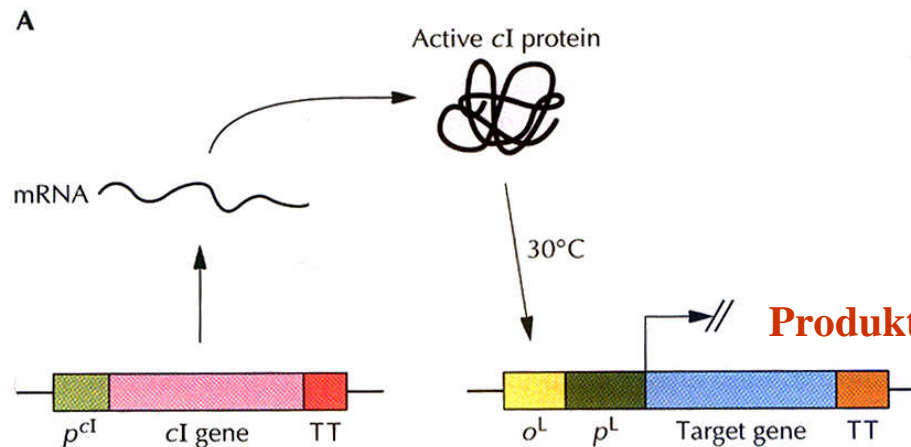
# Použití teplotně senzitivního represoru cI857 pro regulaci promotoru P<sub>L</sub> fága λ



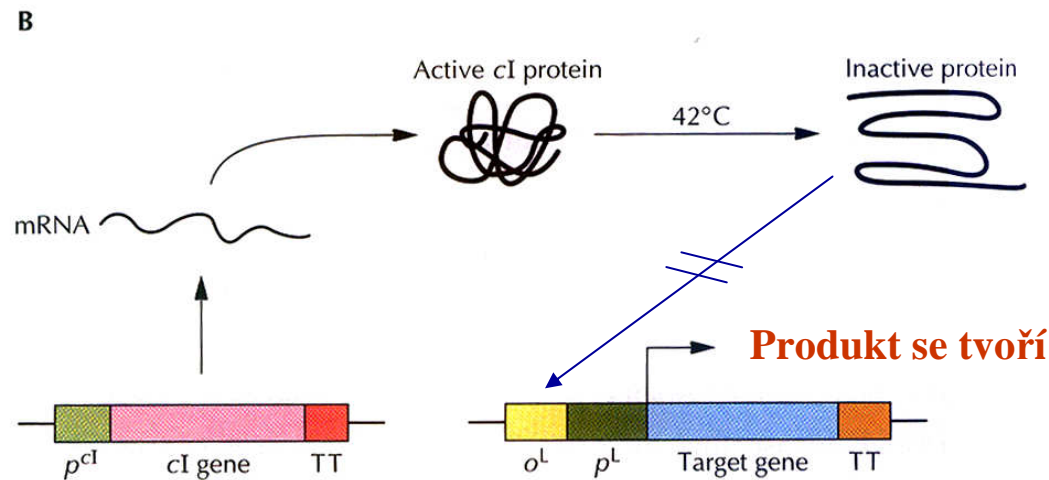
Promotory fága lambda vykazují striktní regulaci transkripce s krátkým lagem mezi neindukovaným a indukovaným stavem. V neindukovaném stavu k transkripci vůbec nedochází, na rozdíl od promotorů “metabolických” operonů, kdy částečná transkripce probíhá stále. Problém s termoindukcí u ts promotorů je ve velkokapacitních nádobách, kde je obtížné zvýšit rychle teplotu z 30 na 41°C.

Při 32°C se termolabilní represor cI857 kódovaný genem cI na chromozomu váže na operátor O<sub>L</sub> na plazmidu a zabraňuje transkripci z promotoru P<sub>L</sub>. Zvýšením teploty na 41°C je represor inaktivován, uvolní se z operátoru a transkripce klonovaného genu probíhá.

# Regulace genové exprese promotorem pL fága λ



Při 30°C se ts-represor cI, který je konstitutivně syntetizován pod kontrolou vlastního promotoru  $p^{cI}$ , váže na operátor  $o^L$  promotoru  $p^L$  a tím zabraňuje expresi cílového genu



