

Research Article 研究报告

基于壳聚糖结合模块构建新型酿酒酵母孢子表面展示 系统

李婉杰¹, 王亚森¹, 陈洲¹, 中西秀树¹, 许向阳², 高晓冬¹, 李子杰^{1*}

1 江南大学生物工程学院, 糖化学与生物技术教育部重点实验室, 江苏 无锡 214122
 2 枣庄市杰诺生物酶有限公司, 山东 枣庄 277100

李婉杰,王亚森,陈洲,中西秀树,许向阳,高晓冬,李子杰.基于壳聚糖结合模块构建新型酿酒酵母孢子表面展示系统. 微生物学报,2022,62(11):4431-4446.

Li Wanjie, Wang Yasen, Chen Zhou, Nakanishi Hideki, Xu Xiangyang, Gao Xiaodong, Li Zijie. Construction of a novel *Saccharomyces cerevisiae* spore surface display system based on chitosan-binding module. *Acta Microbiologica Sinica*, 2022, 62(11): 4431–4446.

摘 要:【目的】基于当前细胞表面展示体系存在的问题,旨在构建一个新型的普适性强、抗逆性好、高效稳定的酿酒酵母孢子表面展示系统。【方法】首先,根据酵母孢子固定化酶的特性, 通过查阅文献寻找潜在的与孢子壁壳聚糖层高度亲和的壳聚糖结合模块;其次,利用绿色荧光蛋 白(green fluorescent protein, GFP)与结合模块融合表达,在体外和孢子内分别验证结合模块与孢 子壁的亲和能力;之后,选择 Saccharomyces cerevisiae AH109来源的α-半乳糖苷酶(α-galactosidase, MEL1)评估新型展示体系的效能。【结果】首先,选择 Paenibacillus sp. IK-5 来源壳聚糖酶的碳水 化合物结合模块 32 (carbohydrate binding module 32, CBM32)作为壳聚糖结合模块。其次,将大 肠杆菌表达纯化后的融合蛋白 CBM32-GFP 与 dit1Δ 孢子共孵育,通过 GFP 荧光定位以及荧光强 度验证 CBM32 在体外与孢子壁具有较好的亲和能力; CBM32-GFP 在 dit1Δ 孢子内的荧光定位与 结合能力证明了其在孢子内能够与孢子壁紧密结合;最后,以 MEL1 替换 GFP 应用到新型展示体 系中,与只表达 MEL1 的孢子相比,CBM32-MEL1 孢子酶活不仅提高了 68.65%,最高酶比活力 达到 460.59 U/g DCW (dry cell weight, 菌体干重), 重复使用能力也得到了显著提高;此外,该体

*Corresponding author. Tel/Fax: +86-510-85197071; E-mail: lizijie@jiangnan.edu.cn Received: 10 March 2022; Revised: 13 May 2022; Published online: 13 June 2022

基金项目: 国家自然科学基金(32171475); 山东省重大科技创新工程(2019JZZY011006); 江苏省研究生实践创新计划 (SJCX20 0743)

Supported by the National Natural Science Foundation of China (32171475), by the Shandong Provincial Major Scientific and Technological Innovation Project (2019JZZY011006) and by the Postgraduate Research & Practice Innovation Program of Jiangsu Province (SJCX20_0743)

系提高了 MEL1 的稳定性和可操作性。【结论】本研究首次提出利用结合模块来构建一个新型酿 酒酵母孢子表面展示体系,为真核来源的多糖基化位点修饰以及多亚基结构蛋白提供了可靠的细 胞表面展示平台,为实现工业化应用孢子固定化酶提供了理论依据。

关键词:酿酒酵母孢子;表面展示;壳聚糖结合模块;α-半乳糖苷酶

Construction of a novel *Saccharomyces cerevisiae* spore surface display system based on chitosan-binding module

LI Wanjie¹, WANG Yasen¹, CHEN Zhou¹, NAKANISHI Hideki¹, XU Xiangyang², GAO Xiaodong¹, LI Zijie^{1*}

1 Key Laboratory of Carbohydrate Chemistry and Biotechnology, Ministry of Education, School of Biotechnology, Jiangnan University, Wuxi 214122, Jiangsu, China

