

# خون

فصلنامه علمی پژوهشی  
دوره ۹ شماره ۴ زمستان ۹۱ (۳۸۰-۳۹۰)

مقاله پژوهشی

## بررسی ترانسفکت و کتورهای نوترکیب آدنوویروسی فاقد ژن گزارشگر و تیتراسیون آن با روش‌های مولکولی: راهنمای عملی

کامران عطاردی<sup>۱</sup>، علی اکبر پورفتح‌الله<sup>۲</sup>، حسن ابوالقاسمی<sup>۳</sup>، ناصر امیری‌زاده<sup>۴</sup>، مهریار حبیبی رودکنار<sup>۵</sup>  
غلامرضا خمیسی‌پور<sup>۶</sup>

### چکیده سابقه و هدف

خصوصیات بیولوژی آدنوویروس، آن را به وکتوری مناسب در تحقیقات پایه به عنوان ابزار انتقال ژن و هم چنین در درمان بالینی بسیاری از بیماری‌ها و واکسیناسیون مبدل کرده است. در این مطالعه، ترانسفکشن آدنوویروس فاقد ژن گزارشگر و هم چنین تیتراسیون آن به وسیله روش‌های مولکولی مورد ارزیابی قرار گرفت.

### مواد و روش‌ها

در یک مطالعه تجربی، پس از ساخت آدنوویروس نوترکیب، وجود ترانس ژن در سازه ژنی با استفاده از آغازگرهای اختصاصی آن با روش PCR و هم چنین تعیین توالی ارزیابی شد. به منظور پایش ترانسفکشن، DNA استخراج شده از سلول‌های ترانسفکت شده با استفاده از آغازگرهای اختصاصی ترانس ژن با روش PCR مورد بررسی قرار گرفت. تیتر ویروس به روش Real-time PCR و با استفاده از آغازگرهای تشخیصی بر روی DNA استخراج شده از لیزات ویروس تعیین شد.

### پافته‌ها

وجود ترانس ژن در سازه ژنی نوترکیب با استفاده از آغازگرهای اختصاصی ترانس ژن و هم چنین تعیین توالی تایید شد. بررسی DNA استخراج شده از سلول‌های HEK 293A ترانسفکت شده، موفقیت کیفی ترانسفکشن را مورد تایید قرار داد و هم چنین تعداد ذرات ویروس با استفاده از Real-time PCR حدود  $10^7 \times 5$  در واحد حجم (میلی‌لیتر) برآورد شد.

### نتیجه‌گیری

با طراحی و مهندسی هدفمند آغازگر، می‌توان موفقیت یا عدم موفقیت ترانسفکشن را به صورت کیفی در کار با وکتورهای آدنوویروسی فاقد ژن گزارشگر، ارزیابی نمود. هم چنین با استفاده از روش Real-time PCR و به کارگیری روش‌های مناسب جداسازی ژنوم کامل ویروس از لیزات آن، از محدودیت‌های تیتراسیون کیفی آدنوویروس اجتناب ورزید.

**کلمات کلیدی:** آدنوویروس‌ها، ترانسفکشن، PCR

تاریخ دریافت: ۹۰/۱۱/۵

تاریخ پذیرش: ۹۱/۴/۴

-۱- همانولوژی و بانک خون - دانشکده پزشکی دانشگاه تربیت مدرس و مرکز تحقیقات انتقال خون - مؤسسه عالی آموزشی و پژوهشی طب انتقال خون - تهران - ایران

-۲- مؤلف مسؤول: PhD ایمونولوژی - استاد دانشکده پزشکی دانشگاه تربیت مدرس - تهران - ایران - صندوق پستی: ۱۴۱۱۵-۱۱۱  
-۳- فوق تخصص خون و انکلوژی اطفال - استاد دانشکده پزشکی دانشگاه بقیه‌الله و مرکز تحقیقات بیماری‌های خونی مادرزادی کودکان دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی - تهران - ایران

-۴- همانولوژی و بانک خون - استادیار مرکز تحقیقات انتقال خون - مؤسسه عالی آموزشی و پژوهشی طب انتقال خون - تهران - ایران

-۵- PhD بیوتکنولوژی - دانشیار مرکز تحقیقات انتقال خون - مؤسسه عالی آموزشی و پژوهشی طب انتقال خون - تهران - ایران

-۶- همانولوژی و بانک خون - استادیار دانشکده پزشکی دانشگاه علوم پزشکی بوشهر - بوشهر - ایران

مقدمه

عفونت‌زای آدنوویروس با دو روش تشکیل پلاک و دوز عفونت‌زای کشت بافت ۵۰٪ [TCID 50] (۱). تیتراسیون آدنوویروس به روش تشکیل پلاک محدودیت‌های متعددی دارد، در این روش نوع رده سلولی، اپراتور و متغیرهای آزمایشگاهی، تیتراسیون ویروس را تحت الشعاع قرار می‌دهند. هم‌چنین زمان طولانی (۲ تا ۴ هفته) انجام آزمایش و مشکلات تشخیص پلاک‌های کوچک تشکیل شده به دلیل عدم بیان پروتئین مرگ‌آور آدنوویروس (adenovirus death protein)، از دیگر محدودیت‌های این روش محسوب می‌شوند (۱۰). تعداد پارتیکل آدنوویروس عمدتاً با استفاده از جذب نوری نمونه ذخیره ویروس (viral stock) در طول موج ۲۶۰ نانومتر انجام می‌پذیرد که به علت اندازه‌گیری هم زمان DNA فاقد کپسید (non capsidated DNA) و هم‌چنین ژنوم ناقص ویروس (incomplete genome) قادر به تخمين صحیحی از تیتر عفونت‌زای ویروس نیست (۱۱). تیتراسیون آدنوویروس با روش Real-time PCR با استفاده از آغازگرهای اختصاصی DNA آدنوویروس انجام پذیرفته است (۱۲-۱۴). در این مطالعه با استفاده از آغازگرهای اختصاصی ترانس ژن، موفقیت ترانسفکشن و کتور آدنوویروس نوترکیب فاقد ژن گزارشگر به روش PCR و هم‌چنین تیتراسیون ویروس به روش PCR کمی (Real-time PCR) مورد ارزیابی قرار گرفت.

### مواد و روش‌ها

مطالعه انجام شده از نوع تجربی بود. از وکتور pAd/CMV/V5-DEST (اینویتروژن) به عنوان وکتور آدنوویروس استفاده شد.