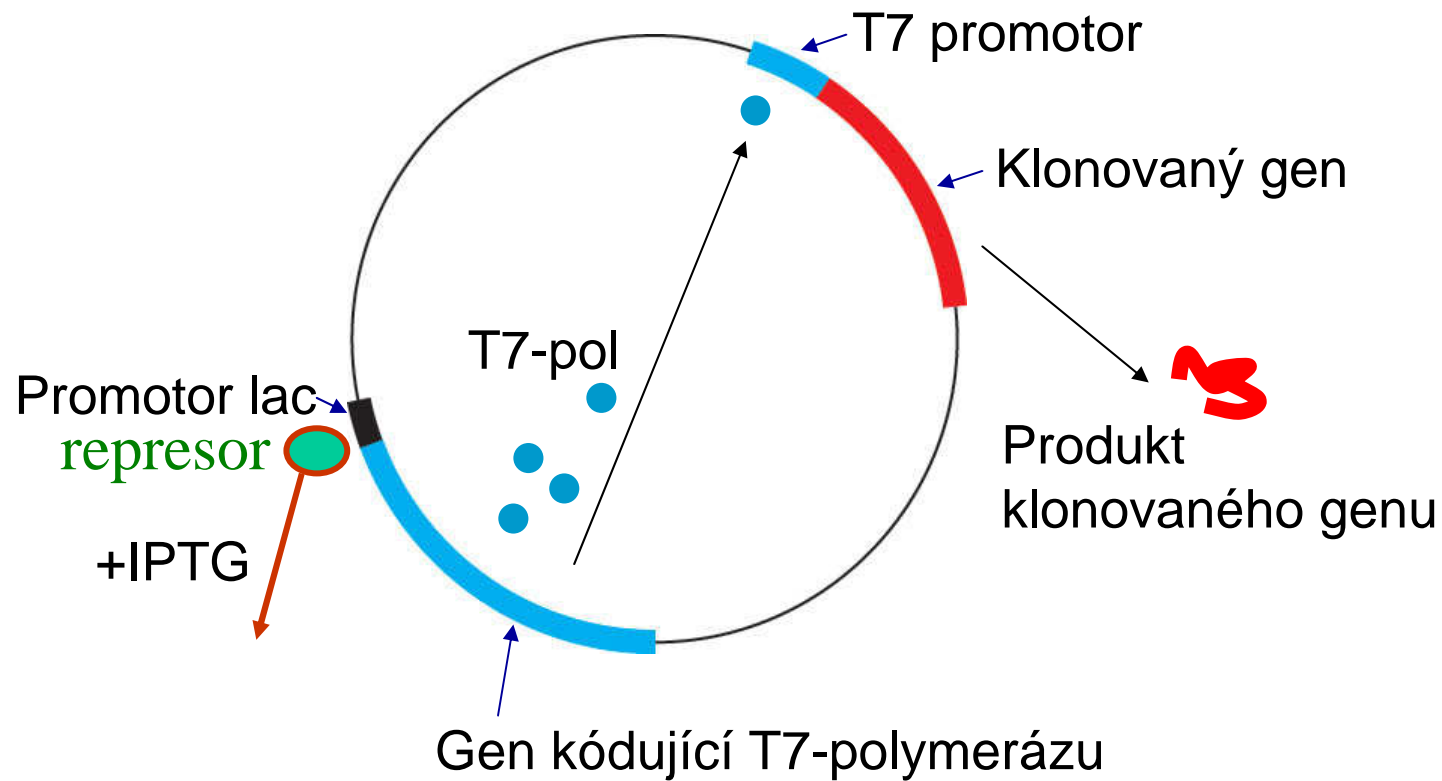
**cI857**

Při 42°C je ts represor cI inaktivován a dochází k transkripci cílového genu

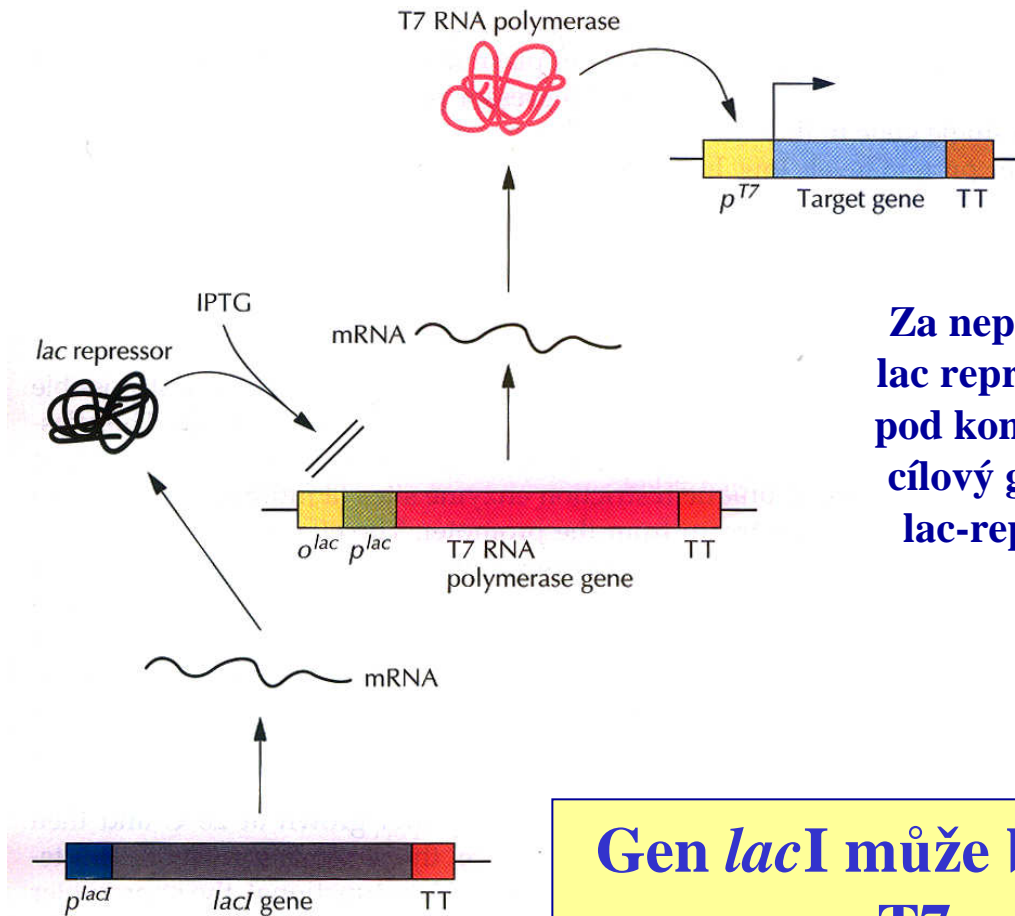


# Expresní vektory obsahující T7-promotor

RNA-polymeráza T7 rozpoznává pouze promotory genů fága T7



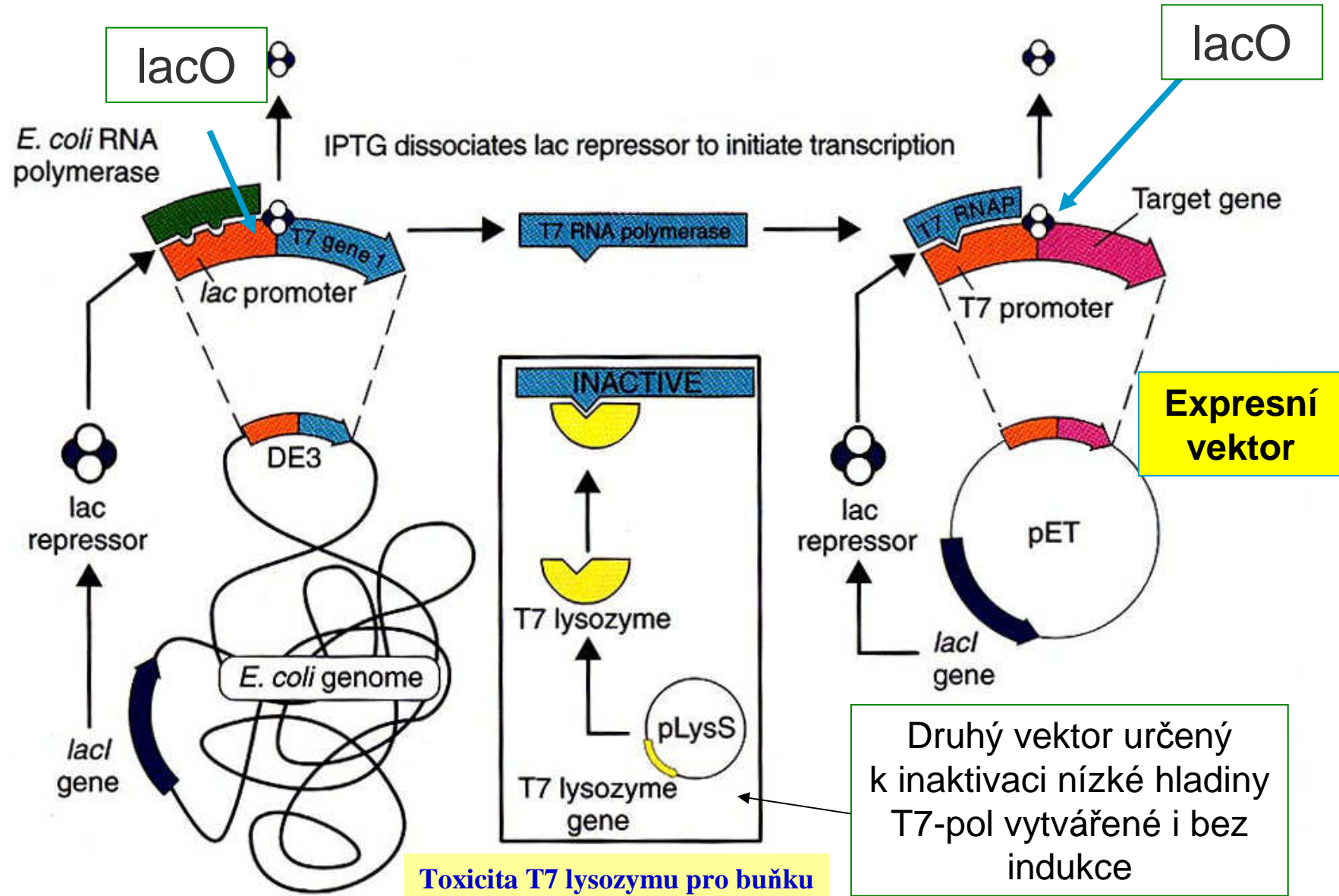
# Regulace genové exprese cílového genu kontrolovaná promotorem pT7 fága T7



Za nepřítomnosti induktoru (IPTG) represor lac reprimuje syntézu T7-polymerázy, která je pod kontrolou lac promotoru a lac operátoru a cílový gen se nepřepisuje. Po přidání IPTG je lac-represor inaktivován, T7-polymeráza se tvoří a je přepisován cílový gen

Gen *lacI* může být na jiném vektoru než gen pro T7-polymerázu a cílový gen

# System T7 pro expresi proteinů v E. coli DE3



## Terminátory transkripce používané v expresních vektorech u *E. coli*

- a) terminátory T1 a T2 bakteriofága lambda
- b) terminátory T1 a T2 z operonu *rrnB* rRNA *E. coli*  
*používají se v tandemu*

**Účinná terminace transkripce je esenciální pro  
dosažení vysoké hladiny exprese:**

- zvyšuje stabilitu mRNA,
- zvyšuje hladinu akumulovaných proteinů.

**Silné terminátory se zařazují rovněž před inducibilní  
promotory, aby zabránily transkripci z promotorů  
lokalizovaných před klonovaným genem („read-through“)**

# Stabilita mRNA

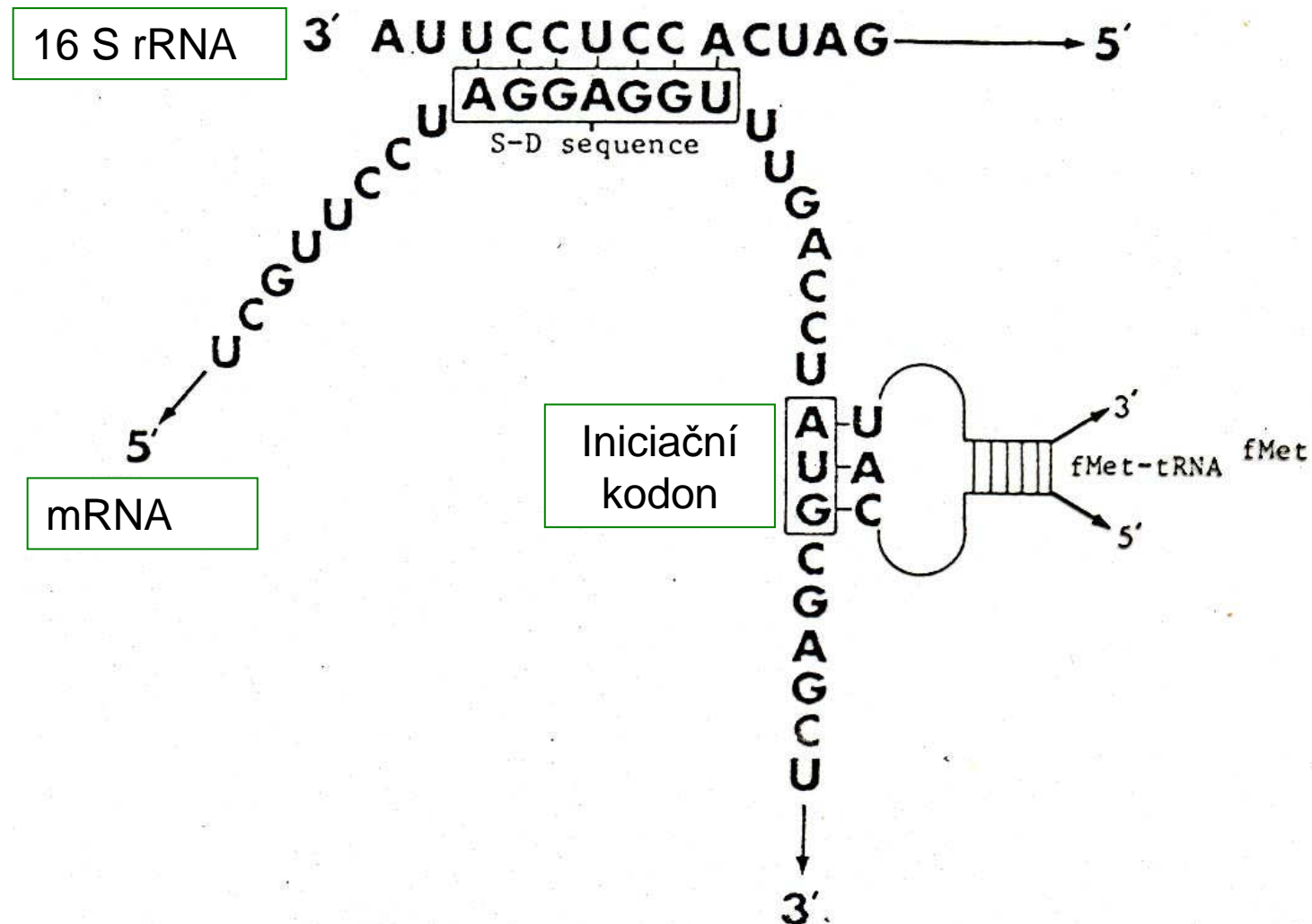
- Rychlost syntézy proteinu závisí na množství mRNA v buňce
- Existuje rovnováha mezi syntézou a rozkladem daného druhu mRNA /turnover/

## Snížení rozkladu mRNA (kombinované působení endonukleázy a 3' exonukleázy)

- u *E. coli* činí poločas rozpadu molekul mRNA 1-2 minuty
- poločas rozpadu mRNA genu 32 bakteriofága T4 je 20 minut a více – za zvýšenou stabilitu jsou odpovědné specifické sekvence, které se nacházejí před iniciačním kodonem genu 32 – díky této 5' nepřekládané sekvenci mohou být také stabilizovány jiné mRNA molekuly.
- Konstrukce plazmidu s expresní kazetou genu 32, pomocí níž je možné v buňkách *E. coli* syntetizovat velká množství cizích proteinů. Vzniklé hybridní transkripty mají dlouhou životnost. Poločas rozpadu se podle klonované sekvence pohybuje od 4 do 10 minut.

# Zajištění účinné translace

## Interakce mRNA s 16S rRNA při iniciaci translace



**Kromě iniciačního kodonu AUG existují v RBS ještě tři další oblasti, jejichž sekvence jsou více či méně konzervovány:**

1. Shine-Dalgarnova sekvence, v níž se obvykle vyskytuje sekvence 5'UAAGGAGGU 3'.
2. U mRNA (alespoň polycistronické) jsou součástí RBS jeden nebo více terminačních kodonů.
3. U genů, které jsou silně exprimovány (např. geny pro fágové kapsidy nebo ribozomální proteiny), se v RBS nachází sekvence **PuPuUUUPuPu** (nebo sekvence jí podobná). Bývá označována též jako **RRUUURR** sekvence. Může se vyskytovat vedle SD-sequence nebo místo ní. Ukazuje se, že přítomnost této sekvence je nezbytná pro translaci eukaryotických genů v *E. coli*, jak bylo zjištěno při expresi malého T antigenu SV40.

