



بررسی بیان موقت آنتی ژن *HAI* ویروس آنفلوانزای پرندگان (H5N1) در گیاهان یونجه، سویا و کاهو به روش آگرواینفیلتراسیون

افسانه سادات فرساد^۱، سعید ملک زاده شفارودی^{۲*}، نسرین مشتاقی^۳، فاطمه فتوحی^۴، سعید زیابی^۵

^۱دانشجوی دکترا بیوتکنولوژی کشاورزی-گروه بیوتکنولوژی و اصلاح نباتات-دانشکده کشاورزی-دانشگاه فردوسی مشهد

^۲دانشیار گروه بیوتکنولوژی و اصلاح نباتات-دانشکده کشاورزی-دانشگاه فردوسی مشهد

^۳دانشیار گروه بیوتکنولوژی و اصلاح نباتات-دانشکده کشاورزی-دانشگاه فردوسی مشهد

^۴استادیار مرکز تحقیقات آنفلوانزای انسیتپر پاستور ایران

^۵استادیار موسسه واکسن و سرم سازی رازی شعبه شمال شرق مشهد

تاریخ دریافت: ۱۳۹۳/۰۶/۰۷، تاریخ پذیرش: ۱۳۹۴/۱۰/۱۵

چکیده

آنتی ژن *HAI* ایمونوژن اصلی تولید کننده بیماری فوق حاد پرندگان (H5N1) می‌باشد که منجر به بروز اپیدمی و پاندمی‌های متعددی در جهان شده است. با توجه به اهمیت فناوری جدید تولید پروتئین‌های نوترکیب در گیاهان، تولید این پروتئین نیز بسیار مورد توجه قرار دارد. در مطالعه حاضر از بیان موقت آنتی ژن *HAI* به روش آگرواینفیلتراسیون، برای تولید این پروتئین نوترکیب در گیاهان یونجه، سویا و کاهو استفاده شده است. همچنین اثر سه پیتید راهنمای Extensin، KDEL و پیتید راهنمای ZERA در تجمع پروتئین به ترتیب در شبکه آندوپلاسمی، فضای آپوپلاستی و اجسام پروتئینی مورد بررسی قرار گرفت. ۷۲ ساعت بعد از آگرواینفیلتراسیون، نتایج qRT-PCR نشان داد که کاهو بیشترین و سویا کمترین میزان رونوشت از ژن *HAI* را داشت. بیان موقت پروتئین در برگ‌های تاریخت، با استفاده از تکنیک الیزا اندازه‌گیری شد. نتایج آزمون الیزا نشان داد که با هدف گذاری پروتئین به فضای آپوپلاستی، گیاه یونجه بیشترین تجمع پروتئین را داشته است. در حالی که کاهو علیرغم رونویسی بالا از ژن *HAI* تجمع پروتئین نوترکیب کمتری را نشان داد. بنابراین با استفاده از روش آگرواینفیلتراسیون و انتقال سازه بیانی *HAI*، نتایج نشان داد که گیاه یونجه و هدایت پروتئین به آپوپلاست راهکار مناسبی جهت تولید پروتئین‌های نوترکیب *HAI* است.

کلمات کلیدی: آگرواینفیلتراسیون، آنتی ژن *HAI*، سویا، کاهو، یونجه.

مقدمه

گیاهی بهینه شده باشد زیرا دستیابی به گیاهان Obeme *et al.*, 2011). از طرف دیگر با توجه به مشکلات تولید پروتئین‌های نوترکیب در گیاهان تاریخت پایدار از جمله خاموشی ژن پس از انتقال، تغییرات نامطلوب در ترکیب کربوهیدرات‌های مرکب و بزرگ قندی، وقت گیر بودن تولید یک رده گیاهان تاریخت پایدار با قابلیت تولید مطلوب پروتئین و مهم‌تر از همه مشکلات زیست محیطی و احتمال فرار ژن و خطرات ناشی از آن سبب شده است که در سال‌های اخیر از روش‌های بیان موقعت ژن در گیاه به عنوان روش‌های مناسب برای تولید فرآورده‌های نوترکیب استفاده شود (Wang & Ma, 2011). از دو روش آگرواینفیلتراسیون و آلودگی با ویروس‌های گیاهی برای بیان موقعت ژن‌های خارجی استفاده می‌شود. اگرچه ناقل‌های ویروسی به دلیل آلودگی سیستمیک امکان تولید بالای مقادیر پروتئین نوترکیب را ایجاد می‌کنند، اما محدودیت در بیان ژن‌هایی با اندازه بزرگ و نگرانی‌های زیست محیطی سبب کاهش کاربرد آن‌ها شده است (Fischer *et al.*, 2004). عوامل مختلفی در افزایش تولید پروتئین‌های نوترکیب در گیاهان تاریخته نقش دارند که از آن جمله می‌توان به بهینه‌سازی کلونی، بیان کافی و پایدار ژن خارجی و ... اشاره نمود. با این وجود، روش، زمان و محل بیان ژن در گیاهان بوسیله مجموعه‌ای ا

پیشرفت در تکنیک‌های زیست‌شناسی مولکولی منجر به توسعه راهبردهای جدید برای تولید نسل جدیدی از واکسن‌ها به نام واکسن‌های نوترکیب یا زیر واحد^۱ در خلال دهه ۱۹۸۰ گردید (Houdebine, 2009). این واکسن‌ها از پروتئین‌های مشتق شده از ویروس‌های بیماری‌زا، باکتری‌ها یا پارازیت‌ها ساخته می‌شوند و تولید آنها به سیستم بیوراکتور و موجوداتی مثل باکتری، مخمیر، سلول‌های جانوری و گیاهی نیازمند است، در این روش بخش بیماری‌زا پاتوژن‌ها در تهیه واکسن استفاده نمی‌شود و تنها ژن رمزگردن پروتئین‌های آنتی ژن یک ویروس شناسایی شده و سپس به منظور تولید پروتئین مورد نظر به یک میزبان مناسب وارد می‌شود. در مقایسه با سایر سیستم‌های بیانی، گیاهان تاریخته بهترین میزبان جهت تولید واکسن‌های نوترکیب به حساب می‌آیند زیرا منجر به تولید ارزان آنتی ژن‌هایی می‌شوند که بعنوان واکسن تزریقی و در حالتی ایده‌آل‌تر به صورت خوراکی مورد استفاده قرار می‌گیرند (Kim & Yang, 2010).

انتقال ژن به کمک آگروباکتریوم تو مفاسینس و تفنج ژنی روش‌های مرسوم تولید گیاهان تاریخته می‌باشند. بر اساس الگوی بیان ژن، دو روش بیان ثابت و موقعت وجود دارد. در بیان ثابت باید شرایط کشت بافت و باززایی گونه

^۱. Recombinant or Subunit vaccines

می‌دهند (Carter & Saunders, 2007). هماگلوبولین فراوان ترین پروتئین سطحی غشاء خارجی ویروس است که از قدرت ایمنی‌زایی بالایی برخوردار بوده و به صورت یک پیش‌ساز Spitsina *et al.*, 2009) پروپتیدی تولید می‌شود (Norkin, 2010; (HA دارای دو زیر واحد بزرگ (HA1) و کوچک (HA2) می‌باشد که تقریباً تمام سایتها آنتی‌ژنی ویروس روی دامین HA1 این گلیکوپروتئین قرار دارند و قادر به تحريك تولید پاسخ ایمنی برابر با پروتئین کامل ویروس می‌باشد. به دلیل شدت بالای عفونت و احتمال بروز موتاسیون در آنتی‌ژن ویروس اقدام برای ساخت واکسن‌های موثر برای ماکیان، انسان و حیوانات بر علیه عفونت و پاندمی‌های احتمالی H5N1 در آینده ضروری به نظر می‌رسد (Steel *et al.*, 2010). با توجه به جایگاه با ارزش آنتی‌ژن HA1 در کنترل بیماری آنفلوآنزا پرنده‌گان، در اولین گام HA1 در باکتری به عنوان یک میزبان مدل پروکاریوتی بیان شد سپس بیان موقت ژن HA1 در گیاه یونجه، سویا و کاهو با روش آگرояنفیلتراسیون صورت گرفت و اثر سه نوع پپتید راهنمای بر تجمع نهایی پروتئین مورد بررسی قرار گرفت.

مواد و روش‌ها

بهینه سازی ژن و طراحی سازه‌ها

جایگاه‌های برشی موجود در توالی ژن (Gene ID: CY116646.1) HA1 با نرم افزار

عوامل کنترلی تنظیم می‌گردد (Ahmadi *et al.*, 2011). پپتیدهای راهنمای توالی‌هایی هستند که در انتهای کربوکسیل یا آمینی پروتئین قرار دارند تا پروتئین را به بخش‌های مختلف سلول هدایت کنند (Fischer *et al.*, 2004). سیگنال پپتید (Wandeltt *et al.*, 1992) KDEL (ژن گاما زئین ذرت (ZERA) Torrent *et al.*, 2009)، پپتید راهنمای Extensin (Richardson *et al.*, 2001) از جمله پپتیدهای راهنمای در گیاهان هستند که به ترتیب پروتئین را در شبکه آندوپلاسمی، اندامک‌های مستقل پروتئینی و فضای آپوپلاستی هدف گذاری می‌کنند (Wandeltt *et al.*, 1992; Obeme *et al.*, 2011).

