

UNIVERZA V LJUBLJANI
BIOTEHNIŠKA FAKULTETA
ŠTUDIJ BIOTEHNOLOGIJE

Domen POGOREVC

ZUNAJCELI NE PROTEINAZE BAKTERIJE
Streptomyces rimosus

MAGISTRSKO DELO

Magistrski študij – 2. stopnja Biotehnologija

Ljubljana, 2014

UNIVERZA V LJUBLJANI
BIOTEHNIŠKA FAKULTETA
ŠTUDIJ BIOTEHNOLOGIJE

Domen POGOREVC

ZUNAJCELI NE PROTEINAZE BAKTERIJE *Streptomyces rimosus*

MAGISTRSKO DELO
Magistrski študij – 2. stopnja Biotehnologija

EXTRACELULAR PROTEINASES OF BACTERIUM *Streptomyces rimosus*

M. SC. THESIS
Master Study Programmes: Field Biotechnology

Ljubljana, 2014

Magistrsko delo je zaključek magistrskega študijskega programa 2. stopnje Biotehnologija. Opravljeno je bilo na Katedri za biotehnologijo, mikrobiologijo in varnost živil Oddelka za živilstvo na Biotehniški fakulteti Univerze v Ljubljani in v podjetju Acies Bio d.o.o.

Komisija za študij 1. in 2. stopnje je za mentorja magistrskega dela imenovala prof. dr. Hrvoja Petkovića, za somentorico prof. dr. Polono Jamnik in za recenzentko prof. dr. Natašo Poklar Ulrich

Mentor: prof. dr. Hrvoje Petković

Somentorica: prof. dr. Polona Jamnik

Recenzentka: prof. dr. Nataša Poklar Ulrich

Komisija za oceno in zagovor:

Predsednica: prof. dr. Branka JAVORNIK
Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta, Oddelek za agronomijo

lan: prof. dr. Hrvoje PETKOVIĆ
Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta, Oddelek za živilstvo

lanica: prof. dr. Polona JAMNIK
Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta, Oddelek za živilstvo

lanica: prof. dr. Nataša POKLAR ULRIH
Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta, Oddelek za živilstvo

Datum zagovora:

Delo je rezultat lastnega raziskovalnega dela. Podpisani/podpisana se strinjam z objavo svojega magistrskega dela na spletni strani Digitalne knjižnice Biotehniške fakultete. Izjavljam, da je delo, ki sem ga oddal/oddala v elektronski obliki, identično tiskani verziji.

Domen Pogorevc

KLJUČNA DOKUMENTACIJSKA INFORMACIJA

- ŠD Du2
- DK UDK 604.4:577.152.34:579.873.7(043)=163.6
- KG *Streptomyces rimosus*/sekundarni metaboliti/proteinaze/aktivnost proteinaz/proteomika/cimografija/SDS PAGE/elektroforeza/masna spektrometrija/inhibitorji
- AV POGOREVC, Domen, dipl. bioteh. (UN)
- SA PETKOVIĆ, Hrvoje (mentor)/ JAMNIK, Polona (somentorica)/ POKLAR ULRIH, Nataša (recenzentka)
- KZ SI-1000 Ljubljana, Jamnikarjeva 101
- ZA Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta, Študij biotehnologije
- LI 2014
- IN ZUNAJCELI NE PROTEINAZE BAKTERIJE *Streptomyces rimosus*
- TD Magistrsko delo (Magistrski študij - 2. stopnja Biotehnologija)
- OP X, 41 str., 21 pregl., 17 sl., 28 vir.
- IJ sl
- JI sl/en
- AI Z uporabo proteomskih orodij v kombinaciji s cimografijo smo po lo evanju z SDS PAGE elektroforezo identificirali proteinaze bakterije *Streptomyces rimosus*. Suspenzijo spor *S. rimosus* smo inokulirali v vegetativno GOTC gojišče, da smo pridobili primeren inokulum. Ta inokulum smo uporabili za inokulacijo produkcijskega GOTC gojišča, namenjenega za indukcijo biosinteze proteinaz, kjer smo bakterijo gojili še sedem dni. Vzor iti smo za eli etrične kultivacije v produkcijskem gojišču. Po vzoru enju smo brozgo dvakrat centrifugirali, ist supernatant pa prenesli v nove mikrocentrifugirke. Izmerili smo celotno koncentracijo proteinov in proteinaz v supernatantu, sledila pa je izvedba SDS PAGE elektroforeze in kazeinske cimografije. Oba gela smo primerjali in iz SDS PAGE gela izrezali elektroforetske rute, ki so na cimogramu kazale proteolitično aktivnost. Izrezane vzorce smo poslali na analizo z masno spektrometrijo. Rezultati SDS PAGE in cimografije so pokazali, da sta poleg ostalih proteinov v supernatantu brozge bakterije *S. rimosus* prisotni vsaj še dve proteinazi, ki sta aktivni pri 37 °C ter pH 7,5 in razgrajujeta kazein. Najvejo inhibicijo aktivnosti smo zaznali ob uporabi inhibitorja PMSF, kar nakazuje na prisotnost serinskih proteinaz. Rezultati masne spektrometrije so potrdili, da je vsaj ena izmed zaznanih proteinaz serinskega tipa.

KEY WORDS DOCUMENTATION

- DN Du2
- DC UDC 604.4:577.152.34:579.873.7(043)=163.6
- CX *Streptomyces rimosus*/secondary metabolites/proteinases/proteinase activity/proteomics/zymography/SDS PAGE/electrophoresis/mass spectrometry/inhibitors
- AU POGOREVC, Domen
- AA PETKOVIĆ, Hrvoje (supervisor)/ JAMNIK, Polona (co-supervisor)/ POKLAR ULRIH, Nataša (reviewer)
- PP SI-1000 Ljubljana, Jamnikarjeva 101
- PB University of Ljubljana, Biotechnical Faculty, Academic Study in Biotechnology
- PY 2014
- TI EXTRACELULAR PROTEINASES OF BACTERIUM *Streptomyces rimosus*
- DT M.Sc. Thesis (Master Study Programmes - Field: Biotechnology)
- NO X, 41 p., 21 tab., 17 fig., 28 ref.
- LA sl
- AL sl/en
- AB We used proteomics approach in combination with zymography after SDS PAGE electrophoresis to identify proteases produced by bacterium *Streptomyces rimosus*. Spore suspension of *S. rimosus* was inoculated in seed medium GOTC to ensure sufficient quality of seed. Seed culture was used to inoculate GOTC production medium, designed for induction of proteinase biosynthesis, and further cultured for another seven days. We started sampling after four days of cultivation in production medium. After sampling, fermentation broth was centrifuged twice and clean supernatant was transferred into new microcentrifuge tubes. Total content of proteins and proteases in supernatant was measured, followed by SDS PAGE electrophoresis and casein zymography. Comparative analysis of total protein content by SDS PAGE and zymogram was carried out and target protein bands with proteolytic activity were excised from the gel. The samples were analysed using mass spectrometry. By applying SDS PAGE and zymography we identified numerous extracellular proteins in supernatant of *S. rimosus* culture. At least two of those proteins identified by SDS PAGE are proteases active at 37 °C, pH 7,5 and capable of breaking down casein. The highest inhibition of activity was detected using PMSF inhibitor, which indicates presence of serine proteases. Mass spectrometry results confirmed that at least one of detected proteases is a serine type protease.

KAZALO VSEBINE

KLJUČNA DOKUMENTACIJSKA INFORMACIJA	III
KEY WORDS DOCUMENTATION	IV
KAZALO VSEBINE	V
KAZALO SLIK	VIII
KAZALO PREGLEDNIC	IX
OKRAJŠAVE IN SIMBOL	X
1 UVOD	1
1.1 NAMEN DELA	1
1.2 DELOVNE HIPOTEZE	1
2 PREGLED OBJAV	2
2.1 PROTEINAZE	2
2.1.1 Serinske proteinaze	2
2.1.2 Cisteinske proteinaze	2
2.1.3 Aspartatne proteinaze	3
2.1.4 Metalo proteinaze	3
2.2 INHIBITORJI PROTEINAZ	3
2.3 BAKTERIJA <i>Streptomyces rimosus</i>	4
2.3.1 Taksonomija	4
2.3.2 Morfologija	4
2.4 DOLOČANJE AKTIVNOSTI PROTEINAZ	5
2.4.1 Spektrofotometrično določanje aktivnosti proteinaz	5
2.4.2 Cimografija	6
2.4.2.1 Proteinski substrati	7
2.4.2.2 Sintetični substrati	7
2.5 IDENTIFIKACIJA PROTEINAZ	7
2.5.1 Masna spektrometrija	7
3 MATERIALI IN METODE	11
3.1 MATERIALI	11
3.1.1 Mikroorganizem	11
3.1.2 Gojiša, raztopine in komercialni kompleti	11
3.1.2.1 Gojiša	11

3.1.2.2 Raztopine	12
3.1.3 Laboratorijske aparature in kemikalije.....	14
3.1.3.1 Laboratorijske aparature	14
3.1.3.2 Kemikalije	15
3.2 METODE	16
3.2.1 Shema poteka dela.....	16
3.2.2 Priprava inokuluma	17
3.2.3 Kultivacija bakterije <i>Streptomyces rimosus</i>	17
3.2.4 Vzor enje in priprava vzorcev za analizo	17
3.2.5 Dolo anje koncentracije proteinov v vzorcih	17
3.2.6 SDS PAGE	18
3.2.6.1 Priprava lo evalnega in zbiralnega gela	18
3.2.6.2 Priprava vzorcev za nanos na gel (brez kazeina).....	18
3.2.6.3 Potek elektroforeze	19
3.2.6.4 Spiranje in barvanje gela brez dodanega kazeina po elektroforezi	19
3.2.7 Cimografija	19
3.2.7.1 Priprava lo evalnega in zbiralnega gela	19
3.2.7.2 Priprava vzorcev za nanos na gel (z dodanim kazeinom)	19
3.2.7.3 Potek elektroforeze	19
3.2.7.4 Spiranje, inkubacija in barvanje gela z dodanim kazeinom po elektroforezi	20
3.2.8 Ugotavljanje vrste proteinaz z uporabo razli nih inhibitorjev.....	20
3.2.9 Rezanje vzorcev iz gelov	20
3.2.10 Identifikacija proteinov	20
4 REZULTATI.....	21
4.1 MERJENJE KONCENTRACIJE PROTEINOV V SUPERNATANTU BROZGE Z BRADFORDOVO METODO	21
4.2 DETEKCIJA IN AKTIVNOST PROTEINAZ NA GELIH	22
4.2.1 Kazeinska cimografija	22
4.2.2 SDS PAGE	23
4.2.3 Poravnava obeh gelov pred rezanjem elektroforetskih rt iz gela	23
4.3 DOLO ANJE TIPA PROTEINAZ Z UPORABO RAZLI NIH INHIBITORJEV	24
4.3.1 EDTA.....	24

4.3.2 PMSF	24
4.3.3 Komercialna mešanica inhibitorjev proteinaz	25
4.4 IDENTIFIKACIJA PROTEINAZ Z MASNO SPEKTROMETRIJO.....	26
4.4.1 Rezultati identifikacije proteinov z masno spektrometrijo	27
5 RAZPRAVA.....	32
5.1 LO EVANJE IN DETEKCIJA PROTEINAZ	32
5.2 OCENJEVANJE AKTIVNOSTI IN DOLO ANJE VRSTE PROTEINAZ Z UPORABO RAZLI NIH INHIBITORJEV	33
5.3 IDENTIFIKACIJA Z MASNO SPEKTROMETRIJO	34
6 SKLEPI	37
7 POVZETEK	38
8 VIRI	39
ZAHVALA	

KAZALO SLIK

Slika 1: Življenjski cikel streptomicet (Angert, 2005)	5
Slika 2: Enostavna shema masnega spektrometra (Dass, 2007).....	9
Slika 3: Shematski prikaz MALDI – TOF analizatorja (Dass, 2007).	9
Slika 4: Shematski prikaz MALDI ionizacije (Dass, 2007)	10
Slika 5: Shematski prikaz poteka dela.....	16
Slika 6: Določanje aktivnosti proteinaz na gelu z dodanim kazeinom. Nanešeni so vzorci v 4 ponovitvah po 7 dneh kultivacije bakterije <i>Streptomyces rimosus</i>	22
Slika 7: SDS-PAGE analiza zunajceli nih proteinov bakterije <i>Streptomyces rimosus</i>	23
Slika 8: SDS PAGE analiza (levo) in cimografija (desno) zunajceli nih proteinov bakterije <i>Streptomyces rimosus</i>	23
Slika 9: Aktivnost proteinaz (A: v prisotnosti v 10 mM EDTA, B: brez dodatka 10 mM EDTA)	24
Slika 10: Aktivnost proteinaz (A: v prisotnosti 2,5 mM PMSF, B: brez dodatka 2,5 mM PMSF).....	24
Slika 11: Aktivnost proteinaz (A: v prisotnosti 5 mM PMSF, B: brez dodatka 5 mM PMSF).....	25
Slika 12: Aktivnost proteinaz (A: v prisotnosti komercialne mešanice inhibitorjev proteinaz, B: brez dodatka inhibitorjev)	25
Slika 13: Določitev elektroforetskih linij na SDS PAGE gelu za identifikacijo proteinov z masno spektrometrijo, modro obkrožene linje: protein 1, rdeča obkrožene linje: protein 2.	26
Slika 14: Označene ohranjene domene pri identificiranem proteinu 1 (hypothetical protein) (NCBI, 2014).....	29
Slika 15: Označene ohranjene domene pri identificiranem proteinu 2, zadetek 1 (putative calcium-binding protein) (NCBI, 2014).....	29
Slika 16: Označene ohranjene domene pri identificiranem proteinu 2, zadetek 2 (peptidase M4 thermolysin) (NCBI, 2014).....	30
Slika 17: Označene pomembne aminokisline v aktivnem mestu, mestu za vezavo cinka ter mestu za vezavo kalcija pri identificiranem proteinu 2, zadetek 2 (peptidase M4 thermolysin) (NCBI, 2014).....	31

KAZALO PREGLEDNIC

Preglednica 1: GOTC vegetativno gojišče (VG) (Blažič in sod., 2014)	11
Preglednica 2: GOTC produktivno gojišče (PG) (Blažič in sod., 2014)	11
Preglednica 3: 5x reden Bradfordov reagent	12
Preglednica 4: Zbiralni gel	12
Preglednica 5: Lov evalni gel brez dodanega kazeina	12
Preglednica 6: Lov evalni gel z dodanim kazeinom	12
Preglednica 7: 1x SDS elektroforezni pufer	13
Preglednica 8: 6x nanašalni pufer	13
Preglednica 9: Fiksacijska raztopina	13
Preglednica 10: Raztopina za razbarvanje	13
Preglednica 11: 0,25 % raztopina Triton X-100	13
Preglednica 12: 100 mM Tris HCl	13
Preglednica 13: 10 mM EDTA	13
Preglednica 14: 2,5 mM PMSF	14
Preglednica 15: 5 mM PMSF	14
Preglednica 16: Raztopina komercialne mešanice inhibitorjev proteinaz	14
Preglednica 17: Seznam laboratorijskih aparatur	14
Preglednica 18: Seznam kemikalij	15
Preglednica 19: Izmerjene absorbance in izračunate koncentracije proteinov v posameznih vzorcih	21
Preglednica 20: Rezultati identifikacije proteina 1 z masno spektrometrijo	27
Preglednica 21: Rezultati identifikacije proteina 2 z masno spektrometrijo	28

OKRAJŠAVE IN SIMBOL

AK - aminokislina

ANS - 8-anilinonaftalen-sulfonska kislina

APS - amonijev persulfat

DTT - ditiotreitol

EDTA - etilendiamintetraocetna kislina

ESI - *ang. electrospray ionization*

Et/Br - etidijev bromid

GRAS - *ang. Generally Recognized as Safe*

MALDI - *ang. matrix-assisted laser desorption/ionization*

OTC - oksitetraciklin (*ang. Oxytetracycline*)

PAGE - poliakrilamidna gelska elektroforeza (*angl. polyacrylamide gel electrophoresis*)

pI - izoelektrična točka

PMSF - fenilmetsansulfonil fluorid

SDS - natrijev dodecil sulfat (*ang. Sodium dodecyl sulfate*)

TEMED - tetrametil etilen diamid

TOF - *ang. time of flight*

1 UVOD

Streptomyces rimosus je ena izmed najbolje preu enih industrijsko uporabljenih streptomicet. Komercialno se že ve kot 50 let najve uporablja za produkcijo antibiotika oksitetraciklina, že nekaj asa pa je znano, da je *S. rimosus* tudi producent drugih biološko aktivnih sekundarnih metabolitov (Petkovič in sod., 2006), ki se ne uporabljam v medicini. *S. rimosus* je gostiteljski organizem, ki ga je relativno enostavno gensko manipulirati in ima GRAS status (ang. *Generally Regarded As Safe*), zaradiesar je primeren kot gostiteljski sev za heterologno izražanje razli nih metabolitov in heterolognih proteinov (Magdevska, 2011).

