



БИОСИНТЕЗ В БАКТЕРИАЛЬНЫХ КЛЕТКАХ КАЛЬЦИТОНИНА И МИНИ-ПРОИНСУЛИНА ЧЕЛОВЕКА В ВИДЕ ГИБРИДНЫХ БЕЛКОВ С СООТВЕТСТВУЮЩИМИ АНТИСМЫСЛОВЫМИ ПЕПТИДАМИ И МЕТАЛЛСВЯЗЫВАЮЩИМ ПЕПТИДОМ

© 1996 г. В. А. Ефимов[#], А. А. Бурякова, А. Ф. Фрадков, О. Г. Чахмахчева

Институт биоорганической химии им. М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова РАН,
117871, Москва, ГСП-7, ул. Миклухо-Маклая, 16/10

Поступила в редакцию 29.11.95 г.

В продолжение работ по экспериментальной проверке теории молекулярного узнавания сконструирован ряд плазмид, обеспечивающих высокоеэффективный биосинтез в клетках *E. coli* гибридных кальцитонина и мини-проинсулина с соответствующими им антисенс-полипептидами и гистидинбогатым металлсвязывающим пептидом. Разработаны процедуры выделения гибридных рекомбинантных белков с использованием металл-аффинной хроматографии, их расщепления на составляющие полипептидные компоненты и ренатурации.

Ключевые слова: экспрессия генов, рекомбинантные белки, сенс- и антисенс-пептиды, металлохроматная хроматография.

Согласно предложенной ранее теории молекулярного узнавания, пептиды, кодируемые комплементарными последовательностями нуклеиновых кислот в той же рамке считывания (так называемые сенс- и антисенс-пептиды), обладают гидропатической комплементарностью и способны специфически связываться друг с другом [1, 2]. Была выдвинута гипотеза о существовании аминокислотного кода, обусловливающего первичное взаимодействие пептидных цепей при самосборке белков и при образовании лиганд-рецепторных комплексов [3]. Предполагается, что код взаимодействия аминокислот как бы продолжает генетический код и составляет его вторую половину, а последовательность антисенс-пептида может быть выведена из последовательности сенс-пептида. В случае правильности теории молекулярного узнавания она может найти широкое практическое применение, в частности для конструирования аналогов природных биорегуляторов, получения специфических аффинных сорбентов и для других целей.

Ранее нами были начаты исследования по экспериментальной проверке этой теории с учетом возможности изучения нековалентного связывания пептидов между собой как на бимолекуляр-

ном уровне, так и на мономолекулярном, когда сенс- и антисенс-последовательности объединены в одну полипептидную цепь. В качестве объектов исследования были выбраны кальцитонин человека и мини-проинсулин. В рамках поставленной задачи нами были осуществлены химико-ферментативный синтез и клонирование гена кальцитонина человека, а также генов антисенс-полипептидов к кальцитонину и мини-проинсулину человека [4]. Было показано, что полученные на основе этих генов рекомбинантные плазмиды способны обеспечивать биосинтез данных полипептидов в клетках *E. coli* в составе гибридных белков с IgG-связывающим доменом белка А стафилококков (SPA). При этом химерные белки SPA с мини-проинсулином, антимини-проинсулином и их гибридом накапливались в клетках *E. coli* в виде нерастворимых тел включения со средним выходом 20–25% от общего количества белка в клетке. Вместе с тем эффективность биосинтеза кальцитонина и соответствующих антисенс-пептидов в виде химер с SPA была значительно более низкой (выход целевого продукта 1–3%), что, по всей видимости, являлось результатом нестабильности кальцитонина и его химерных белков в бактериальной клетке. Подобные трудности с получением кальцитонина микробиологическим синтезом уже отмечались ранее другими исследователями [5]. В то же время уровень экспрессии тройных гибридов SPA-ACT-СТ был выше и доходил до 10–15% от общего количества клеточно-го белка [4].

Сокращения: IPTG – изопропил- β -D-тиогалактопиранозид; SPA – IgG-связывающий домен белка А стафилококков; His₆ – полигистидиновый домен; СТ – кальцитонин; ACT – анткальцитонин; IACT – инвертированный анткальцитонин; МР – мини-проинсулин, AMP – антимини-проинсулин, NTA – нитрилотриуксусная кислота.

[#] Автор для переписки.