استرین شدیداً بیماری‌زای آنفلوآنزا پرنده‌گان (H5N1) از سال ۲۰۰۴ سریعاً شروع به پخش شدن کرده و بیماری‌های خطرناکی را در ماکیان چندین کشور آسیایی، اروپایی و آفریقایی ایجاد کرده است (Chichester *et al.*, 2012). دامنه میزبانی این ویروس وسیع بوده و علاوه بر ماکیان، انسان و پستانداران دیگر را نیز آلوده می‌کند. این ویروس از خانواده اورتومیکسوویریده بوده و دارای ژنوم قطعه قطعه تک رشته‌ای از جنس RNA می‌باشد. پوشش سطحی ویروس آنفلوآنزا دارای دو گلیکوپروتئین هماگلوبولین‌های نورآمینیداز است که این گلیکوپروتئین‌های سطحی اجزاء اصلی ساختار آنتی‌ژنیک ویروس و بخش اساسی واکسن‌های آنفلوآنزا را تشکیل

حاوی پلاسمید نوترکیب (pet28a-HA1) قبل و بعد از القا با غلظت ۱ میلی مولار از IPTG توسط ژل SDS-PAGE (شکل ۴-A) و وسترن بلات (Shoji *et al.*, 2011; Pourseyedi *et al.*, 2009) مورد بررسی قرار گرفتند (شکل ۴-B). پروتئین HA1 بیان شده از سلول BL21 به روش دناتوره^۳ و با استفاده از اوره ۸ مولار استخراج شد (Khurana *et al.*, 2010). سپس نمونه‌های Ni-NTA agarose پروتئینی با عبور از ستون شرکت کیاژن تخلیص شدند.

تهیه مایه تلقیح و انجام آگرواینفیلتراسیون از هر کدام از کلونی‌های آگروباکتری سویه LBA4404 واحد ناقل نوترکیب، ۵۰ میلی لیتر کشت شبانه در محیط کشت LB مایع حاوی ۵۰ µg/ml کانامایسین، ۵۰ µg/ml ریفامپیسین و (دماي ۲۸ °C و دور شیکر ۱۸۰) تهیه شد و بعد از رسیدن OD به حدود ۰/۵ تا ۰/۶ در g ۵۰۰۰ رسوب داده شد و در محیط آگرواینفیلتراسیون (محیط MS ۱/۲، ۳ درصد ساکاروز به همراه ۱۰۰ ppm مویان تؤئین ۲۰) به مدت ۶۰ دقیقه رشد داده شد تا باکتری به محیط جدید عادت کند. نمونه‌های برگی در محیط تلقیح حاوی باکتری در داخل دیسکاتور قرار داده شدند. سوسپانسیون باکتریایی تحت شرایط خلا ۲۵۰ میلی بار و سه بار شکست ناگهانی وارد فضای

CLC Sequence Viewer حذف شدند. سپس توالی اسیدهای آمینه جهت بیان بهینه در باکتری GenScript با استفاده از سایت *E.coli* دستورالعمل شدند. در نهایت برای سیستم ناقل بیانی pET28a حامل توالی بهینه شده ژن (شکل ۱-A) و برای بیان موقع از طریق آگروباکتریوم نیز سازه‌های pBI-KDHA1 (شکل ۱-B)، pBI-ZRHA1 (شکل ۱-C) و pBI-ETHA1 (شکل ۱-D) طراحی و ساخته شدند. در ساختار سازه‌های گیاهی، آنتی ژن *HA1* در ناقل pBI121 و مابین پیشبرنده^۱ CaMV35S و خاتمه دهنده^۲ NOS با استفاده از آنزیم‌های برشی BamHI و SacI کلون گردید. سازه‌های ساخته شده توسط PCR با آغازگرهای ویژه ژنی (شکل ۲) مورد تایید قرار گرفتند. نتایج تعیین توالی سازه pET28a-HA1 که صحت ساخت این سازه را تایید می‌کند در شکل ۳ آورده شده است.

بیان پروتئین در باکتری *E.coli*

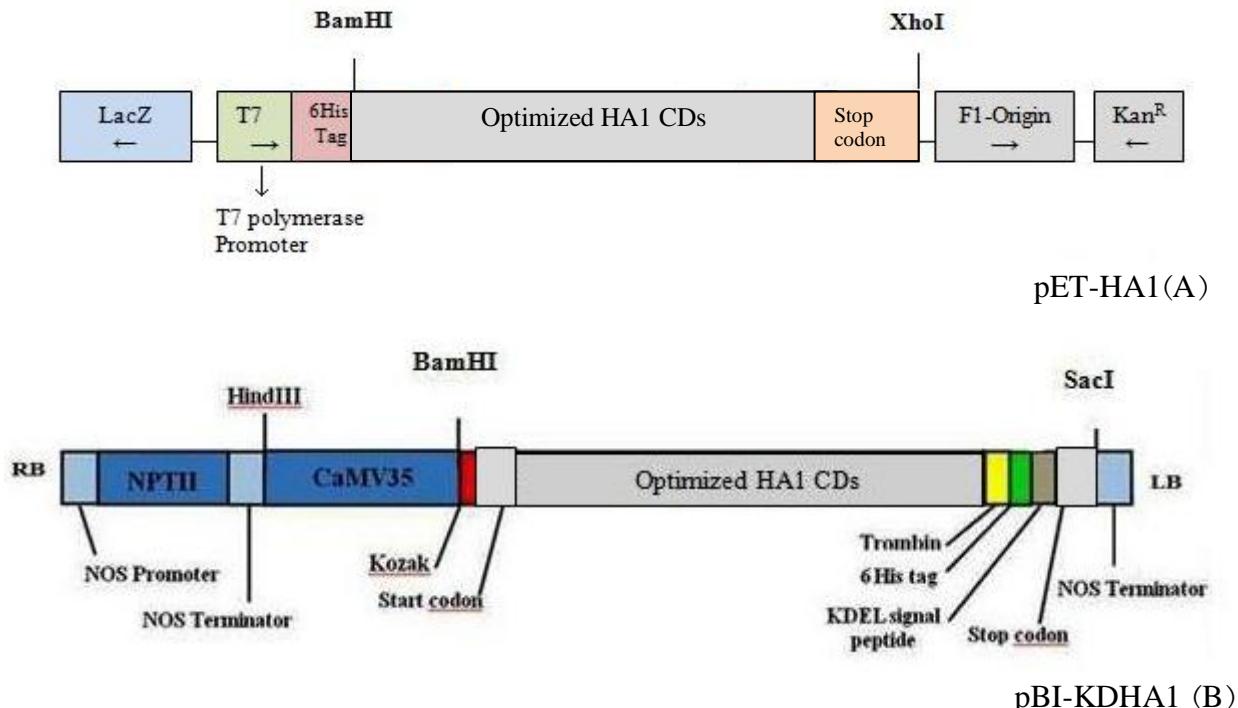
یک کلونی BL21 تایید شده با کلونی پی سی آر، در ۲۵۰ سی سی محیط کشت LB مایع حاوی ۱۰۰ µg/ml کانامایسین رشد داده شد (دماي ۳۷°C و دور شیکر ۱۸۰). بعد از رسیدن تراکم سلولی در ۶۰۰ نانومتر به حدود ۰/۵، القای بیان تراژن با IPTG انجام شد. نمونه‌های *E.coli* پروتئینی استخراج شده از سلول‌های

^۳. Denatured

^۱. Promoter

^۲. Terminator

بین بافتی شد و سپس برگ‌ها بروی کاغذ صافی آغشته به محیط MS قرار داده شدند.



شکل ۱- سازه‌های طراحی شده: سازه pBI121 (A)، سازه pET28a-HA1 حاوی ژن *HA1* همراه با سیگنال پپتیدهای ZERA، KDEL و Extensin که به ترتیب ژن را در شبکه آندوپلاسمی، اجسام پروتئینی و فضای آپوپلاست هدف گذاری می‌کنند (B، C و D)؛ Nos promoter: نواحی پرموتور ژن نوبالین ستاز؛ NPTII: ژن نومایسین فسفوترانسفراز که موجب مقاومت به کاتامایسین می‌شود؛ CaMV35: پرموتور ویروس موژائیک گل کلم؛ Terminator: ترمیناتور ژن نوبالین ستاز؛ RB & LB: توالی‌های مرزی راست و چپ.