ساخت آدنوویروس نوترکیب: توالی کدکننده (CDS) ژن 1 jag با استفاده از تکنولوژی gateway توسط آنزیم (اینویتروژن) LR clonase II از کلون (ژن کپای) ORFEXPRESS-shuttle به وکتور مقصد، (اینویتروژن) pAd/CMV/V5/DEST انتقال داده شد و سازه ژنی pAd/DEST-jag1 تشکیل گردید. به این منظور ۱۰۰

وکتورهای نوترکیب آدنوویروس به عنوان ابزار انتقال ژن در تحقیقات پایه و هم‌چنین در درمان بسیاری از بیماری‌ها و واکسیناسیون کاربرد دارند (۴-۶). خصوصیات زیستی آدنوویروس نظری توانایی انتقال ژن به طیف وسیعی از سلول‌های در حال تقسیم و خفته، تیتر بالای ویروسی و سطح افرون بیان ترانس ژن، آن را به وکتوری مناسب مبدل کرده است (۵). وکتورهای آدنوویروسی عمدتاً از طریق حذف ژن‌های E1 و E3 آدنوویروس انسانی سرتیپ ۲ و replication<sup>۵</sup>، با ویژگی نقصان در همانندسازی (defective propagation) به سلول‌های تامین‌کننده پروتئین E1، نظری رده سلولی HEK 293A نیاز دارند (۶). یکی از نگرانی‌های کار با وکتور آدنوویروس (AdV)، احتمال به وجود آمدن آدنوویروس با توانایی همانندسازی (Competent Adenovirus (RCA) در جمعیت آدنوویروس با نقصان همانندسازی است. در واقع رخداد نتیجه RCA کراسینگ‌آور دوگانه بین توالی‌های همولوگ موجود در آدنوویروس نوترکیب و ژنوم رده سلولی HEK 293A است (۷). این رخداد منجر به جایگزینی ترانس ژن با ناحیه شده و به این ترتیب RCA بی‌نیاز از رده سلولی مکمل E1 (complementing cell line) تولید می‌شود (۸). یکی از مراحل کلیدی کار با وکتورهای آدنوویروسی؛ پایش ترانسفکشن (transfection) و تعیین دقیق، سریع و تکرارپذیر تعداد ذرات ویروس در نمونه ذخیره (stock) است (۹). بعضی از وکتورهای آدنوویروسی واجد ژن گزارشگر (reporter gene) هستند که از این رهگذر می‌توان میزان موفقیت ترانسفکشن را به صورت مستقیم ارزیابی کرد (۵). عدم وجود ژن گزارشگر در وکتورهای آدنوویروسی، باعث محدودیت پایش ترانسفکشن می‌شود. تعداد ذرات آدنووکتور نوترکیب در اثر آلوده کردن سلول هدف و نهایتاً همسانه‌سازی ژن مورد نظر بسیار حائز اهمیت است، لذا محققین روش‌های مختلفی را برای تعیین تیتر ویروس به کار می‌گیرند که مبنی بر دو روش اندازه‌گیری ذرات عفونت‌زا (infectious) یا پارتیکل ویروس (ذرات عفونت‌زا و غیر عفونت‌زا) است. ذرات

LB حاوی آنتی‌بیوتیک‌های آمپی‌سیلین و کلرامفینیکل کشت داده شدند. هم چنین کلون‌ها با روش PCR به وسیله آغازگرهای تشخیصی با اندازه قطعه تکثیری ۱۲۹ bp و آغازگرهای توالی کامل(Full length) با اندازه تکثیری ۳۶۵۷ bp تعیین هویت شدند. صحت جهت قرار گرفتن ترانس ژن در سازه ژنی با آزمون PCR و با استفاده از آغازگر RT-jag1 reverse (طراحی شده به منظور اتصال به انتهای ۳ «نوکلئوتید ۲۳۲۴» CDS ژن Jag1) و آغازگر T7 promoter (طراحی شده به منظور اتصال به ساختار وکتور) با اندازه قطعه تکثیری ۲۴۰۳ bp مورد ارزیابی قرار گرفت(جداول ۱ و ۲). نهایتاً وجود ترانس ژن و صحت جهت قرار گرفتن آن در سازه ژنی یکی از کلون‌ها(کلون شماره ۲) با تعیین توالی بررسی شد.

جدول ۲: مقادیر و خلاصه استفاده شده در آزمون‌های PCR

آزمایش(آزمون)	کنترل منفی	معرفی مصرفی
۲۰۰ μM	۲۰۰ μM	PCR grade dNTP mix
(هر نوکلئوتید)	(هر نوکلئوتید)	
۰/۵ μM	۰/۵ μM	Upstream primer
۰/۵ μM	۰/۵ μM	Downstream primer
-	۱۰۰ ng	Template DNA
۲/۵ μL	۲/۵ μL	PCR reaction buffer,10X
up to ۲۵ μL	up to ۲۵ μL	Water,PCR grade
۱ U/reaction	۱ U/reaction	Taq DNA polymerase

ترانسفکشن سلول‌های سازه ژنی HEK293A با استفاده از آنزیم pAd/DEST-jag1 با استفاده از آنزیم PacI خطی گردید و ۵ میکروگرم از آن به ازای ۱۰۰۰۰۰ سلول HEK293A با استفاده از فسفات کلسیم ترانسفکت شد(۱۴). هفتاهای دو بار نیمی از محیط کشت اندونوکلئاز (DMEM/High glucose) تغذیه شد و پس از سه هفته، لیزات ویروس طی سه مرحله با فریز و یخ گشایی سلول‌های ترانسفکت شده تهیه شد.

بررسی ترانسفکشن سلول‌های HEK293A مولکول DNA با وزن مولکولی کم (low molecular weight DNA) با روش مولکولی

نانوگرم از کلون ORFEXPRESS-shuttle به همراه TE (Tris-EDTA) (pH ۰/۸) میکرولیتر رسید و پس از افزودن ۱ میکرولیتر از آنزیم (اینوتیروژن) II LR clonase ، به مدت ۱۸ ساعت در دمای ۲۵ °C انکوبه شد. نهایتاً با افزودن ۱ میکرولیتر proteinase K و انکوباسیون ۱۰ دقیقه‌ای در ۳۷ °C محصول واکنش به باکتری DH5α ، ترانسفورم شد و در محیط LB حاوی آنتی‌بیوتیک آمپی‌سیلین کشت داده شد. پس از ترانسفورماسیون، پلاسمید کلون‌های رشد کرده با استفاده از کیت High pure plasmid extraction روش طبق دستورالعمل سازنده استخراج و به منظور پایش حضور ترانس ژن در سازه ژنی از نظر اندازه، روی ژل آگارز ۰/۸ درصد الکتروفورز شد.