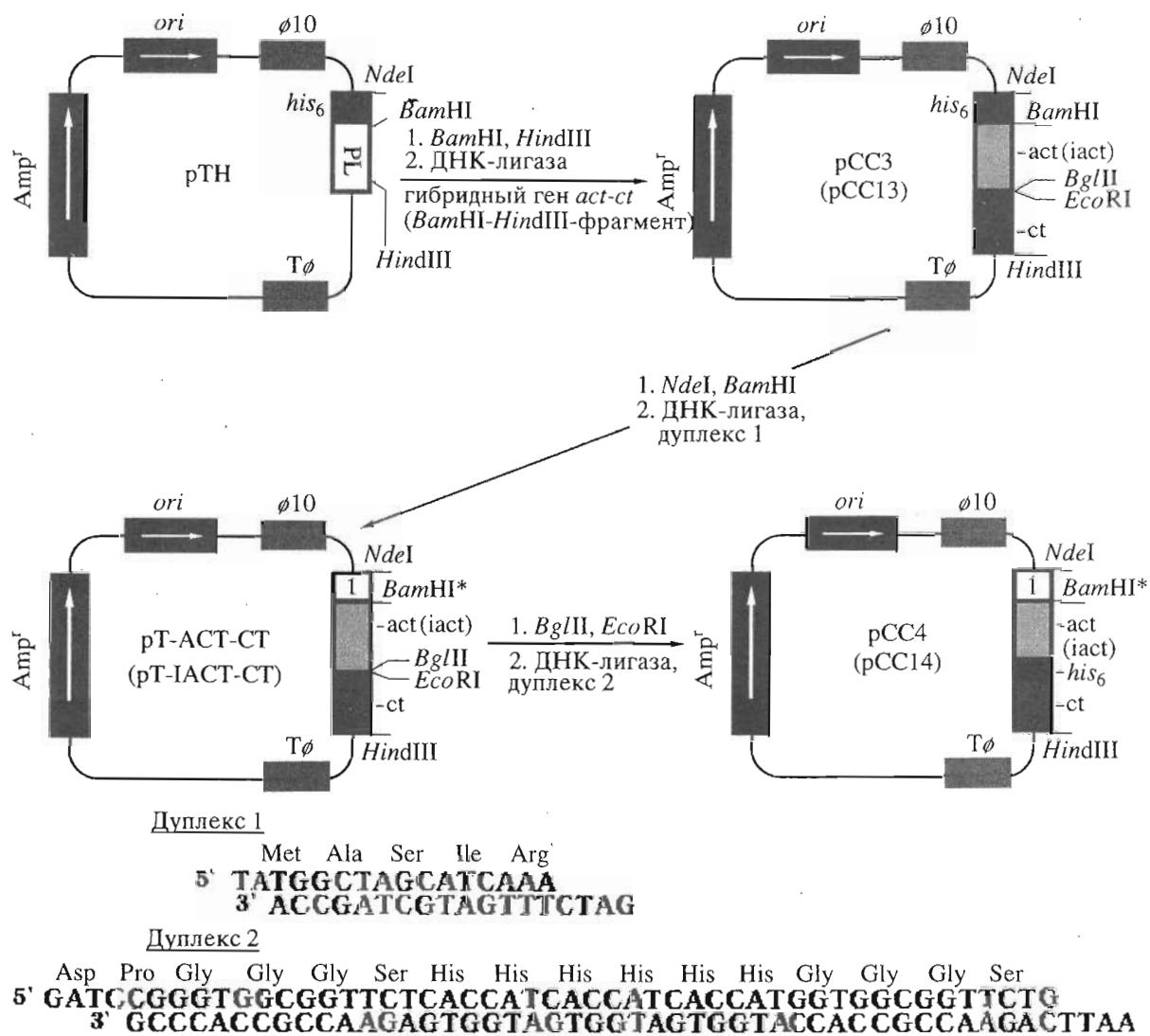


Рис. 1. Схема конструирования плазмид pCC3 (pCC13) и pCC4 (pCC14), определяющих биосинтез гибридных белков, состоящих из CT, ACT (IACT) и His₆. PL – полипептидный участок; ф10 – промотор гена 10 фага T7, Т ϕ – последовательность, соответствующая терминатору фага T7. В нижней части рисунка приведены последовательности синтетических дуплексов, использованных при конструировании данных плазмидных векторов, и кодируемые ими аминокислотные последовательности.