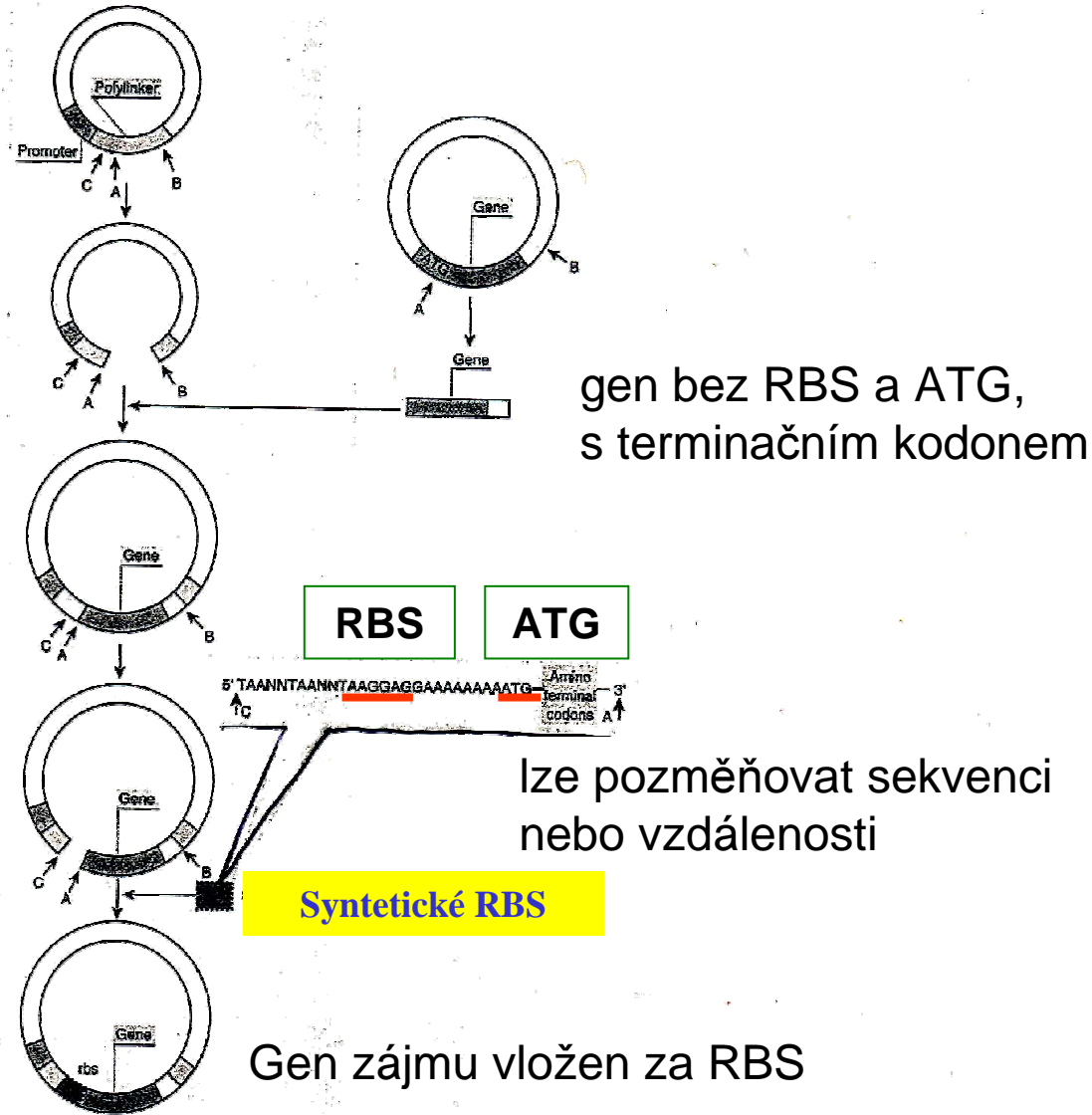
# Synteticky připravené ribozomové vazebné místo

1. S-D sekvence —
2. RRUUURR (GGTTTAA) —
3. Terminační kodon TAA —

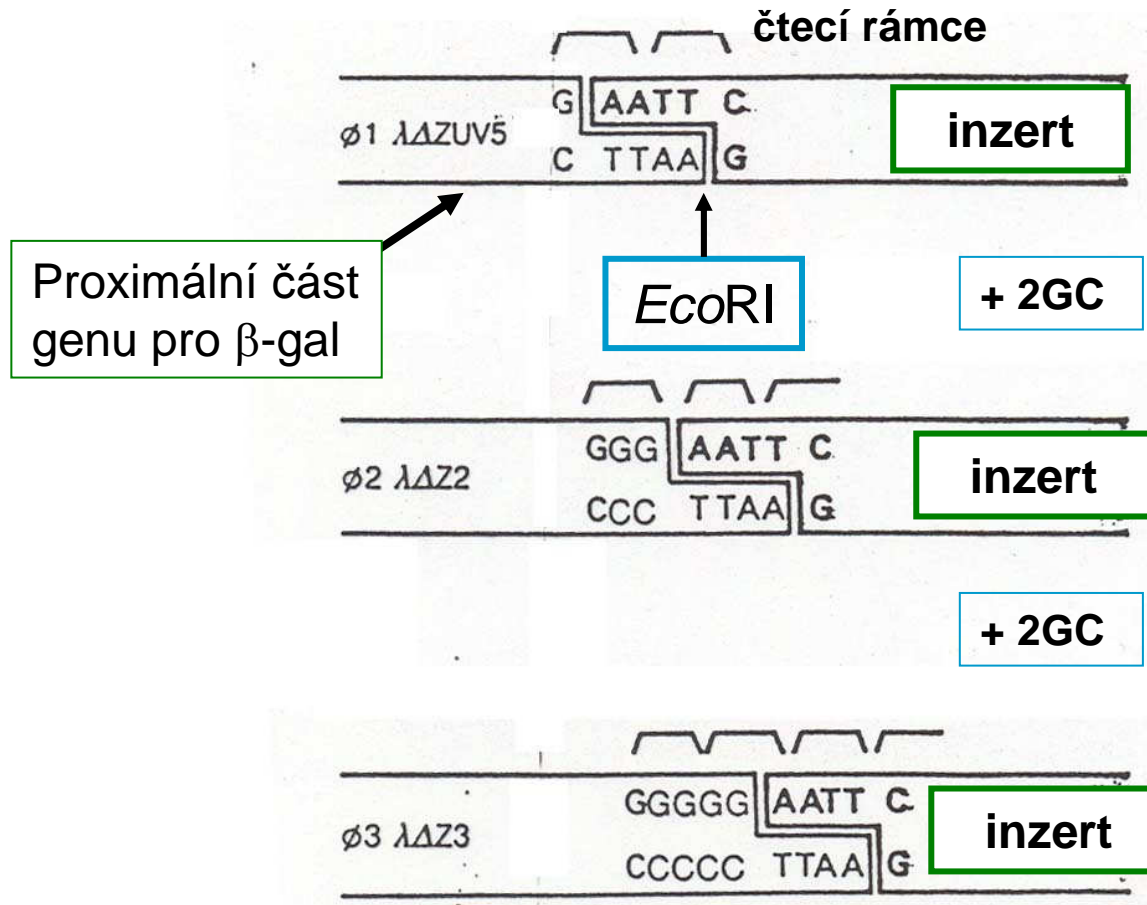




# Zajištění účinné translace použitím optimalizované RBS

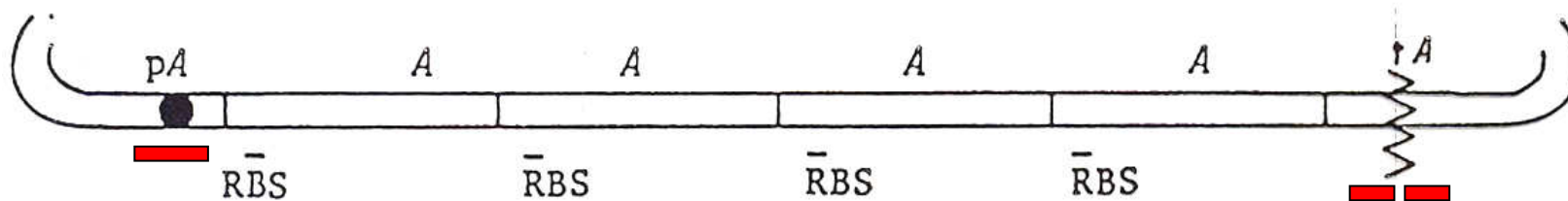


## Různé čtecí rámce vzhledem k iniciaci translace genů lacZ u tří různých vektorů



V devátém kodonu genu pro β-galaktosidázu je jedinečné místo pro *EcoRI*. Čtecí rámec, který tímto *EcoRI* místem začíná, byl označen jako Φ 1. Byly připraveny λZ vektory se zabudovaným fragmentem v čtecích rámcích Φ 2 a Φ 3 připojením 2GC.

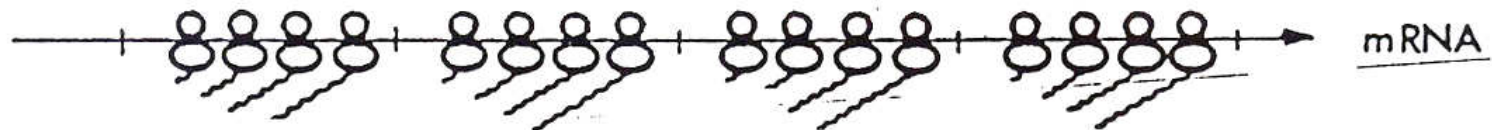
# Zvýšení genové exprese konstrukcí homopolycistronické sekvence



jeden promotor  
jeden terminátor  
více kopií genu A

Transcription

Transcription  
from multiple RBSs



# Srovnání využívání kodonů silně a slabě exprimovaných genů u *E. coli*

	U	C	A	G					
	silně/slabě		silně/slabě		silně/slabě		silně/slabě		
U	Phe	39 151	Ser	93 36	Tyr	34 96	Cys	13 34	U
		113 102		87 49		98 65		23 39	
C	Leu	12 71	Pro	21 29	His	19 95	Arg	223 99	U
		16 64		2 46		75 59		101 133	
A	Ile	→ 3 22	Thr	26 45	Gln	38 90	Ser	→ 3 27	A
		345 294		162 101		189 166		→ 1 42	
G	Met	67 156	Ala	103 46	Asn	13 101	Arg	10 56	U
		262 118		137 119		159 98		49 61	
G	Val	→ 2 27	Glu	15 32	Lys	259 163	Gly	→ 3 28	A
		140 130		28 76		106 44		→ 1 17	
G	Val	192 108	Asp	173 87	Glu	116 183	Gly	226 124	U
		41 66		48 178		204 106		333 210	
G	Val	119 48	Glu	119 107	Glu	106 98	Gly	→ 4 42	A
		83 123		129 149		106 98		→ 14 66	

Silně exprimované geny představuje 24 druhů mRNA s celkovým počtem 5253 kodonů. Mezi tyto geny patří gen pro RNA-polymerázu, geny pro dvanáct ribozomových proteinů, několik proteinů vnější membrány a geny pro elongační translační faktory.

Slabě exprimované geny představuje 18 druhů mRNA s 5231 kodony. Patří sem několik represorových genů, gen pro transponázu a  $\beta$ -laktamázu.

Kodony, které jsou čteny jen jedinou tRNA a jejichž výběr je závislý na povaze a síle interakcí mezi kodonem a antikodonem, jsou v rámečku. Šipkami jsou označeny kodony, které jsou používány jen zřídka a mohou se podílet na regulaci genové exprese.

