阿维链霉菌 bkdF 的基因中断对阿维菌素合成的影响

朱浩君! 梁运祥!* 周俊初! 郑应华2

(1华中农业大学农业微生物重点实验室 武汉 430070)

(2 北京生物医药研究所 北京 100091)

摘 要:以阿维菌素 B组分菌株 *Streptomyces avermitilis* Bjbm0006 为出发菌株 ,用 PCR 方法构建支链 α-酮酸脱氢酶基 因 *bkdF*(Branched-chain α-keto acid dehydrogenase gene)的重组质粒 pHJ5816(pHZ1358/*bkdF* &Erm¹)对其进行基因中断,得到重组菌株 Bjbm5816。经 HPLC 检测和核磁共振分析发现 ,Bjbm5816 发酵产物产生的单一组分新化合物为 OligomycinA。

关键词 阿维菌素 支链 α-酮酸脱氢酶基因 基因中断

中图分类号:078 文献标识码:A 文章编号 10001-6209(2004)02-0194-04

阿维菌素是由阿维菌(Streptomyces avermitilis)产生的一类十六碳大环内酯齐墩果糖衍生物 ,共 8 个组分 ,分别为 A1a、A1b、A2a、A2b、B1a、B1b、B2a 和B2b。 C-25 位的基团是阿维菌素合成的起始单元 ,由异亮氨酸或缬氨酸降解转化而来 ,分别得到 a 组分和 b 组分 ,支链 α -酮酸脱氢酶(Branched-chain α -keto acid dehydrogenase ,BCDH)复合物参与 a 组分和 b 组分的合成。

1995 年 Pfizer 公司的 Skinner 等利用 Pseudomonas putida 的支链 α-酮酸脱氢酶基因(bkd)为异源 探针克隆到 S. avermitilis 的 bkdABC 基因 ,并在 Escherichia coli中得到表达产物 E1[aß]。因 bkdABC 的基因中断没有造成S. avermitilis 表现型的改变, 所以在 S. avermitilis 31272 的表达系统中被认为是 沉默基因^{1]}。同年 Pfizer 公司的 Denova 等综合了 人、鼠、Pseudomonas putida 和 Bacillus stearothermophilus 的双复合体 PDH(Pyruvate dehydrogenase) / BCDH基因的保守区序列,设计出 PCR 引物,用该 PCR产物为探针克隆了 S. avermitilis 的 bkdFGH 基 因 并对 bkdF进行了基因中断 ,得到添加 $\mathfrak{C} + \mathfrak{I}_{\alpha}$ -甲 基丁酸后只产 a 组分阿维菌素的菌株 ,并且在额外 添加环己羧酸发酵后产生杀虫活性更高效的多拉菌 素(Doramectin)。S. avermitilis 的支链 α-酮酸脱氢酶 基因簇 bkdABC 和 bkdFGH 相隔 12kb 左右^[2],关于 bkdABC 基因在 Bibm0006 的中断对阿维菌素合成的 影响另有报告。本研究的出发菌株 S. avermitilis Bibm0006 是由原始菌株经过 aveD/Am^r 的基因置换

后得到的 $^{[3]}$ 本研究根据已发表的 bkdF 基因序列,构建重组质粒 $_{
m pHJ5816}$ 对 $_{
m Bjbm0006}$ 进行基因置换,得到重组菌株 $_{
m Bjbm5816}$, $_{
m Bjbm5816}$ 只产生单一组分的新化合物。

1 材料和方法

1.1 菌株

阿维菌素 B 产生菌S. avermitilis (Bjbm0006) 31 、大肠杆菌 JM109 和 DH5 41 均由北京生物医药研究所保存 ;ET12567/pUZ800 151 由周秀芬博士惠赠。

1.2 质粒

pHZ1358⁶⁵大肠杆菌-链霉菌穿梭载体,含有接合转移位点,含硫链丝菌素和青霉素抗性基因,在不含硫链丝菌素培养基中培养时,不易在链霉菌中自主复制;pIJ4026⁶⁵大肠杆菌质粒,含红霉素抗性基因均由周秀芬博士惠赠。

1.3 限制性内切酶和试剂

本研究中所用酶类均购于 Gibcol BRL 和 Promega 公司 ;DNA 分子量标准物为 λ-pUC Mix Marker , 购于 MBI 公司 ;其它常规试剂参见文献 4 **[**π**[** 5]。

1.4 培养基和抗生素

大肠杆菌培养基为 LB^{4} ; S. avermitilis 与大肠杆菌的接合转移培养基、S. avermitilis 的种子培养基和发酵培养基参见文献 3]; S. avermitilis 固体产孢培养基为 $YEME^{[5]}$ 。 LB 中氨苄青霉素使用量为 $100\mu g/mL$, 红霉素使用量为 $10\mu g/mL$, 硫链丝