Впоследствии нам удалось получить штаммы бактерий, обеспечивающие высокий уровень биосинтеза кальцитонина в виде химеры со стрептавидином, однако значительные неудобства при выделении подобных рекомбинантных белков не позволили разработать достаточно простую и технологичную схему его очистки [6]. Более перспективными в этом отношении должны быть гибриды с металловзывывающими пептидами, поскольку введение полигистидиновых доменов в начало или конец целевого рекомбинантного полипептида в ряде случаев позволяет повысить его устойчивость к внутриклеточным протеиназам, а также значительно упростить процедуру выделения белка из бактериальной массы за счет использования аффинной хроматографии на ко-

лонках с никель-NTA-агарозой [7]. Кроме того, замена большого домена, обеспечивающего аффинное связывание с соответствующим сорбентом, на небольшой пептид позволяет повысить выход целевого полипептида за счет увеличения его доли в химерном белке при том же уровне биосинтеза последнего.

Настоящее сообщение посвящено изучению биосинтеза кальцитонина и мини-проинсулина в комбинации с соответствующими антисмысловыми полипептидами в виде гибридных белков с небольшим металловзывывающим пептидом, содержащим гомогистидиновый кластер.

В основу экспрессирующих векторов, схема конструирования которых показана на рис. 1, была

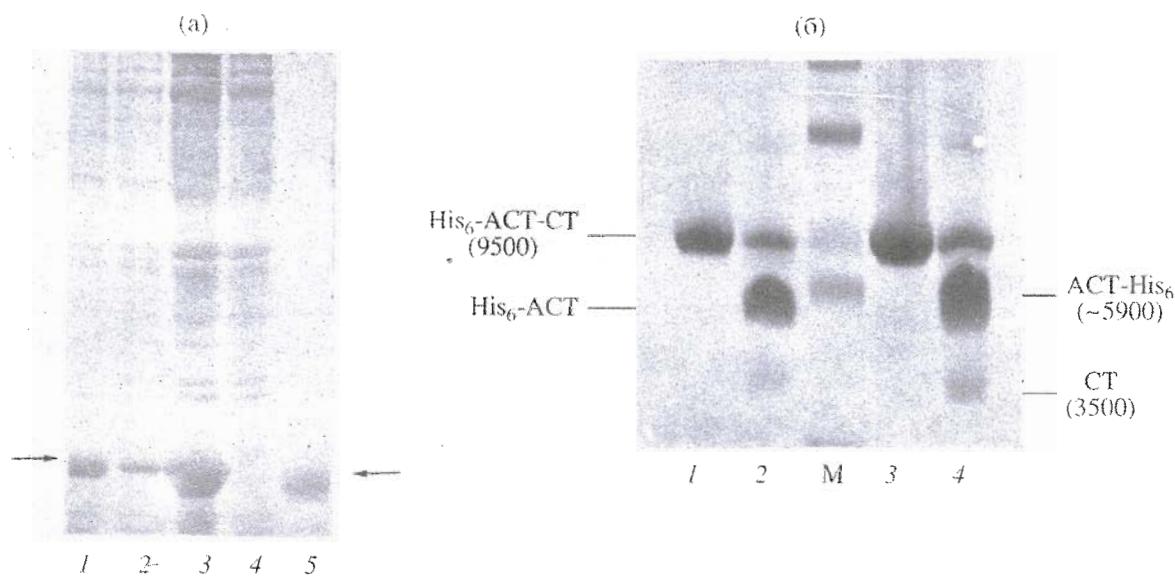


Рис. 2. Электрофоретический анализ белковых фракций: (а) – электрофорез в 15% ПААГ с SDS суммарной фракции белков из клеток *E. coli* BL21(DE3), трансформированных рекомбинантными плазмидами pCC3 (1), pCC13 (2) и pCC4 (3), и клеток контрольного штамма, не содержащего эти плазмиды (4), а также рекомбинантного белка ACT-His₆-CT после очистки хроматографией на никель-агарозе (5). Стрелками показаны полосы, соответствующие целевым гибридным белкам. (б) – электрофорез в 20% ПААГ с SDS очищенных гибридных белков His₆-ACT-CT (1) и ACT-His₆-CT (3) и соответствующих реакционных смесей после расщепления этих белков бромцианом в течение 10 ч (2, 4). М – маркеры молекулярных масс (сверху вниз: 17000, 14000, 9500, 6000, 2500). Интенсивность окраски соответствующих СТ белковых зон при прокрашивании кумасси значительно слабее, чем полипептидов, содержащих His₆-домен, вследствие особенностей первичной структуры СТ. В скобках у символа белка указана его молекулярная масса, вычисленная из его структуры [4].