2 Zaozhuang Jienuo Enzyme Co., Ltd., Zaozhuang 277100, Shandong, China

Abstract: [Objective] Based on the existing problems in the current cell surface display systems, we aimed to establish a novel Saccharomyces cerevisiae spore surface display system with strong universality, better stress resistance, and higher efficiency and stability. [Methods] Firstly, according to the characteristics of immobilized enzymes in S. cerevisiae spores, we searched the potential chitosan-binding modules with high affinity with the chitosan layer of spore wall by referring to literature. Then, the binding module was fused and expressed with green fluorescent protein (GFP) and the affinity ability of the binding module with the spore wall was verified in vitro and in vivo. Finally, we selected α -galactosidase (MEL1) derived from S. cerevisiae AH109 to evaluate the efficacy of the novel display system. [Results] Firstly, we selected a carbohydrate binding module 32 (CBM32) derived from Paenibacillus sp. IK-5 chitosanase as the chitosan-binding module. Next, the fusion protein CBM32-GFP, which was expressed in Escherichia coli and purified, was co-incubated with $dit I\Delta$ spores, and the result showed that CBM32 exhibited good affinity ability with the spore wall in vitro by the localization and intensity of GFP fluorescence. Furthermore, the fluorescence localization and binding ability of CBM32-GFP in $dit I\Delta$ spores proved that CBM32 was tightly bound to the spore wall in vivo. Finally, we replaced GFP with MEL1 in this display system. Compared with those of spores only expressing MEL1, the activity of spores displaying CBM32-MEL1 was increased by 68.65%, with the highest specific activity reaching 460.59 U/g DCW (dry cell weight), and the reusability was also significantly improved. Moreover, the stability and operability of MEL1 were enhanced. [Conclusion] We constructed a novel S. cerevisiae spore surface display system based on the chitosan-binding module for the first time, which provided a reliable cell surface display platform for the eukaryotic proteins with multi-glycosylation sites and multi-subunit structures. It also provided the theoretical basis for the industrial application of immobilized enzymes in spores.

Keywords: Saccharomyces cerevisiae spores; surface display; chitosan-binding modules; a-galactosidase

微生物细胞表面展示技术的基本原理是通 讨 DNA 重组技术将外源蛋白或多肽基因与宿主 特定的锚定蛋白基因融合后导入宿主中,利用该 锚定蛋白的定位作用将外源蛋白或多肽表达在细 胞表面[1]。酶作为在细胞表面展示体系中最常用的 生物大分子,其细胞展示与纯酶相比具有很多优 势,不仅具有固定化酶的特性,省去了繁琐的分 离纯化和固定化操作,且展示在细胞表面的酶 往往表现出优良的稳定性和环境胁迫耐受性[2-3]。 当前,细胞表面展示的宿主主要包括噬菌体、细 菌、酵母和枯草芽孢杆菌芽孢,然而上述体系都 存在一些问题:噬菌体不能展示分子量过大的蛋 白,否则影响装配和侵染;细菌对于真核来源的 蛋白缺乏翻译后修饰过程^[4];酵母营养细胞的抗 逆性能较弱,且对大分子多亚基蛋白的跨膜转运 较困难^[5];芽孢通常通过衣壳蛋白展示^[6],很可 能导致被展示蛋白折叠在膜内^[7]。根据上述存在 的问题,开发普适性强、抗逆性好、高效稳定的 表面展示体系具有非常重要的研究意义。

酿酒酵母二倍体细胞在以醋酸盐为唯一碳 源, 且缺乏氮源的条件下, 会进入减数分裂阶 段形成 4 个单倍体的孢子^[8]。孢子壁有 4 层结 构,从内到外依次为甘露糖层、葡聚糖层、壳 聚糖层以及二酪氨酸层^[9]。"酵母孢子固定化酶" 基于孢子壁的特殊结构,以孢子作为一种固定 化的生物材料,将酶表达或固定在孢子壁上。 由于壳聚糖层对蛋白的交联作用及致密网状结 构二酪氨酸层的拦截作用,在酵母孢子中表达 分泌蛋白或带有分泌型信号肽的非分泌蛋白 时,蛋白会被固定在壳聚糖层和二酪氨酸层之 间^[10],从而形成孢子"微胶囊"固定化酶。实验 室前期构建了一系列研究孢子壁的缺陷型菌 株,本研究利用 ditl∆ 缺陷型菌株来构建新型 孢子表面展示系统。由于 DITI 基因参与二酪氨 酸层合成途径中的第一步反应, 敲除该基因就 会导致孢子二酪氨酸层的缺失^[11],将壳聚糖层暴 露在孢子表面,形成天然的"孢子壳聚糖球"。