Figure 1- Designed constructs: pET28a construct (A), pBI121 construct contained *HA1* with KDEL, ZERA and Extensin signal peptide which cause protein accumulation respectively in endoplasmic reticulum, protein bodies and apoplastic space (B, C & D); NPTII: Neomycin phosphotransferase gene which confers kanamycin resistance; CaMV35: Cauliflower mosaic virus promoter; KOZAK sequence: The sequence (GCAACA) that increases the gene expression level; 6His tag: Histidine Tag; TAA: Stop codon. RB & LB: Right & Left Border.

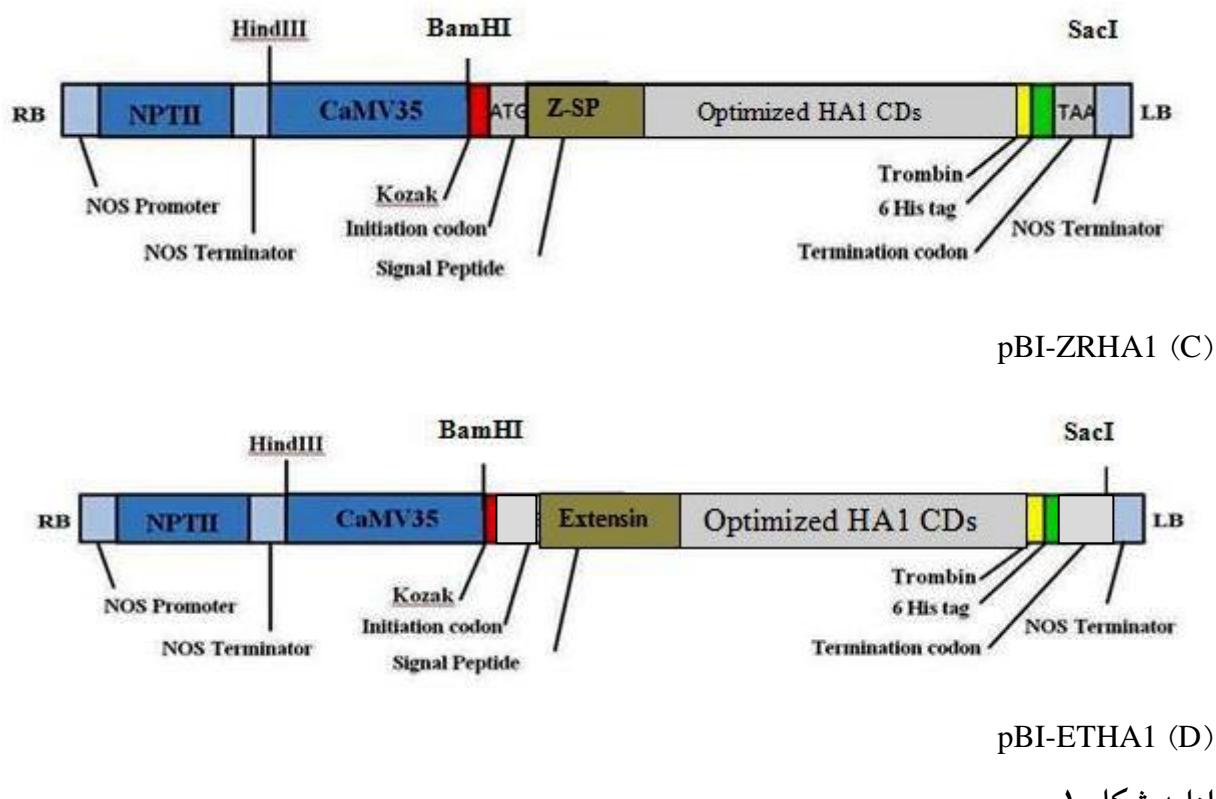
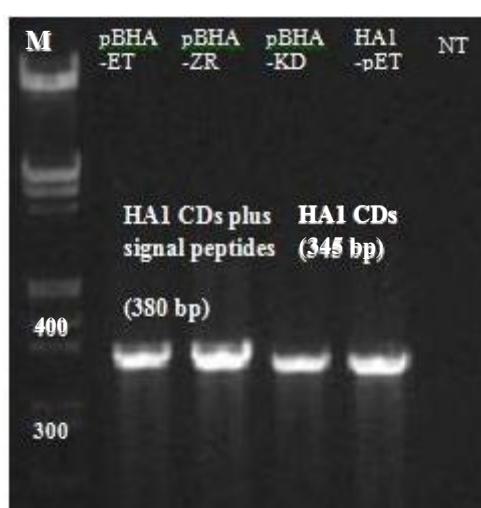


Figure 1 (continued)



شکل ۲ - تایید سازه‌های ساخته شده با واکنش زنجیره‌ای پلیمراز (A) شاهد منفی (NT); نشانگر مولکولی شرکت فرمتو (M).

Figure 2- Designed constructs verification with PCR (A), Negative Control (NT); Molecular Marker (M).

```

1 ATCCGGATAT AGTTCTTCTC TTCAAGCAAA ACCCTCAA GACCGTTA GAGGCC
61 AA
121 GGGGTTATGC TAGTTATTGC TCAGCGTGG CAGCAGCAA CTCACCTTCC TTTCGGGC
181 TT
241 TGTTAGCAGC CGGATCTAG TGGTGGGGT GGTGGGCTC GAGTTAATGA TGATGATG
301 AT
361 GATGTTCAAGC CTGCGGGCTG TTACGCAGGC CGGTGCCAG CACCAGACGG TTGCTTT
421 CA
481 CATATTTCGG GCATTCGCA ATGGTCAGCG GATGAATGTT ATGAAACGGC ATGCTGCT
541 GT
601 TAATCGCGCC CATCGGGTC TGGCATTGG TGGTCAGTT GCCATATTCC AGTTCGCT
661 TT
721 TCATAATCGC GCTATCGCCT TTTTACACAA TTTTATAACGC ATATTCCGGC GCAATAAA
781 GT
841 TGCCGTTGCT TTCAAAAGTTA ATCGCATCGT TCGGTTTCAG AATGGTCATA AAAAATTC
901 CA
961 TACGACCGCT CTGGCCGTT ACCTTGCTAC GGGTCGCAAT TTTCGGCACC AGACGCTG
102 GT
1 TCAGGGTGCT GGTGCCAATG CTAATATAGG TGGTGGGGT CTGATACAGA CGGGTCTG
108 TT
1 CCGCCGCATC GTTCGGATGA TGAATGCCAC ACAGCACCAAG CAGGTCTTCC TGGTTGGT
114 GT
1 TGTTATAGCT TTTTTTAATG GTCGGATAGG TGCTGTTTT TTTAATCAGC CACACCA
120 GT
1 TACGAAAAAAA GCTCGGGCTG CCCAGATACG GGCACCGCGCT GCTCACGCCG CTGCTCGC
126 TT
1 CATGATCGCT CCAGCTGCTT TCGGAATAA TCTGAATTTT TCAAAATGG TTAATACG
132 GC
1 TCAGCAGATG TTTCAGTCT TCATAATCGT TAAAGTGCAC CGGATAGCAC AGATCGTT
138 GG
1 TCAGGGTTTCGC TTTTCCACA ATATAGCTCC ATTCCGGCAC GTTAATAAT TCATCGCA
144 CA

```

شکل ۳- بخشی از نتیجه تعیین توالی سازه pET28a-HA1 که صحت ساخت این سازه را تایید می-کند.

Figure 3- Verification of the pET28a-HA1 construct by DNA sequencing.

بافر استخراج (50 mM Tris-HCl, 0.5 M NaCl, 2 mM EDTA and 1 mM dithiothreitol (DTT) و سانتریفیوژ به مدت ۲۰ دقیقه در ۱۲۰۰ g، روشنوار جدا و بر اساس روش برادفورد (Bradford, 1972) غلظت پروتئین کل اندازه‌گیری شد. آزمایش SDS-PAGE روی ژل ۱۲% با ۱۵ میکروگرم پروتئین کل و رنگ‌آمیزی با کوماسی بلو صورت گرفت (Shoji *et al.*, 2011). جهت وسترن بلاستینگ ژل به غشاء نیتروسلولزی منتقل شد و با استفاده از آنتی‌بادی مونوکلونال تگ هیستیدین کونژوگه و سوبسترات DAB^۱ رنگ‌آمیزی گردید (Shoji *et al.*, 2011).

استخراج RNA و انجام Real time PCR

بعد از گذشت ۷۲ ساعت از آگر واپلتراسیون و اطمینان از بیان ژن، RNA کل استخراج شد و بعد از تیمار DNase، رشته مکمل cDNA با استفاده از یک آغازگر اولیگو dT (۲۰ نوکلئوتیدی) ساخته شد. آزمایش RT-PCR با آغازگرهای ویژه HA1 و ژن Houskeeping صورت گرفت (جدول ۱). مقادیر Ct با نرم افزار REST به دست آمد و سطح نسبی بیان HA1 در مقادیر $\Delta\Delta Ct$ ⁻² با روش لیواک و اشمیتگن (Livak & Schmittgen, 2001) محاسبه شد.