положена полученная нами ранее универсальная плазмида pTH [6], способная направлять биосинтез целевых рекомбинантных белков в виде гибридов, содержащих на N-конце небольшие гистидин богатые лидерные пептиды. Гибридный ген *act-ct* выщепляли из ранее полученной нами плазмида pCC1 [4] действием эндонуклеаз *Bam*HII и *Hind*III и вводили в вектор pTH между сайтами тех же рестриктаз с образованием плазмида pCC3 (рис. 1). Аналогично получали плазмиду pCC13 с геном, кодирующим гибрид IACT-CT, где IACT представляет собой антисенс-полипептид с инвертированной аминокислотной последовательностью (см. [4]). После введения сконструированных нами векторов pCC3 и pCC13 в клетки *E. coli* BL21(DE3) были получены штаммы-продуценты химерных белков кальцитонина и его антисенс-полипептидов, содержащих на N-конце полигистидиновый домен.

Ранее нами была сконструирована плазмида, обеспечивающая биосинтез кальцитонина в виде химерного белка His₆-CT с полигистидиновым доменом (плазмида pTH-CT) [6], однако выход белка His₆-CT в клетках *E. coli*, как и в случае вышеупомянутых конструкций с SPA, оказался весьма низким. В то же время векторы pCC3 и pCC13, отличающиеся от плазмиды pTH-CT наличием гена *act* (или *iact*) между фрагментами ДНК, кодирующими

His₆-пептид и кальцитонин, обеспечивали в бактериальных клетках высокий уровень биосинтеза соответствующих гибридных белков (рис. 2а). Таким образом, введение в 5'-конец гена кальцитонина последовательности, кодирующей ACT (или IACT), приводило к резкому повышению выхода целевого продукта His₆-ACT-CT (или His₆-IACT-CT) по сравнению с His₆-CT, по-видимому, вследствие снижения его протеолитической деградации в клетках *E. coli*. Эти данные аналогичны результатам, полученным при экспрессии этих генов в виде гибридов с геном фрагмента белка A, и свидетельствуют в пользу того, что антисенс-пептиды могут быть полезны для повышения уровня синтеза и стабилизации продуктов гетерологичной экспрессии в бактериальных клетках. Они также могут служить косвенным подтверждением существования взаимодействия между сенс- и антисенс-молекулами.

Другой возможный вариант гибридного белка предусматривает введение полигистидинового домена между сенс- и антисенс-полипептидами. Подобное расположение металлов связывающего домена позволяет, с одной стороны, увеличить расстояние между сенс- и антисенс-пептидами, что может оказать существенное влияние на эффективность их взаимодействия на мономолекулярном уровне, а с другой – сохранить все преимущества