1.1 NAMEN DELA

Problem pri produkciji proteinskih produktov z bakterijo *Streptomyces rimosus*, ki isto asno proizvaja tudi zunajceli ne proteinaze, je v tem, da proteinaze lahko razgrajujejo naš ciljni produkt. Prav zaradi tega želimo identificirati in opredeliti lastnosti proteinaz, ki jih *Streptomyces rimosus* proizvaja in so hkrati tudi najbolj aktivne. Predvidevamo, da bodo to serinske proteinaze, ki jih bomo loili na gelski elektroforezi. Sledila bo identifikacija s testom aktivnosti, masno spektrometrijo in določitev identificiranih proteinov, ki kažejo proteolitično aktivnost z bioinformacijskimi orodji. Na ta način želimo končno določiti gene, ki kodirajo proteinaze z najvejo aktivnostjo in jih *Streptomyces rimosus* proizvaja v pogojih, ki so najbolj primerni za biosintezo ciljnih proteinov. Določitev aminokislinskih sekvenč teh proteinaz bi omogočila nadaljnje identifikacije DNA sekvenč ciljnih genov na osnovi nukleotidnega zaporedja celotnega genoma *S. rimosus*, ki te proteinaze kodirajo, ter njihovo inaktivacijo. Na ta način bi lahko konstruirali bolj primeren produkcijski sev *Streptomyces rimosus*, ki ne bi proizvajal serinskih proteinaz in bi bil lahko zaradi tega bolj optimalen produkcijski organizem za produkcijo heterolognih proteinskih produktov.

Namen magistrske naloge je bila tudi optimizacija metodologije za delno preiskovanje (koncentriranje) zunajceli nih proteinaz s poudarkom na serinskih proteinazah, razvoj metodologije za detekcijo zunajceli nih proteinaz z gelsko elektroforezo ter določitev in identifikacija najbolj zastopanih proteinaz (vrsta, število) in pridobitev informacij o njihovi sekvenči.

1.2 DELOVNE HIPOTEZE

Pri akujemo, da bomo na osnovi obstoječe literature in analize genoma *S. rimosus* lahko identificirali različne proteinaze iz gojišča bakterije *S. rimosus*, med katerimi bodo verjetno najbolj zastopane serinske proteinaze.

2 PREGLED OBJAV

2.1 PROTEINAZE

Proteinaze so encimi specifi ni za proteine, peptidaze pa so specifi ne za peptide. Proteinaze in peptidaze predstavljajo eno najvejih funkcionalnih skupin encimov, ki zajema več kot 560 znanih predstavnikov. S hidrolizo ene izmed najbolj pomembnih kemijskih vezi prisotnih v biomolekulah, to je peptidne vezi, igrajo pomembno vlogo v vseh organizmih iz filogenetskega drevesa, od virusov, bakterij, protozoj, metazoj, gliv ter na koncu rastlin in živali (Supuran in sod., 2002). Sodelujejo v mnogih fizioloških funkcijah, od splošne razgradnje proteinov, pa do bolj specifičnih in reguliranih procesov, kot so; koagulacija krvi, aktivacija hormonov in transport sekretornih proteinov v membrane. Proteinaze razdelimo v štiri skupine: serinske, cisteinske, aspartatne in metalo proteinaze. Znotrajceli ne bakterijske proteinaze so visoko specifične in sodelujejo v mnogih bioloških procesih, kot so; odstranjevanje signalnih peptidov z novo sintetiziranih proteinov, aktivacija in inaktivacija prekurzorjev, inaktivacija regulatornih proteinov in razgradnja nenormalnih, tujih proteinov. Širok spekter bakterij pa izloženih proteinaz tudi v zunajceli ni medij. Nekatere izmed teh proteinaz so toksini ali virulenčni faktorji (Wandersman, 1989).

2.1.1 Serinske proteinaze

Skoraj ena tretjina vseh znanih proteinaz spada med serinske proteinaze. Obstaja okrog 40 družin serinskih proteinaz. Ime izhaja iz nukleofilnega serinskega ostanka v aktivnem mestu. Encimi iz teh družin so zelo pomembni za homeostazo in vitalne funkcije vseh živih organizmov (Supuran in sod., 2002). Štiri najbolj zastopane serinske proteinaze so Kimotripsin, Subtilizin, Karboksipeptidaza Y in Clp proteinaza (Hendstrom, 2002). Bakterije proizvajajo vse glavne poznane tipe serinskih proteinaz. En tak tip serinskih proteinaz so tripsinu podobne proteinaze, ki so široko zastopane pri bakterijah iz rodu *Streptomyces*. Te proteinaze igrajo pomembno vlogo pri tvorbi zračnih nega micelija (Supuran in sod., 2002).

2.1.2 Cisteinske proteinaze

Cisteinske proteinaze so proteini z molekulsko maso približno 21 - 30 kDa. Najvej je hidrolitična aktivnost kažejo pri pH 4 - 6,5. Ker tiolna skupina hitro oksidira, je za normalno delovanje encima v okolju potrebna reduksijska komponenta. Glutation je reducent, ki služi kot aktivacijsko sredstvo v celicah, za *in vitro* eksperimente pa je potrebno dodati merkaptoetanol ali ditiotreitol (DTT). Poznanih je 21 družin cisteinskih proteinaz, ki so prisotne v skoraj vseh živih organizmih, skoraj polovica pa jih je bila odkrita v virusih. Mnoge od teh encimov najdemo v bakterijah, glivah, protozojah in

rastlinah. Cisteinske proteinaze sodelujejo v mnogih biokemijskih procesih, ki se odvijajo v živih organizmih. Njihova glavna fiziološka vloga je metabolna razgradnja peptidov in proteinov. Aktivnost cisteinskih proteinaz je regulirana s pravilnim prepisovanjem genov in stopnjo sinteze ter razgradnje proteinaz kot tudi njihovih specifičnih inhibitorjev (Grzonka in sod., 2001).

2.1.3 Aspartatne proteinaze

Aspartatne proteinaze so široko razširjena skupina proteolitičnih encimov, ki jih lahko najdemo v virusih, bakterijah, kvasovkah, rastlinah, glivah in živalih. Delimo jih v več družin, na primer; A1 - pepsinu podobne aspartatne proteinaze ali A2 - retrovirusne aspartatne proteinaze. Splošne lastnosti pepsinu podobnih encimov so: aktivnost pri nizkem pH in ob utljivost na inhibicijo s pepstatinom A. Zgrajeni so iz enojne polipeptidne verige z molekulsko maso med 32 in 38 kDa, njihovo tro-dimenzionalno strukturo pa sestavlja dva zelo podobna režnja. Aktivno mesto se nahaja v reži med obema režnjema in vsebuje dva aspartatna ostanka; Asp32 in Asp215. Aspartatne proteinaze so cimogeni, sposobni samo-aktivacije v kislih pogojih, s ceptivijo pro-sekvence (Kadek in sod., 2013).

2.1.4 Metalo proteinaze

Metalno proteinaze so hidrolaze, pri katerih je nukleofilni napad na peptidno vez reguliran s strani vodne molekule, ki jo usmerja dvovalenten kovinski ion. Katalitičen kovinski ion regulira aminokislinski ostanki, prisotni na aktivnem mestu. Metalo proteinaze delimo v dve glavne skupine glede na število kovinskih ionov potrebnih za katalizo. Pri večini metalo proteinaz je potreben le en kovinski ion, v nekaterih družinah pa sta potrebna dva kovinska iona, ki delujeta ko-katalitично. Metalo proteinaze so široko zastopane v vseh vrstah bakterij. Pogosto so kritični virulenti faktorji, ki igrajo pomembno vlogo v patogenezi in sodelujejo pri infekcijah (Supuran in sod., 2002).

2.2 INHIBITORJI PROTEINAZ

Inhibitorje proteinaz delimo v dve skupini. Poznamo nizkomolekularne inhibitorje, specifične za aktivno mesto in naravne inhibitorje, izolirane iz rastlin, živali in mikroorganizmov. Inhibitorje proteinaz pa lahko razdelimo v podskupine tudi glede na vrsto proteinaze, ki jo inhibirajo. Lepimo inhibitorje serkinskih proteinaz, cisteinskih proteinaz, aspartatnih proteinaz ter inhibitorje metalo proteinaz (Štaudohar Kozjan, 2003). Ugotovljeno je bilo, da proteinske inhibitorje proteolitičnih encimov proizvajajo razne živali, rastline in mikroorganizmi. Vredina odkritih zunajceličnih inhibitorjev proteinov je bila izolirana iz vrste *Streptomyces* in označena kot pripadnikov družine *Streptomyces* subtilizinskih inhibitorjev na podlagi podobne strukture in inhibitornih sposobnosti (Taguchi in sod., 1995).

2.3 BAKTERIJA *Streptomyces rimosus*

2.3.1 Taksonomija

Streptomicete so grampozitivne aerobne bakterije iz reda aktinomicet, ki spada v razred aktinobakterij (Anderson in Wellington, 2001).

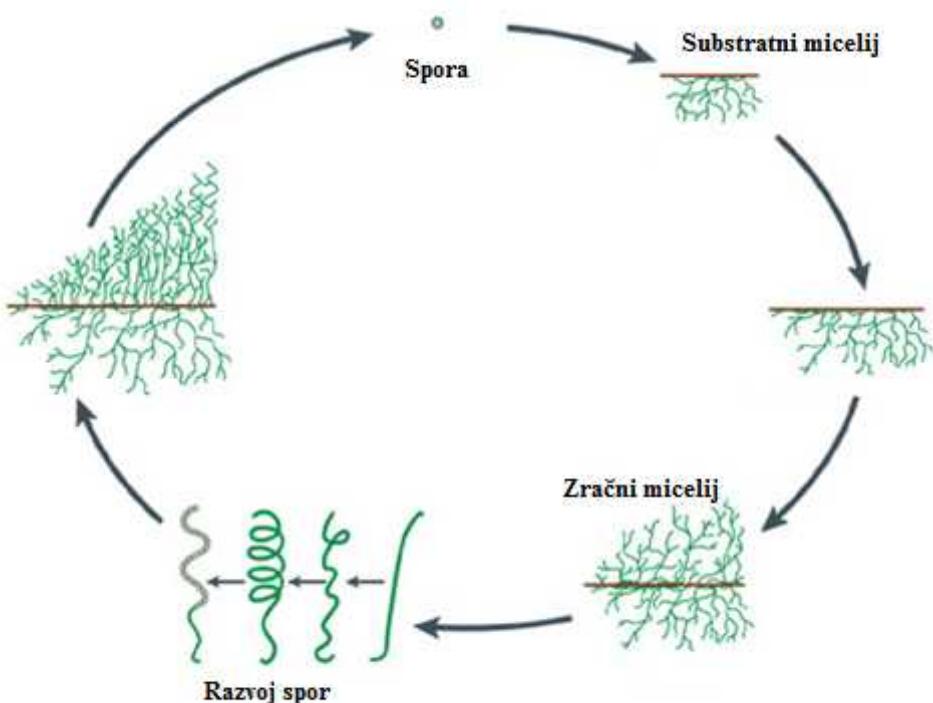
Taksonomska opredelitev streptomicet (UniProt, 2014):

domena: BACTERIA
deblo: Actinobacteria
razred: Actinobacteria
podrazred: Actinobacteridae
red: Actinomycetales
podred: Streptomycineae
družina: Streptomycetaceae
rod: *Streptomyces*
vrsta: *Streptomyces rimosus*

2.3.2 Morfologija

Streptomicete so morfološko podobne nitastim glivam, saj rastejo v obliki micelija. Od ostalih aktinomicet se lo ijo predvsem po specifi ni zgradbi celi ne stene. Imajo celi no steno tipa I, za katero je zna ilno, da vsebuje LL-diaminopimeli no kislino in glicin. Hife, ki jih tvorijo streptomicete imajo premer 0,5 - 1 μm in so v vegetativni fazi pogosto brez pre nih sten. Zna ilna je razvejana rast, ker povzroči nastanek tesno prepletene matriksa hif med vegetativno fazo. Staranje kolonij privede do nastanka zra nega micelija, iz katerega s pomočjo tvorbe pre nih sten, nastanejo verige spor (Anderson in Wellington, 2001).

Streptomicete so industrijsko pomembne, ker proizvajajo številne antibiotike, zunajceli ne encime, kot so proteinaze in ostale sekundarne metabolite s komercialno vrednostjo (Lopes in sod., 1999). Kot za veliko ostalih vrst streptomicet je tudi za *Streptomyces rimosus* zna ilno, da proizvaja zunajceli ne proteoliti ne encime. Ta lastnost je izražena tudi v sevih *S. rimosus*, ki se uporablja za industrijsko proizvodnjo antibiotika oksitetraciklina, saj so proteoliti ne encime zaznali tudi v kulturah gojenih pri pogojih za produkcijo antibiotikov (Pokorný in sod., 1979)



Slika 1: Življenjski cikel streptomicet (Angert, 2005).

2.4 DOLO ANJE AKTIVNOSTI PROTEINAZ

2.4.1 Spektrofotometri no dolo anje aktivnosti proteinaz

Zaznavanje proteinazne aktivnosti je pomembno v številnih aplikacijah, kot so; merjenje aktivnosti proteinaz v celih tkivih in ekstraktih, merjenje aktivnosti med išenjem encima in študije inhibicije proteinaz. Za testiranje proteinazne aktivnosti pogosto potrebujemo proteine, kot so hemoglobin, ali pa kazein, kolagen in želatina z vezanim flourescentnim barvilkom. Te metode vključujejo postopke precipitacije, kjer je nerazgrajen substrat netopen (na primer fibrin) ali pa ga oborimo s trikloroocetno kislino. Slabost vseh teh metod je potreba po vzoru enju v določenih asovnih intervalih, natančno na kontrola volumna vzorcev in kvantitativno ločevanje označenih peptidov od nehidroliziranih proteinov (Jones in sod., 1997). Dodatna slabost teh metod so dragi substrati, katerih težava je tudi neenakomerna velikost delcev ter neenakomerna razporeditev barvila, zaradi česar je težko dosegiti homogene pogoje (Wolf in Wirth, 1996).

Obstajajo tudi tehnike za merjenje encimske aktivnosti v realnem asusu. Pri teh metodah se uporablja 8-anilinonaftalen-sulfonska kislina (ANS) (ang. 8-anilinonaphthalene-1-sulfonic acid), ki v vodnem okolju le rahlo flourescira, ob vezavi na hidrofobne proteine pa se njena flourescensa poveča. Ko proteinaze razgradijo proteine, se zmanjša število veznih mest za ANS, kar povzroči padec flourescence, ki jo zaznamo spektrofotometrično. Slabosti te

metode so, da je težko meriti majhen padec flourescence v primerjavi z mo nim ozadjem. Prav tako pa nekateri encimi ne delujejo na mestu kjer je ANS vezana na protein (Jones in sod., 1997).

Moderne metode uporabljajo kazein, kot substrat za merjenje aktivnosti proteinaz in Folinov reagent kot detekcijsko sredstvo oziroma barvilo za zaznavanje stopnje aktivnosti. Ko proteinaza razgradi kazein, se sprosti tirozin. Folinov reagent reagira s tirozinom in nastane modro obarvan kromofor, katerega absorbanci izmerimo s spektrofotometrom. Ve kazeina kot proteinaze razgradijo, ve tirozina se sprosti, kar pomeni mo nejše modro obarvanje. Absorbanca, ki jo izmerimo, je prenosorazmerna aktivnosti proteinaz (Cupp-Enyard, 2008).