^{*} 通讯作者。E-mail: Vainsky@vip.sina.com

菌素使用量为 $10\mu g/mL$,接合转移培养基中硫链丝菌素使用量为每平板 $500\mu g$ 。

1.5 bkdFGH 重组质粒的构建

1.5.1 PCR 扩增 bkdFGH 相关基因:根据已发表的 bkdF 的序列,合成一对引物: F_1 :5'-AGAAGTCAC-CGAGCACGAC-3'(130), R_2 :5'-GCACTCGCCTTC-CCAACGC-3'(1091)。 链霉菌总 DNA 的提取方法参见《链霉菌遗传手册》 51 。 PCR 扩增以 Bjbm0006 的总 DNA 为模板 ,反应条件:95°C 45s ,55°C 1min45s ,72°C 2min ,30 Cycles ,72°C min 后电泳检测。

1.5.2 重组质粒的构建 按图 1 的路线构建自杀型置换质粒 pHJ5816。 pHJ5816 的 bkdF 中间插入了 1.7kb 的 erm。 DNA 酶切、连接和大肠杆菌的 DNA 转化的方法参见文献 4 1

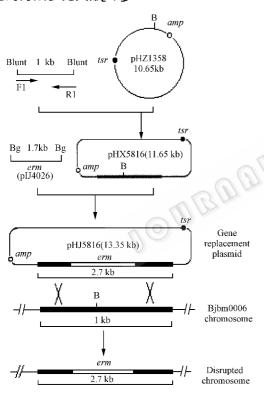


图 1 S. avermitilis Bjbm0006 bkdF 基因的中断

Fig. 1 Disruption of bkdF in Bjbm0006

Sizes of relevant restriction fragments are indicated in kilobases. Abbreviations: amp, ampicillin resistance gene; tsr, thiostrepton resistance gene; tsr, erythromycin resistance gene; tsr, tsr

1.6 基因置换

- **1.6.1** 接合转移:按文献[5]中描述的方法将穿梭置换质粒从 ET12567/pUZ8002 接合转移到 *S. avermitilis* 中。
- 1.6.2 基因置换:双交换菌株的筛选方法参见文献 [3],由于 *erm* 两端的同源序列过短(370~500bp),

双交换频率过低。筛选时先按如下方法处理:对于重组菌株进行非抗性培养后,先用红霉素抗性培养基来富积双交换、单交换和仍含游离载体的菌株 除去未交换而载体丢失的菌株,再经无抗生素压力下培养,再富积,如此反复多次再选择单抗重组菌株。双交换菌株的 PCR 验证方法如下: PCR 反应条件为95 $^{\circ}$ C 45s ,58 $^{\circ}$ C 1min45s ,72 $^{\circ}$ C 3min ,10 Cycles ;然后95 $^{\circ}$ C 45s ,55 $^{\circ}$ C 1min45s ,72 $^{\circ}$ C 3min30s ,20 Cycles。

1.6.3 产物测定:将发酵液的菌丝体用甲醇浸泡30min 后离心 取上清液 进行 HPLC 测定、紫外扫描和质谱分析。HPLC条件:流动相为甲醇:水(85:15)流速为0.8mL/min,检测波长为246nm。质谱分析由北京微量化学研究所承担。

2 结果

2.1 PCR 克隆 bkdF

以 Bjbm0006 总 DNA 为模板 F_1 和 F_2 为引物 , PCR 合成 bkdF 的约 1kb DNA 片段 然后直接钝连到 pHZ1358 的 BamH I 位点中(BamH I 酶切后补平)。 再用 PCR 的方法直接从转化的菌落中筛选阳性克隆子 ,得 pHX5816 ,pHX5816 存在一个 bkdF 本身的 BamH I 位点 ,位于片段的 504bp 处。以 F_1 为引物对 pHX5816 进行一个反应的测序 ,结果和发表序列高度同源。

2.2 用于基因置换重组质粒的构建

置换质粒 pHJ5816 按图 1 所示的路线构建:用 $Bgl \parallel$ 酶切质粒 pIJ4026 ,回收 1.7kb 的红霉素抗性基因片段 ,插入 pHX5816 的 $BamH \parallel$ 位点 ,得质粒 pHJ5816 以 F_1 和 R_2 为引物 ,用 PCR 的方法筛出阳性克隆子 ,PCR 产物为预期的 2.7kb 左右。