جدول ۱: آغازگرهای مورد استفاده در بررسی حضور ترانس ژن در سازه ژنی، ترانسفکشن و تیتراسیون

آغازگرهای توالی کامل (full length)	
Jag1-F	CGC GTC GAC ATG CGT TCC CCA CGG AC
Jag1-R	CCC AAG CTT CTA TAC GAT GTA CTC CAT TCG
اندازه قطعه تکثیری	۳۶۵۷ bp
آغازگرهای تشخیصی	
Real jag1-F	TGA AAG ACC ACT GCC GCA CGA C
Real jag1-R	TTG CAC TTC CCG TGA GGA CCA C
اندازه قطعه تکثیری	۱۲۹ bp
آغازگرهای ترکیبی	
T7 promoter	TAA TAC GAC TCA CTA TAG GG
RT jag1-R	TCCCAGCCTTCCTTGAGAC
اندازه قطعه تکثیری	۲۴۰۳ bp

تایید حضور توالی کلکننده ژن Jag1 در سازه ژنی : pAd/DEST-jag1

وکتور pAd/CMV/V5/DEST در جایگاه نوترکیبی خود دارای ژن مقاومت به آنتی‌بیوتیک کلرامفینیکل است که با انجام واکنش LR حذف می‌گردد، لذا به منظور غربال کلون‌های به دست آمده از نظر تشکیل یا عدم تشکیل کلون‌های موتانت، کلون‌های مثبت هم زمان روی دو محیط

جفت باز است که در حین انجام واکنش LR ۲۲۴۳، جفت باز آن حذف می‌گردد و به جای آن طول قطعه ترانس ژن ۳۶۵۷ bp به انضمام ۶۱ جفت باز جدید وارد سازه ژنی شده و بدین ترتیب طول سازه ژنی pAd/DEST-jag1 بالغ بر ۳۸۱۶۱ جفت باز می‌شود. تعداد ذرات ویروس در پلاسمید تخلیص شده با استفاده از فرمول زیر محاسبه شد و از رقت‌های لگاریتمی  $10^{-1}$  تا  $10^{-6}$  آن به عنوان استاندارد استفاده شد.

$(650 \times 10^9 \times \text{طول قطعه}) / (10^{33} \times 6/0.22 \times \text{مقدار DNA})$  بر حسب نانوگرم = تعداد ذرات ویروس

نهایتاً واکنش Real-time PCR با استفاده از کیت Fast (کیاژن) start syber green و آغازگرهای تشخیصی با دستگاه Rotor-Gene 6000 طبق برنامه زیر انجام پذیرفت (جدول ۳):

- واسرشت DNA برای ۱۰ دقیقه در  $95^{\circ}\text{C}$  (یک سیکل)
- ۱۰ ثانیه در  $95^{\circ}\text{C}$
- ۱۰ ثانیه در  $58^{\circ}\text{C}$
- ۱۰ ثانیه در  $72^{\circ}\text{C}$
- تکرار مراحل ۲ تا ۴ برای ۴۰ سیکل

جدول ۳: مقادیر و غلظت‌های استفاده شده در آزمون Real-time PCR

معروف‌های مصرفی	استاندارد	آزمایش آزمون (آزمون)	کنترل منفی
Fast start syber green	۱۰ $\mu\text{L}$	۱۰ $\mu\text{L}$	-
Real jag1-F (۱۰ $\mu\text{M}$ )	۱ $\mu\text{L}$	۱ $\mu\text{L}$	-
Real jag1-R (۱۰ $\mu\text{M}$ )	۱ $\mu\text{L}$	۱ $\mu\text{L}$	-
آب مقطر دیونیزه	۴/۵ $\mu\text{L}$	۷ $\mu\text{L}$	۸ $\mu\text{L}$
Standard template	-	۱ $\mu\text{L}$	-
Test template	-	۳/۵ $\mu\text{L}$	-

آنالیز نمودار ذوب (melting) در پایان برنامه PCR با ۱۰ ثانیه آنلینینگ در  $58^{\circ}\text{C}$  و افزایش حرارت تا  $95^{\circ}\text{C}$  به ازای  $0/1^{\circ}\text{C}$  در ثانیه انجام پذیرفت. در طول سیکل‌های تکثیر، شدت فلورسانس در پایان هر سیکل elongation اندازه‌گیری شد. میزان فلورسانس به صورت پیوسته حین

جهت احتراز از (weight DNA) با استفاده از DNase (جهت احتراز از جداسازی DNA فاقد کپسید) و روش Hirt از سلول‌های ترانسفکت شده و هم چنین سلول‌های ترانسفکت نشده (به عنوان کنترل) استخراج شد (۱۵). به این منظور ابتدا تعداد ۲۰۰۰۰۰ سلول HEK 293A در ۳ میلی‌لیتر محیط کشت DMEM/High glucose به وسیله ۱۰۰ میکرولیتر از لیزات ویروس آلوده شد و ۲۰۰۰۰۰ سلول HEK 293A به عنوان کنترل در نظر گرفته شد.

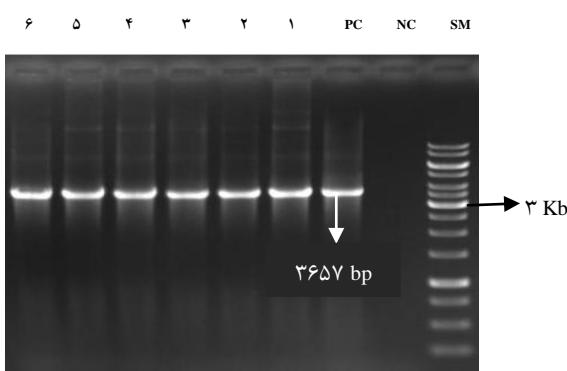
پس از سه روز رسوب سلول‌های آلوده شده و کنترل در بافر هضم‌کننده، DNA به شکل محلول در آمد و مدت ۶۰ دقیقه در  $37^{\circ}\text{C}$  انکوبه شد، سپس هضم پروتئین با استفاده از Proteinase K و انکوباسیون ۲ ساعته در  $37^{\circ}\text{C}$  انجام پذیرفت. مولاریته محلول به دست آمده با استفاده از ۵ مولار به ۱ مولار رسید و یک شبانه روز در  $4^{\circ}\text{C}$  قرار داده شد.

جهت کاهش غلظت نمک بعد از سانتریفوژ و تخلیه مایع رویی، به میزان دو برابر حجم اولیه آب مقطر به رسوب باقیمانده اضافه شد و DNA طی سه مرحله به ترتیب با استفاده از محلول اشباع بافر TE با فنل، فنل/کلروفورم/ایزوآمیل الکل (۱:۲۴:۲۵) و کلروفورم/ایزوآمیل الکل (۱:۲۴) استخراج شد و بعد از ترسیب به وسیله اتانول خالص در ۵۰ میکرولیتر آب مقطر به حالت محلول در آمد. DNA استخراج شده از سلول‌های ترانسفکت شده و کنترل، با استفاده از آغازگرهای تشخیصی و جهت تایید با استفاده از آغازگرهای ترکیبی به روش PCR مورد ارزیابی قرار گرفت.