2.4.2 Cimografija

Cimografija je zelo dobra metoda za detekcijo in dolo anje aktivnosti širokega spektra mikrobnih, živalskih in rastlinskih encimov med njimi tudi številnih nukleaz in proteinaz. Sestavljena je iz dveh korakov. Prvi korak je lo evanje proteinov z elektroforezo, temu pa sledi detekcija encimske aktivnosti (Kaberdin in McDowall, 2003). Uporaba gelske elektroforeze za merjenje proteinazne aktivnosti ima mnogo dobrih lastnosti. Omogo a specifi no detekcijo aktivnih proteinaz v kompleksnih ekstraktih brez predhodnih postopkov iš enja, hitro oceno molekulske mase proteinaz in njihovih inhibitorjev, analizo raznih funkcionalnih karakteristik preu evanih proteinaz in preu evanje interakcij proteinaza - inhibitor (Michaud, 1998). Med elektroforetskimi metodami je cimografija ena izmed najboljših za dolo anje encimske aktivnosti. Temelji na SDS (*ang. Sodium dodecyl sulfate*) elektroforezi v nereducirajo ih pogojih, pri emer je primeren substrat kopolimeriziran z akrilamidom. Po elektroforezi je SDS odstranjen s spiranjem gela v raztopini Triton X-100, kar omogo a encimu, da ponovno pridobi svojo aktivnost (Resa in sod., 1994).

Prva stvar o kateri moramo razmisiliti, ko na rtujemo cimografsko detekcijo katerekoli proteinaze, je izbira primerrega substrata. Gelske teste za dolo anje aktivnosti encimov lahko glede na uporabljeni vrsto substrata razdelimo v dve skupini. Substrati so lahko naravni ali sinteti ni, katerega uporabimo pa je odvisno od koli ine informacij, ki so nam na voljo o preu evanem vzorcu in od stopnje specifi nosti potrebne za analizo encima. V primeru, da imamo proteinaze izolirane iz slabo karakteriziranih ekstraktov, so bolj primerni "naravni" proteinski substrati, saj imajo proteini po navadi ve veznih mest, zaradi katerih jih lahko ve je število raznovrstnih encimov prepozna kot substrat. V primeru, ko pa testiramo aktivnost dobro karakteriziranih proteinaz ali pa je poudarek na detekciji eks proteinaz, so bolj primerna izbira sinteti ni substrati, ki omogo ajo specifi no detekcijo pri natan no definiranih pogojih (Michaud, 1998).

2.4.2.1 Proteinski substrati

Proteinski substrati, ki se uporabljajo za detekcijo proteinaz s cimografijo, so navadno poceni in komercialno dostopni proteini. Najve krat je v uporabi želatina, kazein, goveji serumski albumin ali hemoglobin. V ve ini primerov proteinaze najprej lo imo na gelu in jih nato pustimo, da hidrolizirajo substrat *in situ* (v primeru, da je substrat dodan v gel) ali pa hidrolizirajo substrat v novem matriksu (v primeru, da je substrat dodan v indikatorski gel ali pa fiksiran na nitrocelulozno membrano, na katero nato prenesemo proteinaze iz lo evalnega gela). eprav proteini, kot sta želatina in kazein, niso naravni substrati za ve ino proteinaz, so se izkazali za uporabne pri elektroforetski karakterizaciji proteinaz v velikem številu bioloških vzorcev. Prav tako postajajo vedno bolj uporabni pri preu evanju interakcij proteinaza - inhibitor, saj predstavljajo enostavna in ob utljiva sredstva detekcije in vizualizacije aktivnosti ciljanih proteinaz po njihovi inhibiciji s specifi nimi inhibitorji (Michaud, 1998).

2.4.2.2 Sinteti ni substrati

Za razliko od ve ine proteinskih substratov so sinteti ni substrati uporabni pri identifikaciji specifi nih proteinaz in dolo anju njihovih funkcionalnih lastnosti. Sinteti ni substrati so najve krat sintetizirani s spajanjem specifi nih substituentov in -NH₂ ali -COOH skupine aminokislin. Sekvenca aminokisline in razporeditev substituentov po navadi dolo a specifi nost substrata, medtem ko izvor enega od substituentov da substratu kromogene ali fluorogene lastnosti, kar je uporabno pri naknadnem dolo anju hidroliti ne aktivnosti. Glede na pozicijo substituenta delimo sinteti ne substrate v dve skupini: substrate za endo proteinaze in substrate za esko proteinaze. Veliko razli nih sinteti nih substratov se je izkazalo za uporabne pri preu evanju proteinaz po lo evanju na gelski elektroforezi. Nekateri substrati so relativno nespecifi ni in omogo ajo bolj grobo identifikacijo proteinaz, medtem ko drugi omogo ajo specifi no identifikacijo proteinaz ali družin proteinaz in so uporabni pri dolo anju aktivnosti specifi ne proteinaze v mešanih ekstraktih. Ker je raznolikost proteoliti nih encimov v živih organizmih velika in ker je število nedolo enih proteinaz še tako veliko, je potrebno specifi nost substrata potrditi za vsak biološki sistem posebej. Tako zagotovimo, da vsa encimska aktivnost izhaja le iz preu evanega encima (Michaud, 1998).

2.5 IDENTIFIKACIJA PROTEINAZ

2.5.1 Masna spektrometrija

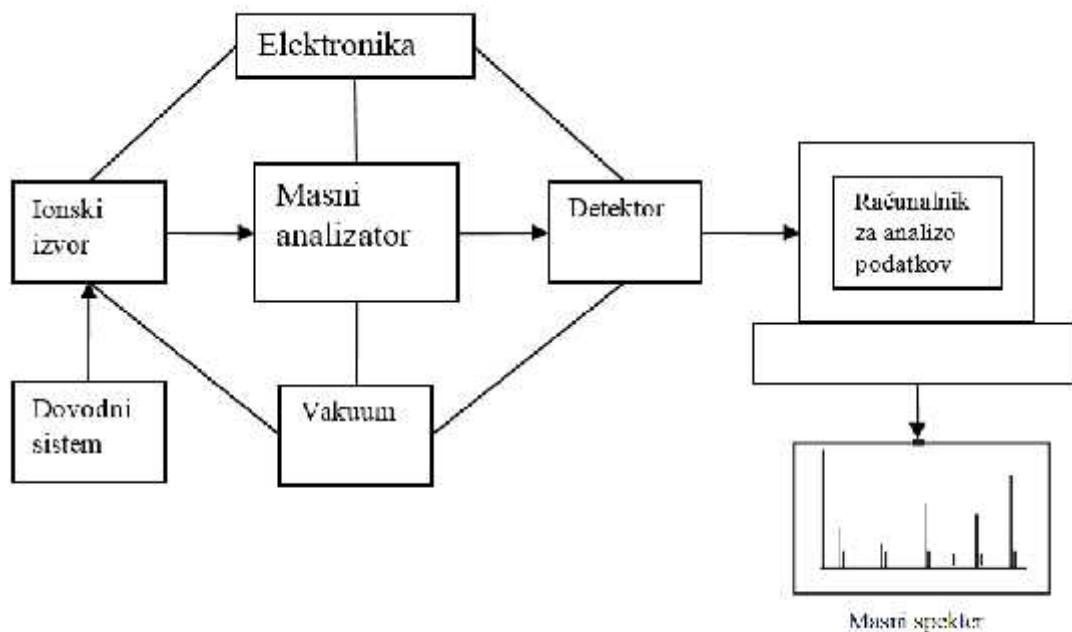
Masna spektrometrija je analitska tehnika, ki omogo a merjenje molekulskih mas posameznih spojin in atomov s pretvarjanjem le teh v nabite ione. Pogosto lahko z masno

spektrometrijo sklepamo tudi o strukturi molekule. Je ena izmed najbolj vsestranskih analitskih metod, ki so trenutno na voljo v kemiji in biokemiji (Dass, 2007).

Analiza z masno spektrometrijo je sestavljena iz treh osnovnih korakov (Dass, 2007):

1. Prvi korak je ionizacija, ki pretvori molekule ali atome analita v plinasto fazo. Za izvedbo tega koraka je potrebno odvzeti ali dodati elektron ali proton. Odve na energija, ki se sprosti med ionizacijo lahko razbije molekulo v fragmente, ki jih je možno analizirati.
2. Naslednji korak je lo evanje in masna analiza ionov molekule ter njihovih nabitih fragmentov na podlagi razmerja med maso in nabojem.
3. Na koncu tok ionov, lo enih glede na maso, še izmerimo, oja amo in prikažemo v obliki masnega spektra.

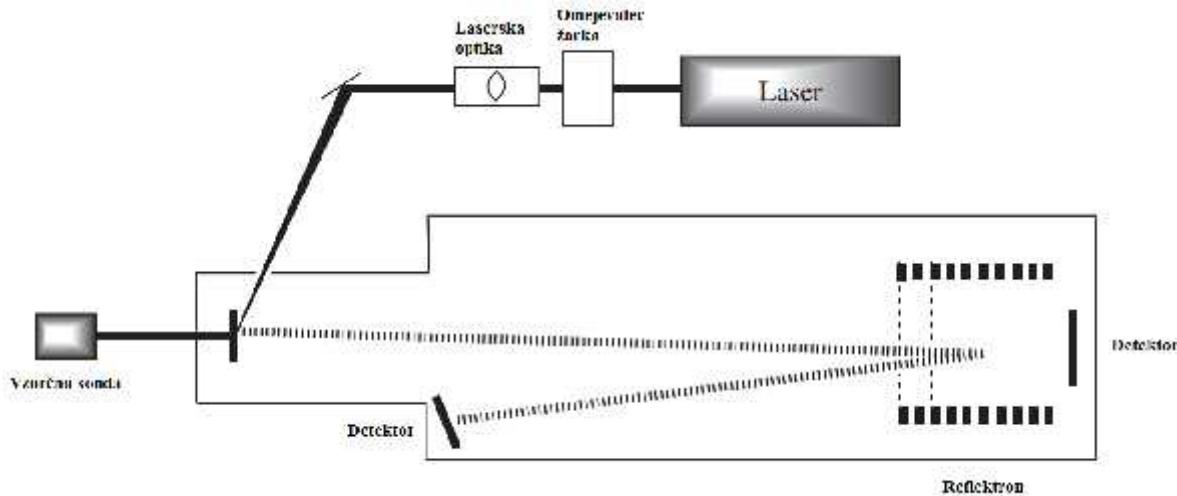
Osnovne enote masnega spektrometra so: dovodni sistem, ionski izvor, masni analizator, detektor, raunalnik za analizo podatkov sistem za vakuum in elektronika. Dovodni sistem prenese vzorec v ionski izvor, ionski izvor pa nato pretvori nevtralne molekule vzorca v ione v plinastem stanju. Masni analizator s pomočjo magnetnega ali električnega polja nadzoruje in kontrolira tok ionov ter jih tako loči in na podlagi odklona v električnem polju določi njihovo maso. Detektor izmeri in oja a tok ionov. Raunalnik za analizo podatkov procesira, shranjuje in prikazuje podatke. Sistem za vakuum ohranja nizek tlak v masnem spektrometru, elektronika pa kontrolira in omogoča delovanje ostalih enot (Dass, 2007).



Slika 2: Enostavna shema masnega spektrometra (Dass, 2007)

Poznamo več različnih tipov ionizacije, med najbolj pogostimi sta MALDI (ang. *Matrix Assisted Laser Desorption ionization*) in ESI (ang. *Electrospray ionization*).

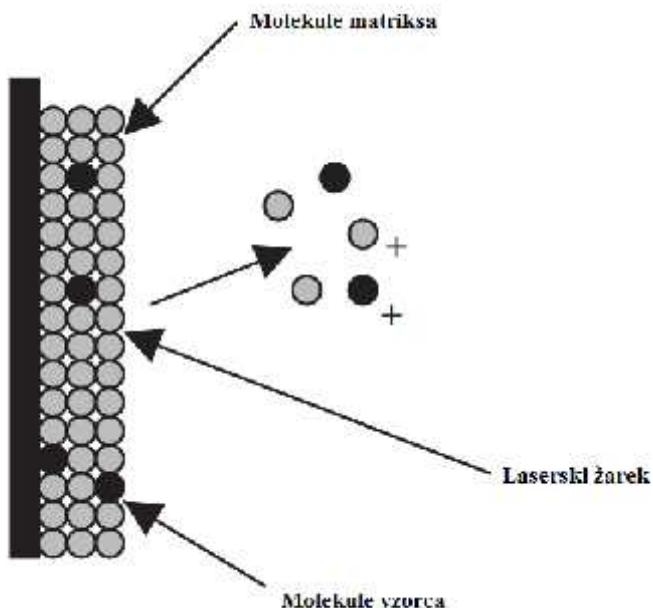
V našem primeru je bil za analizo vzorcev uporabljen MALDI – TOF analizator, pri čemer beseda MALDI izhaja iz tipa ionizacije, TOF (ang. *time of flight*) pa izhaja iz tipa masnega analizatorja oziroma iz principa delovanja tega.



Slika 3: Shematski prikaz MALDI – TOF analizatorja (Dass, 2007).

Pri MALDI ionizaciji gre za mešanje vzorca z velikim masnim prebitkom matriksa in nanašanje mešanice na posebno ploščo. Ko topilo izpari, v kratkih intervalih obsevamo kristale matriksa in vzorca z močnim laserskim žarkom, kar povzroči ionizacijo matriksa in vzorca v plinasto fazo (slika 4). MALDI se največkrat uporablja v kombinaciji s TOF

masnim analizatorjem. Glavni razlog za to je njegov velik masni razpon in pa sposobnost, da analizira celoten spekter enega intervala obsevanja z laserjem (Dass, 2007).



Slika 4: Shematski prikaz MALDI ionizacije (Dass, 2007).

3 MATERIALI IN METODE

3.1 MATERIALI

3.1.1 Mikroorganizem

Streptomyces rimosus M4018 z OTC^R (Rhodes in sod., 1981).

3.1.2 Gojiš a, raztopine in komercialni kompleti

3.1.2.1 Gojiš a

Preglednica 1: GOTC vegetativno gojiš e (VG) (Blažič in sod., 2014)

Setavina	Količina
Kazein tripton	1,5 g
Glukoza	1 g
Kalcijev karbonat	0,1 g
Kvasni ekstrakt	0,5g
Destilirana voda	do 100 mL

GOTC vegetativno gojiš e smo pripravili tako, da smo v ašo zatehtali vse potrebne sestavine in nato dopolnili z destilirano vodo do končne volumna (100 mL). Gojiš e smo razdelili po 5 mL v 50-mL kivete, ki smo jih zamašili s penastimi zamaški in nato sterilizirali v avtoklavu pri 121 °C, 25 minut. Po sterilizaciji smo po akali, da se je gojiš e ohladilo in ga shranili v hladilnik (4 °C).

Preglednica 2: GOTC produktivno gojiš e (PG) (Blažič in sod., 2014)

Sestavina	Količina
MOPS	1,75 g
Sojina moka	10,5 g
Amonijev sulfat	1,5 g
Magnezijev klorid	0,5 g
Natrijev klorid	0,375 g
Kalcijev karbonat	1,825 g
Koruzni škrob	7 g
1 % raztopina cinkovega sulfata	2,5 mL
1 % raztopina manganovega sulfata	0,937 mL
Destilirana voda	do 250 mL

-pH 6,25

GOTC produktivno gojiš e smo pripravili tako, da smo v ašo zatehtali vse potrebne sestavine in nato dopolnili z destilirano vodo do končne volumna (250 mL). Gojiš e smo nato segrevali do 80 °C in mešali. Ko so se sestavine raztopile (ne raztopijo se popolnoma), smo gojiš e ohladili in umerili pH na 6,25 z 10 % NaOH ali HCl. Gojiš e

smo po tem razdelili po 50 mL v 250-mL erlenmajerice. V vsako erlenmajerico smo dodali še 1 mL sojinega olja. Erlenmajerice smo zamašili s penastimi zamaški in jih sterilizirali v avtoklavu pri 121 °C, 25 minut. Po sterilizaciji smo po akali, da se je gojiš e ohladilo in ga shranili v hladilnik (4 °C).