- 2.3 支链 α-酮酸脱氢酶复合物相关基因的中断
- 2.3.1 重组菌株的筛选:将 pHJ5816 转化大肠杆菌 ET12567/pUZ8002,然后通过属间接合转移到 Bjbm0006。Bjbm0006/pHJ5816 在不含任何抗生素的 YMS 平板 28℃培养 收集孢子 Bjbm0006/pHJ5816 按1.6 方法处理后再按以下程序:转接不含任何抗生素的 YMS 平板 28℃培养 收集孢子 将孢子梯度稀释涂布只含红霉素的 YMS 平板 挑选孢子丰度合适的平板上的单菌落 在含硫链丝菌素的 YMS 平板上检验 硫链丝菌素抗性丢失的克隆 即为发生了基因中断的单抗菌株。Bjbm0006/pHJ5816 在培养过程中,pHJ5816 所携带 1kb 的 bkdF 基因与染色体的同源区域会发生同源双交换(图1),完整的 bkdF 基因被置换下来。通过无抗生素压力的放松培养 游离

的 pHJ5816 极易丢失,通过红霉素的 YMS 平板,可以筛选出发生单交换和双交换的菌株,再通过硫链丝菌素的 YMS 平板,便可以筛选出红霉素的 YMS 平板上单抗红霉素的双交换菌株。从而得置换菌株 Bjbm5816。

2.3.2 PCR 验证基因置换:分别提取 Bjbm0006 和 Bjbm5816 的总 DNA ,用引物 F_1 和 R_2 进行 PCR 验证。 F_1 位于 bkdF 发表序列 5'端的 130bp 处 , R_2 位于 5'端的 1091bp 处 ,所以 F_1 和 R_2 的扩增片段应为 960bp 在 503bp 的 BamH I 位点插入 1.7kb 大小的 erm 发生置换的片段应为 2.7kb 左右(图 1)。用出发菌株 Bjbm0006 总 DNA 和 pHJ5816 为模板作对照,Bjbm5816 的总 DNA 和 pHJ5816 为模板的 PCR 扩增产物均为 2.7kb ,比 Bjbm0006 的产物正好大出相当于 erm 大小的 1.7kb 片段。

2.3.3 重组菌发酵产物组分的色谱、质谱和紫外吸收分析:用 Bjbm5816 和 Bjbm0006 进行 20L 罐发酵实验,甲醇提取发酵液,进行高压液相色谱(HPLC)分析。 Bjbm0006 发酵产物含 B2b,B2a,B1b 和 B1a 4 个组分的阿维菌素 R(图 2),重组菌 Bjbm5816 在相同的发酵条件下只产生单一组分(图 3),新组分和阿维菌素 8 个组分保留时间(RT)都不一致。对新组分的质谱(MS)分析结果表明其分子量为 790.8(图 4,除去一个 Na⁺),与阿维菌素的分子量相差太远,且其紫外扫描结果是吸收峰值为 225nm,与阿维菌素的 246nm 也完全不一致。 Bjbm0006 阿维菌素的总产量为 1200µg/mL 左右, Bjbm5816 新化合物的产量为 1000µg/mL 左右。

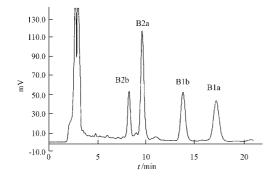


图 2 Bjbm0006 发酵产物的高效液相图谱

Fig. 2 HPLC of fermentation products from Bjbm0006

3 讨论

目前发现支链 α -酮酸脱氢酶基因簇在阿维链霉菌中有两个 $^{[1\,2]}$,本研究得到的重组菌 B_{jbm} 5816 中

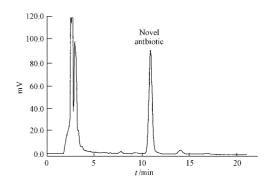


图 3 Bjbm5816 发酵产物的高效液相图谱

Fig. 3 HPLC of fermentation products from Bjbm5816

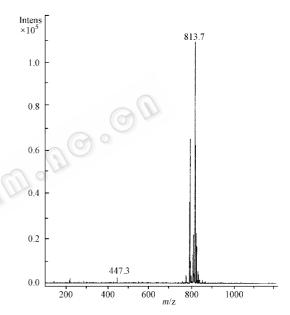


图 4 Bjbm5816 发酵产物的质谱图

Fig. 4 Ms of fermentation products from Bjbm5816

断了第二个支链 α -酮酸脱氢酶基因簇 bkdFGH。 Bjbm5816 所产生这一新化合物和 bkdAB 的基因中断重组菌所产生的新组分一致 另有报道 》。 经精制结晶后溶于氘代丙酮 ,通过 1H-NMR、13C-NMR 和二维 NMR ,鉴定该化合物为 OligomycinA。 OligomycinA的产生可能和 erm 有关 ,因为 erm 是一种双甲基化酶基因 ,可能承担了 C25 位基团的转化作用。 Bjbm5816 传代 10 次后 ,抗性标记和发酵产物都十分稳定。