تیتراسیون ویروس به وسیله Real-time PCR با استفاده از آغازگرهای تشخیصی:

با وزن مولکولی کم از ۱۰۰ میکرولیتر لیزات ویروس استخراج شد و در ۷۰ میکرولیتر آب مقطر به حالت محلول درآمد. از پلاسمید تخلیص شده عنوان استاندارد استفاده شد و تعداد ذرات ویروس با در نظر گرفتن تعداد جفت بازهای تشکیل‌دهنده آن محاسبه گردید. طول وکتور pAd/CMV/V5/DEST معادل ۳۶۶۸۶

گردید و از طرفی احتمال حضور توالی کدکننده ژن *jag1* در کلون‌های مذکور قوت گرفت. به منظور تایید حضور توالی کدکننده ژن *jag1* در کلون‌ها با استفاده از آغازگرهای تشخیصی و توالی کامل روی کلون‌های مثبت، PCR انجام شد و وجود توالی کدکننده مورد نظر در تمامی کلون‌ها تایید گردید(شکل‌های ۲ و ۳).



شکل ۳: الکتروفورز محصولات PCR پلاسمیدهای کلون‌های مثبت با استفاده از آغازگرهای توالی کامل بر روی ژل آکاروز ۱ درصد. ستون SM مربوط به سایز مارکر ۱ kb، ستون NC مربوط به کنترل منفی(فاقد الگو)، ستون PC مربوط به کنترل مثبت(کلون مثبت) واجد CDS ژن *jag1* (ORFEXPRESS-shuttle) و ستون‌های ۱ تا ۶ مربوط به کلون‌های مثبت.

به منظور تایید صحت جهت قرار گرفتن توالی کدکننده ژن *jag1* در سازه ژنی pAd/DEST-*jag1* با استفاده از آغازگرهای ترکیبی T7promoter و Real jag1-R، انعام پذیرفت که نتیجه آن مبین صحت جهت توالی کدکننده مورد نظر در تمامی کلون‌های مثبت بود(شکل ۴). در نهایت پلاسمید یکی از کلون‌ها(کلون شماره ۲) جهت تایید نهایی تعیین توالی شد که نتیجه آن حضور توالی کدکننده ژن *jag1* را مورد تایید قرار داد.

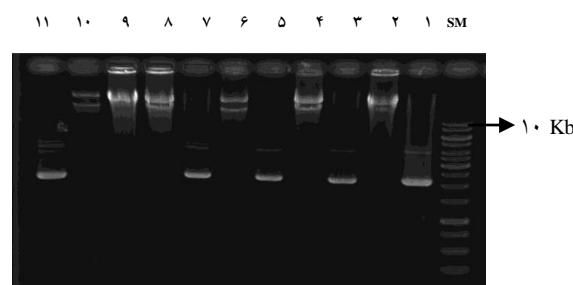
پایش ترانسفکشن سلول‌های HEK 293 A به وسیله سازه ژنی *pAd/DEST-jag1*

به منظور پایش ترانسفکشن با استفاده از آغازگرهای تشخیصی روی DNA استخراج شده از سلول‌های ترانسفکت شده و کنترل(ترانسفکت نشده)، آزمون PCR

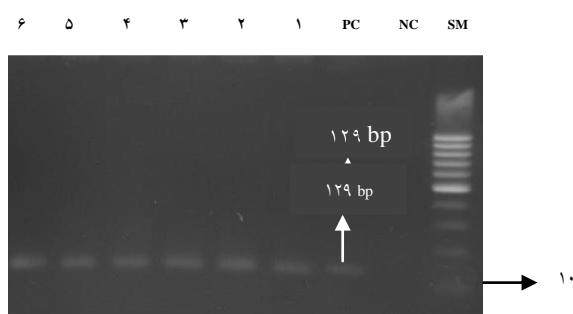
سیکل ذوب با افزایش تدریجی دما اندازه‌گیری شد.

#### یافته‌ها

ساخت آدنوویروس نوترکیب: به منظور بررسی واکنش LR، پلاسمیدهای استخراج شده از ۱۱ کلون رشد کرده در محیط کشت LB آکار حاوی آنتی‌بیوتیک آمپی‌سیلین، الکتروفورز شد. پلاسمید ۶ کلون از نظر اندازه، احتمال حضور CDS ژن *jag1* را مطرح می‌کرد(شکل ۱).



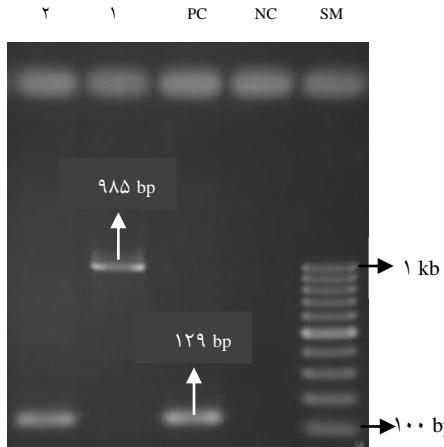
شکل ۱: الکتروفورز پلاسمید کلون‌های واکنش LR بر روی ژل آکاروز ۰/۸ درصد. ستون SM مربوط به سایز مارکر ۱ kb، اندازه پلاسمیدهای ۱، ۲، ۴، ۶، ۸، ۹ و ۱۰ احتمال حضور ژن *jag1* را مطرح می‌نماید.



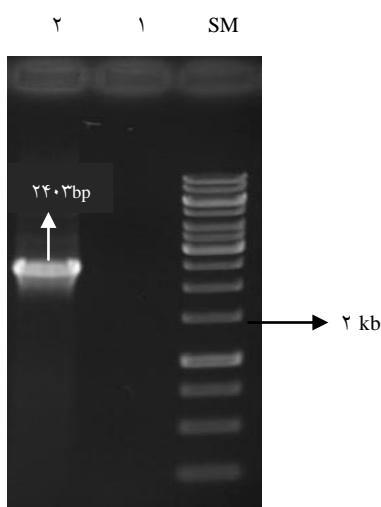
شکل ۲: الکتروفورز محصولات PCR پلاسمیدهای کلون‌های مثبت با استفاده از آغازگرهای تشخیصی. بر روی ژل آکاروز ۲ درصد. ستون SM مربوط به سایز مارکر 100 bp، ستون NC مربوط به کنترل منفی(فاقد الگو)، ستون PC مربوط به کنترل مثبت(کلون مثبت) واجد CDS ژن *jag1* (ORFEXPRESS-shuttle) و ستون‌های ۱ تا ۶ مربوط به پلاسمید کلون‌های مثبت.