# Řešení problému rozdílného využívání kodonů

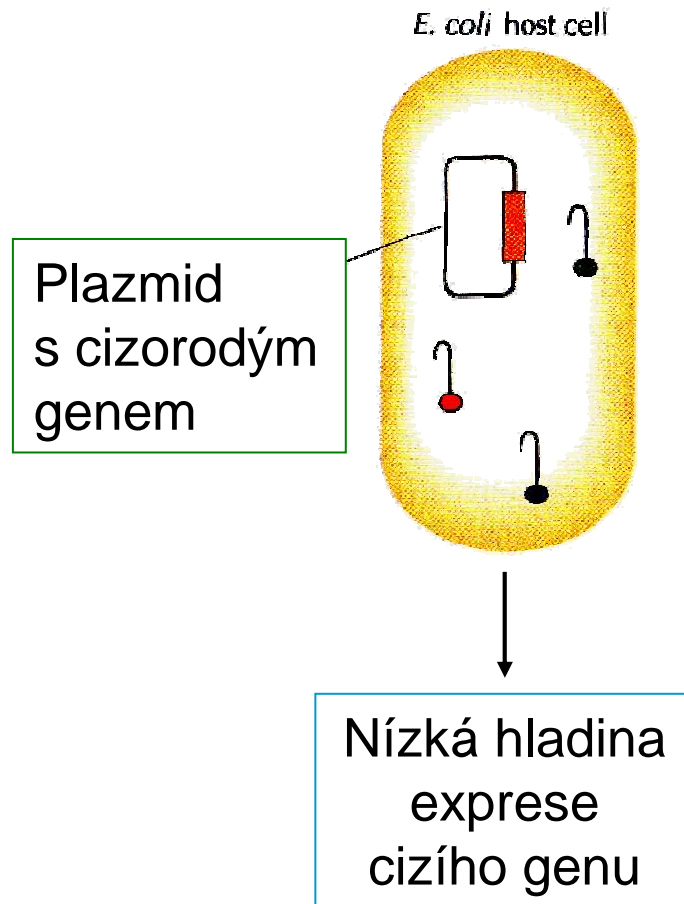
## 1. Koexprese genů pro tRNA pro alternativní kodony

- příprava kmenů s klonovanými geny pro tRNA na samostatných vektorech
- kmen *E. coli* Rosetta má geny pro tyto tRNA na plazmidu, který je kompatibilní s expresním vektorem.

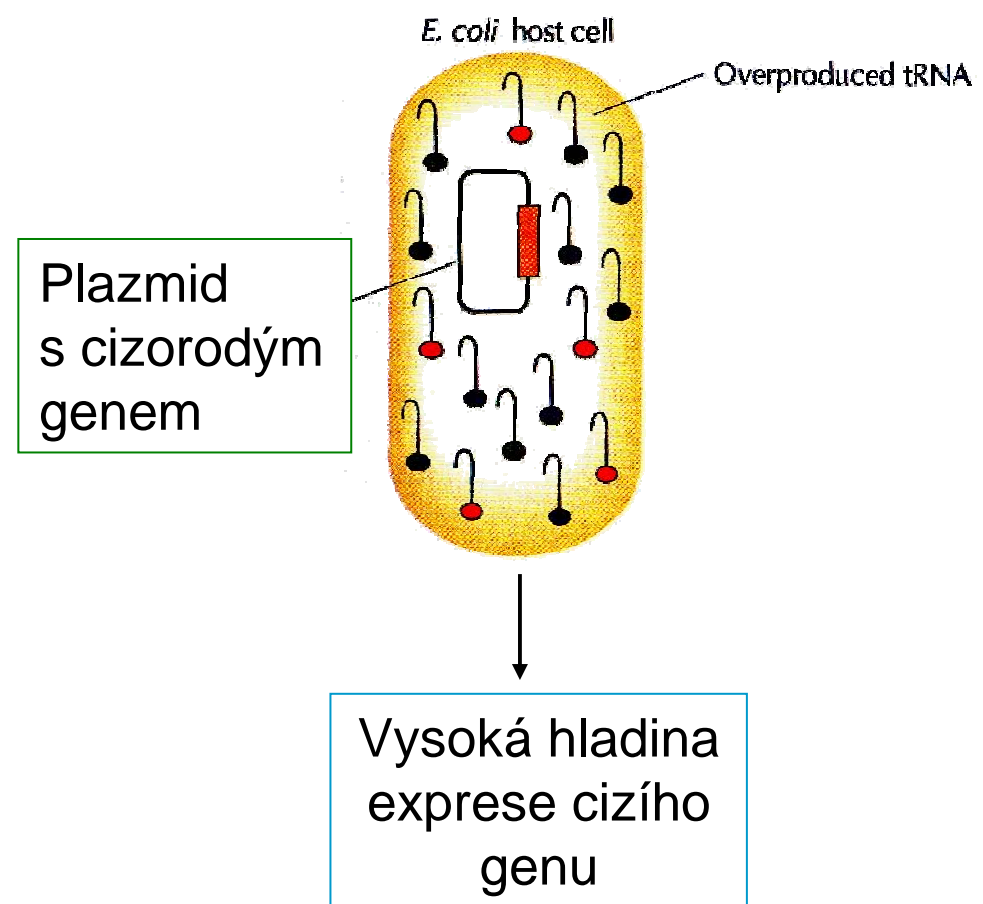
## 2. Změna méně často používaných kodonů mutagenezí *in vitro* za kodony používané častěji (pracnější postup)

# Dosažení vysoké exprese cizorodého genu v kmenech *E. coli* obsahujících geny pro vzácné tRNA

Standardní kmen



Upravený kmen



## Zvýšení stability cizích proteinů v *E. coli*

- **Změna lokalizace** (poločas krysího proinzulinu v *E. coli* je v cytoplazmě 2 min, v periplazmě 10 x vyšší)
- **Tvorba fúzních proteinů** (bakteriální + eukaryotická část =  $\beta$ -galaktozidáza + somatostatin, pak štěpení fúzního proteinu)
- **Exprese v mutantách *E. coli* s nižší aktivitou intracelulárních proteáz** (lon-proteáza – zabraňuje akumulaci denaturovaných nebo jinak pozměněných polypeptidů).
- **Snížení degradace proteinů produktem genu *pin* fága T4 (protease inhibition)** – stabilizace eukaryotických proteinů (interferon)

# Zvýšení stability proteinů změnou sekvence jeho aminokyselin

Stabilita  $\beta$ -galaktozidázy po přidání aminokyselin k jejímu N-konci

Přidané aminokyseliny	Poločas
Met, Ser, Ala	>20 h
Thr, Val, Gly	>20 h
Ile, Glu	>30 min
Tyr, Gln	~10 min
Pro	~7 min
Phe, Leu, Asp, Lys	~3 min
Arg	~2 min

**PEST = aminokyseliny (prolin P, glutamová kys. E, serin S, treonin T), jejichž přítomnost v určitých vnitřních oblastech proteinu zvyšuje jeho citlivost k proteolytické degradaci**

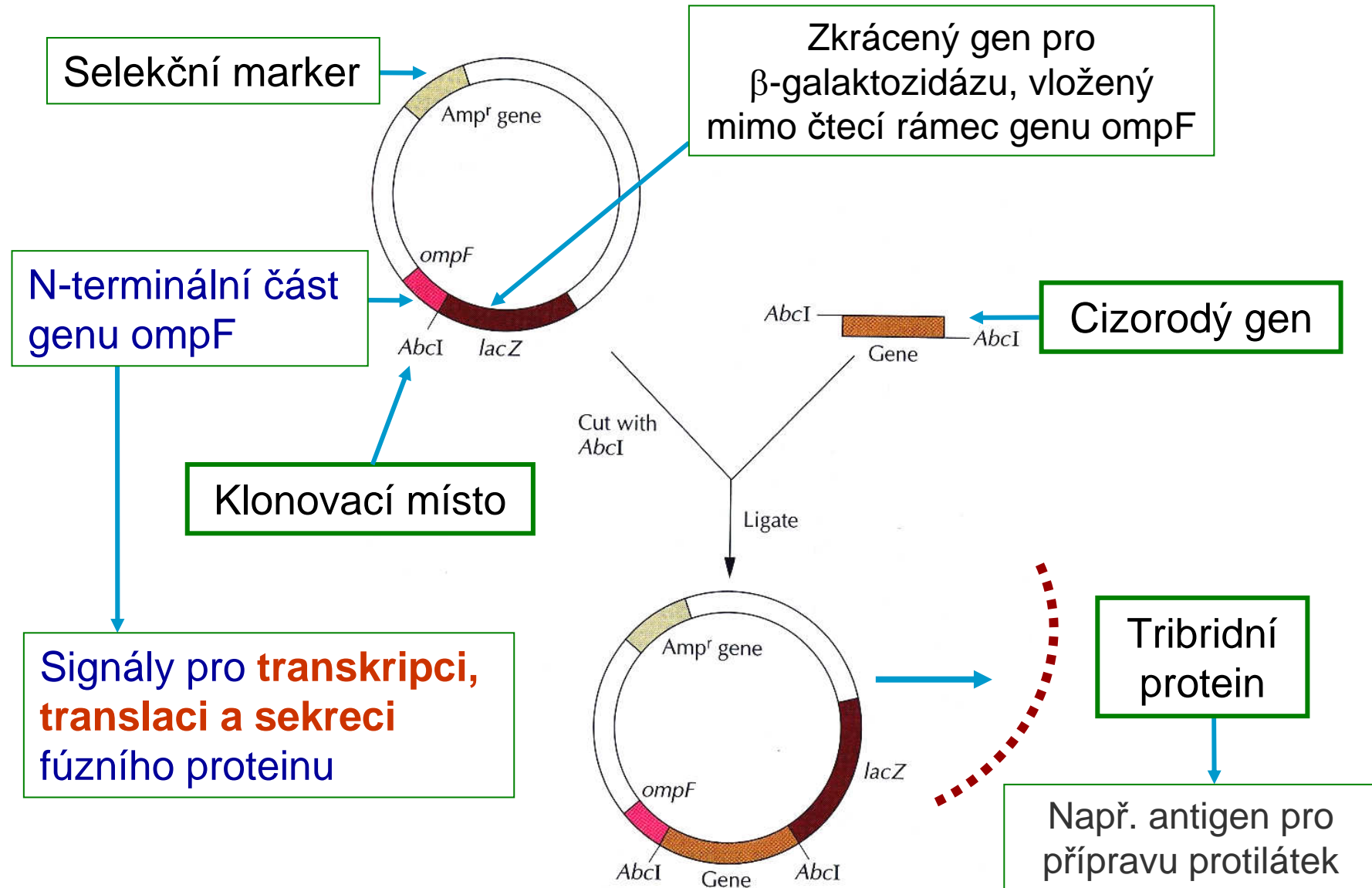


# Vytváření fúzních proteinů

**Fúzní protein: produkt vytvořený po spojení dvou nebo více genů/sekvencí:**

- 1. Přirozený gen hostitelského organismu = stabilizující partner (cizí proteiny jsou v heterologních systémech často nestabilní)**
- 2. Cizorodý gen (gen zájmu )**
- 3. +/- spojovací sekvence (oligonukleotidový linker), kódující krátké úseky aminokyselin rozpoznávané **nebakteriálními** proteázami**
  - umožňují dodatečné odštěpení cílového produktu z fúzního proteinu
  - používají se k purifikaci rekombinantních proteinů

