

O-GE09: XÂY DỰNG CHƯƠNG TRÌNH TỐI ƯU HÓA GEN ĐỒNG THỜI CHO HAI HỆ THỐNG BIỂU HIỆN

Võ Trí Nam^{1,2}, Phạm Trung Nghĩa^{1,2}, Trương Hà Minh Nhật^{1,2}, Trần Linh Thuộc^{1,2}, Nguyễn Đức Hoàng^{1,2}

¹ Trường Đại học Khoa học Tự nhiên, Đại học Quốc gia Thành phố Hồ Chí Minh

² Đại học Quốc gia Thành phố Hồ Chí Minh

TÓM TẮT

Tối ưu hóa gen được ứng dụng rộng rãi trong các nghiên cứu nhằm tăng khả năng biểu hiện của protein mục tiêu. Kỹ thuật này được thực hiện bằng cách thay đổi trình tự gen để từ đó tăng giá trị CAI (xu hướng sử dụng codon) cũng như loại bỏ các nhân tố có tác động tiêu cực đến sự biểu hiện như trình tự lặp lại, trình tự tương tự Shine-Dalgarno hay các vị trí nhận biết của enzyme cắt giới hạn. Rất nhiều chương trình tối ưu hóa gen đã được phát triển bởi các nhà khoa học cũng như các công ty giúp tối ưu hóa gen cho biểu hiện cao trên một hệ thống biểu hiện cụ thể. Trong nghiên cứu này, chúng tôi tiến hành dự đoán các gen biểu hiện cao cho *E. coli* và *B. subtilis* và sau đó phân tích các gen dự đoán được. Dựa trên kết quả phân tích đó, chúng tôi xây dựng một chương trình tối ưu hóa gen cho phép xem xét tối ưu hóa đồng thời trên hai hệ thống biểu hiện *E. coli* và *B. subtilis*. Người dùng có thể chọn chức năng i) tối ưu hóa gen trên một hệ thống biểu hiện, *E. coli* hoặc *B. subtilis*; ii) tối ưu hóa cho biểu hiện cao trên cả *E. coli* và *B. subtilis*; hay iii) tối ưu hóa nhằm gia tăng sự biểu hiện trên hệ thống *B. subtilis* trong khi giảm sự biểu hiện ở *E. coli*, giúp giảm sự biểu hiện nền trong bước tạo dòng ở hệ thống dòng hóa này. Kết quả của chương trình cho thấy các gen sau khi tối ưu hóa đã được cải thiện các tiêu chí tối ưu hóa tùy theo lựa chọn của người dùng. Chương trình có thể truy cập miễn phí tại địa chỉ <http://bioinfo.cbbiotech.vn/dgop/index.html>.

Cảm ơn: Nghiên cứu được tài trợ bởi Đại học Quốc gia Thành phố Hồ Chí Minh (ĐHQG-HCM) trong khuôn khổ Đề tài mã số C2017-18-17.

Từ khóa: *B. subtilis*, CAI, *E. coli*, Gen biểu hiện cao, Tối ưu hóa gen.

CONSTRUCTING GENE OPTIMIZER PROGRAM FOR DUAL EXPRESSION SYSTEMS

Nam Vo^{1,2}, Trung-Nghia Pham^{1,2}, Minh-Nhat Truong-Ha^{1,2}, Thuoc Linh Tran^{1,2}, Hoang Duc Nguyen^{1,2*}

¹ University of Science, VNU-HCM

² Vietnam National University, Ho Chi Minh City

SUMMARY

Gene optimization has been widely applied in many researches to improve expression of target protein. This process is carried out by changing gene sequences, using synonym codons, to not only increase CAI (codon adaptation index) value but remove factors that depress the expression such as repeat sequences, Shine-Dalgarno liked sequences or restriction enzyme sites as well. Many offline and online tools developed by both scientists and companies can easily optimize a foreign gene for expressing highly on a specific expression system. In this study, we, at first, predicted highly expressed genes (HEG) for *E. coli* and *B. subtilis* and analyzed these predicted HEG. Based on the results, we constructed an online tool for optimizing a gene for up to two expression systems, *E. coli* and *B. subtilis*, at the same time. Users can choose to i) increase expression in one expression systems, *E. coli* or *B. subtilis*; ii) increase expressions in both *E. coli* and *B. subtilis*; or iii) increase expression in *B. subtilis* while decrease expression in *E. coli*, which helpful in decreasing based-expression in cloning step. As in our results, the optimized genes have been improved in optimize criteria according to optimize purpose. The tool can be accessed freely at <http://bioinfo.cbbiotech.vn/dgop/index.html>.

Acknowledgement: This research was supported by Vietnam National University - Ho Chi Minh city (grand number C2017-18-17).

Keywords: *B. subtilis*, CAI, *E. coli*, Gene optimization, HEG.

* Author for correspondence: Tel: 0987823246; Email: ndhoang@hcmus.edu.vn