در بررسی ۶ کلون به دست آمده، هیچ یک از آن‌ها روی محیط حاوی آنتی‌بیوتیک کلرامفنیکل رشد نکرد و بدین ترتیب احتمال تشکیل کلون‌های موتانت منتفی

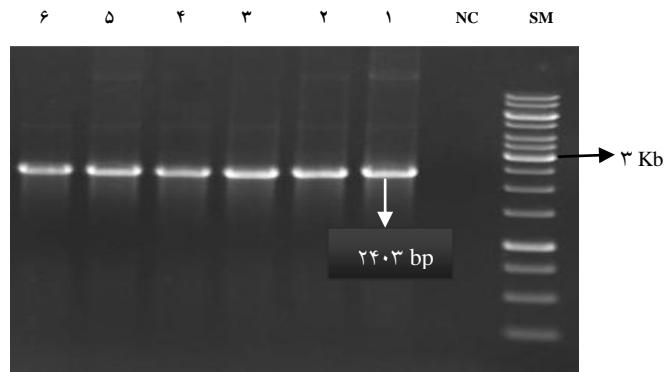
نمونه با خط حد به عنوان threshold cycle (Ct) value تعریف می‌شود.



شکل ۵: الکتروفورز محصولات PCR مولکول‌های استخراج شده از سلول‌های ترانسفکت شده و کنترل (ترانسفکت نشده) با استفاده از آغازگرهای تشخیصی. ستون SM مربوط به سایز مارکر ۱۰۰ bp، ستون NC مربوط به کنترل منفی PCR (فاقد الگو)، ستون PC مربوط به کنترل مثبت (کلون ORFEXPRESS-shuttle) واجد CDS ژن Jag1 (ترانس ژن)، ستون ۱ مربوط به DNA استخراج شده از سلول‌های ترانسفکت شده و ستون ۲ مربوط به DNA استخراج شده از سلول‌های ترانسفکت شده



شکل ۶: الکتروفورز محصول PCR مولکول DNA استخراج شده از سلول‌های ترانسفکت شده با استفاده از آغازگرهای ترکیبی. ستون SM مربوط به سایز مارکر ۱ kb، ستون ۱ مربوط به DNA استخراج شده از سلول‌های ترانسفکت شده و ستون ۲ مربوط به DNA استخراج شده از سلول‌های ترانسفکت شده

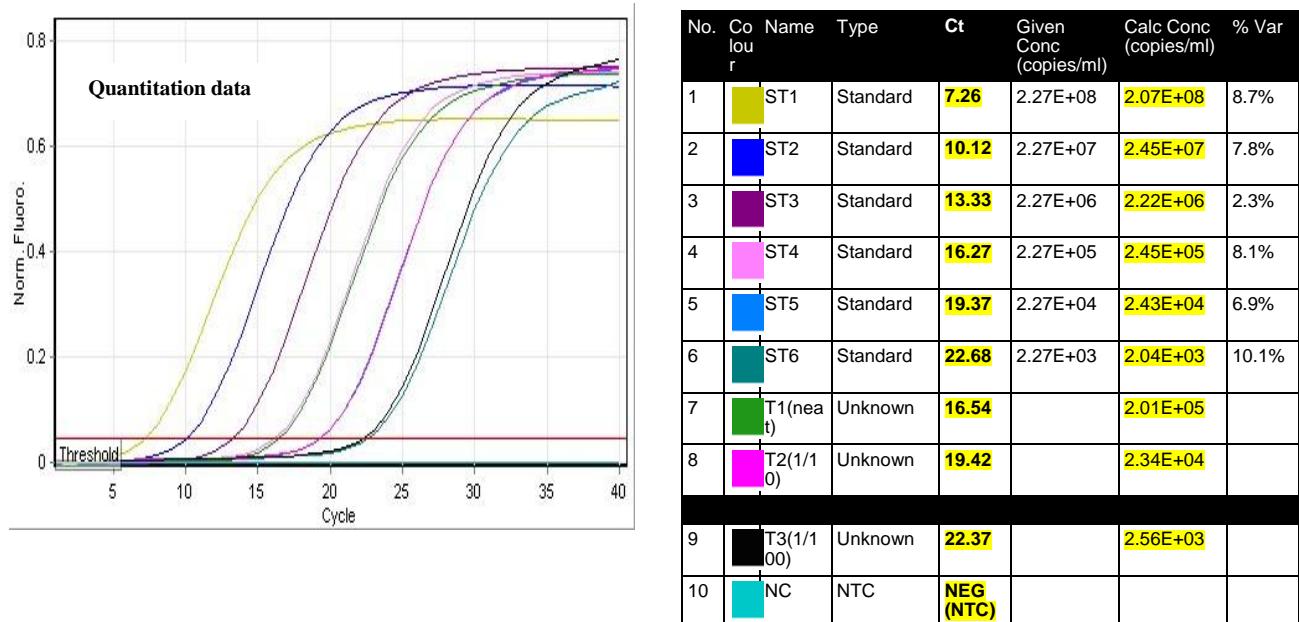


شکل ۴: الکتروفورز محصولات PCR پلاسمیدهای کلون‌های مثبت با استفاده از آغازگرهای ترکیبی بر روی ژل آگاروز ۱ درصد. ستون SM مربوط به سایز مارکر ۱ kb، ستون NC مربوط به کنترل منفی (فاقد الگو) و ستون‌های ۱ تا ۶ مربوط به کلون‌های مثبت

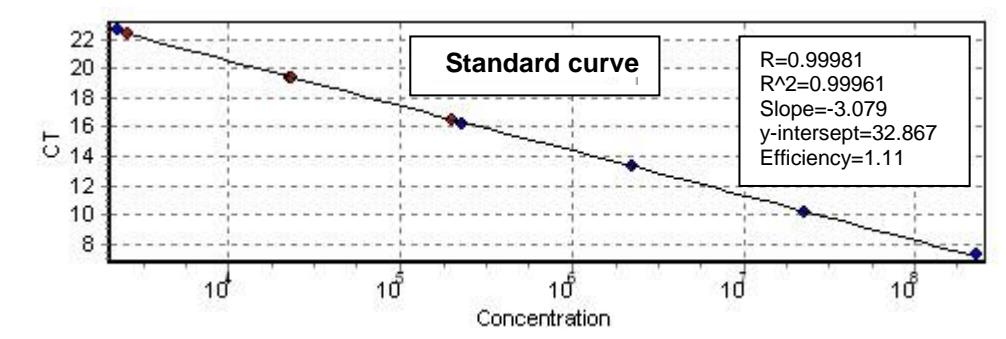
انجام شد، که نتیجه آن مؤید موفقیت ترانسفکشن سلول‌های مورد نظر بود (شکل ۵). همان طور که در شکل ۵ ملاحظه می‌شود، وجود باند ۱۲۹ bp در ستون دوم و وجود باند ۹۸۵ bp در ستون اول (کنترل) به جای باند مورد نظر (۱۲۹ bp)، نمایانگر موفقیت ترانسفکشن بود. از آن جا که سلول‌های HEK 293A Jag1 (ترانس ژن) را بیان می‌کنند، به منظور تایید نتیجه به دست آمده در پایش DNA ترانسفکشن با استفاده از آغازگرهای تشخیصی، استخراج شده از سلول‌های ترانسفکت شده و کنترل با استفاده از آغازگرهای ترکیبی نیز مورد بررسی قرار گرفت (شکل ۶).