# Klonovací vektor pro přípravu fúzních proteinů

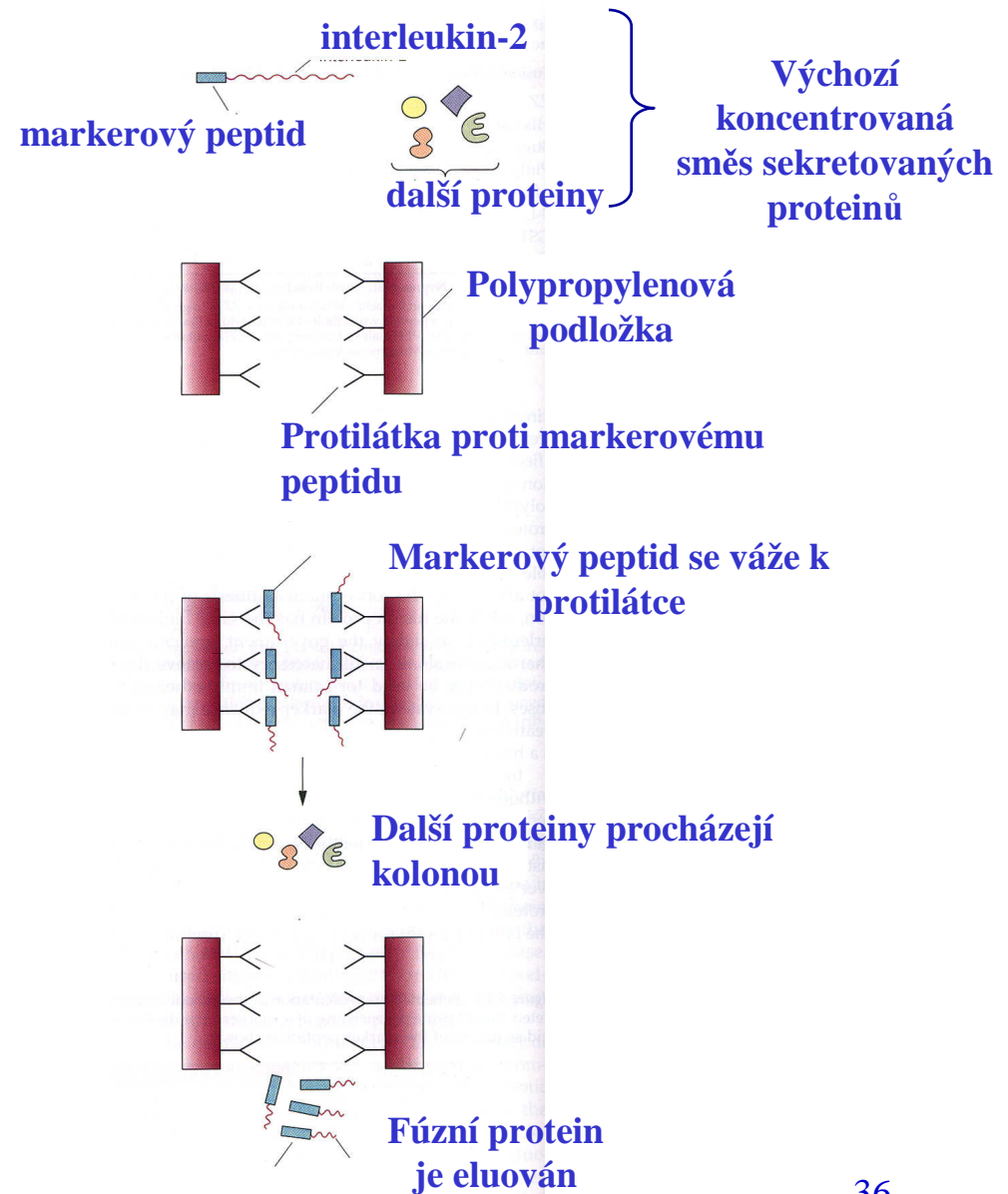


## Některé fúzní systémy používané k purifikaci cizorodých proteinů vytvářených v *E. coli*

Fúzní partner	Velikost	Ligand	Podmínky eluce
ZZ	14 kDa	IgG	Low pH
His tail (tag)	6-10 aa	Ni <sup>2+</sup>	Imidazole
Strep-tag	10 aa	Streptavidin	Iminobiotin
PinPoint	13 kDa	Streptavidin	Biotin
MBP	40 kDa	Amylose	Maltose
β-Lactamase	27 kDa	Phenyl-boronate	Borate
GST	25 kDa	Glutathione	Reducing agent
Flag	8 aa	Specific MAb	Low calcium

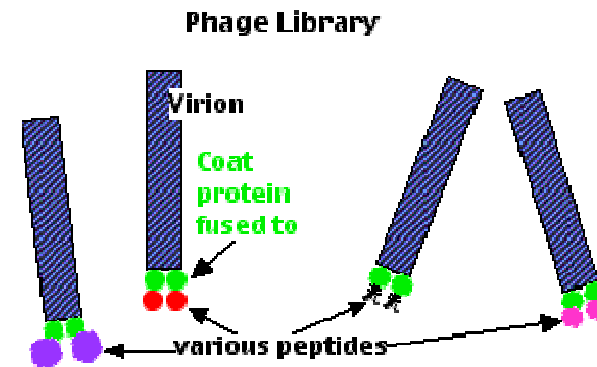
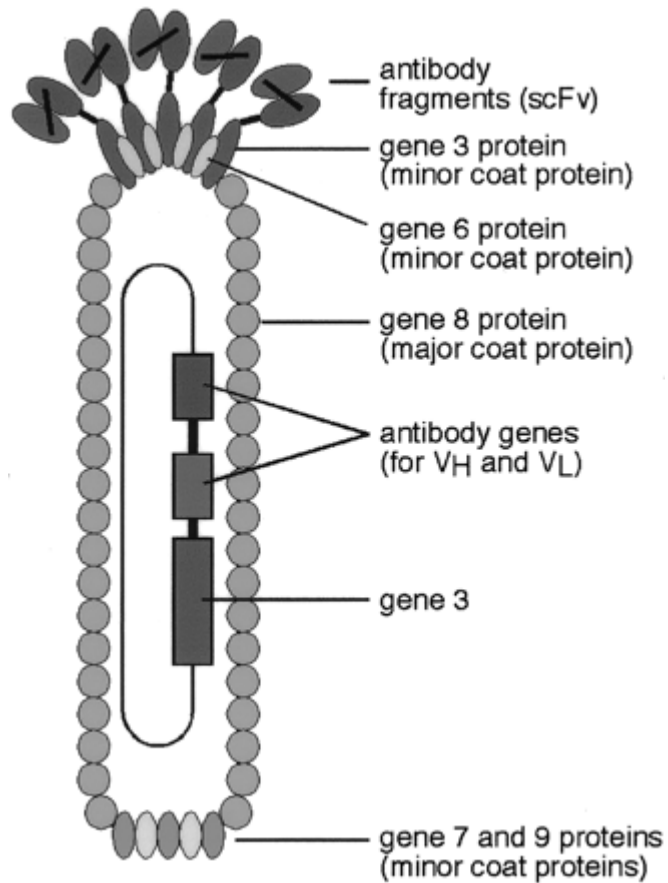
**ZZ** = fragment proteinu A (*S. aureus*); **His** = histidin; **Strep-tag** = peptid s afinitou ke streptavidinu; **PinPoint** = fragment proteinu biotinylovaný *in vivo* v *E. coli*; **MBP** = protein vázající maltózu; **GST** = glutathion S-transferáza; **Flag** = peptid rozpoznávaný enterokinázou; **Mab** = monoklonální protilátka.

# Purifikace fúzních proteinů imunoafinitní chromatografií



# Fágový displej

## Vystavení proteinů/peptidů na povrchu bakteriofága



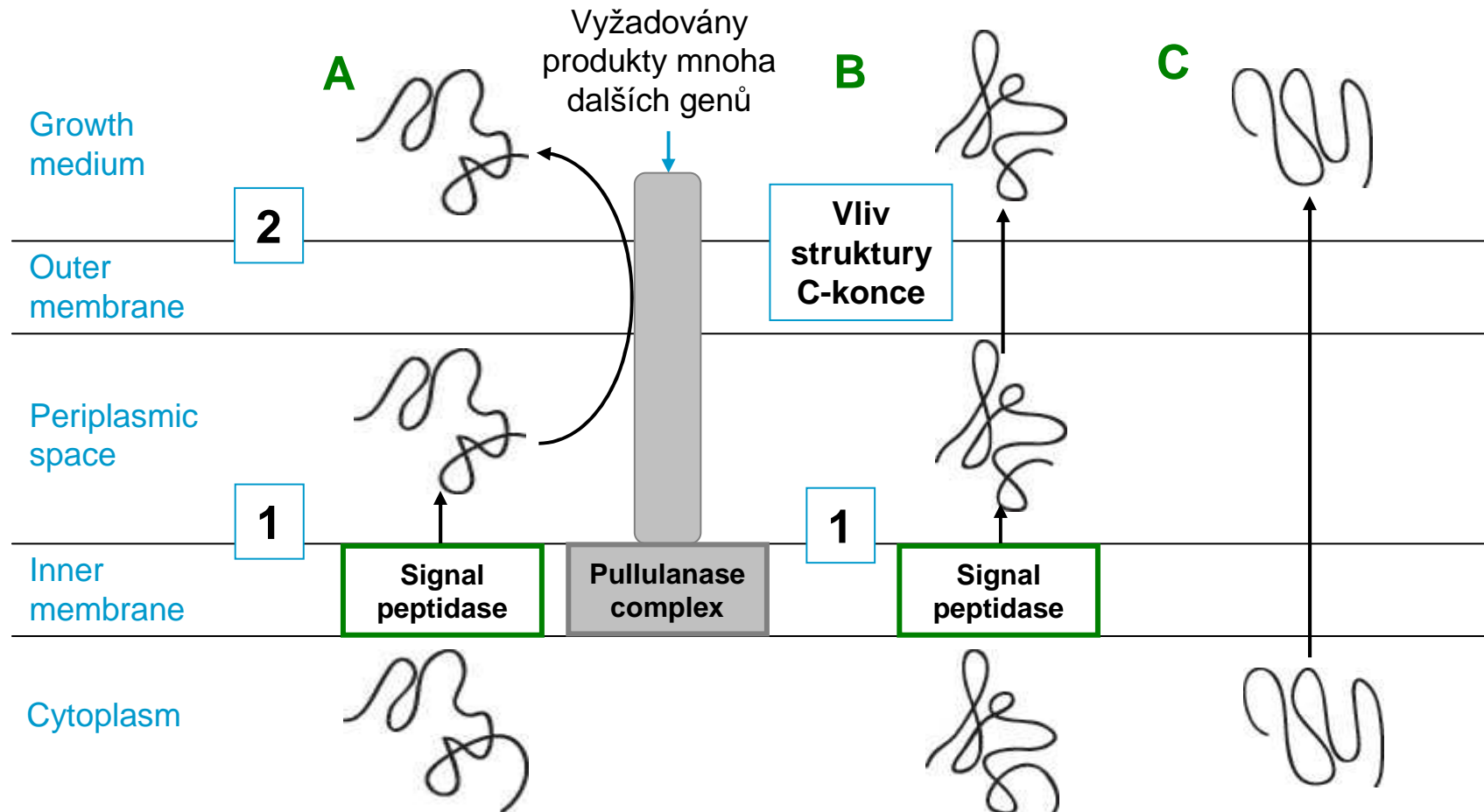
# Proteolytické štěpení fúzního proteinu krevním koagulačním faktorem Xa





**Fig. 7-79.** Thin sections of *E. coli* bacteria showing granules of  $\beta$ -galactosidase/proinsulin fusion peptides (fixed in formaldehyde/glutaraldehyde according to Karnofsky; embedded in Epon; stained with uranylacetate/lead hydroxide; 38 000:1; Courtesy of Dr. W. Wetekam, Hoechst AG).