3.1.2.2 Raztopine

Preglednica 3: 5x red en Bradfordov reagent

Sestavina	Koli ina
Bradfordov reagent	1 mL
Destilirana voda	do 5 mL

Preglednica 4: Zbiralni gel

Sestavina	Koli ina
raztopina akrilamid/bisakrilamid (30 %/0,8 %)	0,652 mL
0,75 M Tris-HCl (pH 6,8)	1,65 mL
10 % SDS	50 µL
10 % APS	15 µL
TEMED	7,5 µL
dH ₂ O	2,675 mL

Preglednica 5: Lo evalni gel brez dodanega kazeina

Sestavina	Koli ina
raztopina akrilamid/bisakrilamid (30 %/0,8 %)	2 mL
1 M Tris-HCl (pH 8,8)	1,875 mL
10 % SDS	75 µL
10 % APS	22,5 µL
TEMED	11,25 µL
dH ₂ O	3,55 mL

Preglednica 6: Lo evalni gel z dodanim kazeinom

Sestavina	Koli ina
raztopina akrilamid/bisakrilamid (30 %/0,8 %)	2 mL
1 M Tris-HCl (pH 8,8)	1,875 mL
10 % SDS	75 µL
10 % APS	22,5 µL
TEMED	11,25 µL
dH ₂ O	3,55 µL
kazein	0,014 g

Preglednica 7: 1x SDS elektroforezni pufer

Sestavina	Koli ina
Tris-baza	3 g
Glicin	14,4 g
SDS	1 g
ddH ₂ O	do 1000 mL

Preglednica 8: 6x nanašalni pufer

Sestavina	Kon na koncentracija
Tris-HCl (pH 6)	375 mM
SDS	9 %
bromfenol modro	0,06 %
DTT	0,6 M
ddH ₂ O do kon nega volumna	

Preglednica 9: Fiksacijska raztopina

Sestavina	Koli ina
100 % metanol	500 mL
100 % ocetna kislina	70 mL
ddH ₂ O	do 1000 mL

Preglednica 10: Raztopina za razbarvanje

Sestavina	Koli ina
100 % metanol	100 mL
100 % ocetna kislina	70 mL
ddH ₂ O	do 1000 mL

Preglednica 11: 0,25 % raztopina Triton X-100

Sestavina	Koli ina
Triton X-100	75 µL
ddH ₂ O	30 mL

Preglednica 12: 100 mM Tris HCl

Sestavina	Koli ina
Tris-baza	6,057 g
ddH ₂ O	do 500 mL

-pH 7,5; uravnamo z 1 M HCl

Preglednica 13: 10 mM EDTA

Sestavina	Koli ina
EDTA	0,1861 g
100 mM Tris-HCl (pH 7,5)	do 50 mL

Preglednica 14: 2,5 mM PMSF

Sestavina	Koli ina
100 mM PMSF (v 70 % etanolu)	0,5 mL
100 mM Tris-HCl (pH 7,5)	do 20 mL

Preglednica 15: 5 mM PMSF

Sestavina	Koli ina
200 mM PMSF (v 70 % etanolu)	0,5 mL
100 mM Tris-HCl (pH 7,5)	do 20 mL

Preglednica 16: Raztopina komercialne mešanice inhibitorjev proteinaz

Sestavina	Koli ina
Komercialna mešanica inhibitorjev proteinaz	1 tabletka
100 mM Tris-HCl (pH 7,5)	20 L

3.1.3 Laboratorijske aparature in kemikalije

3.1.3.1 Laboratorijske aparature

Preglednica 17: Seznam laboratorijskih aparatur

Aparatura	Proizvajalec
italec mikrotiterskih ploš Safire 2	Tecan
centrifuga za mikrocentrifugirke Centric 200	Tehtnica
hlajena centrifuga Sigma 3K30	Sigma
vrtin nik Yellow line TTS2	IKA
pipete Corning Lambda	Corning
inkubator Kambi I-115	Kambi
stresalnik za erlenmajerice in kivete Multitron	Infors HT
CAM-GX-CHEMI HR-Gbox	Syngene
laminar SMBC 122VA	Iskra Pio d.o.o.
stresalna ploš a	Miometra
avtoklav	Sutjeska
pH meter SevenEasy	Mettler Toledo
tehtnica	Lotri d.o.o.

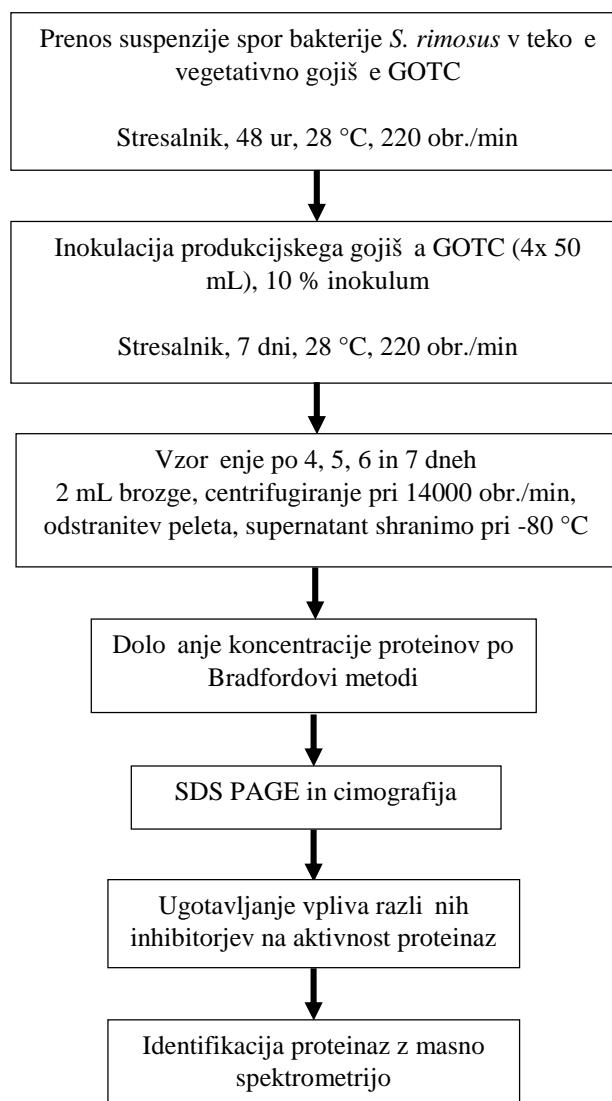
3.1.3.2 Kemikalije

Preglednica 18: Seznam kemikalij

Kemikalija	Proizvajalec
raztopina akrilamid/bisakrilamid (30 %/0,8 %)	Sigma - Aldrich
Tris-baza	Merck Millipore
tetrametil etilen diamid (TEMED)	Sigma - Aldrich
ocetna kislina	Merck Millipore
metanol	Merck Millipore
SimplyBlue	Life technologies
kazein iz govejega mleka	Sigma - Aldrich
Triton X-100	Acros organics
etylendiamintetraacetna kislina (EDTA)	Kemika
fenilmethylsulfonil fluoride (PMSF)	Sigma - Aldrich
pepton iz kazeina	Merck Millipore
kalcijev karbonat	Merck Millipore
kvasni ekstrakt	BioLife
MOPS	Sigma - Aldrich
sojina moka	Soja protein
amonijev sulfat	Merck Millipore
magnezijev klorid	Sigma - Aldrich
natrijev klorid	Sigma - Aldrich
bakteriološki agar	BioLife
komercialna mešanica inhibitorjev	Roche
amonijev persulfat (APS)	Sigma - Aldrich
natrijev dodecil sulfat (SDS)	Sigma - Aldrich
Bradfordov reagent	Biorad
Sypro Ruby	Invitrogen
koruzni škrob	Helios
glukoza	Merck
ditiotreitol (DTT)	Sigma - Aldrich
bromfenol modro	Sigma - Aldrich

3.2 METODE

3.2.1 Shema poteka dela



Slika 5: Shematski prikaz poteka dela

3.2.2 Priprava inokuluma

Uporabili smo pet kivet s prostornino 50 mL. V vsako izmed njih smo dali 5 mL vegetativnega gojišča in jih nato inokulirali s 50 µL suspenzije spor S. *rimosus*. Kivete smo dali na stresalnik in stresali pri pogojih 220 obr./min, 28 °C, 48 ur.

3.2.3 Kultivacija bakterije *Streptomyces rimosus*

Po 48 urah stresanja pri 220 obr./min in 28 °C je sledila inokulacija štirih 250 mL erlenmajeric, v katerih je bilo 50 mL produkcijskega gojišča. Erlenmajerice smo predhodno vzeli iz hladilnika, da se je gojišč e segrelo na sobno temperaturo, nato pa smo v laminarju s pipeto v vsako erlenmajerico prenesli 5 mL kulture v vegetativnem gojišču iz posamezne kivete. Erlenmajerice smo dali na stresalnik in stresali pri pogojih 220 obr./min, 28 °C, 7 dni.

3.2.4 Vzor enje in priprava vzorcev za analizo

Po štirih dneh stresanja, smo za eli z vzor enjem. Vzor ili smo iz dveh erlenmajeric, v katerih je kultura najbolje rasla. Odločili smo se glede na barvo in izbrali tisti dve, v katerih je bila kultura najbolj temne barve. Iz vsake erlenmajerice smo odpipetirali po 2 mL brozge v dve mikrocentrifugirki s prostornino 2 mL. Erlenmajerice smo dali nazaj na stresalnik, mikrocentrifugirke pa centrifugirali 10 min pri 14000 obr./min. Supernatant smo prenesli v nove mikrocentrifugirke in ponovili centrifugiranje pri enakih pogojih, nato pa supernatant ponovno prenesli v nove mikrocentrifugirke, ki smo jih shranili pri -80 °C. Vzor enje smo ponavljali do sedmega dne kultivacije, tako da smo na koncu dobili vzorce za etrti, peti, šesti in sedmi dan kultivacije.

3.2.5 Določanje koncentracije proteinov v vzorcih

V laboratorjiski praksi in v procesih iščenja proteinov so za kvantifikacijo proteinov zaželene metode, ki so hitre, ob utljive in ponovljive. Večina metod, ki so obstajale pred uveljavitvijo Bradfordove metode, le delno izpolnjuje te pogoje, zato se za spektrofotometrično določanje koncentracije proteinov v vzorcih dandas najpogosteje uporablja Bradfordova metoda. Bradfordova metoda temelji na vezavi barvila Coomassie Brilliant blue na protein. To barvilo obstaja v dveh barvah, in sicer v rdeči ter modri. Barvilo ob vezavi na proteine spremeni barvo iz rdeče v modro, kar povzroči premik absorpcijskega maksimuma barvila iz 365 na 595 nm. Prav povečanje absorbancije pri 595 nm pa je sprememb, ki jo merimo in s pomočjo katere določimo koncentracijo proteinov. Metoda je hitra in ponovljiva, saj se barvilo na protein veže v slabih 2 minutah,obarvanje pa ostane stabilno še približno 1 ura (Bradford, 1975).

Vzorce smo najprej odtalili, nato pa na mikrotitrsko ploščo nanesli po 4 µL vsakega vzorca v svojo luknjico. Pred nanosom na mikrotitrsko ploščo smo vsak vzorec premešali na vrtinu niku. K vzorcem smo dodali še 196 µL pet-krat redne enega Bradfordovega reagenta, tako da je bil končni volumen v vsaki luknjici 200 µL. Po akciji smo 5 minut, da je potekla reakcija, nato pa smo izmerili absorbancijo pri 595 nm.

Od izmerjenih absorbancij smo nato odšteli vrednost slepega vzorca (destilirana voda). Dobljene vrednosti smo vstavili v umeritveno krivuljo in izračunali koncentracijo proteinov v supernatantu (Preglednica 19).

3.2.6 SDS PAGE

3.2.6.1 Priprava ločevalnega in zbiralnega gela

V falkon kiveto smo dodali raztopino akrilamid/bisakrilamid (30 %/0,8 %), 1 M Tris-HCl s pH 8,8, 10 % SDS, dH₂O in isto na koncu še TEMED ter APS (Preglednica 5), da je gel začel polimerizirati. Zmes smo rahlo premešali s plastično pipeto ter jo nato s pomočjo te iste pipete nalili med stekelci za pripravo gela, ki smo jih predhodno sestavili. Na vrh gela smo nalili destilirano vodo do roba stekelca in pustili približno 30 minut, da se je gel strdil. Ko se je gel strdil, smo vodo odstranili ter prostor med stekelci na vrhu osušili s papirnatim brisačo. Nato smo pripravili mešanico za zbiralni gel, ki smo ga nalili nad ločevalni gel. Za zbiralni gel smo v kiveti zmešali raztopino akrilamid/bisakrilamid (30 %/0,8 %), 0,75 M Tris-HCl s pH 6,8, 10 % SDS, dH₂O in isto na koncu dodali še TEMED ter APS za polimerizacijo (Preglednica 4). Ponovno smo vse premešali s plastično pipeto ter nalili na vrh ločevalnega gela. Ko smo zbiralni gel nalili, smo vanj takoj vstavili še glavni ek, da so nastali žepki za nanašanje vzorcev. Gel smo pustili približno 30 minut, da se je strdil.

3.2.6.2 Priprava vzorcev za nanos na gel (brez kazeina)

Na gel brez kazeina smo nanašali 9 µL supernatanta vzorca (masa proteinov = 7 µg), pripravljenega kot je opisano v točki 3.2.4., zmešanega z 9 µL 2 x nanašalnega pufrja. Mešanico smo segrevali 10 minut na 95 °C in nato nanašali po 18 µL v žepke gela.

3.2.6.3 Potek elektroforeze

V posodo za izvedbo elektroforeze smo namestili dva gela in posodo napolnili z 1x SDS elektroforeznim pufrom. Na gel smo nanesli vzorce. Posodo smo pokrili s pokrovom in priklopili na vir elektri nega toka. Za dva gela smo tok na za etku nastavili na 50 mA (25 mA na gel). Ko je za elu napetost naraš ati, smo tok postopoma zmanjševali, da je bila lo ba lepša, ter da temperatura ni preve naraš ala. Mejna napetost, pri kateri smo za eli zmanjševati tok, je bila okrog 120 V.

3.2.6.4 Spiranje in barvanje gela brez dodanega kazeina po elektroforezi

Po kon ani elektroforezi smo gel dvakrat zaporedoma po 30 minut spirali s 30 mL fiksacijske raztopine (Preglednica 9). Po drugem spiranju smo odlili fiksacijsko raztopino in gel v temi prelimi s 30 mL barvila Sypro Ruby. Od tu naprej smo nadaljevali v temi, saj je barvilo ob utljivo na svetlobo. Gel smo pustili ez no na stresalniku v Sypro Ruby, da se je dobroobarval. Naslednji dan smo gel dvakrat zaporedoma po 30 minut spirali z raztopino za razbarvanje (Preglednica 10). Po tem pa smo gel še trikrat zaporedoma po 5 minut spirali z bidestilirano vodo. Sledilo je slikanje gela s kamero CAM-GX-CHEMI HR-Gbox (UV transiluminator - vzbujanje in Et/Br filter - emisija).

3.2.7 Cimografija

3.2.7.1 Priprava lo evalnega in zbiralnega gela

Postopek priprave gelov je bil enak kot v to ki 3.2.6.1, le da je lo evalni gel vseboval še 0,1 % kazein.

3.2.7.2 Priprava vzorcev za nanos na gel (z dodanim kazeinom)

Na gele s kazeinom smo dodajali manjše volumne vzorcev, saj so proteinaze precej aktivne in bi pri prevelikih koncentracijah dobili nejasne elektroforetske rte na gelu. V žepke gela smo nanašali 2 µL vzorca (masa proteinov = 1,6 µg), pripravljenega kot je opisano v to ki 3.2.4, in 2 µL 2x nanašalnega pufra. Vzorci pred nanosom na gel nismo segrevali, da so proteinaze ohranile svojo aktivnost.

3.2.7.3 Potek elektroforeze

Postopek je enak kot v to ki 3.2.6.3.

3.2.7.4 Spiranje, inkubacija in barvanje gela z dodanim kazeinom po elektroforezi

Po konani elektroforezi smo gel 45 minut spirali v 30 mL 0,25 % raztopine tritona. Nato smo gel 60 minut spirali v 30 mL 100 mM Tris-HCl s pH 7,5, odlili pufer in dodali novega ter gel, da ne inkubirali pri temperaturi 37 °C. Naslednji dan smo odlili Tris-HCl in gel prelili s 30 mL barvila Simply Blue, v katerem smo ga barvali 1 uro. Sledilo je 1-h spiranje z bidestilirano vodo in slikanje s kamero CAM-GX-CHEMI HR-Gbox (bela svetloba, brez filtra).