تیتراسیون ذرات ویروس به دست آمده به روش Real-time PCR با استفاده از آغازگرهای تشخیصی: corbett Rotor Real-time PCR با استفاده از دستگاه Gene 6000 انجام پذیرفت بدین ترتیب که با تخمین  $\times 10^9$  ۲/۲۷ ذره ویروس در میکرولیتر از پلاسمید تخلیص شده و با استفاده از رقت‌های لگاریتمی  $10^{-6}$  تا  $10^{-1}$  از آن، amplification plot نمونه‌های استاندارد پلاسمید ترسیم شد (شکل ۷).

وقتی محور y به صورت لگاریتمی است، حد (threshold) به شکلی تعیین می‌شود تا در ناحیه خطی نمودار تکثیر قرار گیرد. نقطه تقاطع amplification plot هر



شکل ۷: از نمونه‌های استاندارد پلاسمید به همراه لیزات ویروس (بدون رقت و با رقت‌های  $1/10$  و  $1/100$ ). تغییر فلورسانس (Norm. PCR) در مقابل تعداد سیکل PCR ترسیم شده است. خط افقی قرمز نمایانگر حد (threshold) است که از آن برای تعیین Ct values استفاده می‌شود. نمونه‌های واجد ذرات ویروسی (copy number) بیشتر حد را در سیکل پایین‌تری قطع می‌کنند و بالطبع در محدوده سمت چپ نمودار قرار می‌گیرند. در این نمودار، اولین نمونه‌ای که حد را قطع می‌کند، دارای  $2.07 \times 10^8$  کپی از پلاسمید نوترکیب آدنوویروس است.

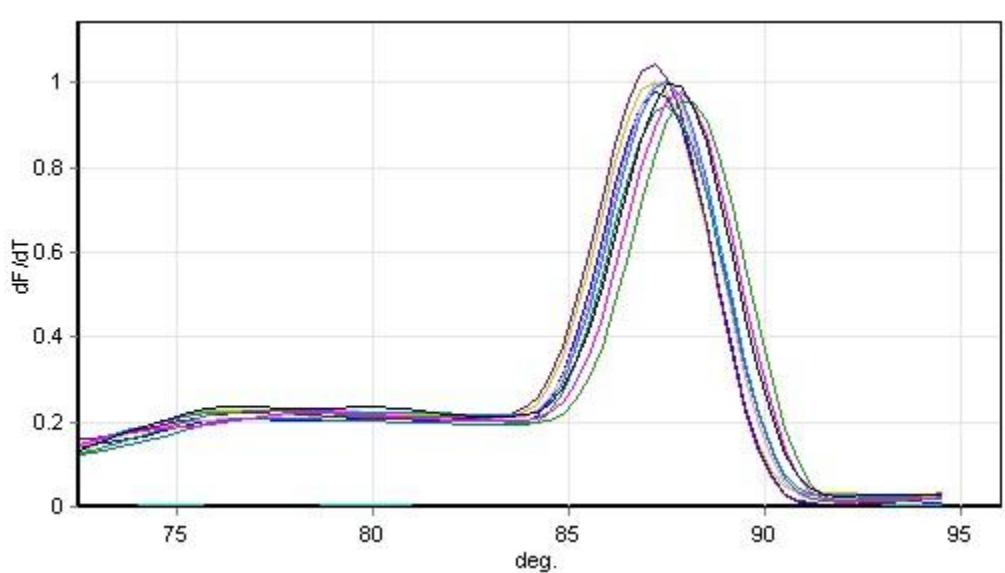


شکل ۸: نمودار استاندارد با قرار دادن Ct در مقابل copy number پلاسمید برای هر نمونه استاندارد ترسیم می‌شود. محدوده کمی نمودار استاندارد ترسیم شده بین  $10^{-3} \times 2.07$  تا  $10^8$  است. معادله نمودار استاندارد مبنای محاسبه copy number نمونه‌های مجهول بر اساس Ct آنها قرار می‌گیرد.  $R^2$  : محل تلاقی نمودار با محور y ها.

آنالیز نمودار ذوب در محدوده ۸۸ درجه سانتی گراد، نشان از ویژگی مطلوب آغازگرهای طراحی شده و همچنین عدم آلوگی (mispriming) و تشکیل آغازگر دائمی دارد (شکل ۹).

با استفاده از فرمول زیر، تیتر ویروس در نمونه لیزات

نرمافزار Rotor-Gene 6000 با قرار دادن Ct هر یک از نمونه‌های استاندارد در مقابل copy number آن، نمودار استاندارد را رسم می‌کند. هم چنین این نرمافزار با مقایسه نمونه‌های مجهول با نمودار استاندارد، Ct نمونه‌های مذکور را محاسبه می‌کند (شکل ۸).



شکل ۹: نمودار melting در نقطه melting DNA از هم جدا می‌شوند و میزان فلورسانس به سرعت کاهش می‌یابد. نرم‌افزار میزان تغییرات نسبی واحد فلورسانس به زمان( $df/dt$ ) را روی محور  $y$  در مقابل تغییرات دما روی محور  $x$  قرار می‌دهد و بدین ترتیب نمودار melting نمایش داده می‌شود.

لومینومتر قابل اندازه‌گیری است(۱۸). با تمام مزایایی که ژن‌های گزارشگر در فرآیند کلونینگ ژن دارند، گروهی از محققین به دلیل افزایش ظرفیت کلونینگ وکتور طراحی شده، از به کارگیری آن اجتناب می‌ورزند. در چنین شرایطی پایش مستقیم ورود وکتور حامل ژن مورد نظر به میزان امکان پذیر نیست و ناگزیر باید از روش‌های غیر مستقیم مولکولی نظیر ارزیابی سازه تشکیل یافته با آغازگرهای طراحی شده برای قسمتی از ساختمان وکتور یا ژن مورد نظر استفاده کرد. همان طور که اشاره شد تیتراسیون وکتورهای آدنوویروسی نوترکیب با روش Real-time PCR با استفاده از آغازگرهای اختصاصی DNA آدنوویروس انجام پذیرفت(۱۱-۱۳).