# Tři možné způsoby transportu sekretovaných proteinů



- A. obecná exportní dráha (general export pathway, GEP) – SP + Sec proteiny (chaperony)
- B. dráha IgA-proteázy (SP + C-konec proteinu)
- C. dráha nezávislá na SP – vyžaduje ABC-transportery (ATP-dependentní transportní proteiny)



# Příklady signálních sekvencí různých proteinů

Konec ss

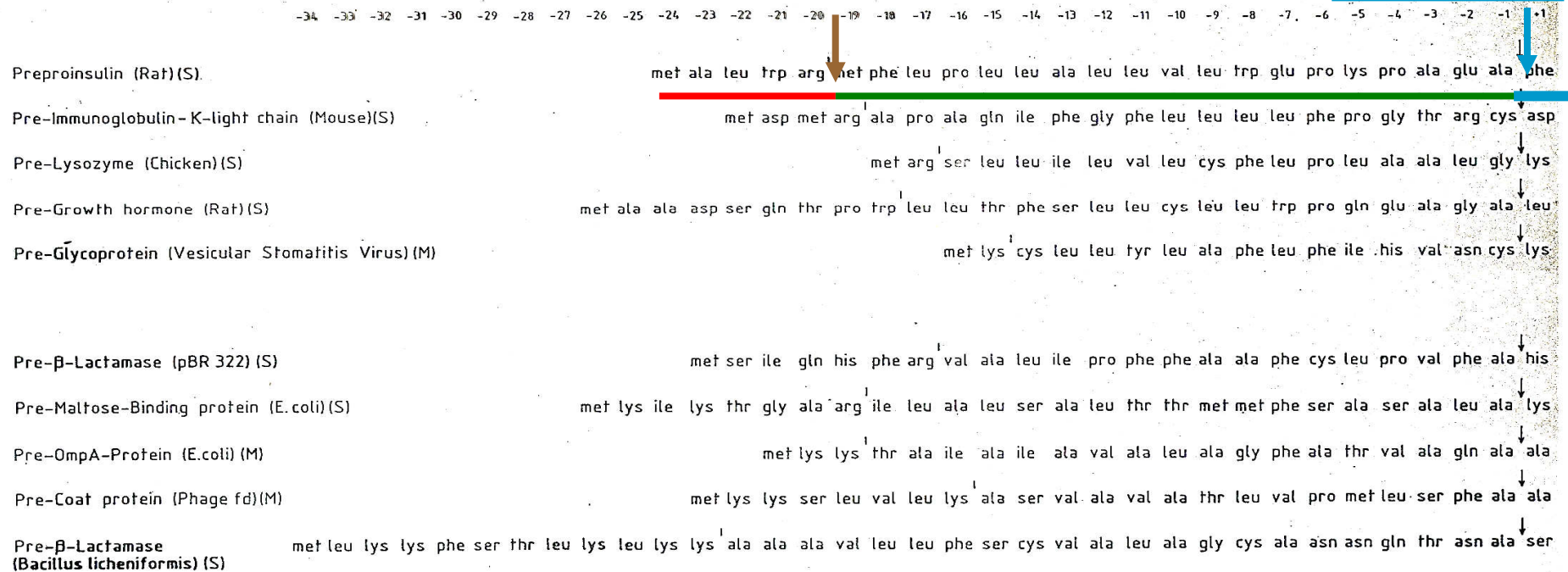
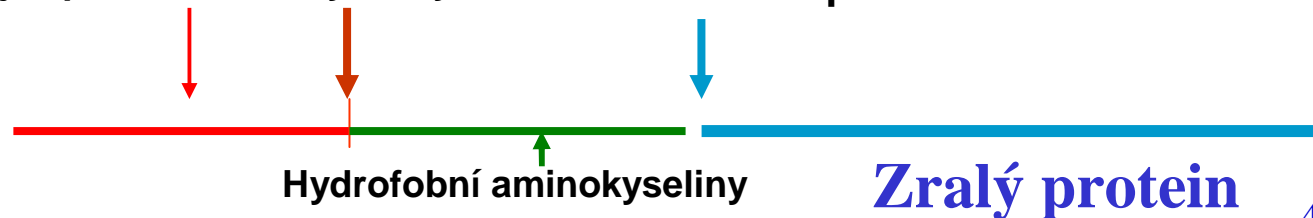


Fig. 7-78. Amino acid sequences of N-terminal signal sequences of various precursors for membrane proteins (M), and a variety of secretory proteins (S).

The vertical line indicates the transition from hydrophilic to hydrophobic regions within the signal sequences, the arrow the start of the mature proteins.

N-konec obsahující polární aminokyseliny

Místo štěpení SP



# Instabilita vektorů

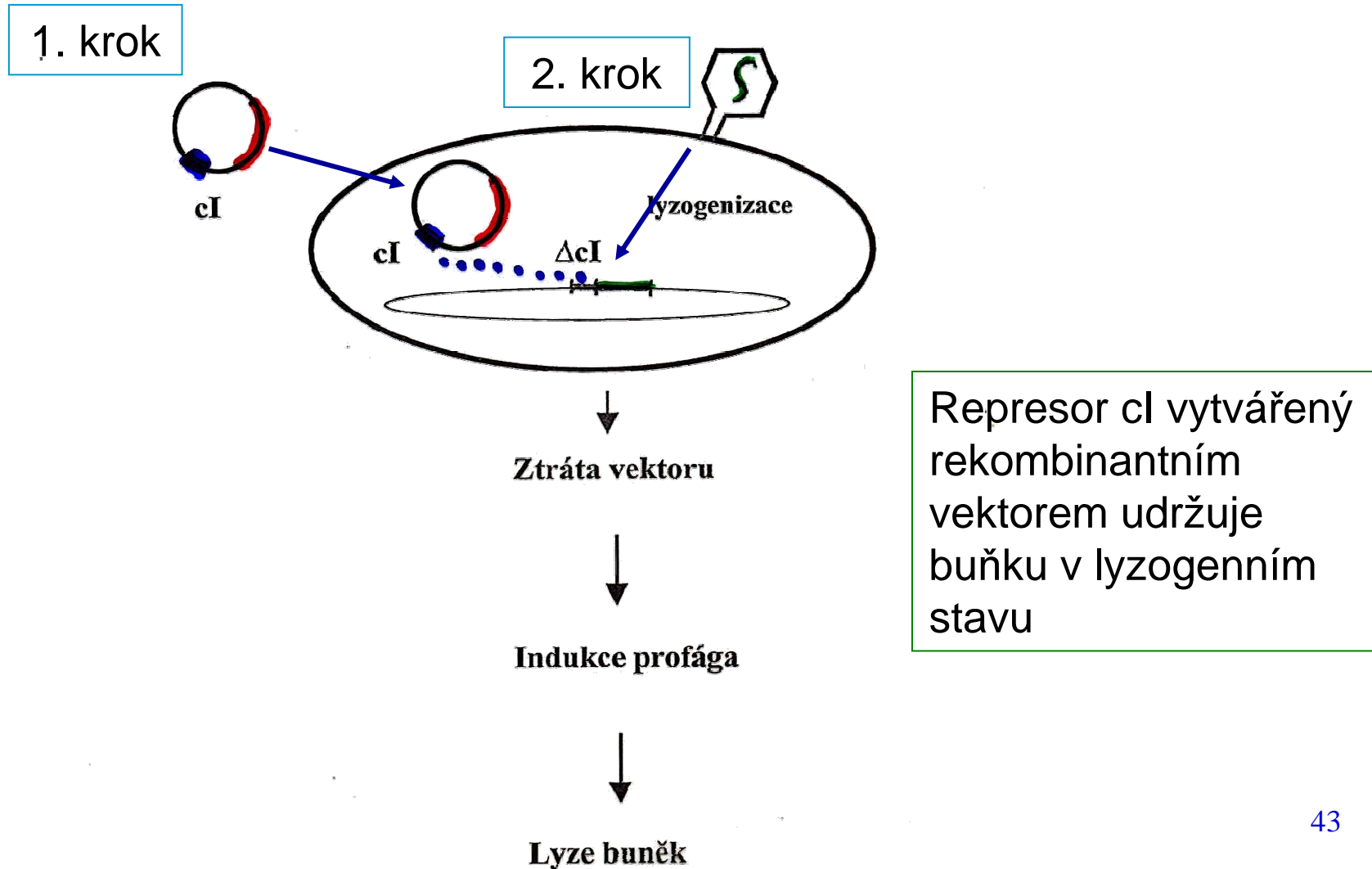
1. **Segregační instabilita:** Ztráta plazmidu, ke které může dojít při dělení buněk v důsledku:

- **chybění funkce par** (partitioning) u některých vektorů (pBR322), která zaručuje rovnoměrné dělení kopií do dceřinných buněk. Problém lze řešit selekcí antibiotiky, nebo lze oblast **par** klonovat, např. z pSC101 do pBR322 a tím plazmidy stabilizovat.
- **vytváření multimerních forem plazmidu** a následné nerovnoměrné předávání kopií do dceřinných buněk. Multimerní plazmidy nevznikají u ColE1, který využívá rekombinační systém **cer xer**, který rozkládá multimery. Toto místo lze klonovat do plazmidů typu pBR322 a eliminovat problémy s multimerizací.

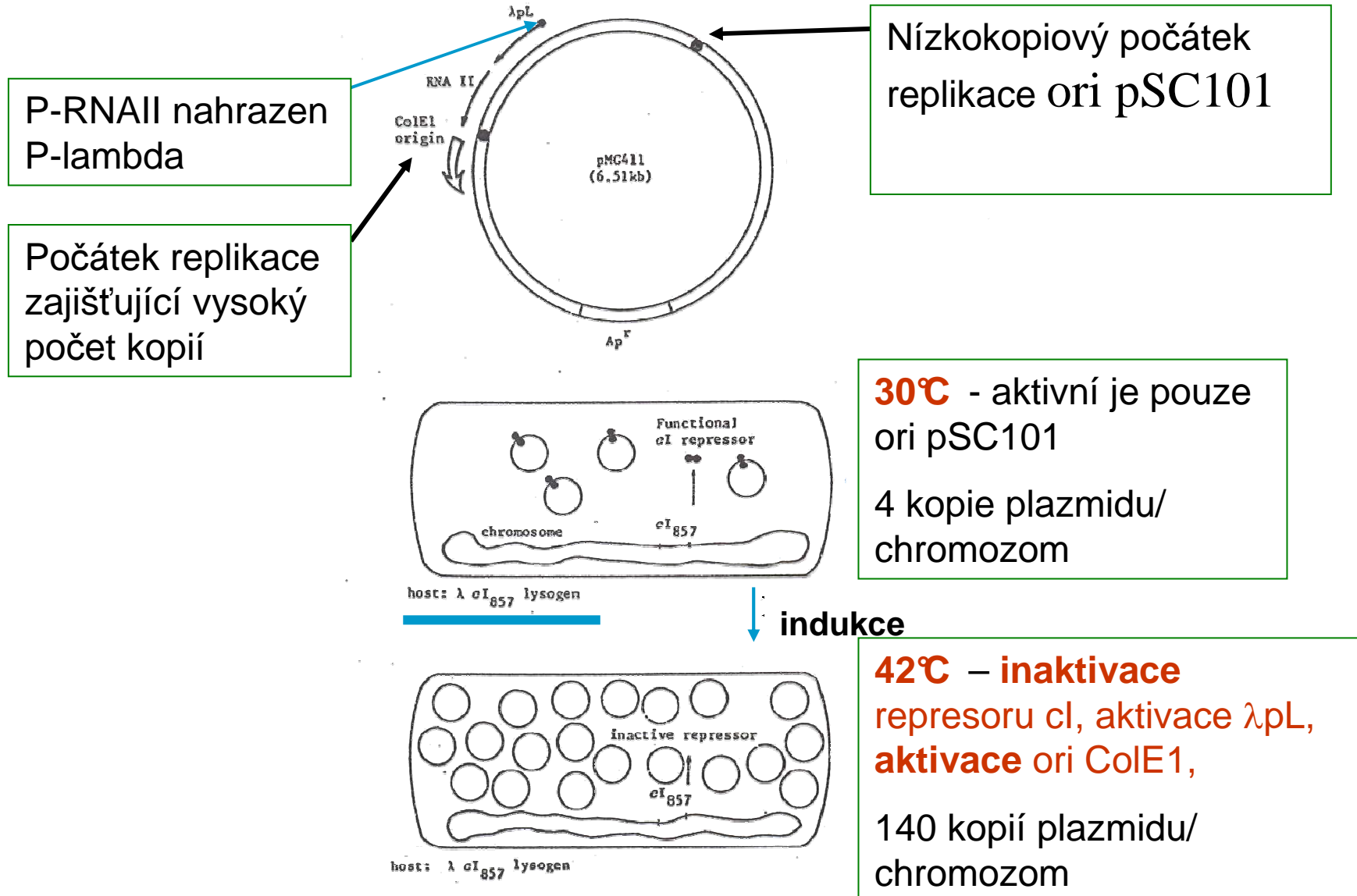
*Možnou strategií pro překonání segregační instability je **eliminace buněk**, které plazmid ztratily (např. použití genu *cl* fága v klonovacím vektoru a využití lyzogenních hostitelů)*

2. **Strukturní instabilita:** Důsledek delecí, inzercí nebo translokací v chromozomech, plazmidech nebo virech (homologní rekombinace a transpozice).