استخراج پروتئین، SDS-PAGE، وسترن بلاست ELISA و

۰/۱ گرم از برگ‌های اینفیلتره در ازت مایع پودر شد و بعد از اضافه کردن ۸۰۰ میکرولیتر

^۱. Di-aminobenzidine

جدول ۱- توالی آغازگرهای مورد استفاده برای آزمون PCR و Real time PCR

Table 1- Oligonucleotide primers used to PCR and Real time PCR.

آغازگر پسرو Rivverse Primer	آغازگر پیشرو Forward Primer	گیاه Plant	ژن Gene
5'GAAGTTCATCTTTCTCTTG 3'	5' TAATGGACAATCTGGAAGAATGGAA 3'	-	T* HA1
5' GTTCTGCTGCATCTTGG 3'	5' TGGAGTTCTCTGCATGTCC 3'	-	T** HA1
5' CAGTGATTCCCTGCTCATCCG 3'	5' TGATTGGAATGGAAGCTGCTG 3'	کاهو	H آکین
5' GAAAGCCTCCTCAAACATGG 3'	5' GTCGAGTGGATTCCAACAAATG 3'	Lettuce	Actin ^H
5' AGCTGAGTCATCAACACCCTCAT 3'	5' GTTGAAGTAGACATTGGTGCTAACG 3'	سویا	بتا توبولین ^H
		Soybean	β Tubulin ^H
		یونجه	
		Medicago	MSC27 ^H

* آغازگر مورد استفاده برای تایید سازه های ژنی (محصول PCR ۳۴۵ جفت باز)

** آغازگر مورد استفاده برای بررسی های Real time PCR (محصول PCR ۱۷۰ جفت باز)

T: ژن HA1 بیان شده به صورت موقت در کاهو، سویا و یونجه

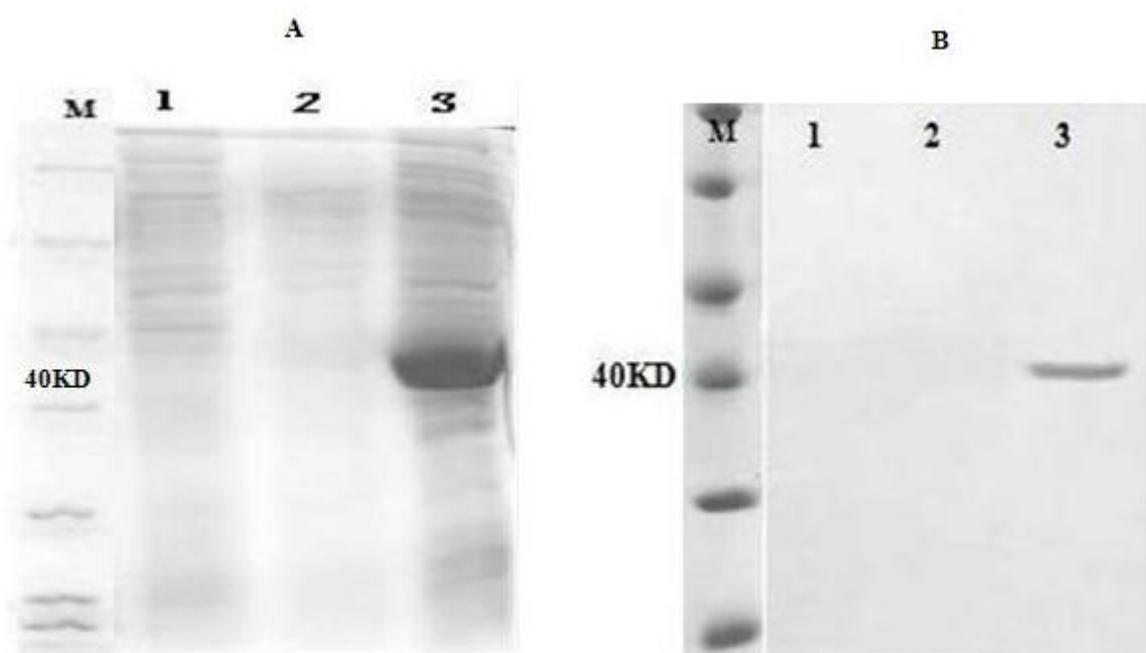
H: ژن استاندارد داخلی برای مقایسه سطح رونوشت برداری ژن HA1 بیان شده

* primers used to verify gene constructs (PCR product: 345 bp)

**primers used for Real time PCR assay (PCR product: 170 bp)

T: HA1 gene that expressed transiently in Lettuce, Soybean and Medicago

H: Internal standard gene for comparison of HA1 gene transcription level



شکل ۴- بررسی نمونه‌های پروتئینی استخراج شده از *E.coli* توسط ژل SDS-PAGE ۱۲ درصد (A) M: نشانگر پروتئینی (شرکت فرمتاز)؛ ۱ و ۲: نمونه‌های پروتئینی حاوی (pet28a-HA1) قبل از القا با IPTG (۱ میلی مولار)؛ ۳: نمونه پروتئینی حاوی (pet28a-HA1) پس از القا با غلظت ۱ میلی مولار از IPTG، که باند ۴۰ کیلو دالتون مربوط به *HA1* در نمونه پس از القا به خوبی قابل مشاهده است. بررسی نمونه‌های پروتئینی استخراج شده از *E.coli* توسط وسترن بلاستینگ (B) M: نشانگر پروتئینی (شرکت فرمتاز)؛ ۱ و ۲: نمونه‌های پروتئینی استخراج شده از *E. coli* قبل از القا با ۱ میلی مولار IPTG؛ ۳: نمونه پروتئینی استخراج شده از *E. coli* پس از القا با ۱ میلی مولار از IPTG. (باند ۴۰ کیلو دالتون نشان دهنده وزن مولکولی پروتئین *HA1* می‌باشد).

Figure 4- 12% SDS-PAGE gel analysis of protein samples extracted from *E.coli* cells (A), Lane M: Protein molecular marker (Fermentase); Lane 1 & 2: protein samples containing pet28a-HA1 before 1 mM IPTG induction. Lane 3: HA1 expressed samples (pet28a-HA1) after 1 mM IPTG induction. gel analysis of protein samples extracted from *E.coli* cells using western blot analysis (B), Lane M: Protein molecular marker (Fermentase); Lane 1 & 2: protein samples extracted from infected *E.coli* cells with pET28-HA1 before IPTG induction, 40 KD band shows HA1 molecular weight; Lane 3: protein samples extracted from infected *E.coli* cells with pET28-HA1 after IPTG induction, 40 KD band shows HA1 molecular weight.

ترتیب که از *HA1* خالص شده از باکتری در غلظت‌های صفر تا ۲۵ نانوگرم به عنوان استاندارد

در نهایت انباشت و تعیین غلظت *HA1* با ELISA انجام شد (Shoji *et al.*, 2009)، به این

ویروس آنفلوانزای تولید شده در باکتری به صورت نامحلول تولید می‌شود، استخراج پروتئین *HAI* به روش واسرسته انجام شد. بررسی بیان *HAI* در سطح رونوشت: با تکثیر قطعه ۱۷۰ جفت بازی از mRNA حاصل از نمونه‌های *HAI* اینفیلتره شده، رونوشت برداری از آنتی ژن *ACTIN* به اثبات رسید (شکل ۵-۵A). تکثیر ژن *HAI* ۱۶۰ جفت بازی نیز به عنوان ژن کنترل داخلی در شکل ۵-۵B نشان داده شده است. نتایج آزمون Real Time PCR با استفاده از آغازگرهای ژن *HAI* و آغازگرهای ژن کنترل برای هر گیاه نشان *HAI* داد که بیشترین میزان رونویسی از روی ژن *HAI* در مقایسه با گیاه غیر اینفیلتره شده در کاهو مشاهده شد در حالی که سویا کمترین بیان ژن را در سطح رونوشت برداری نشان داد (شکل ۵-۵C). با توجه به داده‌های الگوی رونوشت ژن‌ها، پیتیدهای راهنمای تاثیری بر رونوشت برداری نداشتند. از طرف دیگر چون بیان بالای یک ژن همیشه نشان دهنده انباست بیشتر پروتئین نیست، برای بررسی میزان پروتئین نهایی، آزمون الیزا صورت گرفت. به منظور تعیین غذت نهایی پروتئین به صورت درصد از کل پروتئین محلول، منحنی استاندارد بر اساس میزان جذب در رقت‌های مختلف *HAI* بیان شده در باکتری، ترسیم شد (شکل ۶). نتایج آزمون الیزا با آنتی بادی پلی هیستیدین کونژوگه نشان داد که بیشترین مقدار بیان هنگامی به دست آمد که ژن *HAI* به سمت فضای بین سلولی (آپوپلاستی) هدف گذاری شد

جهت تعیین غلط پروتئین در گیاهان استفاده شد. بعد از پوشش دادن پلیت ELISA با آنتی ژن و استفاده از آنتی بادی پلی هیستیدین کونژوگه و سوبسترای OPD^۱، جذب OD^۲ در ۴۵۰ نانومتر در ۳ تکرار قرائت شد و در نهایت، غذت نهایی پروتئین به صورت درصد از کل پروتئین محلول (TSP)^۳ به دست آمد.