基因置换时,如果抗性基因两边的同源序列过短对于完成双交换十分困难,虽然理论上链霉菌的染色体只要有 120bp 左右就能发生同源重组,但其频率很低,所以在构建基因置换载体时,遗传标记两臂的同源序列最好在 1kb 以上。如果确实无法实现这个条件,本研究提出了一种简单易行的方法,可以将低频重组放大许多倍(放大倍数根据载体的丢失

© 中国科学院微生物研究所期刊联合编辑部 http://journals.im.ac

率计算)。

新化合物 OligomycinA 的生物学活性实验表明,该抗生素具有广谱的抗真菌和杀虫能力,可见光条件下,比阿维菌素稳定。本研究所得到的 OligomycinA 产生菌 Bjbm5816 的效价高达 1000µg/mL,而且发酵液粗提物纯度达 90% 具有良好的应用前景。

参 考 文 献

- [1] Skinner D , Morgenstern M , Fedechko R , et al . Cloning and sequencing of a cluster of genes encoding branched-chain α-keto acid dehydrogenase from Streptomyces avermitilis and the production of a functional E1 [αβ] component in Escherichia coli . J Bacteriol , 1995 , 177 , 183 190.
- [2] Denoya C, Fedechko R, Hafner E, et al. A second branched-chain α-keto acid dehydrogenase gene cluster (bkdFGH) from Streptomyces avermitilis: its relationship to avermectin biosynthesis and the con-

- struction of a bkdF mutant suitable for the production of novel antiparasitic avermectins. J Bacteriol , 1995 , 177 , 3504 3511.
- [3] Zhu H J , Zheng Y H. Study on C5-O-methyltransferase gene cloning , sequencing and replacement. *J Chin J Antibiotics* , 2003 , **28** (1):1 5.
- [4] Sambrook J , Fritsch E F , Maniatis T . Molecular Cloning : A laboratory Manual . 2^{nd} ed . New York : Cold Spring Harbor Laboratory Press , 1989 .
- [5] Tobias K, Bibb MJ, Mark JB, et al. Practical Streptomyces Genetic. Norwich The John Innes Foundation, 2000.
- [6] MacNeil T, Gewain K, MacNeil D. Deletion analysis of the avermectin biosynthetic genes of *Streptomyces avermitilis* by gene cluster displacement. *J Bacteriol*, 1993, 175: 2552 2563.
- [7] Ikeda H, Nonomiya T, Omura S. Organization of biosynthetic gene cluster for avermectin in *Streptomyces avermitilis*: analysis of enzymatic domains in four polyketide synthases. *Journal of Industrial Mi*crobiology & Biotechnology, 2001, 27, 170 – 176.

Effects of bkdF Interruption on Avermectin Biosynthesis

ZHU Hao-Jun¹ LIANG Yun-Xiang^{1*} ZHOU Jun-Chu¹ ZHENG Ying-Hua²
(1 Key Laboratory of Agricultural Microbiology, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070, China)
(2 Beijing Institute of Biomedicine, Beijing 100091, China)

Abstract: Bjbm0006 was a strain which produces four avermectin B component. bkdF (branched-chain α -keto acid dehydrogenase gene) gene involved in the biosynthesis of avermectin B was cloned by PCR from Bjbm0006 chromosome, and inserted with a Erm^r gene to construct a recombinant plasmids pHJ5816 (pHZ1358::bkdF&Erm^r). The bkdF-interrupted mutant Bjbm5816 was received through homologous double crossover between the pHJ5816 and the chromosome. The interruptant Bjbm5816 produce single novel compound and it was attested to be Oligomycin A by MS, ¹H-NMR, ¹³C-NMR and two-dimension NMR.

Key words Avermectin, Branched-chain α-keto acid dehydrogenase complex, Gene interruption

本期广告索引

广告单位	版位	广告单位	版位
Amersham Biosciences	封二	南京宁和生化设备有限公司	文后彩插Ⅱ
广州市华奥行仪器有限公司	文前彩插Ⅰ	镇江达森发酵设备有限公司	文后彩插Ⅲ
上海联环生物工程设备有限公司	文前彩插Ⅱ	香港徕卡仪器有限公司	封三
扬中市威柯特生物工程设备公司	文后黑白插Ⅰ	镇江东方生物工程设备技术有限公司	封底

^{*} Corresponding author. E-mail wainsky@vip.sina.com Received date 106-02-2003