在前期研究中^[12-13],利用壳聚糖层的静电 吸附作用构建的 *dit1*Δ 孢子表面展示体系虽然 与其他类型酿酒酵母孢子(AN120、osw2Δ 和 *chs3*Δ)固定化酶相比酶活较高,但其重复使用 能力较弱。为解决这一问题,需要寻找能够有 效结合 *dit1*Δ 孢子壁壳聚糖层的亲和蛋白,将 该亲和蛋白与展示在细胞表面的乘客蛋白通过 柔性的接头(linker)进行串联,再利用亲和蛋白 与壳聚糖层的高亲和能力,构建新型酿酒酵母 孢子表面展示系统(图 1),以达到高酶活和高重 复使用能力的目的。酿酒酵母孢子作为一种新 型蛋白展示载体,其表面展示的蛋白不需要跨 膜转运^[14],且具有良好的抗逆性^[15-16],因此为 细胞表面展示真核来源的多糖基化位点修饰及 多亚基结构蛋白提供了可靠的展示平台。

碳水化合物结合模块(carbohydrate binding module, CBM)是具有碳水化合物结合活性的糖酶中一段具有独特折叠结构的多肽,参与其目标碳水化合物的结合和识别^[17]。Qin 等和 Lin 等利用 CBM56 通过氢键与凝胶多糖的特异性结合能力,将壳聚糖酶与 CBM56 融合表达,实



图 1 酿酒酵母孢子表面展示体系示意图 Figure 1 Schematic of *Saccharomyces cerevisiae* spore surface display system.

现了壳聚糖酶在凝胶多糖上的固定化,该固定 化可直接应用于填充床反应器[18-19]。基于不同 家族的 CBM 具有不同底物的特异性结合能力, 受到 Qin 等^[18-19]研究的启发,我们通过查阅文 献,寻找到目前仅报道的 2 个分别来源于 Paenibacillus elgii 和 Paenibacillus sp. IK-5 壳聚 糖酶的壳聚糖结合区域^[17,20],根据 CAZy 数据 库,这2个区域属于CBM32家族成员,具有壳 聚糖特异性结合能力,且它们在氨基酸序列上 具有一定相似性。其中 Paenibacillus elgii 来源 的 CBM32 仅有一个结合模块,而本研究选择的 Paenibacillus sp. IK-5 来源的 CBM32 包含 DD1 和 DD2 两个结合模块, 与壳聚糖的结合能力更 强,且是目前对其结合机制研究最为清楚的。 DD2 的 Glu¹⁴ 与非还原端氨基葡萄糖的氨基发 生静电相互作用,而 Arg³¹、Tyr³⁶和 Glu⁶¹主要 与非还原端氨基葡萄糖形成氢键,解释了 CBM32 与底物壳聚糖的结合机制^[20],而目前还 没有关于 CBM32 应用于固定化酶的研究。

表1 本研究所用菌株

本研究基于 Paenibacillus sp. 1K-5 米源的
CBM32 建立了一个新型酿酒酵母孢子表面展
示系统。将酵母来源的多糖基化位点修饰的四
聚体蛋白 α-半乳糖苷酶(MEL1)应用在展示体
系中,不仅明显提高了表面展示 MEL1 的孢子
酶活,其酶学性质以及重复使用能力也得到了显
著改善,弥补了以往孢子固定化酶的缺陷,为实
现工业化应用孢子固定化酶提供了理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 菌株、质粒和引物

本研究所用到的菌株和质粒分别如表 1 和 表 2 所示,大肠杆菌蛋白表达采用 Escherichia coli BL21(DE3)菌株,质粒扩增采用 E. coli DH5α 菌株,本研究中所用的 S. cerevisiae AN120 和 HW3 二倍体产孢菌株是快速产孢的 SK-1 背景菌株。本研究所用引物如表 3 所示, 引物由天霖生物科技(上海)有限公司合成。