نتایج و بحث

در این مطالعه برای بیان موقت ژن از روش انتقال آگروبакتریوم تحت خلاء و برگ‌های گیاهان یونجه، سویا و کاهو به عنوان میزبان برای بیان آنتی ژن *HAI* استفاده شد. گیاه سویا به دلیل قابلیت بیان بالا و یونجه و کاهو با توجه به قابلیت تولید برگ فراوان در طول سال، و امکان استفاده مستقیم در جیره غذایی طیور و توانایی Fieler (et al., 1997) نسبتاً خوب تولید پروتئین انتخاب شدند (pET28a، کلونی‌های به دست آمده با PCR با استفاده از آغازگرهای ویژه ژنی (جدول ۱) تایید (شکل ۲) و سازه ژنی به دست آمده توالی یابی شد. نتایج توالی یابی میزان *HAI* درصد همولوژی را با توالی ژن سنتزی ۹۹ نشان داد. بخشی از نتیجه تعیین توالی سازه pET28a-HAI در شکل ۳ آورده شده است. به این دلیل که پروتئین نوترکیب *HAI* مربوط به

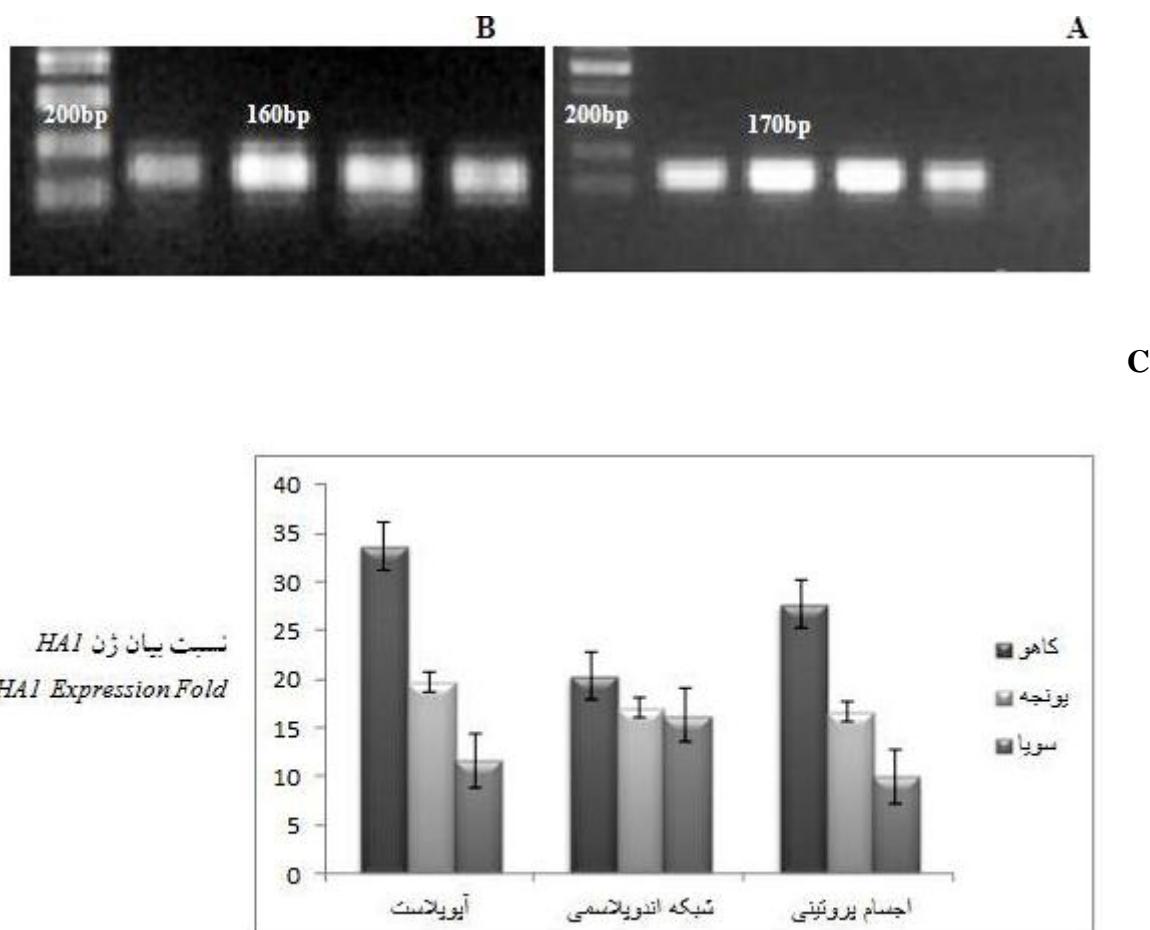
1 . Ophenylenediamine

2 . Optical dencity

3 . Total soluble protein

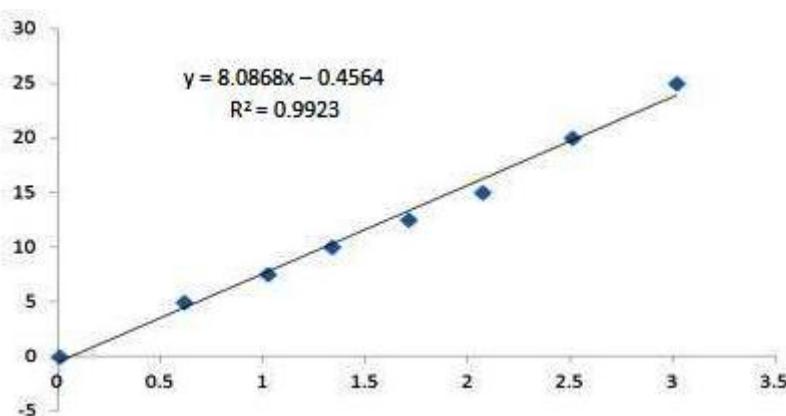
یافت. هدف گذاری پروتئین *HA1* در فضای آپوپلاستی گیاه یونجه، بیشترین عملکرد پروتئین نوترکیب را ارائه داد. در کل گیاه یونجه بیشترین عملکرد پروتئین نوترکیب را داشت (شکل ۷).

و میزان پروتئین تولید شده در آپوپلاست گیاهان یونجه، سویا و کاهو به ترتیب $۳/۵۷$ ، $۳/۲$ و $۲/۵$ درصد از پروتئین کل محلول بود (شکل ۷). در رتبه دوم بیشترین مقدار بیان هنگامی حاصل شد که پروتئین نوترکیب در اجسام پروتئینی تجمع



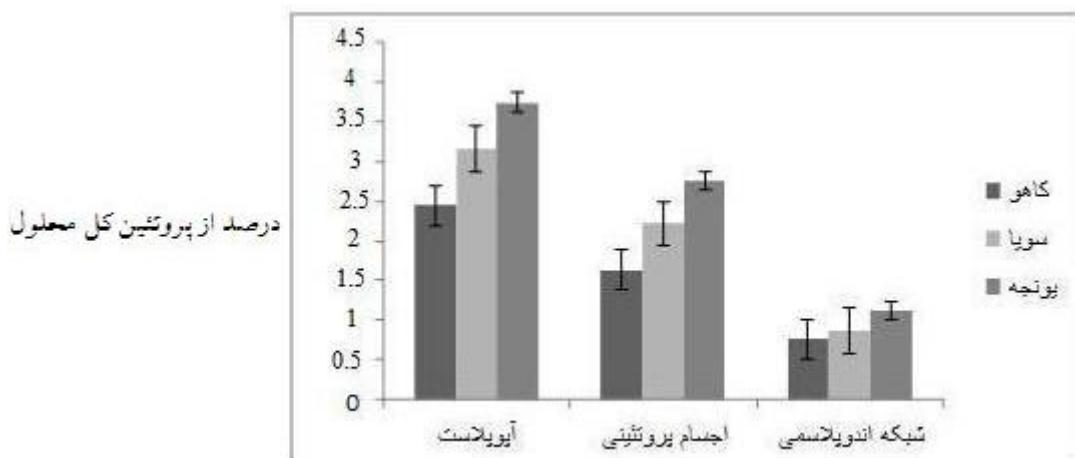
شکل ۵ - بررسی بیان ژن *HAI*: تایید بیان *HAI* در کاهو با RT-PCR (A)، تکثیر ژن *ACTIN* کاهو به عنوان ژن کنترل داخلی (B) و سطح نسبی بیان ژن *HAI* در نمونه‌های اینفیلتره شده با سازه‌های حاوی پپتید راهنمای ZERA و Extensin و KDEL (C).