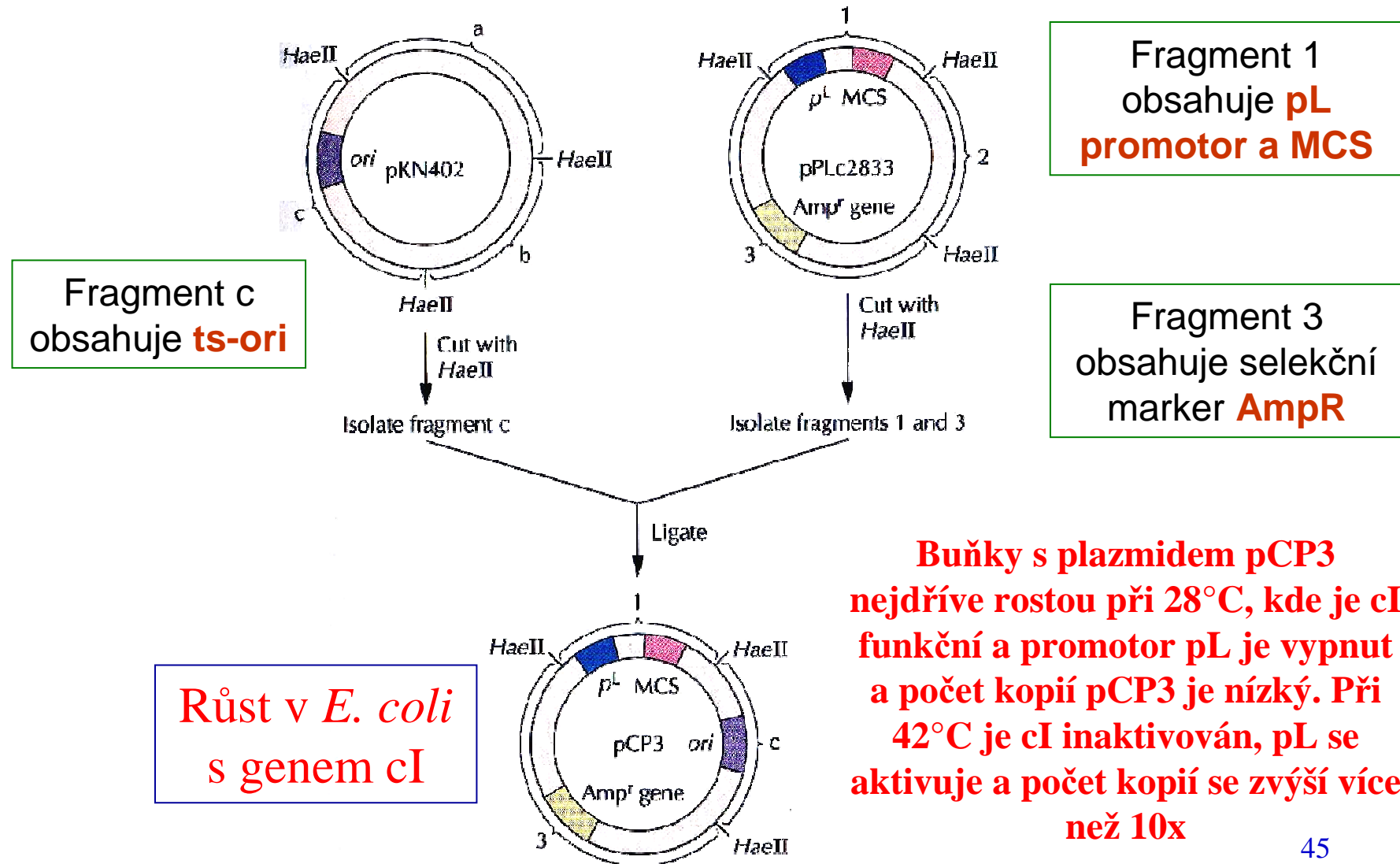
# Překonání segregační instability vektoru eliminací buněk, které vektor ztratily



# Vektory s dvojím počátkem replikace pro regulaci počtu kopií vektoru



# Příprava vektoru s regulovatelným ts-počátkem replikace a s regulovatelným ts-promotorem



## Vliv teploty na počet kopií plazmidů u tří expresních vektorů

Plazmid	Počet kopií plazmidů v buňce		Promotor p <sup>L</sup>
	28°C	42°C	
pKN402	82	512	ne
pPLc2833	38	42	ano
<b>pCP3</b>	<b>60</b>	<b>713</b>	<b>ano</b>

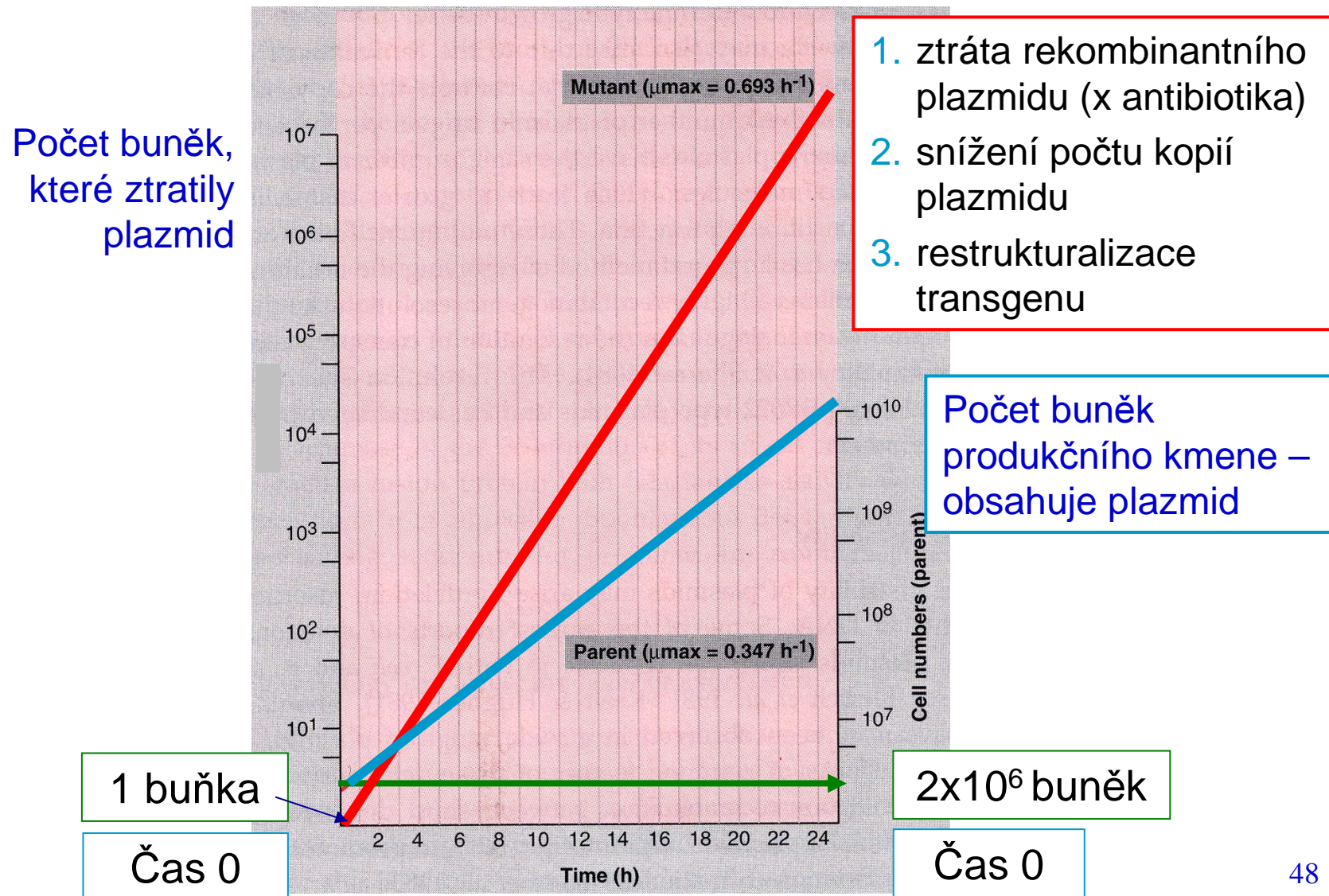
## Důsledky vyplývající z přítomnosti rekombinantního plazmidu v buňkách

1. Snížení růstové rychlosti buněk
2. Změny morfologie buněk, nebo zvýšená fragilita buněk
3. Restrukturalizace klonovaného genu (rekombinace)
  - výběr vhodného plazmidu RC x theta