3.2.8 Ugotavljanje vrste proteinaz z uporabo različnih inhibitorjev

Vrsto proteinaz v vzorcih smo testirali z uporabo naslednjih inhibitorjev; EDTA (etylendiamintetraocetna kislina), ki je inhibitor metalo proteinaz, PMSF (fenilmethansulfonil fluorid), ki je inhibitor serinskih proteinaz, in komercialno mešanico inhibitorjev. Gel z dodanim kazeinom smo naredili po postopku, opisanem v toki 3.2.7.1, natanj v dveh ponovitvah nanesli dva vzorca, ki smo jih pripravili, kot je opisano v toki 3.2.7.2 in izvedli elektroforezo, kot je opisano v toki 3.2.7.3. Gel smo nato 45 minut spirali v 30 mL 0,25 % raztopine Tritona in nato še 60 minut v 30 mL 100 mM Tris-HCl s pH 7,5. Gel smo potem razrezali na polovico in eno polovico, da ne inkubirali v 30 mL 100 mM Tris-HCl s pH 7,5 pri temperaturi 37 °C, drugo polovico pa smo da ne inkubirali v raztopinah različnih inhibitorjev (10 mM EDTA, 2,5 mM PMSF, 5 mM PMSF in raztopina komercialne mešanice inhibitorjev) pri temperaturi 37 °C. Naslednji dan smo obe polovici barvali s Simply Blue, kot je opisano v toki 3.2.6.4, naredili primerjavo in ocenili vpliv inhibitorjev na aktivnost proteinaz.

3.2.9 Rezanje vzorcev iz gelov

Določene elektroforetske rute smo izrezali iz gelov in jih poslali na identifikacijo z masno spektrometrijo.

3.2.10 Identifikacija proteinov

Identifikacija proteinov je bila opravljena z masno spektrometrijo na Univerzi v Yorku (University of York, York, Velika Britanija).

4 REZULTATI

Po trtem, petem, šestem in sedmem dnevu kultivacije bakterije *S. rimosus* smo vzor ili brozgo, jo centrifugirali, supernatant pa prenesli v nove mikrocentrifugirke, ter jih shranili na - 80 °C za nadaljnje delo. V tem supernatantu smo določili koncentracijo proteinov z Bradfordovo metodo, sledila je detekcija in določanje aktivnosti proteinaz na gelih, preverjanje vrste proteinaz z uporabo specifičnih inhibitorev ter identifikacija proteinaz z masno spektrometrijo.

4.1 MERJENJE KONCENTRACIJE PROTEINOV V SUPERNATANTU BROZGE Z BRADFORDOVO METODO

Za merjenje koncentracije proteinov v supernatantu brozge smo uporabili Bradfordovo metodo, ki je pogosto uporabljana metoda za merjenje celokupne koncentracije proteinov v vzorcih, saj je hitra in enostavna (Bradford, 1975).

Umeritvena krivulja:

$$Y = 0,49689x + 0,01152 \quad \dots(1)$$

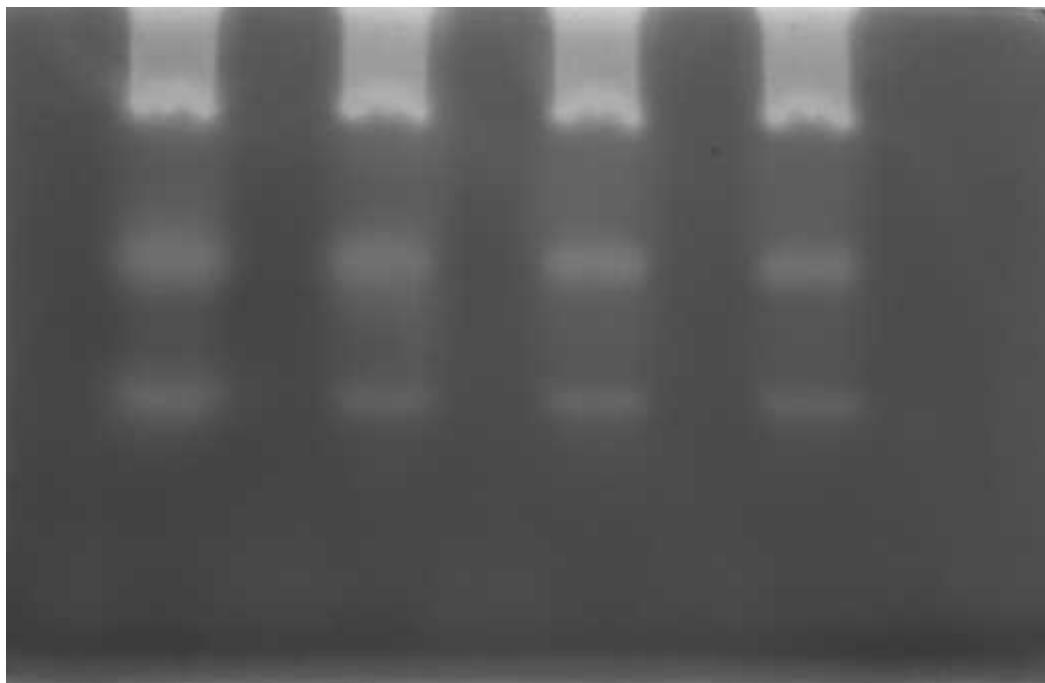
Preglednica 19: Izmerjene absorbance in izračunane koncentracije proteinov v posameznih vzorcih

Oznaka vzorca	Absorbanca ($\lambda = 595 \text{ nm}$)	Povprečje obeh meritev	Odštevana vrednost slepega vzorca	Izračunane koncentracije ($\mu\text{g}/\mu\text{L}$)
1A4	0,8104			
	0,8108	0,8106 ± 0,0003	0,3861	0,7538
1B4	0,8426			
	0,8158	0,8292 ± 0,0190	0,4047	0,7913
1A5	0,8779			
	0,8566	0,8673 ± 0,0151	0,4428	0,8679
1B5	0,8261			
	0,8515	0,8388 ± 0,0180	0,4143	0,8106
1A6	0,8536			
	0,8523	0,8530 ± 0,0009	0,4285	0,8391
1B6	0,8900			
	0,8624	0,8762 ± 0,0195	0,4517	0,8859
1A7	0,8798			
	0,8825	0,8812 ± 0,0019	0,4567	0,8958
1B7	0,8756			
	0,8607	0,8682 ± 0,0105	0,4437	0,8697
1C7	0,8740			
	0,8785	0,8763 ± 0,0032	0,4518	0,8860
1D7	0,8883			
	0,8546	0,8715 ± 0,0238	0,4470	0,8763
ISTO GOJIŠE	0,9758			
	0,9436	0,9597 ± 0,0228	0,5352	1,0539
SLEPI VZOREC	0,4250			
	0,4240	0,4245 ± 0,0007		

4.2 DETEKCIJA IN AKTIVNOST PROTEINAZ NA GELIH

Za detekcijo proteinaz smo uporabili SDS PAGE elektroforezo (to ka 3.2.6), aktivnost proteinaz pa smo zaznavali s kazeinsko cimografijo, kot je opisano v to ki 3.2.7. Obe metodi temeljita na lo evanju proteinov na gelu in sta pogosto uporabljeni metodi v tovrstnih eksperimentih.

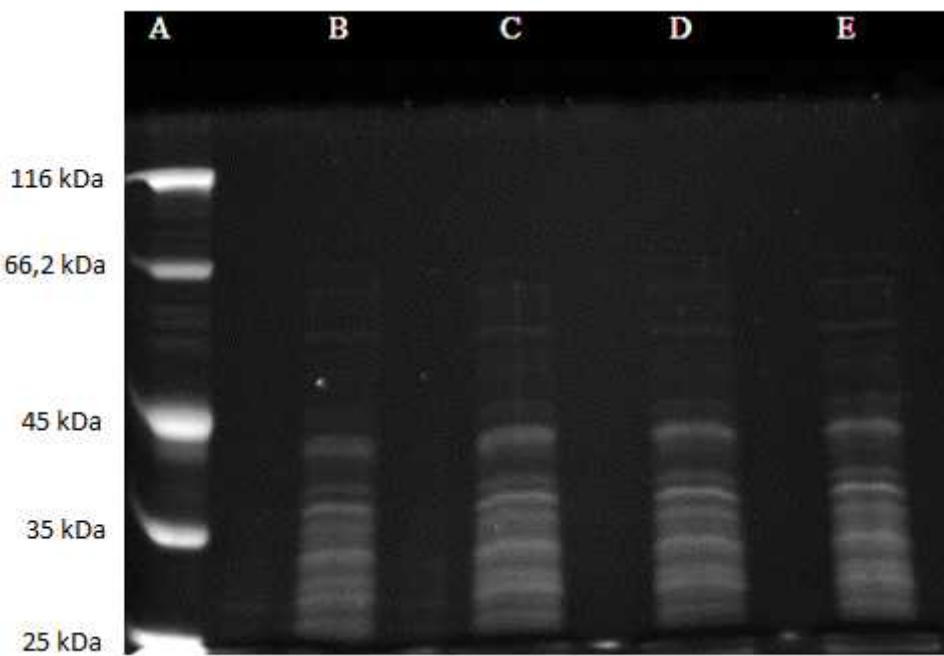
4.2.1 Kazeinska cimografija



Slika 6: Določanje aktivnosti proteinaz na gelu z dodanim kazeinom. Nanešeni so vzorci v 4 ponovitvah po 7 dneh kultivacije bakterije *Streptomyces rimosus*.

Lo evalni gel: 8 % akrilamid, zbiralni gel: 4 % akrilamid. Proteini so bili detektirani z barvilkom Simply Blue. Masa proteinov v žepkih je bila 1,6 µg.

4.2.2 SDS PAGE



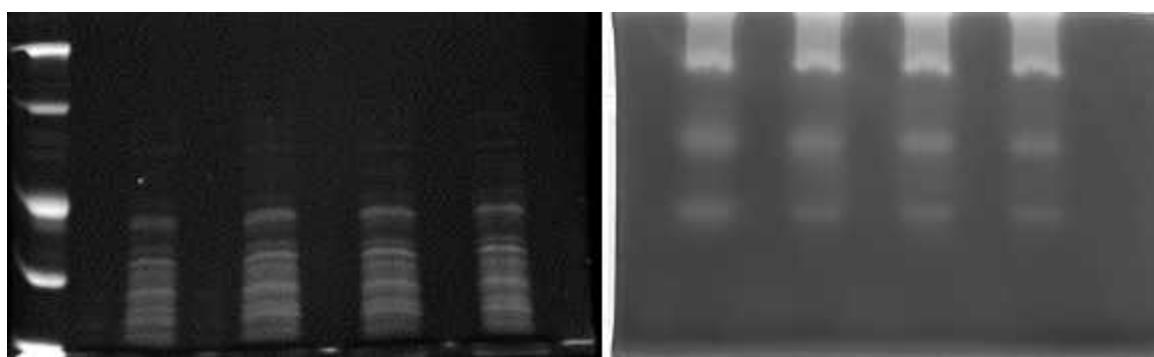
Slika 7: SDS-PAGE analiza zunajceli nih proteinov bakterije *Streptomyces rimosus*.

A: raztopina proteinov znanih molekulskega mas v kDa

B-E: Vzorci po 7 dneh kultivacije.

Lo evalni gel: 8 % akrilamid, zbiralni gel: 4 % akrilamid. Proteini so bili detektirani z barvilkom Sypro Ruby. Masa proteinov v žepkih B-E je 7 µg.

4.2.3 Poravnava obeh gelov pred rezanjem elektroforetskih struktur iz gela

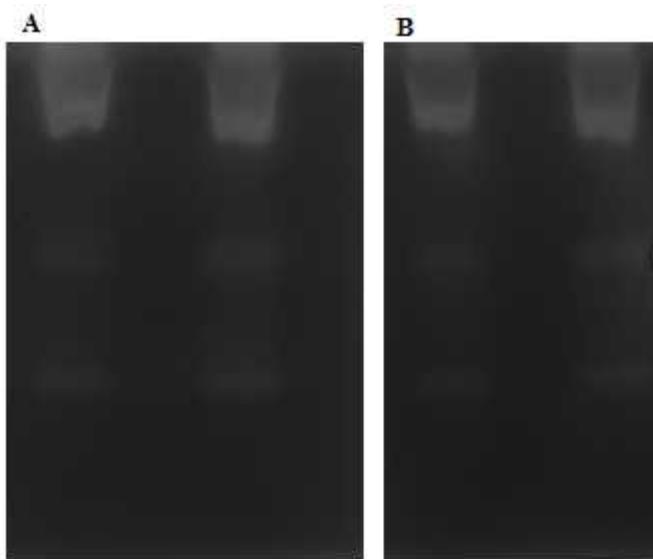


Slika 8: SDS PAGE analiza (levo) in cimografija (desno) zunajceli nih proteinov bakterije *Streptomyces rimosus*.

4.3 DOLOČANJE TIPA PROTEINAZ Z UPORABO RAZLIČNIH INHIBITORJEV

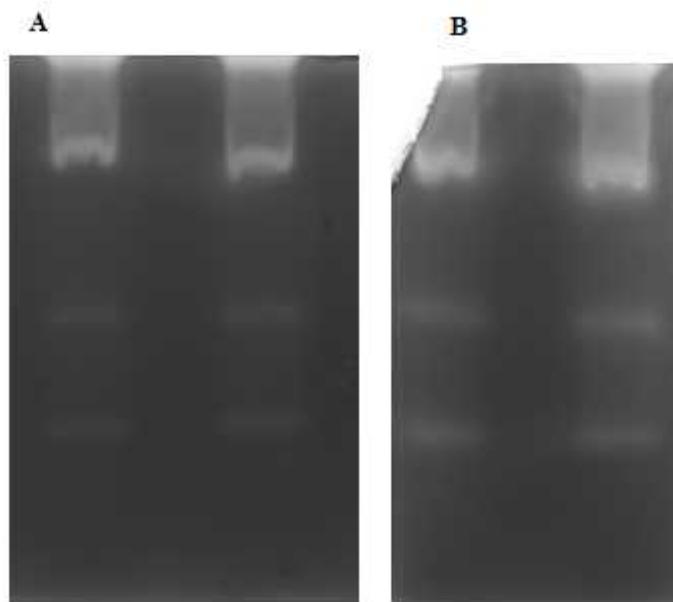
Za določanje tipa proteinaz smo uporabili specifične inhibitorje, ki inhibirajo le aktivnost proteinaz tistega tipa, za katere so specifični ni.