Figure 5- *HAI* gene expression assessment: Verification of *HAI* expression in lettuce with RT-PCR (A), Amplification pf lettuce *ACTIN* as internal control (B) and relative *HAI* expression level in infiltrated samples with constructs including KDEL, Extensin and ZERA (C).



شکل ۶- منحنی استاندارد بر اساس میزان جذب در رقت‌های مختلف *HAI* بیان شده در باکتری. محور افقی میزان جذب در آزمون الیزا و محور عمودی غلظت پروتئین در نمونه (بر حسب میکروگرم) را نشان می‌دهد.

Figure 6- Standard *HAI* curve based on the absorption rate in different concentration of bacterial *HAI*. Horizontal and vertical Axis show the absorption rate in Elisa assay and the protein concentration of the samples (μg) respectively.



شکل ۷- نتایج حاصل از آزمون الیزا (درصد *HAI* نوترکیب از پروتئین کل محلول). بین سه گیاه مورد بررسی، یونجه بیشترین انباست پروتئین را داشت، بیشترین تولید پروتئین نیز زمانی صورت گرفت که پروتئین در آپولاست با استفاده از پپتید راهنمای Extensin هدف‌گذاری شد.

Figure 7- Elisa results (recombinant *HAI* percent of total soluble protein). Among three assayed plants, medicago had the most protein accumulation in apoplastic space by Extensin signal peptide.

قارچ‌ها، حیوانات و گیاهان به عنوان راکتور تولید کننده استفاده شده است. از این میان گیاهان برای تولید داروهای نوترکیب ترجیح داده می‌شوند.

تولید پروتئین‌ها و داروهای نوترکیب اهمیت ویژه‌ای برای محققان و کشورها دارد. در این راستا نیز میزبان‌های مختلفی شامل باکتری‌ها،

انتهای کربوکسیل آنتی ژن *HA* آنفلوانزا برای بیان وقت این پروتئین در توتون استفاده شد (Shoji, et al., 2011). در تحقیق حاضر نیز استفاده از سیستم His-tag 6 منجر به تخلیص مناسب و تولید سطوح بالای *HA1* در باکتری گردید.

این تحقیق با هدف استفاده از پتانسیل بالای گیاهان جهت تولید پروتئین *HA1* طراحی و اجرا گردید. برای رسیدن به این هدف لازم است که بهینه‌سازی از جنبه‌های مختلف صورت گیرد. در این تحقیق جهت افزایش بیان ژن از توالی افزایش دهنده سیستم بیان گیاهی استفاده شد که از بررسی توالی‌های قبل از کدون آغاز، در ژن هایی با بیان بالا در گیاهان بدست آمده است (Taylor et al., 2000). توالی مورد توافق کذاک mRNA (GCAACA) در مولکول‌های یوکاریوتی توسط ریبوزوم به عنوان جایگاه آغاز ترجمه شناخته می‌شود (Wang et al., 2004).

از عوامل بسیار مهم جهت بهینه‌سازی سیستم‌های تولید پروتئین‌های نوترکیب می‌توان به انتخاب پرموتور قوی، هدف‌گیری پروتئین مورد نظر به بافت مناسب گیاه و نیز قرار گرفتن پروتئین در جایگاه مناسب در داخل سلول اشاره نمود. در مطالعات مختلف به منظور افزایش پایداری پروتئین تولید شده در داخل سلول با استفاده از توالی KDEL آن را به شبکه آندوپلاسمی هدف گیری نموده‌اند زیرا این توالی موجب افزایش بیان پروتئین نوترکیب می‌شود. هدف دیگر از اضافه کردن توالی KDEL

زیرا قیمت تمام شده محصول در گیاهان کمتر از سایر منابع می‌باشد. بعلاوه داروهای نوترکیب تولید شده از طریق گیاهان به علت عدم وجود آلدگی‌های میکروبی و بویژه عوامل بیماریزای مشترک با انسان، ایمنی بالاتری را دارند.

در تحقیق حاضر پس از طی مراحل همسانه سازی در ناقل بیانی pET28a، بیان پروتئین نوترکیب *HA1* در سلول میزبان BL21-DE3 به دلیل عدم وجود پروتئازهای سلولی و کاهش فعالیت پروتئازی روی محصول، با موفقیت انجام شد. ناقل بیانی pET28a با داشتن پیشبرنده قوی T7 قادر به بیان توالی‌های ژنی بعد از خود است و این ناقل بعد از بیان پروتئین نوترکیب به انتهای آمین آن پروتئین نشانگر 6HisTag می‌کند. این نشانگر برای تخلیص پروتئین نوترکیب بیان شده با انجام روش کروماتوگرافی میل ترکیبی کاربرد دارد. محصول نوترکیب با این نشانگر تمايلی، به خوبی خالص می‌شود و این نشانگر تأثیری در ایمنی‌زایی پروتئین مورد نظر ندارد (Arnaud et al., 2006).

امروزه جداسازی و خالص سازی پروتئین‌های نوترکیب با سیستم 6 His-tag یک روش معمول می‌باشد (Arnaud et al., 2006)، طوری که زیرواحد *HA1* ویروس آنفلوانزای H5N1 در *E. coli* تولید و از سیستم 6 His-tag تخلیص بالای پروتئین استفاده شد (Khurana et al., 2010). در مطالعات پیشین از سیستم تخلیص His-tag 6 و سیگنال پیتید KDEL در

(A/Indonesia/05/05) که به درون شبکه آندوپلاسمی هدف گیری شده بود در گیاه توتون مورد ارزیابی قرار گرفت و پروتئین تولید شده سطح بیان بالایی (۶۰ میلی گرم بر کیلوگرم وزن تر گیاه) را در سیستم گیاهی نشان داد (2009 Shoji *et al.*, A/Viet Nam/ HA ویروس (گلیکوپروتئین H5N1 (1194/2004 به طور کامل و نیز برش خورده به طور موقت با هدف گیری های متفاوت (آپوپلاست، شبکه آندوپلاسمی، سیتوزوول و کلروپلاست) در گیاه توتون مورد ارزیابی قرار گرفت. نتایج نشان داد که بیشترین بیان مشاهده شده به ترتیب مربوط به نمونه های تجمع یافته در آپوپلاست و شبکه آندوپلاسمی می باشد (2012 Mortimer *et al.*, تراپیتید KDEL نمی تواند نقش خود را به طور کامل ایفا کند (Movafeghi, 2006) زیرا تجمع پروتئین های دارای توالی راهنمای در شبکه آندوپلاسمی بیش از سلول های طبیعی است، همین امر می تواند سبب اشیاع گیرنده های KDEL شود. با توجه به بیان بیشتر پروتئین نوترکیب دارای KDEL در گیاه یونجه نسبت به سویا و کاهو می توان نتیجه گرفت که احتمالاً تعداد گیرنده های KDEL در سلول های یونجه بیشتر بوده است (شکل ۷). با مقایسه اثرات ZERA و KDEL بر میزان پروتئین تولیدی، نتایج ELISA نشان داد که پیتید راهنمای ZERA با انباشت HA1 در اجسام پروتئینی نقش بیشتری

مانع از ورود پروتئین تولید شده به دستگاه گلتری گیاه است. در غشای سیسترون گلتری، گلیکان های گیاهی به پروتئین نوترکیب اضافه می شود که این گلیکان ها در بدن انسان پاسخ های ایمنی را موجب می شوند، در حالی که حضور توالی KDEL از وارد شدن پروتئین به دستگاه Asgharzadeh *et al.*, 2015 گلتری ممانع بعمل می آورد (al., 2015). برای اولین بار اثر KDEL بر تجمع پروتئین ویسیلین در شبکه آندوپلاسمی بذور و افزایش پایداری این پروتئین گزارش شد (1992 Wandeltt *et al.*,). محققان گزارش کردند که این توالی به خوبی توسط گیرنده های مربوطه شناسایی شده و موجب نگهداری پروتئین تولید شده در شبکه آندوپلاسمی می شود. این مقدار افزایش تولید (تا ۱۰۰ برابر حالتی که از توالی KDEL استفاده نشود) به دلیل قرار گرفتن پروتئین در شبکه آندوپلاسمی و در امان ماندن Schouten *et al.*, 1996). هدف دیگر از افزودن توالی KDEL ممانع از ورود پروتئین تولید شده به دستگاه گلتری گیاه است. در غشای سیسترون گلتری، گلیکان های گیاهی به پروتئین نوترکیب اضافه می شود که این گلیکان ها در بدن انسان پاسخ های ایمنی را موجب می شوند. نتایج محققان نشان داده است که توالی KDEL با کارایی بالا از قرار گرفتن پروتئین در دستگاه گلتری ممانع بعمل می آورد (Frigerio *et al.*, 2001). در مطالعه ای به طور موقت بیان آنتی ژن HA ویروس (H5N1

موقعت و با هدفگیری محصول در شبکه آندوپلاسمی و آپوپلاست در گیاه توتون مورد بررسی قرار گرفت و بیان بالای آنتی ژن *HAI* با هدف گیری پروتئین به آپوپلاست به دست آمد (Spitsina *et al.*, 2009). نتایج ما نیز کارآیی مناسب این پیتید راهنمای برای هدفگذاری پروتئین های نوترکیب را تایید نمود.