آلودگی DNA تخلیص شده با DNA ویروسی فاقد کپسید و ژنوم ناقص ویروس، باعث انحراف نتایج روش Real-time PCR در تخمین تیتر آدنوویروس نوترکیب می‌شود. با بهره‌گیری از روش‌های اصلاح شده جداسازی DNA و استفاده از آغازگرهای اختصاصی ناحیه نزدیک به انتهای راست ژنوم ویروس، موانع موجود در سنجش صحیح تیتر وکتورهای آدنوویروسی به روش Real-time

ویروس  $\times 10^7$  در واحد حجم(میلی لیتر) برآورد شد:  $(Real\text{-}time\ PCR\ copy\ number / ۳/۵) \times ۱۰ \times$  ضریب رقت = تیتر ویروس

اعمال ضریب  $۳/۵$ ، به دلیل استفاده از  $\mu\text{L}$   $۳/۵$  از DNA استخراج شده از لیزات ویروس است. اعمال ضریب  $۷۰$  به دلیل استخراج DNA از  $\mu\text{L}$  لیزات ویروس و محلول نمودن آن در  $\mu\text{L}$  آب مقطر و اعمال ضریب  $۱۰$  جهت تعیین تیتر ویروس به واحد حجم(میلی لیتر) است.

## بحث

ژن‌های گزارشگر(reporter) نظیر پروتئین فلورسانس سبز(GFP)، لوسيفراز و بتاگالاكتوزیداز به منظور پایش آسان بیان، اهداف مناسبی برای آنالیز ترانسفکشن قلمداد می‌شوند. نمایش بیان GFP در سال ۱۹۹۴ توسط چالفی در میزان دریافت کننده ژن و کلونینگ آن توسط پراشر در سال ۱۹۹۵، پنجره‌ای تازه برای کاربردهای زیستی این مولکول گشود(۱۶، ۱۷). هم چنین خصوصیات لوسيفراز، آن را به نشانگر مناسبی برای انتقال ژن تبدیل کرد. این مولکول با حداقل سمیت برای متابولیسم سلولی، از یاخته‌های گیاهی و جانوری استخراج شده و به آسانی با

DNA استخراج شده از سلول‌های ترانسفکت شده، مهر تاییدی است بر وجود سازه مورد نظر در سلول‌های مکمل و می‌تواند به تنهایی شاهد موفقیت یا عدم موفقیت ترانسفکشن باشد. در این تحقیق با استفاده از DNase در استخراج ژنوم ویروس، سعی شد تا از شناسایی DNA غیر کپسیدی اجتناب گردد، هم چنین با استفاده از آغازگرهای تشخیصی ترانس ژن مورد نظر از تشخیص ذرات ویروسی استخراج ژنوم ویروس، سعی شد تا از شناسایی DNA غیر کپسیدی اجتناب گردد. به جای این ترتیب ژن E1 به جای ترانس ژن شده، بدین ترتیب آدنوویروس (RCA) replication competent اجتناب گردید.

### نتیجه‌گیری

عدم وجود ژن گزارشگر در وکتورهای آدنوویروسی، مراحل پایش ترانسفکشن را با محدودیت مواجه می‌کند. اما می‌توان با بهره‌گیری از روش‌های مولکولی مبتنی بر مهندسی صحیح آغازگر، موفقیت ترانسفکشن را به صورت کافی ارزیابی نمود و از ادامه غیر هدفمند کلونینگ پرهیز کرد. هم چنین به منظور احتراز از محدودیت‌های کیفی تیتراسیون ویروس، می‌توان از روش جایگزین Real-time PCR بهره برد. پیشنهاد می‌گردد جهت افزایش دقت و تمیز ذرات ویروسی با ویژگی نقصان در هماندسازی (replication defective)، از ذرات ویروسی با توانایی هماندسازی (replication competent) با استفاده هم زمان از آغازگرهای تشخیصی ترانس ژن و آغازگرهای انتهایی راست ژنوم ویروس، آزمون Real-time PCR به صورت multiplex انجام پذیرد.

### تشکر و قدردانی

این تحقیق حاصل پایان‌نامه دکترای هماتولوژی مصوب مرکز تحقیقات مؤسسه عالی آموزشی و پژوهشی طب انتقال خون می‌باشد. بدین وسیله از مرکز تحقیقات انتقال خون و مؤسسه عالی آموزشی و پژوهشی طب انتقال خون به جهت تامین بودجه این مطالعه تشکر و قدردانی می‌گردد.

PCR مرفوع گردید(۱۹). وکتورهای آدنوویروسی با حذف ژن‌های E1 و E3 به شکل replication defective در می‌آیند و به منظور تولید ویروس نیاز به سلول‌های مکملی دارند که پروتئین ژن‌های حذف شده را کد می‌کنند(۷). یکی از محدودیت‌های تولید و خصوصاً از دیاد ویروس در سلول‌های مکمل، احتمال وقوع نوترکیبی همولوگ بین ژنوم سلول مکمل و آدنوویروس نوترکیب است که منجر به جایگزینی ژن E1 به جای ترانس ژن شده، بدین ترتیب آدنوویروس (RCA) replication competent ایجاد شده و ترانس ژن مورد نظر حذف می‌گردد(۸). روش‌های مولکولی تیتراسیون ویروس که تاکنون به کار گرفته شده‌اند، قادر به افتراق RCA از وکتور آدنوویروسی نوترکیب واجد ترانس ژن نبوده و نهایتاً منجر به انحراف نتایج از آزمون‌های کیفی می‌شود. لذا به نظر می‌رسد جهت تیتراسیون ویروس، استفاده از آغازگرهای اختصاصی ترانس ژن یا آغازگرهای ترکیبی (ترانس ژن و قطعه‌ای از وکتور) نسبت به آغازگرهای قطعات وکتور در افتراق ذرات RCA از وکتور آدنوویروس نوترکیب و احتراز از تخمین نامتعارف (overestimation) تیتر ویروس، ارجحیت داشته باشد. هم چنین با استفاده از آغازگرهای مختص ترانس ژن، موفقیت یا عدم موفقیت ترانسفکشن سلول‌های مکمل نظریر 293A را به وسیله وکتورهای آدنوویروسی نوترکیب فاقد ژن گزارشگر مورد پایش قرار داد. اما چنانچه سلول مکمل ترانس ژن مورد نظر را بیان نماید، محدودیت پایش مولکولی ترانسفکشن با طراحی و انتخاب آغازگرهای منطبق با دو آگزون مجاور با طول زیاد ایترنون (long intron exclusion) مرفوع می‌گردد. در این مطالعه وجود باند ۹۸۵ bp در ستون ۱ شکل ۵، نشان‌دهنده وجود این ژن در ساختار ژنومی سلول مکمل (گروه کنترل) و باند ۱۲۹ bp مؤید وجود سازه مورد نظر در سلول‌های مکمل ترانسفکت شده است. یقیناً عدم رؤیت باند در آزمون مولکولی با آغازگرهای ترکیبی روی