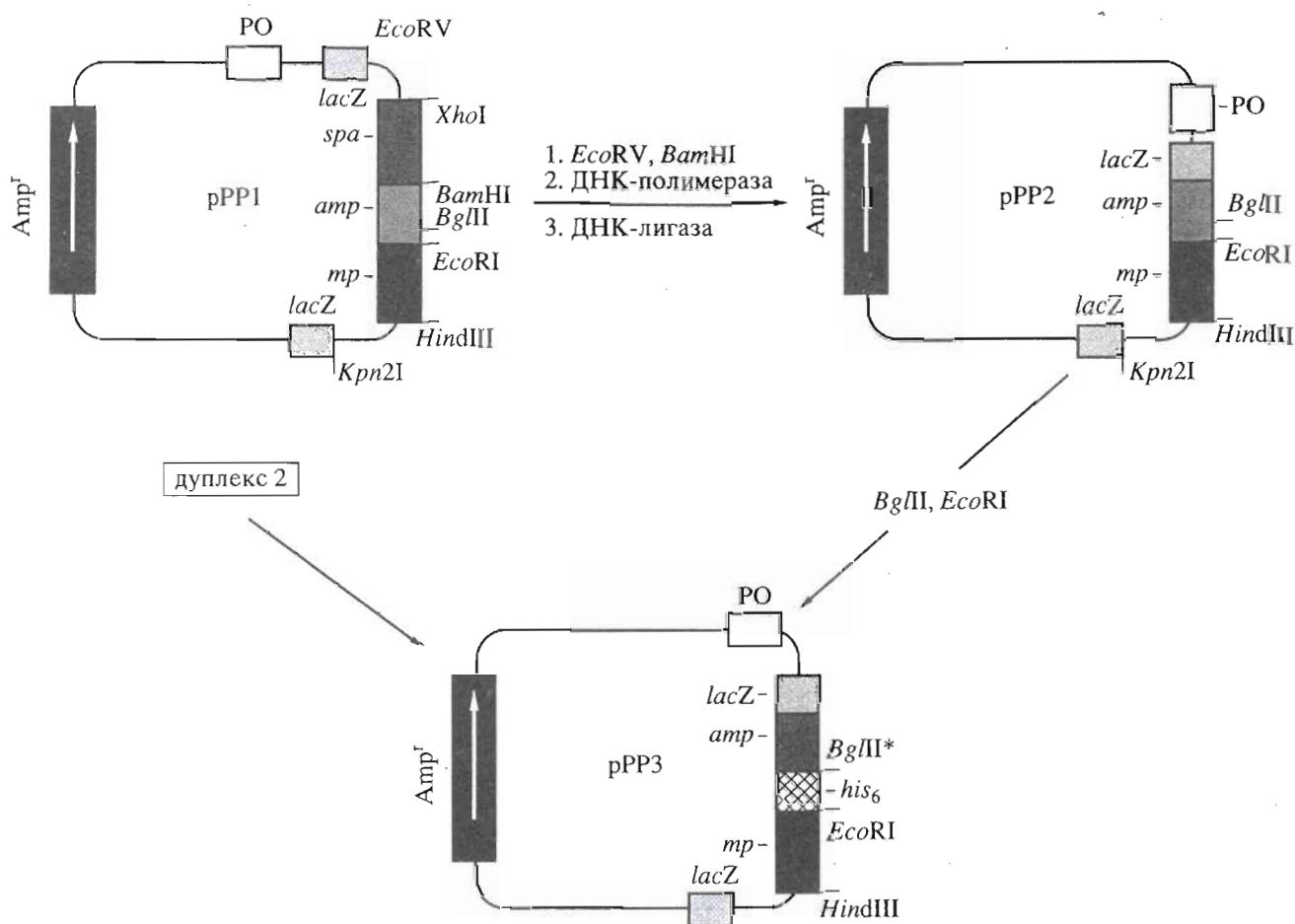


Рис. 3. Схема конструирования экспрессирующей плазмида pPP3, содержащей ген гибридного белка AMP-His₆-MP. PO – lac-промотор, lacZ – участки гена β-галактозидазы *E. coli*, spa – ген IgG-связывающего домена белка А стафилококков.

использования металло-аффинной хроматографии для выделения целевого рекомбинантного белка. С этой целью из плазмиды pCC3 удалили фрагмент ДНК, кодирующий гистидин богатый домен, и вместо него ввели небольшой дуплекс 1 (рис. 1). Введение этого дуплекса позволило восстановить последовательность, содержащую сайт эндонуклеазы *Nde*I и стартовый кодон, а также убрать сайт эндонуклеазы *Bam*H I из начала последовательности гена антикальцитонина. Затем между 5'-концом гена кальцитонина и 3'-концом гена антикальцитонина встроили дуплекс 2, в состав которого входило шесть гистидиновых триплетов (рис. 1). Таким образом были сконструированы плазмиды pCC4 и pCC14.

Нами была также получена плазмиды pPP3, определяющая биосинтез гибрида мини-проинсулина и антимини-проинсулина, соединенных полигистидиновым доменом (рис. 3). Для этого плазмиду pPP1 [4] обрабатывали эндонуклеазами *Eco*RV и *Bam*H I. Образовавшиеся при этом липкие концы ДНК достраивали (до тупых) ДНК-полимеразой (фрагмент Кленова) и сшивали. Получ-

ченную при этом рекомбинантную ДНК pPP2 расщепляли эндонуклеазами *Bgl*II-*Eco*RI и вводили в нее синтетический дуплекс 2 (см. рис. 1б) с образованием целевой плазмиды pPP3. Анализ суммарной белковой фракции, выделенной из клеток *E. coli* HB101 (или M1), трансформированных этой плазмидой, показал наличие высокого уровня биосинтеза гибридного белка AMP-His₆-MP (рис. 4).

Целевые рекомбинантные белки обычно находились в клетках *E. coli* в виде нерастворимых тел включения, которые отделяли центрифугированием от растворимых цитоплазматических белков. После солюбилизации в 7 М мочевине или 6 М гуанидингидрохлориде гибридные белки выделяли за одну стадию хроматографией на колонке с никель-агарозой. Процедура выделения гибридов сенс- и антисенс-полипептидов предусматривала их денатурацию непосредственно на твердой фазе после удаления с колонки примесей белковой природы, как это было описано нами ранее для некоторых других рекомбинантных белков [6]. Аликвоты элюятов анализировали