به نظر می رسد بهینه سازی توالی بر اساس ترجیح کدون گیاهی تاثیر زیادی در میزان بیان داشته است. امروزه بهینه سازی توالی ژنی یکی از راهکارهای افزایش رونویسی و ترجمه ژنهای خارجی می باشد که در این تحقیق در مورد گیاه mRNA کاهو مشاهده شد. افزایش رونوشت های ژن الزاماً نمی تواند منجر به سطوح بالای پروتئین گردد. زیرا تنها حدود ۴۰-۲۰ درصد فراوانی پروتئین با غلظت mRNA قابل تعیین است (Nie *et al.*, 2006). غلظت نهایی پروتئین ها، به سرعت ترجمه و تجزیه نیز بستگی دارد. هدف گذاری پروتئین ها به سمت اندامک ها و فضاهای بین سلولی که در آنها میزان پروتئاز های سلولی کمتر است سبب افزایش بازده پروتئین نوترکیب می شود. اگرچه دستگاه رونویسی در گیاه کاهو بسیار بهتر از سویا و یونجه عمل کرده است اما میزان نهایی پروتئین *HAI* کمتر بوده است.

در بیان موقعت ژن *VP2*, گیاهان یونجه و توتون نسبت به کاهو پتانسیل بیشتری برای تولید پروتئین نوترکیب داشته اند (Pourseydi *et al.*, 2009) که با نتایج ما در بیان آنتی ژن *HAI*

ایغا نموده است (شکل ۷). زیرا گیاهان دارای آن پیتید راهنمای یکنواختی بیشتری نشان داده اند و شاید این به دلیل حفظ پروتئین نوترکیب از گرنز پروتئاز های درون سلول های گیاهی باشد. اما چون پیتید راهنمای KDEL به صورت مبتنی بر گیرنده عمل می کند با اشباع این گیرنده ها، پروتئین در سیتوسول آزاد و احتمالاً تجزیه می شود (شکل ۷). اثر بهتر پیتید راهنمای ZERA می تواند ناشی از بسته بندی پروتئین در اجسام پروتئینی یا انباست در نزدیک دیواره سلولی باشد (Torrent *et al.*, 2009).

استفاده از پیتید راهنمای ژن *Extensin* هویج سبب افزایش تجمع پروتئین *HAI* در فضای بین سلولی شد و بدین طریق نوعی ممانعت فیزیکی بین محل تجمع پروتئین نوترکیب و پروتئازها به وجود آورد. هدایت پروتئین به بخش آپوپلاستی، منجر به افزایش میزان پروتئین تولیدی و همچنین بالاتر رفتن درصد پروتئین نوترکیب در میان کل پروتئین های محلول در گیاهان مورد بررسی گردید (شکل ۷). این روش علاوه بر تسهیل در استخراج پروتئین، می تواند به دلیل آلودگی کمتر پروتئین های همراه، هزینه پایین دستی مرتبط به تخلیص پروتئین را کاهش دهد. در مطالعه ای با هدف گذاری آنزیم فیتاز در فضای بین سلولی، ۲۰ برابر فیتاز بیشتر در آراییدوپسیس بدست آمد (Richardson 2001). بیان آنتی ژن *HA* ویروس H5N1 (*et al.*, 2001) تحت سیستم A/Viet Nam/1203/2004) بیان

پروتئین *HAI* نوترکیب در گیاه یونجه با قابلیت تولید پروتئین بالا، قابلیت کشت مناسب، چند چین برداشت و تولید ۳۰ تن برگ در سال در هر هکتار به سهولت دست یافتنی است (Fischer & Schilberg, 2004). با توجه به خوراکی بودن این پروتئین نوترکیب برای طیور و استفاده از این گیاهان علوفه‌ای به ویژه یونجه در خوراک مرغ، به نظر می‌رسد با انجام بررسی‌هایی بتوان برگ‌های حاوی این پروتئین نوترکیب را مستقیماً در جیره غذائی جوچه‌ها مصرف کرد. گیاه کاهو اگرچه عملکرد بیوماس بیشتری حتی نسبت به یونجه دارد و به حدود ۳۰ تن در هکتار می‌رسد ولی حضور بافت‌های برگی پر آب که حدود ۹۸ درصد آن‌ها را آب تشکیل می‌دهد، عاملی برای کاهش عملکرد پروتئین و پایداری آن است و در مقایسه با یونجه و سویا قابلیت کمتری برای تولید این پروتئین دارد و نتایج (Schilberg & Fischer, 2004) و Hashemi et al., (2005) Fischer می‌کند. نتایج حاصل اولین گزارش مبنی بر استفاده از روش اگرواینفیلتراسیون به منظور تولید آنتی ژن *HAI* در گیاهان مختلف می‌باشد که راه را برای انجام تحقیقات بیشتر هموار می‌سازد. در این پژوهش همه مراحل بیان موقت تنها با استفاده از امکانات آزمایشگاهی و بدون نگرانی از آزادسازی محیطی انجام شد و نشان داده شد که آنتی ژن *HAI* امکان بیان در گیاهان یونجه، سویا و کاهو را داشته و این آنتی ژن تولید شده با استفاده از آنتی‌بادی هیس تگ کوژنزوگه قابل

مطابقت دارد. همچنین نتایج ما نشان داد که در گیاه یونجه علیرغم بیان پایین‌تر در سطح رونوشت نسبت به کاهو، با هدف‌گذاری پروتئین در جایگاه مناسب سلول، پروتئین نوترکیب بیشتری به دست آمد که بیانگر دستگاه ترجمه قدرتمند یونجه است. بافت برگی کاهو دارای محتوای آب بالایی است و پروتئین‌ها ثبات خوبی در این شرایط نداشته و تجزیه می‌شوند اما کاهو به دلیل داشتن ترکیبات آلکالوئیدی کم و هزینه کمتر فرآیندهای پایین دست مورد توجه است (Hefferon, 2010). سویا نیز از اهداف مناسب زراعت مولکولی است طوری که آنتی‌بادی تولید شده در این گیاه جزو معدود پروتئین‌هایی است که وارد فاز بالینی شده است (et al., 2004).

Fischer به طور کلی نتایج حاصل از این تحقیق نشان دهنده این است که با توجه به رفتار بیانی خاص هر پروتئین در محیط سلول، استفاده از روش اگروباکتریوم تحت خلاء می‌تواند یکی از روش‌های مناسب برای بررسی سازه‌های بیانی و میزان بیان ژن در گیاهان باشد (Gidding et al., 2000). با توجه به این نتایج گیاه یونجه پتانسیل خوبی برای تولید پروتئین *HAI* دارد در حالی که میزان تولید در گیاه سویا کمتر و در کاهو بسیار کم است. به نظر می‌رسد تولید این پروتئین با غلظت بالاتر در گیاه یونجه و پایداری آن در محیط آپوپلاستی موجب شده است که میزان بیشتری از این پروتئین تولید گردد. تولید

همچنین با توجه به امکان بیان این آنتیژن در یونجه، سویا و کاهو و حفظ ساختار مناسب و خواص آنتیژنیک آن، می‌توان در ادامه، این گیاهان را به عنوان یک واکسن بالقوه علیه عفونت آنفلوانزای پرندگان تحت تراریزش پایدار قرار داد.

شناسایی می‌باشد. از آنجایی که در این بررسی، آنتیژن مورد نظر در سطح مناسبی از کل پروتئین‌های تولیدی در گیاهان تولید شد، می‌توان با بهره‌گیری از روش اگرواینفیلتراسیون میزان نسبتاً بالایی از آنتیژن را تولید کرده و برای امکان تولید آنتیبادی و برانگیختن پاسخ ایمنی مناسب در حیوانات آزمایشگاهی مورد بررسی قرار داد.