### References :

- 1- Miller AD. Human gene therapy comes of age. *Nature* 1992; 357(6378): 455-60.
- 2- Morgan RA, Anderson WF. Human gene therapy. *Annu Rev Biochem* 1993; 62: 191-217.
- 3- Graham FL, Prevec L. Manipulation of adenovirus vectors. *Methods in Molecular Biology* 1991; 7: 109-128.
- 4- Berkner KL. Development of adenovirus vectors for the expression of heterologous genes. *Biotechniques* 1988; 6(7): 616-29.
- 5- He TC, Zhou S, Costs LT, Yu J, Kinzler KW, Vogelstein B. A simplified system for generating recombinant denovireses. *Proc Natl Acad Sci U S A* 1995; 92(5): 2509-14.
- 6- Graham FL, Smiley J, Russel WC, Narin R. Characteristics of a human cell line transformed by DNA from human adenovirus type 5. *J Gen Virol* 1977; 36(1): 59-74.
- 7- Lochmuller H, Jani A, Huard J, Prescott S, Simoneau M, Massie B, et al. Emergence of early region 1-containing replication-competent adenovirus in stocks of replication-defective adenovirus recombinants ( $\delta$ E1 +  $\delta$ E3) during multiple passages in 293 cells. *Hum Gene Ther* 1994; 5(12): 1485-91.
- 8- Zhu J, Grace M, Casale J, Chang AT, Musco ML, Bordens R, et al. Characterization of replication-competent adenovirus isolates from large-scale production of a recombinant adenoviral vector. *Hum Gene Ther* 1999; 10(1): 113-121.
- 9- Miherder N, March KL, Trapnell BC. Evaluation of the concentration and bioactivity of adenovirus vectors for gene therapy. *J Virol* 1996; 70(11): 7498-509.
- 10- Tollefson AE, Scaria A, Hermiston TW, Ryerse JS, Wold LJ, Wold WSM. The adenovirus death protein (E3-11.6k) is required at very late stages of infection for efficient cell lysis and release of adenovirus from infected cells. *J Virol* 1996; 70(4): 2296-306.
- 11- Watanabe M, Kohdera U, Kino M, Haruta T, Nukuzuma S, Suga T, et al. Detection of adenovirus DNA in clinical samples by SYBER green real-time polymerase chain reaction assay. *Pediatr Int* 2005; 47(3): 286-91.
- 12- Heim A, Ebent C, Harste G, Pring-Akerblom P. Rapid and quantitative detection of human adenovirus DNA by Real-time PCR. *J Med Virol* 2003; 70(2): 228-39.
- 13- Ma L, Bluyssen HA, De Raeymaeker M, Lauryssens V, van der Beek N, Pavliska H, et al. Rapid determination of adenoviral vector titers by quantitative Real-time PCR. *J Virol Methods* 2001; 93(1-2): 181-8.
- 14- Chen CA, Okayama H. Calcium-phosphate-mediated gene transfer: a highly efficient transfection system for stably transforming cells with plasmid DNA. *Biotechniques* 1988; 6(7): 632-8.
- 15- Hirt B. Selective extraction of polyoma DNA from infected mouse cell cultures. *J Mol Biol* 1967; 26(2): 365-9.
- 16- Chalfie M, Tu Y, Euskerchen G, Ward WW, Prasher DC. Green fluorescent protein as a marker for gene expression. *Science* 1994; 263(5148): 802-5.
- 17- Prasher DC. Using GFP to see the light. *Trends Genet* 1995; 11(8): 320-3.
- 18- Bronstein I, Fortin J, Stanley PE, Stewart GS, Kricka LJ. Chemiluminescent and bioluminescent reporter gene assays. *Anal Biochem* 1994; 219(2): 169-81.
- 19- Thomas MA, Lichtenstein DL, Krajesi P, Wold WS. A Real-time PCR method to rapidly titer adenovirus stocks. *Methods Mol Med* 2007; 130: 185-92.

## Evaluation of non-reporter adenovirus vector transfection and its titration by molecular methods: a practical guide

Atarodi K.<sup>1,2</sup>, Pourfathollah A.A.<sup>2</sup>, Abolghasemi H.<sup>3,4</sup>, Amirizadeh N.<sup>1</sup>, Habibi Roudkenar M.<sup>1</sup>, Khamisipour Gh.R.<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Blood Transfusion Research Center, High Institute for Research and Education in Transfusion Medicine, Tehran, Iran

<sup>2</sup>Faculty of Medical Sciences, Tarbiat Modares University, Tehran, Iran

<sup>3</sup>Faculty of Medical Sciences, Baghyatallah University, Tehran, Iran

<sup>4</sup>Pediatric Congenital Hematologic Disorders Research Center of Shahid Beheshti University of Medical Sciences, Tehran, Iran

<sup>5</sup>Booshehr University of Medical Sciences, Booshehr, Iran

### Abstract

#### Background and Objectives

Biological features of adenoviruses have made them vectors of choice for gene transfer in basic research as well as in clinical treatment and vaccination. The key steps in the transfer of adenovirus vector gene are transfection monitoring and viral titer determination. We investigated the transfection of non-reporter adenoviruses as well as viral titration using molecular methods.

#### Materials and Methods

In this experimental study, after the recombinant adenovirus vector construction, the presence of transgenes in gene construct was evaluated by PCR with transgene specific primers and sequencing. After calcium-phosphate transfection of the packaging cell line (HEK 293A), transfection was monitored by PCR using transgene specific primers (diagnostic and compound primers) to analyze DNA extracted from the transfected packaging cell line. The viral titer was determined by Real Time PCR (RT-PCR) using diagnostic primer to analyze DNA extracted from viral lysates.

#### Results

The presence of transgene in gene construct was confirmed by transgene specific primers and sequencing. Evaluation of DNA extracted from transfected packaging cells confirmed the efficiency of monitoring of transfection. The viral titer was estimated to be about  $4 \times 10^7$  viral particles/ml by RT-PCR.

#### Conclusions

Careful primer design is the key to the efficient monitoring of non-reporter adenovirus vector transfection. The appropriate genomic purification and the use of RT-PCR technique would also avoid the disadvantages of functional titration of adenoviruses.

**Key words:** Adenoviruses, Transfection, PCR

Received: 25 Jan 2012

Accepted: 24 Jun 2012

Correspondence: Pourfathollah AA., PhD of Immunology. Faculty of Medical Sciences, Tarbiat Modares University.

P.O.Box: 14155-111, Tehran, Iran. Tel: (+9821) 8801101; Fax: (+9821) 88013030  
E-mail: pourfa@modares.ac.ir