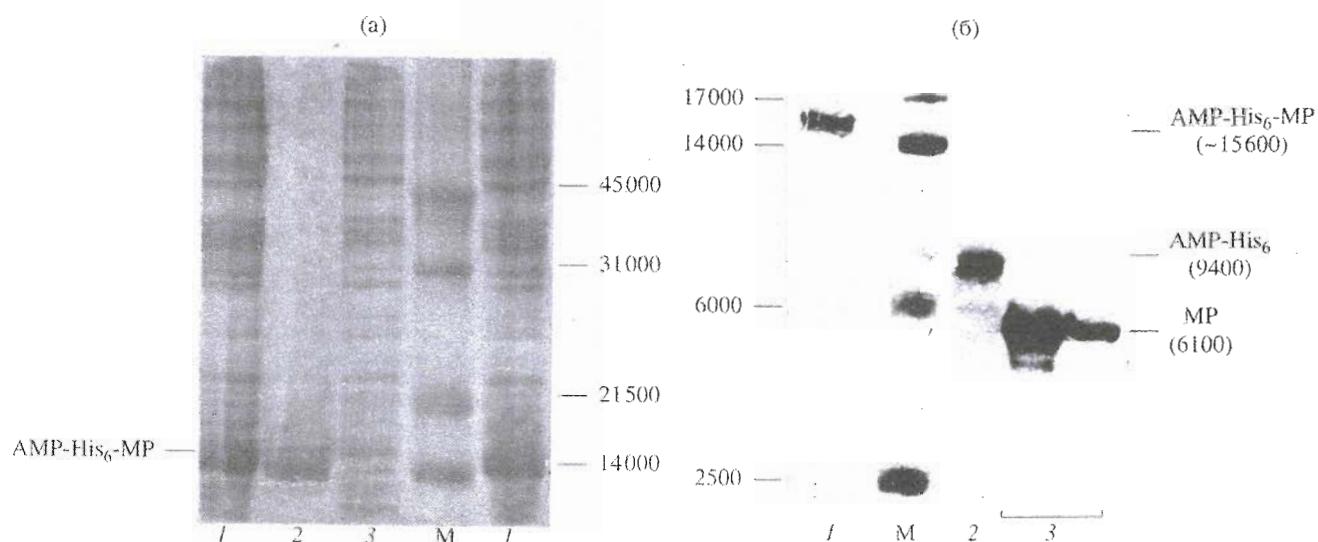


Рис. 4. Электрофоретический анализ белковых фракций. (а) – электрофорез в 15% ПААГ с SDS белковых фракций при выделении гибрида AMP-His₆-MP из клеток *E. coli* HB101, трансформированных плазмидой pPP3: 1 – суммарная белковая фракция; 2 – гибридный белок после очистки аффинной хроматографией на никель-агарозе; 3 – фракция белков, не связавшихся с никель-агарозой; (б) – электрофорез в 20% ПААГ/SDS гибридного белка AMP-His₆-MP (1) и продуктов его расщепления бромцианом – полипептидов AMP-His₆ (2) и MP (3) – после их очистки хроматографией на никель-агарозе. М – маркеры молекулярных масс. Цифры справа (а) и слева (б) – молекулярные массы маркерных белков.

электрофорезом в ПААГ в присутствии SDS с последующим иммуноблоттингом. После элюции с колонки целевые белки были практически сразу готовы к проведению дальнейших физико-химических исследований.

Для выделения сенс-полипептидов МР и СТ их первоначально отцепляли от соответствующих антисенс-пептидов действием BrCN по уникальному остатку Met [4] (рис. 2б и 4б), а затем проводили повторную хроматографию на никель-агарозе в денатурирующих условиях. При этом антисенс-пептид с присоединенным к его N- или C-концу гомогистидиновым кластером задерживался на колонке, а соответствующий сенс-пептид смывался с нее. Для последующего отделения рекомбинантных гибридов кальцитонина и мини-проинсулина с соответствующими антисенс-пептидами от N-концевого гомогистидинового лидера использовали обработку гидроксиламином [8] (схема).

Таким образом, в результате проведенных исследований был получен ряд бактериальных штаммов, способных обеспечивать эффективный биосинтез кальцитонина и мини-проинсулина человека в виде гибридных белков с соответствующими им антисенс-полипептидами и полигистидиновым доменом, а также разработана схема очистки и ренатурации как этих гибридных белков, так и составляющих их полипептидов в растворе и на твердой фазе.