منابع

- Ahmadi N, Rahnama H, Kazemi Tabar S (2011). Cloning of tomato E8 promoter and its analysis in transient assays using Agro-infiltration system. *Journal of Agricultural Biotechnology* 3: 1-14.
- Arnaud J, Lauritzen C, Petersen GE, Pedersen I (2006). Current strategies for the use of affinity tags and tag removal for the purification of recombinant proteins. *Protein Expression and purification* 48: 1-13.
- Asgharzadeh S, Bagheri Kh, Jalali Javaran M, Mahboudi F (2015). Expression of recombinant gamma interferon in tobacco plant seeds. *Journal of Agricultural Biotechnology* 7: 1-16.
- Bradford MM (1976). A rapid and sensitive method for the quantification of microgram quantities of protein utilizing the principle of protein-dye binding. *Analytical Biochemistry* 72: 248-54.
- Carter JB, Saunders VA (2007). *Virology: principles and applications*. Wiley.
- Chichester JA, Jones MR, Gree BJ, Stow M, Miao F, Moonsammy G, Streatfield SJ, Yusibov V (2012). Safety and Immunogenicity of a Plant-Produced Recombinant Hemagglutinin-Based Influenza Vaccine (HAI-05) Derived from A/Indonesia/05/2005 (H5N1) Influenza Virus: A Phase 1 Randomized, Double-Blind, Placebo-Controlled, Dose Escalation Study in Healthy Adults. *Viruses* 4: 3227-3244.
- Fieder U, Artsaenko O, Conrad U (1997). Optimisation of Scfv antibody production in transgenic plant. *Immunology* 3: 205-216.
- Fischer R, Schilberg S (2004). Molecular farming plant-made pharmaceuticals and technical proteins. WILEYVCH Verlag GmbH & Co.KGaA.
- Fischer R, Stoger E, Schillberg S, Christou P, Twyman R (2004). Plant based production of Biopharmaceuticals. *Current Opinion in plant Biology* 7:152-158.
- Frigerio L, Pastres A, Vitale A (2001). Influence of KDEL on the fate of terimeric or assembly-defective phaseolin: selective use of an alternative route to vacuoles. *The Plant Cell* 13: 1109-1126.
- Gidding G, Allison G, Brooks D, Carter A (2000). Transgenic Plants as Factories for Biopharmaceuticals. *Natural Biotechnology* 18:1151-1155.

- Hashemi Sohi H, Jourabchi E, Khodabandeh M (2005). Transient expression of human growth hormone in potato (*Solanum tuberosum*), tobacco (*Nicotiana tabacum*) and lettuce (*Lactuca sativa*) leaves by Agroinfiltration. Iranian Journal of Biotechnology 12: 109-114.
- Hefferon KL (2010). Biopharmaceuticals in Plants: Toward the Next Century of Medicine. CRC Press, USA, 27-39.
- Houdebine LM (2009). Production of pharmaceutical proteins by transgenic animals. Comparative Immunology, Microbiology & Infectious Diseases 32:107–121.
- Kim TG, Yang MS (2010). Current Trends in Edible Vaccine Development using Transgenic Plants. Biotechnology and Bioprocess Engineering 15:61-65.
- Khurana S, Verma S, Verma N, Crevar CJ, Carter DM, Manischewitz J, King LR, Ross TM, Golding H (2010). Bacterial HA1 Vaccine against Pandemic H5N1 Influenza Virus Evidence of Oligomerization, Hemagglutination, and Cross-Protective Immunity in Ferrets. Journal of Virology 1246–1256.
- Livak KJ, Schmittgen TD (2001). Analysis of relative gene expression data using real-time quantitative PCR and the $2^{-\Delta\Delta Ct}$ method. Methods 25: 402-408.
- Mortimer E, Maclean JM, Mbewana S, Buys A, Williamson AL, Hitzeroth II, Rybicki EP (2012). Setting up a platform for plant-based influenza virus vaccine production in South Africa. BMC Biotechnology 12-14.
- Movafeghi A (2006). Study of the role of C-terminal HDEL signal sequence of proteins using immunogoldlabeling of transgenic and wild tobacco cells. Iranian Journal of Biology 19: 282-289.
- Nie L, Wu G, Zhang W (2006). Correlation between mRNA and protein abundance in *Desulfovibrio vulgaris*: a multiple regression to identify sources of variations. Biochemical and Biophysical Research Communications 339:603-610.
- Norkin LC (2010). Virology: molecular biology and pathogenesis. ASM Press.
- Obembe OO, Popoola JO, Leelavathi S, Reddy SV (2011). Advances in plant molecular farming. Biotechnology Advances 29: 210-222.
- Pourseyedi S, Hashemi Sohi H, Omidi M, Ghoreshi SA, Shah Nejat Boushehri AA, Jourabshi E (2009). Transient expression of VP2 gene of very virulent IBDV in tobacco, Alfalfa and lettuce leaves by agroinfiltration. Veterinary Journal (Pajouhesh and Sazandegi) 83: 18-25.
- Richardson AE, Hadobas PA, Hayes JE (2001). Extracellular secretion of *Aspergillus* phytase from *Arabidopsis* roots enables plants to obtain phosphorus from phytate. Plant Journal 25:6: 641-649.
- Schouten A, Roosien J, Engelen FA, Jong GAM, Borst-Vrenssen AWM, Zilverentant JF, Bosch D, Stiekema WJ, Gommers FJ, Schots A, Bakker J (1996). The C-terminal KDEL sequence increases the expression level of a single-chain antibody designed to be targeted to both the cytosol and the secretory pathway in transgenic tobacco. Plant Molecular Biology 30: 781-793.
- Shoji Y, Bi H, Musiychuk K, Rhee A, Horsey A, Roy G (2009). Plant-derived hemagglutinin protects ferrets against challenge infection with the A/Indonesia/05/05 strain of avian influenza. Vaccine 27:1087–1092.
- Shoji Y, Chichester JA, Jones M, Manceva SD, Damon E, Mett V, Musiychuk K, Bi H, Farrance C, Shamloul M, Kushnir N, SharmaS, Yusibov V (2011). Plant-based rapid production of recombinant subunit hemagglutinin vaccines targeting H1N1 and H5N1 influenza. Human Vaccines 7: 41-50.

- Spitsina S, Andrianova V, Pogrebnyaka N, Smirnova Y, Borisjuka N, Portocarreroa C, Veguillab V, Koprowski H, Golovkina M (2009). Immunological assessment of plant-derived avian flu H5/HA1 variants. *Vaccine* 27: 1289–1292.
- Steel J, Lowen AC, Wang TT, Yondola M, Gao Q, Haye K, García-Sastre A, Palese P (2010). Influenza virus vaccine based on the conserved hemagglutinin stalk domain. *Mbio* 1: 4-10.
- Taylor J, Jones JDG, Sandler S, Muller GM, Bedbrook J (2000). Optimizing of expression of chimeric genes in plant cells. *Molecular Genetics* 210: 572-577.
- Torrent M, Llop-Tous I, Ludevid MD (2009). Protein body induction: a new tool to produce and recover recombinant proteins in plants. *Methods in Molecular Biology* 483:193-208.
- Wandeltt C, Rafiqul M, Khan SC, Harmut ES, Spencer D, Higgins TJV (1992). Vicilin with carboxyterminal KDEL is retained in the endoplasmic reticulum and accumulates to high levels in the leaves of transgenic plants. *Plant Journal* 2:181-192.
- Wang XQ, Rothnagel JA (2004). 5' Untranslated regions with multiple upstream AUG codons can support low-level translation via leaky scanning and reinitiation. *Nucleic Acids Research* 32: 227-235.
- Wang A, Ma S (2012). *Molecular Farming in Plants: Recent Advances and Future Prospects*. Springer, New York, 183-198.

Transient expression of *HA1* antigen of avian influenza virus (H5N1) in alfalfa, soybean and lettuce leaves by agroinfiltration

Farsad A.S.¹, Malekzadeh Shafaroudi S.^{*1}, Moshtaghi N.¹, Fotouhi F.², Zibaei S.³

¹ Department of Biotechnology and Plant Breeding, Ferdowsi University of Mashhad, IRAN.

² Influenza Research Lab, Pasteur Institute of IRAN, Tehran, IRAN.

³ Razi Vaccine and Serum Research Institute, Mashhad, IRAN.

Abstract

HA1 antigen is the major host protective immunogen of the highly pathogenic H5N1 avian influenza A virus (AIV), which leads to great pandemics and epidemics throughout the world. Plants are now gaining widespread acceptance as a general platform for the large scale production of recombinant proteins like influenza vaccines. In present study *HA1* antigen of H5N1 was expressed in Alfalfa (*Medicago sativa*), soybean (*Glycine max*) and Lettuce (*Lactuca sativa*) leaves using agro-infiltration. Also the effect of three signal peptide including KDEL, Extensin and ZERA which cause protein accumulation respectively in endoplasmic reticulum, apoplastic space and protein bodies, were analysed. 72 hours after the agro-infiltration, qRT-PCR results showed that lettuce and soybean respectively had the maximum and minimum of *HA1* transcripts. The expression of *HA1* was detected in leaves extracts by ELISA method. The highest expression was detected in alfalfa leaves with apoplastic signal peptide while the lowest expression was found in lettuce despite the highest transcription rate. The results showed that using agro-infiltration system in alfalfa plant with apoplastic signal peptide was the appropriate strategy for *HA1* antigen production in the assayed plants.

Key words: Agro-infiltration, Alfalfa, *HA1* antigen, Lettuce, Soybean.

* Corresponding Author: Malekzadeh- Shafaroudi S. Tel: 05138804630
^.

Email: malekzadeh-s@um.ac.ir