4.3.1 EDTA

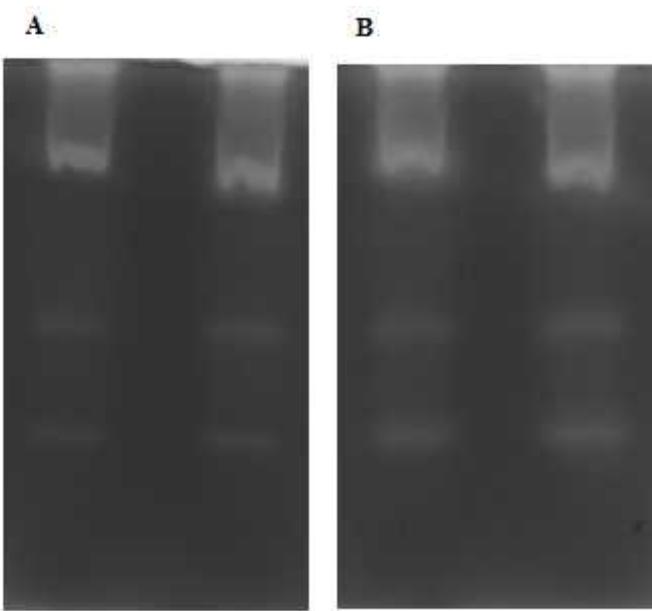


Slika 9: Aktivnost proteinaz (A: v prisotnosti v 10 mM EDTA, B: brez dodatka 10 mM EDTA)

4.3.2 PMSF

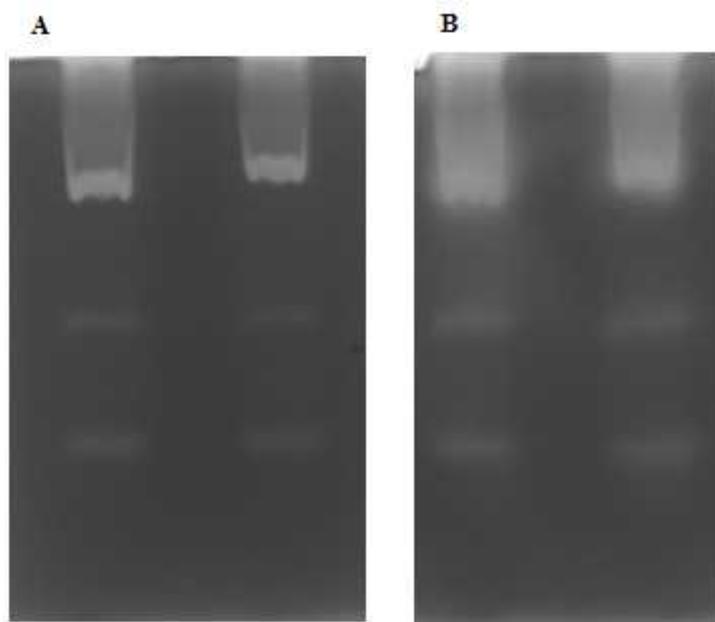


Slika 10: Aktivnost proteinaz (A: v prisotnosti 2,5 mM PMSF, B: brez dodatka 2,5 mM PMSF)



Slika 11: Aktivnost proteinaz (A: v prisotnosti 5 mM PMSF, B: brez dodatka 5 mM PMSF)

4.3.3 Komercialna mešanica inhibitorjev proteinaz

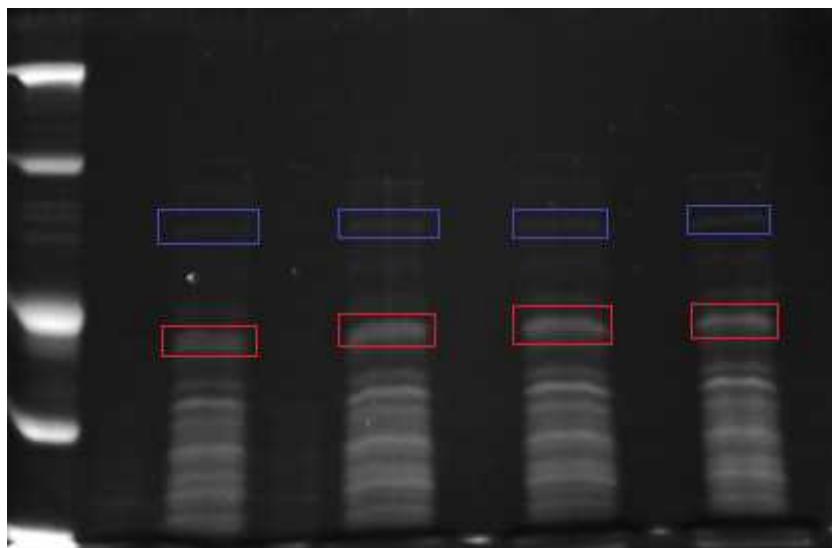


Slika 12: Aktivnost proteinaz (A: v prisotnosti komercialne mešanice inhibitorjev proteinaz, B: brez dodatka inhibitorjev)

4.4 IDENTIFIKACIJA PROTEINAZ Z MASNO SPEKTROMETRIJO

Slike gela po SDS PAGE analizi in cimografiji smo med seboj primerjali (Slika 9) in nato iz gela brez dodanega kazeina (SDS PAGE analiza, Slika 7) izrezali trakce, ki naj bi vsebovali protein s proteinazno aktivnostjo, saj so na gelu s kazeinom pokazali proteolitično aktivnost (cimografija, Slika 6). Izvedba tega je bila precej zahtevna, saj je bilo na gelu brez kazeina prisotnih precej več proteinov in je bilo težko določiti, katera elektroforetska rta se ujema s to no tisto rto, ki na gelu s kazeinom kaže proteolitično aktivnost. Tako smo izrezali dva proteina, vsakega v štirih ponovitvah (Slika 13). Identifikacija proteinov (proteinaz) z masno spektrometrijo je bila izvedena na Univerzi v Yorku.

Prve elektroforetske rte (označene modro) se zaradi nizke koncentracije pri vseh vzorcih precej slabše vidijo od drugih rт (označene rdeče), vendar pa so se na gelu videle precej bolje kot na sliki.



Slika 13: Določitev elektroforetskih rт na SDS PAGE gelu za identifikacijo proteinov z masno spektrometrijo, modro obkrožene rte: protein 1, rdeče obkrožene rte: protein 2.

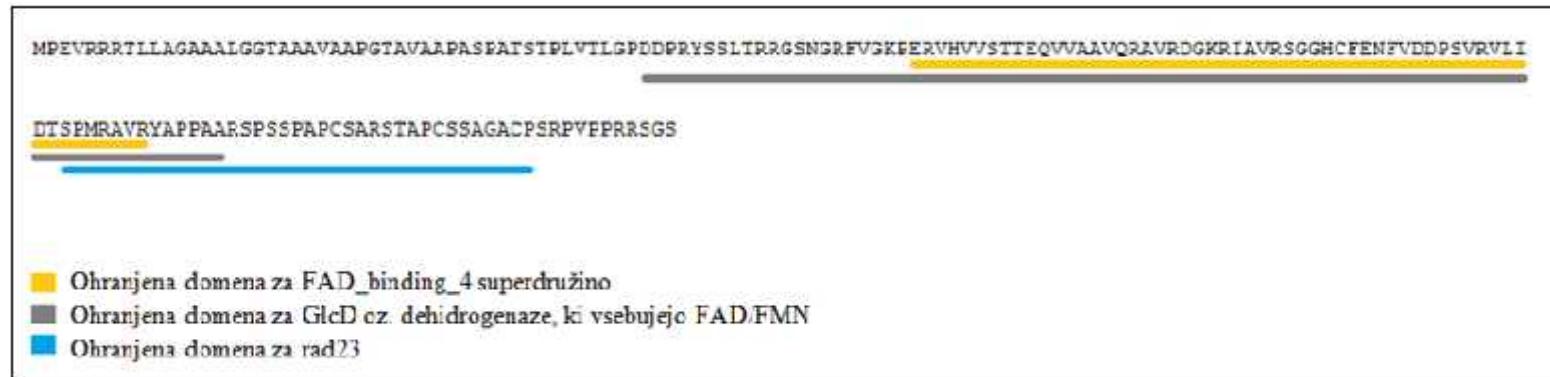
4.4.1 Rezultati identifikacije proteinov z masno spektrometrijo

Preglednica 20: Rezultati identifikacije proteina 1 z masno spektrometrijo

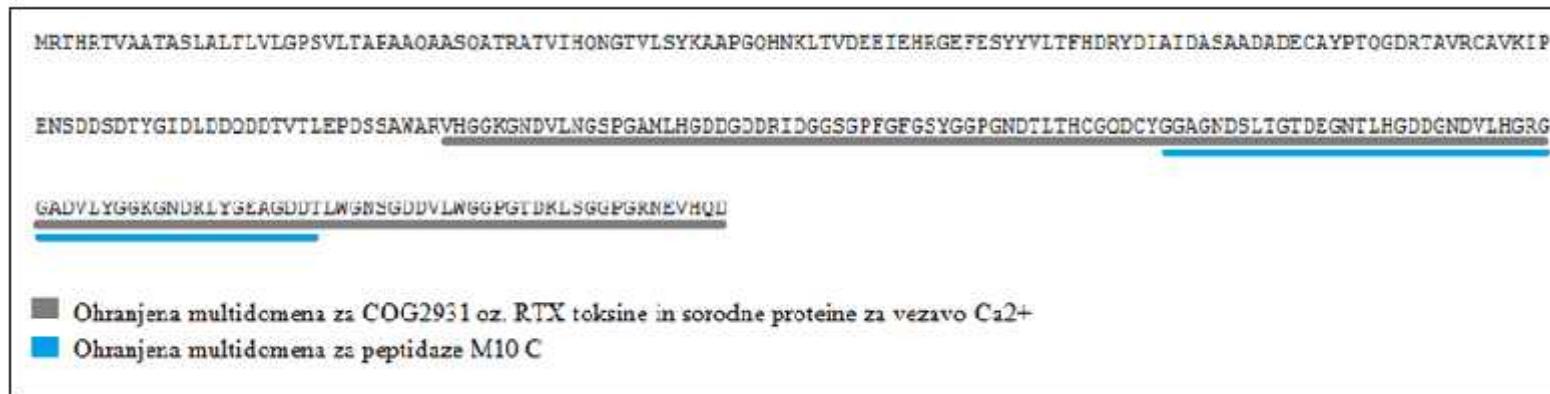
zadetek 1	
Pristopna številka v bazi NCBI/ime proteina	gi 490082952/hypothetical protein, partial [Streptomyces rimosus ATCC 10970]
MASCOT "score" za najvišji, najbolj znailen zadetek	67
Število ujemnih peptidov najvišjega zadetka	1
Masa (Mr)	17197 Da
pI (prera unana)	11,28
AK sekvenca	<pre> 1 MPEVRRRTILL AGAAALGGTA AAVAAPGTAV AAPASPATST PLVTLGPDDP 51 RYSSLTRRG S NGRFVGKPER VHVVSTTEQV VAAVQRAVRD GKRIAVRSGG 101 HCFENFVDDP SVRVLIDTSP MRAVRYAPPA ARSPSSPAPC SARSTAPCSS 151 AGACPSRPVP PRRSGS </pre>

Preglednica 21: Rezultati identifikacije proteina 2 z masno spektrometrijo

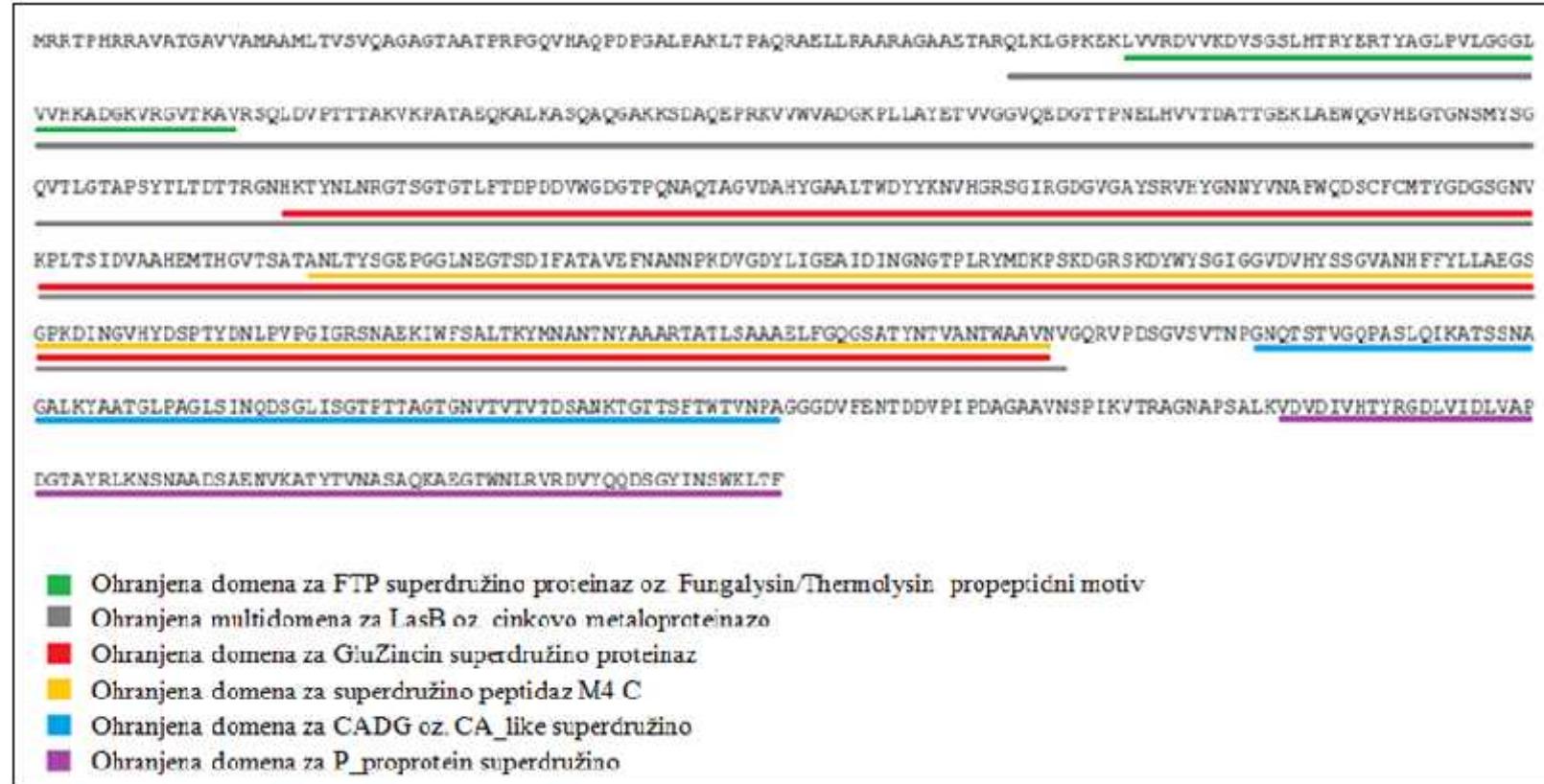
zadetek 1	
Pristopna številka v bazi NCBI/ime proteina	gi 490077019/putative calcium-binding protein [Streptomyces rimosus ATCC 10970]
MASCOT "score" za najvišji, najbolj znailen zadetek	227
Število ujemanih peptidov najvišjega zadetka	2
Masa (Mr)	29834 Da
pI (prera unana)	4,34
Funkcije proteina	vezava kalcijevih ionov
AK sekvenca	<pre> 1 MRTHTRTVAAT ASLALTLVLG PSVLTAPAAQ AASQATRATV IHQNQTVLSY 51 KAAPGQHNKL TVDEEIEHRG EFESEYYVLTF HDRYDIAIDA SAADADECAY 101 PTQGDRTAVR CAVKIPENSD DSDTYGIDL DQDDTVTLEP DSSAWARVHG 151 GKGNNDVLNGS PGAMLHGDDG DDRIDGGSGP FGFGSYGGPG NDTLTHCGQD 201 CYGGAGNDSL TGTDEGNTLH GDDGNDVLHG RGGADVLYGG KGNDRLYGEA 251 GDDTLWGNNSG DDVLWGPPGT DKLSSGGPGRN EVHQD </pre>
zadetek 2	
Pristopna številka v bazi NCBI/ime proteina	gi 490080128/peptidase M4 thermolysin [Streptomyces rimosus ATCC 10970]
MASCOT "score" za najvišji, najbolj znailen zadetek	204
Število ujemanih peptidov najvišjega zadetka	2
Masa (Mr)	79037 Da
pI (prera unana)	6,61
Funkcije proteina	vezava kalcijevih ionov, metaloendopeptidazna aktivnost, endopeptidazna aktivnost serinskega tipa, proteoliza
AK sekvenca	<pre> 1 MRRTPHRRAV ATGAVVAMAA MLTVSVQAGA GTAATPRPGQ VHAQPDPGAL 51 PAKLTPAQRA ELLRAARAGA AETARQLKLG PKEKLVVRDV VKDVSGSLHT 101 RYERTYAGLP VLGGGLVVHK ADGKVRGVTK AVRSQLDVPT TTAKVKPATA 151 EQKALKASQA QGAKKSDAQE PRKVWWVADG KPLLAYETVV GGVQEDGTTP 201 NELHVVTDAT TGEKLAEWQG VHEGTGNSMY SGQVTLGTAP SYTLTDTRG 251 NHKTYNLNRG TSGTGTLFTD PDDVWGDGTP QNAQTAGVDA HYGAALTWDY 301 YKNVHGRSGI RGDGVGAYSR VHYGNNYVNA FWQDSCFCMT YGDGSGNVKP 351 LTSIDVAAHE MTHGVTTSATA NLTYSGEPGG LNEGTSDFIA TAVEFNANNP 401 KDVGDYLIGE AIDINGNGTP LRYMDKPSKD GRSKDYWYSG IGGVDVHYSS 451 GVANHFFYLL AEGSGPKDIN GVHYDSPTYD NLPVPGIGRS NAEKIWFSL 501 TKYMNANTNY AAARTATLSA AAELFGQGSA TYNTVANTWA AVNVGQRVPD 551 SGVSVTNPGN QTSTVGQPAS LQIKATSSNA GALKYAATGL PAGLSINQDS 601 GLISGTPTTA GTGNVTVTGT DSANKTGTTS FTWTVNPAGG GDVFENTDDV 651 PIPDAGAAVN SPIKVTRAGN APSALKVDVD IVHTYRGDLV IDLVAPDGTA 701 YRLKNSNAAD SAENVKATYT VNASAQKAEG TWNLVRDVY QQDSGYINSW 751 KLTF </pre>