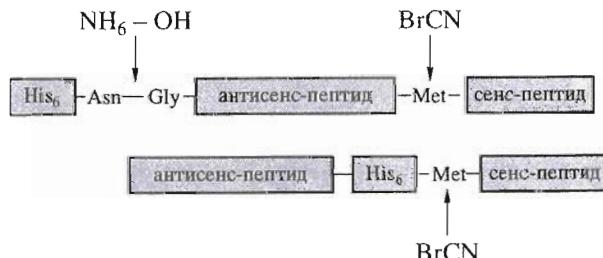


Схема.

на никель-агарозе [9]. Свойство гибридных белков, содержащих гомогистидиновые кластеры, образовывать прочные комплексы с Ni-NTA-сорбентом было использовано при изучении структурно-функциональных особенностей РНК-полимеразы [10] и для получения иммобилизованной β -галактозидазы [11]. Подобный подход мы применили ранее при изучении взаимодействия присоединенного к никель-агарозе His₆-содержащего рекомбинантного гербицидсвязывающего белка фотосистемы II ячменя (D1-белок) с атразином [12]. В настоящее время нами проводятся аналогичные эксперименты по изучению взаимодействия содержащих гомогистидиновый кластер антисенс-пептидов, иммобилизованных на никель-агарозе, с соответствующими им сенс-пептидами (результаты будут опубликованы позднее).

ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНАЯ ЧАСТЬ

В работе использованы ферменты нуклеинового обмена фирм Boehringer (ФРГ) и Pharmacia (Швеция), маркеры молекулярных масс белков и пептидов фирмы Pharmacia (Швеция). Расщепление ДНК эндонуклеазами рестрикции и другие ферментативные реакции проводили как описано ранее [13]. Конструирование рекомбинантных плазмид и трансформацию компетентных клеток *E. coli*, а также скрининг колоний гибридизацией с меченными синтетическими олигонуклеотидами, выделение плазмид и секвенирование фрагментов ДНК осуществляли согласно работам [4, 14, 15]. Олигонуклеотиды синтезировали на синтезаторе 381A фирмы Applied Biosystems (США).

Биомассу из клеток *E. coli* HB101 (или МН1), содержащих плазмиду pPP3, выращивали как описано ранее [4]. Биомассу из клеток *E. coli* BL21 (DE3), содержащих экспрессирующий вектор pCC3 (pCC13) или pCC4 (pCC14), выращивали на среде LB с 50 мг/мл ампидиллина при 37°C в течение нескольких часов до величины поглощения 0.6 при 600 нм. Затем прибавляли индуктор lac-опрона IPTG до концентрации 1 мМ и продолжали инкубацию еще 3–16 ч. Клетки осаждали центрифугированием (5000 об/мин, 15 мин) и в течение 2–3 мин разрушали ультразвуком (дезинтегратор Braun Sonic 1510, В. Braun Melsungen AG, ФРГ) при 0°C в буфере, содержащем 0.05 М EDTA, 0.1 М трис-HCl (pH 7.9), 0.2 М NaCl, 10 мМ 2-меркаптоэтанол и 20 мкг/мл PMSF. Клеточный дебрис отделяли от цитоплазматической фракции центрифугированием (12000 об/мин, 20 мин), промывали тем же буфером, затем 0.05% раствором Тритон X-100. Рекомбинантный белок растворяли в 6 М гуанидингидрохлориде, содержащем 5 мМ 2-меркаптоэтанол, и раствор осветляли центрифугированием (12000 об/мин, 15 мин).

Металл-аффинную хроматографию на Ni²⁺-NTA-агарозе (Quagm, США) проводили в основ-

ном как описывалось ранее [6]. Колонку с иммобилизованным на Ni²⁺-NTA-агарозе целевым белком после удаления примесей белковой природы промывали буфером, содержащим 50 мМ фосфат натрия, 10 мМ трис-HCl, 8 М мочевину, в градиенте pH 8.0 – 6.0. Белки, содержащие полигистидиновый домен, элюировали с колонки в том же буфере при pH 4.5. Для ренатурации белков на твердой фазе колонку с никель-агарозой и закрепленным на ней белком промывали понижающимся линейным градиентом концентрации мочевины (7 → 0 М) в ренатурирующем буфере, содержащем 50 мМ трис-HCl (pH 7.6), 150 мМ NaCl, 5 мМ 2-меркаптоэтанол и 0.05% Tween-20. Затем целевые полипептиды, содержащие гистидин богатый пептид, элюировали с колонки добавлением в тот же буфер имидазола до концентрации 200 мМ. Фракции анализировали электрофорезом в ПААГ и иммуноферментным анализом. Фракции, содержащие целевой белковый продукт, объединяли и дialisировали против 50 мМ трис-HCl/0.1% Тритон X-100, как это описано в работе [16].