### Vliv počtu plazmidových kopií na růstovou rychlost hostitelských buněk

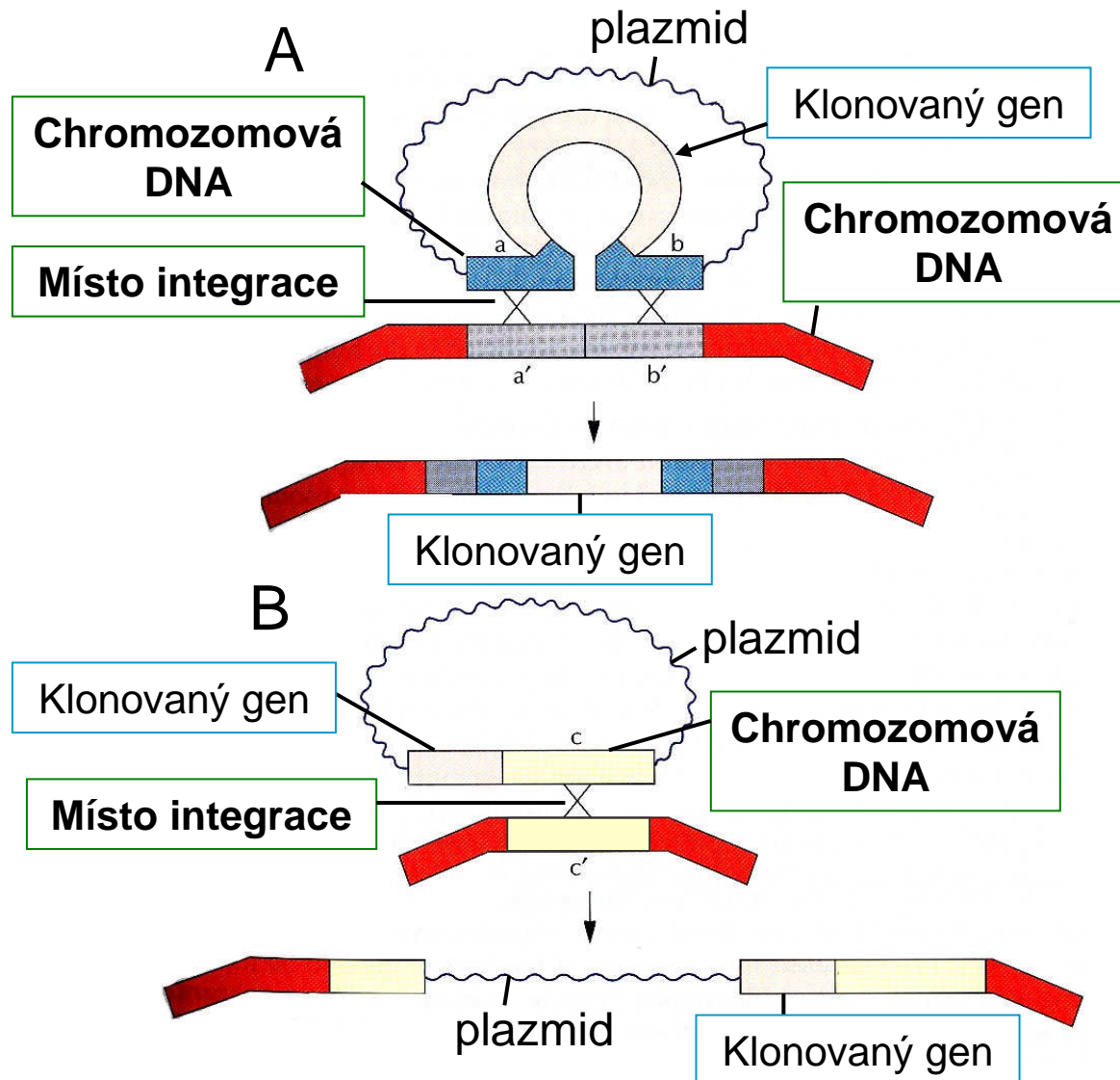
<i>E. coli</i> HB101 with plasmid	Plasmid copy number	Relative specific growth rate
None	0	1.00
A	12	0.92
B	24	0.91
C	60	0.87
D	122	0.82
E	408	0.77

Kompetice mezi pomalu rostoucími buňkami produkčního kmene (—) (obsahuje vektor) a rychle rostoucími mutantami (které ztratily vektor)





# Integrace klonovaného genu do bakteriálního chromozomu



**A.** Klonovaný gen je vložen do sekvence klonovaného úseku chromozomu, 2 x CO vede k integraci klonovaného genu.

**B.** Klonovaný gen je vložen poblíž klonovaného úseku chromozomu, 1 x CO vede k integraci celého plazmidu včetně klonovaného genu.

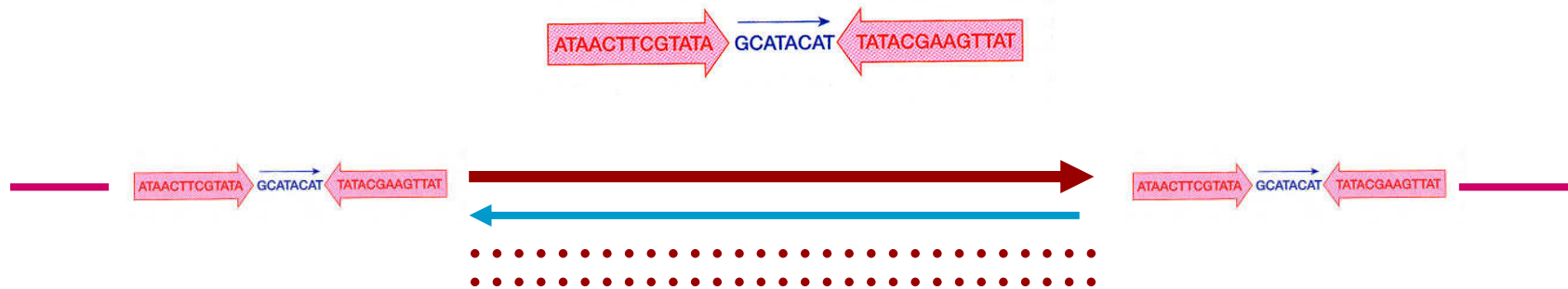
# Počet kopií klonovaného genu pro $\alpha$ -amylázu v *B. subtilis* a její aktivita v buňkách

Počet kopií/genom	Activita (U/mL rostoucích buněk)
2	500
5	2,300
7	3,100
8	3,400
9	4,400
<b>Multicopy plasmid (20-40 kopií)</b>	<b>700</b>

geny na chromozomu

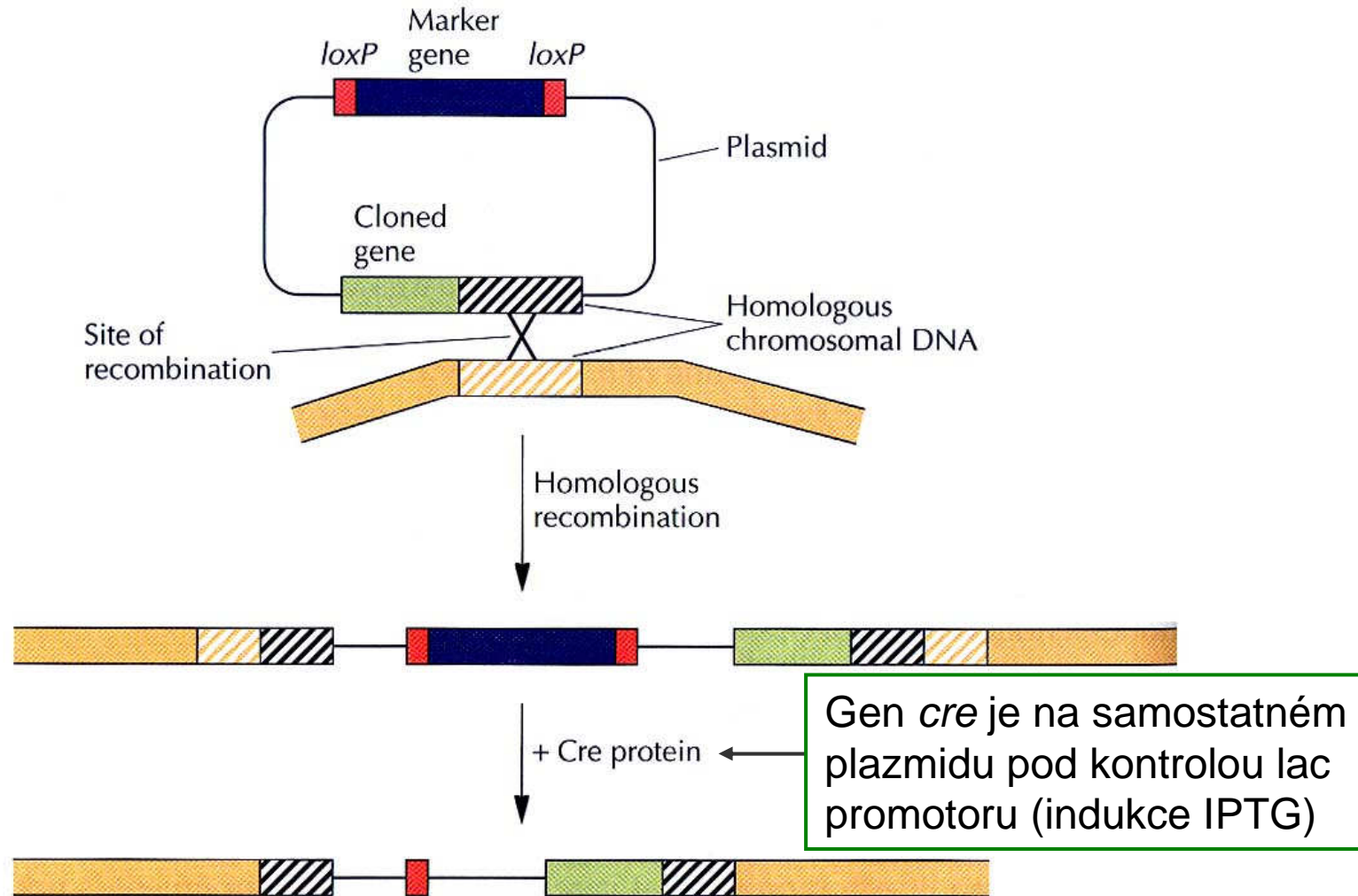
Gen pro  $\alpha$ -amylázu z *B. amyloliquefaciens* byl vložen do oblasti pocházející z chromozomu *B. subtilis* naklonované v plasmidu *E. coli*, konstrukt byl vnesen do *B. subtilis*. Plasmid nesl rovněž geny pro rezistenci k chloramfenikolu a ampicilinu. Buňky *B. subtilis* s plasmidem byly pěstovány v prostředí s chloramfenikolem, což vedlo k selekci buněk se **zvýšeným počtem kopií integrovaného plasmidu**, tím zvýšení počtu kopií genu pro amylázu a ke zvýšení jejího množství v buňkách.

# Struktura rozpoznávací sekvence lox P fága P1



**Podle orientace loxP sekvencí je úsek DNA mezi nimi místně specifickou rekombinací prostřednictvím Cre-rekombinázy buď deletován nebo invertován**

# Odstranění selekčního markeru po vnesení plazmidu do bakteriálního chromozomu



# Vlivy prostředí ovlivňující expresi genů a tvorbu produktů

- 1. Složení kultivačního media, zdroje živin (laktóza x glukóza – ovlivňují inducibilní systémy - lac)**
- 2. Teplota (při nižší teplotě bývají cizí proteiny méně toxické)**
- 3. pH**
- 4. Koncentrace kyslíku**

# Důkaz tvorby cizorodého produktu

- Imunologické testy
- Enzymové testy
- SDS-PAGE
- Minibuňky
- Maxibuňky
- Transkripce a translace in vitro

**Až 80% problému při klonování cizorodých genů spočívá v toxicitě proteinů, zbývajících 20% je způsobeno jinými faktory (např. využívání kodonů)**

- **Toxicita jednotlivých typů rekombinantních molekul pro hostitelské buňky:**
  - **Rekombinantní DNA není obvykle „toxická“, pokud neobsahuje repetitivní sekvence (méně než 1% případů)**
  - **Funkční rekombinantní RNA může být toxická (asi 15% případů)**
  - **Toxické proteiny (více než 80% případů)**
- **normálně je protein vytvářen v určitém kompartmentu buňky, během definované časové periody a v určitém množství (prostorová, časová a kvantitativní exprese)**
- **rekombinantní proteiny jsou vytvářeny do nefyziologických koncentrací**
- **funkce rekombinantních proteinů může být pro buňky škodlivá až toxická – pomalejší růst buněk, nižší hustota buněk**