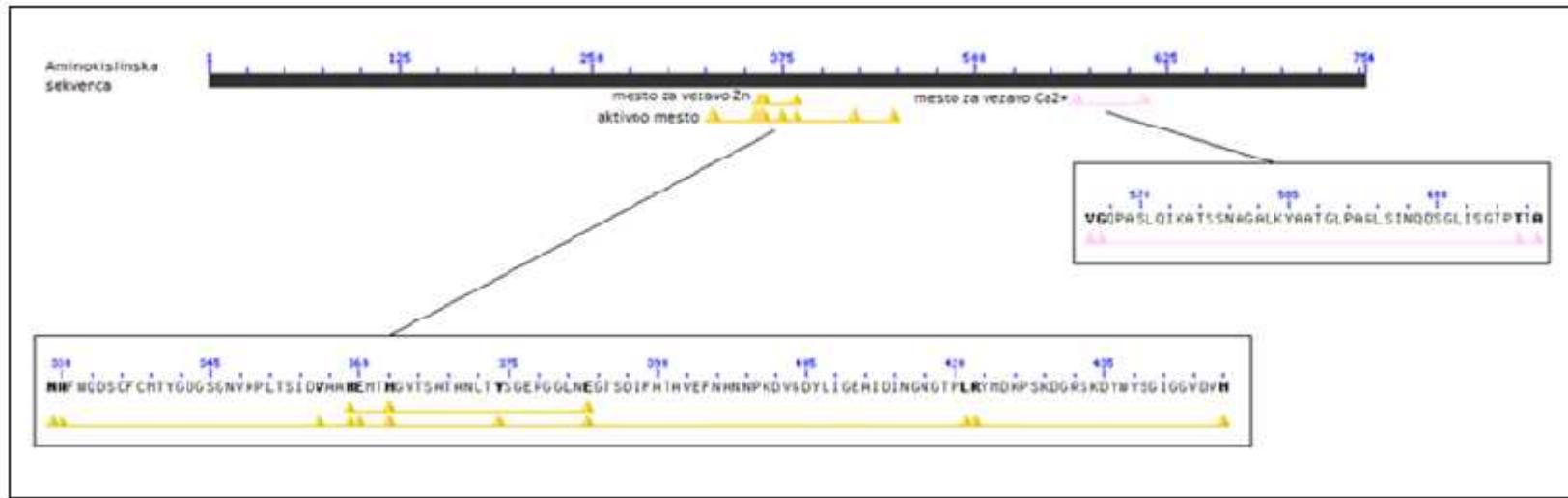
Slika 14: Ozna ene ohranjene domene pri identificiranem proteinu 1 (hypothetical protein) (NCBI, 2014).



Slika 15: Ozna ene ohranjene domene pri identificiranem proteinu 2, zadelek 1 (putative calcium-binding protein) (NCBI, 2014).



Slika 16: Označene ohranjene domene pri identificiranem proteinu 2, zadelek 2 (peptidase M4 thermolysin) (NCBI, 2014).



Slika 17: Ozna ene pomembne aminokisline v aktivnem mestu, mestu za vezavo cinka ter mestu za vezavo kalcija pri identificiranem proteinu 2, zadetek 2 (peptidase M4 thermolysin) (NCBI, 2014).

5 RAZPRAVA

Z analizo zunajceli nih proteinov bakterije *Streptomyces rimosus* smo želeli detektirati proteinaze in ugotoviti, katere izmed njih imajo najvejo aktivnost, ter jih identificirati.

5.1 LO EVANJE IN DETEKCIJA PROTEINAZ

Za detekcijo zunajceli nih proteinaz bakterije *Streptomyces rimosus* smo izbrali cimografijo. Cimografija je ena izmed najboljših biokemijskih metod za določanje encimske aktivnosti. Temelji na SDS elektroforezi v nereducirajočih pogojih, pri čemer je primeren substrat kopolimeriziran z akrilamidom. Po elektroforezi je SDS odstranjen s spiranjem gela v raztopini Tritona X-100, kar omogoča encimu, da ponovno pridobi svojo aktivnost (Resa in sod., 1994). Ena glavnih prednosti cimografije v primerjavi s spektrofotometričnimi metodami je določanje njihove proteolitne aktivnosti ter ob enem tudi njihovo lovanje na gelu glede na velikost. V našem primeru je to zelo pomembno, saj imamo kompleksen vzorec, v katerem je veliko različnih proteinov in tudi proteinaz. Če želimo ugotoviti, katere izmed teh proteinaz imajo proteolitne aktivnosti ter določiti kolikšen delež celokupne proteolitne aktivnosti lahko pripisemo kateri proteinazi, moramo proteinaze najprej lovaniti.

Prav zaradi tega je cimografija za nas idealna metoda, saj proteinaze z elektroforezo najprej lovimo na gelu s kopolimeriziranim substratom, ki je v našem primeru kazein, temu pa sledi detekcija proteolitne aktivnosti proteinaz (Kaberdin in McDowall, 2003).

Za uspešno detekcijo proteinaz s cimografijo je pomembna tudi izbira primernega substrata. V primeru, da preučimo proteinaze iz slabo karakteriziranih ekstraktov, so bolj primerni "naravnii" proteinski substrati, saj imajo proteini po navadi več veznih mest, zaradi katerih jih lahko več je število raznovrstnih encimov prepozna kot substrat (Michaud, 1998). Ker smo predpostavili, da analiziramo kompleksno mešanico več jega števila neznanih proteinaz, smo se odločili za naravni, proteinski substrat – kazein. Kazein je idealen substrat za naš primer, saj je komercialno dostopen, poceni in se pogosto uporablja za tovrstne detekcije proteolitne aktivnosti (Michaud, 1998).

Lovanje zunajceli nih proteinov smo izvedli na 8 % zamreženem poliakrilamidnem gelu. Vzopredno pa smo te iste vzorce lovili ali še na 8 % poliakrilamidnem gelu z dodanim kazeinom. Ko smo pobarvali in slikali gel brez dodanega kazeina, smo opazili veliko število elektroforetskih linij, kar potrjuje, da je supernatant gojišča bakterije *Streptomyces rimosus* kompleksna mešanica velikega števila različnih proteinov (Slika 7). Naš cilj je bil ugotoviti, kateri izmed teh proteinov so proteinaze z najvišjo proteolitno aktivnostjo. Zato smo ta gel primerjali z gelom, v katerega smo dodali kazein. Na kazein se je med

barvanjem gela vezalo barvilo, zato je bil gel modro obarvan. Na mestih, kjer smo nanesli vzorce, pa smo opazili bele lise, kar nakazuje, da so na teh mestih prisotne proteinaze s proteolitično aktivnostjo, ki so razgradile kazein in se zato barvilo tam ni vezalo. Dve proteinazi sta imeli molekulsko maso približno 55 kDa in 45 kDa, tretja pa okrog 100 kDa (Slika 8) in se je nahajala v širokem pasu v bližini žepka, kamor smo na gel nanesli naš vzorec. Obstaja možnost, da je ta širok pas v bližini žepka kamor smo nanesli vzorec, posledica aktivnosti proteinaz že med samim lo evanjem na gelu. To domnevo bi lahko potrdili tako, da bi gel pobrvali takoj po lo evanju proteinov z elektroforezo, še pred inkubacijo v pufru pri 37 °C. Na ta način bi lahko z zagotovostjo potrdili ali je kakšnakoli aktivnost proteinaz prisotna že med samim lo evanjem proteinov z elektroforezo.

5.2 OCENJEVANJE AKTIVNOSTI IN DOLOČANJE VRSTE PROTEINAZ Z UPORABO RAZLIČNIH INHIBITORJEV

Proteinaze lahko razdelimo v štiri glavne skupine; serinske, cisteinske, aspartatne in metalo proteinaze (Wandersman, 1989, to ka 2.1). Vsaka izmed teh štirih skupin proteinaz ima druga ne lastnosti in jih lahko inhibiramo z uporabo različnih inhibitorjev proteinaz. Pri našem delu smo izkoristili sposobnost posameznih inhibitorjev, da inhibirajo specifično vrsto proteinaz. Poskus smo zasnovali tako, da smo gel z dodanim kazeinom po elektroforezi eksponirali v pufru z dodanim inhibitorjem za določen tip proteinaz. Za kontrolo pa smo uporabili enak gel, ki smo ga inkubirali v pufru brez dodanega inhibitorja. Naslednji dan smo oba gela pobrvali, jih primerjali ter na podlagi primerjave določili, ali je inhibitor vplival na zmanjšanje aktivnosti proteinaz v gelu ali ne. Vpliv inhibitorja na aktivnost proteinaz smo določili vizualno. Glede na študijo iz leta 1979, ki so jo izvedli Pokorný in sodelavci, kjer so z uporabo različnih inhibitorjev potrdili, da je v gojišču bakterije *Streptomyces rimosus* prisotnih največ serinskih ter metalo proteinaz, smo priakovali, da bo tudi v našem primeru prisotnih največ proteinaz tega tipa. Uporabili smo 3 različne inhibitorje; EDTA, ki inhibira aktivnost metalo proteinaz, PMSF, ki inhibira aktivnost serinskih proteinaz ter komercialno mešanico inhibitorjev, ki bi naj inhibirala aktivnost vseh vrst proteinaz. Pri uporabi inhibitorja EDTA (Slika 9) nismo opazili več jih razlik v primerjavi s kontrolnim gelom, iz česar lahko sklepamo, da proteinaze, ki smo jih zaznali, ne spadajo v skupino metalo proteinaz. Pri inkubaciji gela v 2,5 mM PMSF (Slika 10) pa smo zaznali rahlo zmanjšanje intenzitete lis glede na kontrolo brez inhibitorja. Poskusili smo še z inkubacijo v 5 mM PMSF (Slika 11), da bi ugotovili, če veja koncentracija inhibitorja bolj inhibira aktivnost proteinaz v gelu. Rezultat je bil zelo podoben kot pri uporabi 2,5 mM PMSF. Zaznali smo le rahlo zmanjšanje intenzitete lis. Morda je v gelu prisotna še kakšna druga vrsta proteinaz, ki jih PMSF ne inhibira, zato smo uporabili še v komercialno mešanico inhibitorjev (Slika 12), ki naj bi inhibirala večino znanih proteinaz. Z uporabo komercialne mešanice inhibitorjev smo prišli do podobnih rezultatov kot z uporabo inhibitorja PMSF. Majhna sprememba v intenziteti lise v prisotnosti inhibitorja nakazuje, da je aktivnost proteinaz še vedno prisotna. Možno je, da

so proteinaze aktivne že med samim lo evanjem z elektroforezo in dolo en delež kazeina razgradijo že tam. V tem primeru z inkubacijo gela v raztopini inhibitorja inhibiramo aktivnost proteinaz šele po tem, ko je dolo en delež kazeina že razgrajen. To pojasni rahlo razliko intenzitete lis v primerjavi s kontrolnim gelom, saj proteinaz v kontrolnem gelu ne inhibiramo in te med inkubacijo v pufru razgradijo še dodaten delež kazeina, kar kasneje opazimo v rahli razliki intenzitete rt na obeh gelih. Da bi zagotovo lahko potrdili to domnevo, bi morali inhibitor dodati v vzorec že pred nanosom na gel. Tako bi inhibirali proteoliti no aktivnost že pred lo evanjem na gelu z inhibiranimi vzorci ne bi smeli ve opaziti belih lis. Druga možna razlaga je ta, da sam gel prepre uje inhibitorju popolno vezavo na proteinaze in jih zaradi tega ne inhibira popolnoma. Tudi ta problem bi lahko rešili tako, da bi inhibitor dodali v vzorec že pred nanosom na gel. Tako gel ne bi oviral dostopa inhibitorja do proteinaz in v primeru, da gre za "kompatibilno" proteinazo ter inhibitor, bi prišlo do popolne inhibicije.

Kot že omenjeno, so Pokorni in sodelavci leta 1979 izvedli podobno študijo, kjer so preu evali kompleksno mešanico zunajceli nih proteinaz bakterije *Streptomyces rimosus*. Med drugim so testirali tudi vpliv inhibitorjev na aktivnost proteinaz. Uporabljali so spektrofotometri no metodo za dolo anje aktivnost proteinaz. Temeljila je na inhibiciji proteinaz z dodatkom inhibitorjev (tudi PMSF in EDTA), po inhibiciji pa so dodali substrat hemoglobin ter po 10 min inkubacije izmerili absorbancio pri 280 nm. Rezultati so pokazali mo no inhibicijo proteinaz z uporabo inhibitorjev PMSF in EDTA, kar nakazuje prisotnost serinskih ter metalo proteinaz.

To dodatno nakazuje na prejšnje domneve, da so proteinaze aktivne že med samim lo evanjem z elektroforezo, ali pa da gel prepre uje inhibitorjem popolno inhibicijo proteinaz. Za potrditev teh domnev bi bilo najbolje izvesti še spektrofotometri no metodo za dolo anje aktivnosti proteinaz ter ugotavljanje vpliva inhibitorjev na le te.

5.3 IDENTIFIKACIJA Z MASNO SPEKTROMETRIJO

Že ve kot 100 let ima masna spektrometrija pomembno vlogo v številnih znanstvenih disciplinah. Trenutno se najve uporablja pri identifikaciji majhnih molekul in pa tudi proteinov v bioloških vzorcih z namenom ugotavljanja njihove funkcije. Zaradi svoje vsestranskoosti, natan nosti in visoke ob utljivosti je postala nepogrešljiva metoda v proteomiki (Dass, 2007).

V našem primeru smo iz gela izrezali dva proteina, za katera smo na podlagi cimografije domnevali, da gre za proteinazi in ju poslali na identifikacijo z masno spektrometrijo. Prvi protein (Slika 13, Preglednica 20) je bil identificiran kot hipoteti ni oziroma neokarakteriziran protein iz bakterije *Streptomyces rimosus* dolžine 166 aminokislin z maso 17197 Da. Možno je, da gre za do sedaj še nepreu en protein, katerega funkcija še ni

bila to no dolo ena ali pa podatek v podatkovni bazi ni posodobljen. Glede na to, da je v cimogramu na mestu, kjer se je ta protein nahajal, prišlo do razgradnje kazeina, lahko sklepamo, da gre za neko vrsto proteinaze. Ne moremo z zagotovostjo trditi to no za katero vrsto proteinaze gre. Kot že omenjeno v to ki 4.4, je bilo na gelu brez dodanega kazeina prisotnih zelo veliko elektroforetskih rt, kar je otežilo izrez to no tiste proteinaze, ki je povzroila razgradnjo kazeina na cimogramu. Obstaja možnost, da smo izrezali napa en protein, ki se je nahajal v neposredni bližini proteinaze, ki smo jo želeli izrezati. V primeru, da sta bila proteina res v neposredni bližini eden poleg drugega, bi v najslabšem primeru izrezali oba, ali pa del vsakega izmed njiju. V tem primeru bi rezultati masne spektrometrije pokazali prisotnost dveh razlo nih proteinov, kar pa se v našem primeru ni zgodilo. Da bi ugotovili to no funkcijo identificiranega proteina bi bilo potrebno narediti še ve dodatnih testov. Najprej bi bilo potrebno izolirati vejo koli ino tega proteina in ponovno preveriti ali ima proteoliti ne lastnosti. To bi lahko ponovno naredili s cimografijo ali pa z uporabo spektrofotometri nih metod. V primeru, da bi zaznali proteoliti no aktivnost, bi potrdili, da gre za neko vrsto proteinaze, ki bi jo bilo nato potrebno bolj podrobno preu iti. V primeru, da pa proteoliti ne aktivnosti ne bi zaznali, bi to pomenilo, da ne gre za proteinazo, ter da smo najverjetneje iz gela izrezali napa en protein.