Электрофорез белков и полипептидов в пластинах полиакриламидного геля, содержащего SDS, а также прокрашивание белковых зон кумасси R-250 и иммуноблоттинг проводили как описано в работе [17]. Количество целевого белка в клетках *E. coli* после разделения суммарной белковой фракции гель-электрофорезом оценивали после прокрашивания геля кумасси сканированием на приборе Ultroscan (LKB, Швеция). Иммуноферментный анализ на наличие рекомбинантных СТ и MP и иммуноблоттинг проводили с использованием кроличьих антител к кальцитонину и инсулину человека (Amersham, США) по стандартной методике [17]. Гибридные белки расщепляли бромцианом и гидроксиламином в течение 24 и 4 ч, соответственно, как описано ранее [4].

Данная работа выполнена при поддержке Российского фонда фундаментальных исследований (проект 95-04-11071а).

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

- Blalock J.E. // Trends Biotechnol. 1990. V. 8. P. 140–144.
- Beattie J. // J. Endocrinol. 1990. V. 126. P. 179–181.
- Меклер Л.Б. // Биофизика. 1969. Т. 14. С. 581–584.
- Ефимов В.А., Аронова Е.А., Бурякова А.А., Калинкина А.Л., Летунова А.Б., Фрадков А.Ф., Чахмахчева О.Г. // Биоорган. химия. 1994. Т. 20. С. 759–771.
- Alexciev K., Uscheva A., Ivanov I. // Curr. Microbiol. 1989. V. 18. P. 5–9.
- Ефимов В.А., Фрадков А.Ф., Калинкина А.Л., Чахмахчева О.Г. // Биоорган. химия. 1995. Т. 21. С. 9–16.
- Hochuli E., Bannwarth W., Dobeli H., Gentz R., Stuber D. // BioTechnology. 1988. V. 6. P. 1321–1325.

8. Fontana A., Gross E. // Practical Protein Chemistry / Ed. A. Darbre. N.Y.: Wiley-Intersci. Publ., 1987. P. 108, 109.
9. Gu J., Stephenson G., Iadarola M. // BioTechniques. 1994. V. 17. P. 257–262.
10. Kashlev M., Martin E., Polyakov A., Severinov K., Nikiforov V., Goldfarb A. // Gene. 1993. V. 130. P. 9–14.
11. Pieczenik S., Teng W.-Y., Hochull E. // Biotechnol. Bioeng. 1993. V. 42. P. 178–184.
12. Efimov V., Fradkov A., Raskind A., Khristin M., Klimov V., Chakhmakhcheva O. // FEBS Lett. 1994. V. 348. P. 153–157.
13. Ефимов В.А., Бурякова А.А., Полушин Н.Н., Пашкова И.Н., Дмитракова Е.В., Чахмакчева О.Г. // Биоорган. химия. 1989. Т. 15. С. 499–507.
14. Чахмакчева О.Г., Фоти Д., Пашкова И.Н., Полушин Н.Н., Ефимов В.А. // Биоорган. химия. 1992. Т. 18. С. 1098–1103.
15. Ефимов В.А., Чахмакчева О.Г. // Биоорган. химия. 1982. Т. 8. С. 2084–2093.
16. Sano T., Cantor C.R. // Biochem. Biophys. Res. Commun. 1991. V. 176. P. 571–577.
17. Chan S.G., Weiss J., Konrad M., White T., Bahl C., Yu S.-D., Marks D., Steiner D.F. // Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 1981. V. 78. P. 5401–5409.

Bacterial Synthesis of Human Calcitonin and Miniproinsulin as Fusion Proteins with the Corresponding Antisense Peptides and a Metal-Binding Peptide

V. A. Efimov, A. A. Buryakova, A. F. Fradkov, and O. G. Chakhmakhcheva

Shemyakin-Ovchinnikov Institute of Bioorganic Chemistry, Russian Academy of Sciences,
ul. Miklukho-Maklaya 16/10, Moscow, GSP-7, 117871 Russia

Abstract—To verify experimentally the molecular recognition theory, plasmids were constructed that provided the efficient synthesis of hybrid proteins composed of human calcitonin or miniproinsulin, the corresponding antisense peptides, and a histidine-rich metal-binding peptide. A method for isolation of the hybrid proteins by metal-chelating chromatography, cleavage, and renaturation was developed.

Key words: gene expression, recombinant proteins, sense and antisense peptides, metal-chelating chromatography.