V drugi elektroforetski rti (Slika 13, Preglednica 21) sta bila identificirana dva proteina. Spet je zelo verjeten razlog za to veliko število elektroforetskih rt v gelu, ki se nahajajo v neposredni bližini ena poleg druge in zaradi tega velika verjetnost, da smo pri rezanju iz gela poleg želene proteinaze izrezali še del nekega drugega proteina, ki se je nahajala v bližini. Mogo e sta bila ta dva proteina na gelu celo tako blizu, da je na gelu to izgledalo kot ena rta in se druga e sploh ni dalo izrezati.

Prvi identificiran protein (Slika 13, Preglednica 21) v drugi rti je bil domnevni protein za vezavo kalcija iz bakterije *Streptomyces rimosus* dolžine 285 aminokislin z molekulsko maso 29834 Da. Sode po podatkovni bazi UniProt, je funkcija tega proteina vezava kalcijevih ionov. Glede na to, da ni nobene omembe o proteoliti ni aktivnosti pa po vsej verjetnosti ne gre za proteinazo. Ker je funkcija proteina vezava kalcijevih ionov, prisotnost katerih je eden izmed faktorjev, ki lahko vplivajo na delovanje in stabilnost metalo proteinaz (Manni in sod., 2008), obstaja možnost, da ima ta protein funkcijo pri uravnavanju delovanja metalo proteinaz, ki pa nam trenutno še ni poznana. Tudi analiza ohranjenih domen v programu BLAST kaže ohranjeno multidomeno za peptidaze M10 C, ki so sorodne sesalskim metalo peptidazam iz matriksa, kot tudi ohranjeno multidomeno COG2931, ki je zna ilna za proteine, ki vežejo kalcij (Slika 15).

Druga možnost zakaj se je ta protein nahajal na mestu v gelu kjer je bil razgrajen kazein pa je ta, da je bil ta protein tam isto slu ajno, kazein pa je razgradil drugi protein, ki je bil poleg tega proteina identificiran v isti lisi na gelu.

Drugi identificiran protein (Slika 13, Preglednica 21) v drugi elektroforetski rti je bil homolog peptidaze M4 termolizin iz bakterije *Streptomyces rimosus* dolžine 754 aminokislin z maso 79037 Da. Sode po podatkih iz podatkovne baze UniProt, so funkcije

tega proteina; vezava kalcijevih ionov, metaloendopeptidazna aktivnost, endopeptidazna aktivnost serinskega tipa ter proteoliza. Kot lahko sklepamo že iz samega imena, gre v tem primeru za proteinazo. Zelo verjetno je, da je izmed obeh proteinov identificiranih v drugi rti, ta proteinaza odgovorna za razgradnjo kazeina v gelu. Sode po podatkih iz podatkovne baze UniProt gre za proteinazo, ki ima lastnosti metalo in serinskih proteinaz. Iz teh podatkov smo sklepali, da se v aktivnem mestu te proteinaze nahaja kataliti na triada histidin - serin - asparaginska kislina, ki je zna ilna za serinske proteinaze, vendar pa je analiza v programu BLAST pokazala, da temu ni tako. V programu BLAST smo identificirali ohranjene domene (Slika 16) in nato ozna ili še pomembne aminokisline v aktivnem mestu, mestu za vezavo kalcija ter mestu za vezavo cinka (Slika 17). Od vseh treh aminokislin, ki tvorijo kataliti no triado, je BLAST v aktivnem mestu proteinaze ozna il le aminokislino histidin. To bi lahko pomenilo, da ima proteinaza res lastnosti serinskih in metalo proteinaz, kot navaja UniProt in so zaradi tega v aktivnem mestu pomembne druge aminokisline.

Študiji iz leta 1979 (Pokorný in sod., 1979) so sledile še tri podobne študije, ki so jih izvedli Renko in sod. (1981, 1989) ter Vitale in sod. (1986). V vsaki izmed teh treh študij so izolirali še dodatno proteinazo iz gojišča bakterije *Streptomyces rimosus*. Renko in sod. (1981) so izolirali in okarakterizirali serinsko alkalno proteinazo. Vitale in sod. (1989) so izolirali in okarakterizirali levcinsko aminopeptidazo. Renko in sod. (1989) so izolirali tripsinu podobno proteinazo. Težko je z zagotovostjo re i, e se katera od proteinaz iz teh študij ujema s katero od proteinaz, ki smo jih mi identificirali v tem eksperimentu, saj bi za to bilo potrebno izvesti ve testov. Le v enem izmed primerov sta tako izoelektri na to ka kot tudi molekulska masa proteinov dovolj blizu, da bi lahko sklepali, da gre morda za enak protein. Renko in sod. (1989) so dolo ili molekulsko maso tripsinu podobne proteinaze z uporabo SDS PAGE elektroforeze ter gelske filtracije. Z elektroforezo so dolo ili maso 27000 Da, z gelsko filtracijo pa 29000 Da. Izoelektri na to ka je bila dolo ena na 4,5. Obstaja možnost, da gre za enak protein, kot je v našem primeru protein za vezavo kalcija, saj je povprečna masa tripsinu podobne proteinaze (28000 Da) precej blizu mase proteina za vezavo kalcija, ki znaša 29834 Da. Tudi pI tripsinu podobne proteinaze, ki znaša 4,5 je zelo blizu pI proteina za vezavo kalcija iz našega poskusa, ki je 4,34. Trenutno znani podatki nakazujejo, da bi morda lahko šlo za enak protein, vendar pa ne moremo ni esar zagotovo potrditi.

V tej magistrski nalogi smo potrdili prisotnost zunajceli nih proteinaz bakterije *Streptomyces rimosus* in uspeli dokazati, da je vsaj ena izmed identificiranih proteinaz serinskega tipa. S tem smo delno potrdili zastavljene delovne hipoteze.

6 SKLEPI

- Bakterija *Streptomyces rimosus* v gojišču izloži veliko število proteinov.
- S cimografijo smo za vsaj dva izmed zaznanih zunajceli nih proteinov v območju molekulskih mas od 25 do 116 kDa potrdili proteinazno aktivnost.
- Največja inhibicija aktivnosti proteinaz na gelu je bila opažena pri uporabi inhibitorja PMSF.
- Ena izmed zaznanih proteinaz je bila identificirana kot proteinaza serinskega tipa.
- Proteinaze, ki so prisotne v gojišču bakterije *Streptomyces rimosus*, so aktivne pri temperaturi 37 °C in pH 7,5 ter razgrajujejo kazein.

7 POVZETEK

Proteinaze in peptidaze predstavljajo eno najvejih funkcionalnih skupin encimov. Pomembne so za vse žive organizme, saj imajo sposobnost hidrolize peptidne vezi. Sodelujejo v mnogih fizioloških funkcijah, od splošne razgradnje proteinov, pa do bolj specifičnih in reguliranih procesov, kot so; koagulacija krvi, aktivacija hormonov in transport sekretornih proteinov skozi membrane. Poznamo eksno peptidaze ter endo peptidaze, slednje pa razdelimo še na serinske, cisteinske, aspartatne in metalo proteinaze. Bakterija *Streptomyces rimosus* v svoje gojišče izložila veliko število raznih proteinov, med katerimi so prisotne tudi proteinaze. Ker je ta bakterija dober produkcijski organizem za proizvodnjo raznih sekundarnih metabolitov, med katerimi so tudi produkti proteinskega izvora, prisotnost proteinaz v mediju negativno vpliva na koncenčen donos proizvodnje. Namenske magistrske naloge je bila identifikacija proteinaz, ki jih bakterija *Streptomyces rimosus* izložila v gojišče, s ciljem, da bi v nadalnjih študijah inaktivirali gene, ki te proteinaze kodirajo. Na tak način bi pridobili dober produkcijski organizem, za proizvodnjo proteinskih produktov.

Suspenzijo spor bakterije *S. rimosus* smo inokulirali v vegetativno GOTC gojišče. Brozgo smo nato prenesli v erlenmajerice z GOTC gojiščem, kjer smo jo gojili še sedem dni. Z vzorjem smo začeli etrično kultivacijo. Brozgo, ki smo jo vzorili, smo dvakrat centrifugirali, isti supernatant pa nato prenesli v nove mikrocentrifugirke. Po vzoru enju je sledila izvedba SDS PAGE elektroforeze in kazeinske cimografije. Oba gela smo primerjali in iz SDS PAGE gela izrezali elektroforetske rute, ki so na cimogramu kazale proteolitično aktivnost. Izrezane vzorce smo poslali na analizo z masno spektrometrijo.

Rezultati SDS PAGE in cimografije v tem magistrskem delu nakazujejo, da sta poleg kopice ostalih proteinov v supernatanu brozge bakterije *S. rimosus* prisotni še vsaj dve proteinazi, ki sta aktivni pri 37 °C ter pH 7,5 in razgrajujeta kazein. Najvejo inhibicijo aktivnosti smo zaznali ob uporabi inhibitorja PMSF, kar nakazuje na prisotnost serinskih proteinaz. Rezultati masne spektrometrije so potrdili, da je vsaj ena izmed zaznanih proteinaz serinskega tipa.

8 VIRI

Anderson A. S., Wellington M. H. E. 2001. The taxonomy of *Streptomyces* and related genera. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 51: 797-814

Angert E. R. 2005. Alternatives to binary fission in bacteria. Nature Reviews Microbiology, 3, 3: 214-224

Blažič M., adež N., Jamnik P., Paš M., Petkovič H. 2014. Biotehnologija mikroorganizmov : delovno gradivo za vaje. Ljubljana, Biotehniška fakulteta, Študij biotehnologije: 44 str.
http://www.bf.uni-lj.si/fileadmin/groups/2752/Biotecnologija_mikroorganizmov.pdf (7. okt. 2014)

Bradford M. M. 1976. A rapid and sensitive method for the quantitation of microgram quantities of protein utilizing the principle of protein-dye binding. Analytical Biochemistry, 72: 248-254

Cupp-Enyard C. 2008. Sigma's non-specific protease activity assay - casein as a substrate. Journal of Visualized Experiments, 19: e899, doi:10.3791/899: video article

Dass C. 2007. Fundamentals of contemporary mass spectrometry. Hoboken, New Jersey, John Wiley & Sons, Inc.: 585 str.

Grzonka Z., Jankowska E., Kasprzykowski F., Kasprzykowska R., Ankiewicz L., Wiczk W., Wieczerek E., Ciarkowski J., Drabik P., Janowski R., Kozak M., Jaskólski M., Grubb A. 2001. Structural studies of cysteine proteases and their inhibitors. Acta Biochimica Polonica, 48, 1: 1-20

Hedstrom L. 2002. Serine protease mechanism and specificity. Chemical Reviews, 102: 4501-4523

Jones J. L., Upson, H. R., Haugland P.R., Panchuk-Voloshina N., Zhou M., Haugland P. R. 1997. Quenched BODIPY dye-labeled casein substrates for the assay of protease activity by direct fluorescence measurement. Analytical Biochemistry, 251: 144-152

Kaberdin R. V., McDowall J. K. 2003. Expanding the use of zymography by the chemical linkage of small, defined substrates to the gel matrix. Genome Research, 13: 1961-1965

Kadek A., Tretyachenko V., Mrazek H., Ivanova L., Halada P., Rey M., Schriemer D. C., Man P. 2013. Expression and characterization of plant aspartic protease nepenthesin-1 from *Nepenthes gracilis*. Protein Expression and Purification, 95: 121-128

Lopes A., Coelho RR R., Meirelles M. N., Branquinha M. H., Vermelho A.B. 1999.

Extracellular serine-proteinases isolated from *Streptomyces alboniger*: Partial characterization and effect of aprotinin on cellular structure. Memórias do Instituto Oswaldo Cruz, 94, 6: 763-770

Magdevska V. 2011. *Streptomyces rimosus* as a potential host for heterologous protein expression. Doktorska disertacija. Ljubljana, Biotehniška Fakulteta, Podiplomski študij bioloških in biotehniških znanosti: 150 str.

Manni L., Jellouli K., Agrebi R., Bayoudh A., Nasri M. 2008. Biochemical and molecular characterization of a novel calcium-dependent metalloprotease from *Bacillus cereus* SV1. Process Biochemistry, 43: 522-530

Michaud D. 1998. Gel electrophoresis of proteolytic enzymes. Analytica Chimica Acta, 372: 173-185

NCBI. 2014. BLAST - basic local alignment search tool. Bethesda MD, National Center for Biotechnology Information: baza podatkov
<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi> (7.okt. 2014)

Petković H., Cullum J., Haranueli D., Hunter S. I., Perić-Concha N., Pigac J., Thamchaipenet A., Vučaklija D., Long F. P. 2006. Genetics of *Streptomyces rimosus*, the oxytetracycline producer. Microbiology and Molecular Biology Reviews, 70, 3: 704-728

Pokorný M., Vitale L., Turk V., Renko M., Žuvanić J. 1979. *Streptomyces rimosus* extracellular proteases. European Journal of Applied Microbiology and Biotechnology, 8: 81-90

Renko M., Pokorný M., Vitale L., Turk V. 1981. *Streptomyces rimosus* extracellular proteases 2. Isolation and characterization of serine alkaline proteinase. European Journal of Applied Microbiology and Biotechnology, 11: 166-171

Renko M., Vitale L., Kokalj M., Pokorný. 1989. *Streptomyces rimosus* extracellular proteases 4. Trypsin-like proteinase. Applied Microbiology and Biotechnology, 31: 38-44

Resa F. P., Mira E., Quesada R. A. 1994. Enhanced detection of casein zymography of matrix metalloproteinases. Analytical Biochemistry, 224: 434-435

Supuran C. T., Scozzafava A., Clare B. W. 2002. Bacterial protease inhibitors. Medical Research Reviews, 22, 4: 329-372

Štaudohar Kozjan M. 2003. Utišanje genov za proteaze pri bakteriji *Streptomyces rimosus*. Doktorska disertacija. Ljubljana, Biotehniška Fakulteta, Oddelek za biologijo: 192 str.

Taguchi S., Odaka A., Watanabe Y., Momose H. 1995. Molecular characterization of a gene encoding extracellular serine protease isolated from a subtilisin inhibitor-deficient mutant of *Streptomyces albogriseolus* S-3253. Applied and Environmental Microbiology, 61, 1: 180-186

UniProt. 2014. Taxonomy of *Streptomyces rimosus*. Cambridge, UniProt Consortium, EMBL, SIB, PIR: baza podatkov
<http://www.uniprot.org/taxonomy/1883> (7. okt. 2014)

Vitale L., Renko M., Lenar i B., Turk V., Pokorný M. 1986. *Streptomyces rimosus* extracellular proteases 3. Isolation and characterization of leucine aminopeptidase. Applied Microbiology and Biotechnology, 23: 449-455

Wandersman C. 1989. Secretion, processing and activation of bacterial extracellular proteases. Molecular Microbiology, 3, 12: 1825-1831

Wolf A. G., Wirth J. S. 1996. Soluble, dye-labelled substrates for a micro-plate assay of proteinase activity. Journal of Microbiological Methods, 25: 337-342

ZAHVALA

Zahvaljujem se mentorju prof. dr. Hrvoju Petkovi u za strokovno pomo in nasvete ter za pregled magistrskega dela.

Iskreno se zahvaljujem somentorici prof. dr. Poloni Jamnik za odli no usmerjanje, as in pomo pri prakti ni izvedbi eksperimentov v okviru magistrskega dela.

Zahvaljujem se recenzentki, prof. dr. Nataši Poklar Ulrich za strokovnen pregled magistrskega dela.

Zahvaljujem se Lini Burkan Makivi za pregled moje magistrske naloge.

Hvala tudi vsem sodelavcem na Katedri za mikrobiologijo, biotehnologijo in varnost živil ter sodelavcem iz podjetja Acies bio d.o.o.

Posebna zahvala pa gre mojim staršem in ostali družini za podporo in vzpodbudne besede tekom študija in ob zagovoru.