Table 1 Strains used in this study				
Strains	Characteristics	Sources		
E. coli BL21(DE3)	F^- Omp Thsd ThsdS _B (rB-mB-) gal dcm(DE3)	Laboratory		
E. coli DH5α	$lacZ\Delta M15$ hsdR recA	Laboratory		
E. coli/GFP	E. coli BL21(DE3) containing plasmid pET28a-GFP	This study		
E. coli/CBM32-GFP	E. coli BL21(DE3) containing plasmid pET28a-CBM32-GFP	This study		
S. cerevisiae AN120	MATα/MATa ARG4/arg4-NspI his3ΔSK/his3ΔSK ho::LYS2/ho::LYS2	Laboratory		
(wild-type)	leu2/leu2 lys2/lys2 RME1/rme1::LEU2 trp1::hisG/trp1::hisG ura3/ura3			
S. cerevisiae HW3	MATα/MATa ARG4/arg4-NspI his3ΔSK/his3ΔSK ho::LYS2/ho::LYS2	[10]		
$(ditl\Delta)$	leu2/leu2 lys2/lys2 RME1/rme1::LEU2 trp1::hisG/trp1::hisG ura3/ura3			
	$dit1\Delta$:: $his5+/dit1\Delta$:: $his5+$			
S. cerevisiae AH109	MATa trp1-901 leu2-3 112 ura3-52 his-200 gal4 Δ gal80 Δ	Laboratory		
	LYS2::GAL1UAS-GAL1TATA-HIS3 MEL1 GAL2UAS-GAL2TATA-ADE2			
	URA3::MEL1UAS-MEL1TATA-lacZ			
<i>dit1</i> ∆/CBM32-3HA	S. cerevisiae dit1∆ containing plasmid pRS426-TEFpr-ss-CBM32-3HA	This study		
$dit1\Delta/\text{GFP}$	S. cerevisiae dit1∆ containing plasmid pRS426-TEFpr-ss-GFP	This study		
dit1∆/CBM32-GFP	S. cerevisiae dit1∆ containing plasmid pRS426-TEFpr-ss-CBM32-GFP	This study		
AN120/CBM32-GFP	S. cerevisiae AN120 containing plasmid pRS426-TEFpr-ss-CBM32-GFP	This study		
$dit1\Delta/MEL1$	S. cerevisiae dit1 Δ containing plasmid pRS426-TEFpr-ss-MEL1	This study		
dit1∆/MEL1-3HA	S. cerevisiae dit1∆ containing plasmid pRS426-TEFpr-ss-MEL1-3HA	This study		
dit1\alpha/CBM32-MEL1	S. cerevisiae dit1∆ containing plasmid pRS426-TEFpr-ss-CBM32-MEL1	This study		
dit1∆/CBM32-MEL1-3HA	S. cerevisiae dit1 containing plasmid pRS426-TEFpr-ss-CBM32-MEL1-3HA	This study		

🖂 actamicro@im.ac.cn, 🕾 010-64807516

表 2 本研究所用质粒

Table 2 Plasmids used in this study

Plasmids	Characteristics	Sources
pET28a	pET28a empty vector harboring 6His tag	Laboratory
pET28a-GFP	pET28a harboring GFP gene	This study
pET28a- <i>CBM32</i> -GFP	pET28a harboring CBM32-GFP gene	This study
pRS426-TEFpr-ss-araA-3HA	pRS426 empty vector harboring TEF promoter and CYC1 terminator	[15]
pRS426-TEFpr-ss-CBM32-3HA	pRS426-TEFpr harboring CBM32-3HA gene of N terminus fused ss	This study
pRS426-TEFpr-ss-GFP	pRS426-TEFpr harboring GFP gene of N terminus fused ss	This study
pRS426-TEFpr-ss-CBM32-GFP	pRS426-TEFpr-ss-GFP harboring CBM32 gene	This study
pRS426-TEFpr-ss-MEL1	pRS426-TEFpr harboring MEL1 gene of N terminus fused ss	This study
pRS426-TEFpr-ss-MEL1-3HA	pRS426-TEFpr-ss-MEL1 fused 3HA at the C terminus of MEL1	This study
pRS426-TEFpr-ss-CBM32-MEL1	pRS426-TEFpr-ss-MEL1 fused CBM32 at the N terminus of MEL1	This study
pRS426-TEFpr-ss-CBM32-MEL1-3HA	pRS426-TEFpr-ss-CBM32-MEL1 fused 3HA at the C terminus of MEL1	This study

表 3 本研究所用引物

Table 3 Primers used in this study			
Primers	Nucleotide sequence $(5' \rightarrow 3')$		
GFP-F	GCGC <u>GGATCC</u> ATGGTGAGCAAGGGCGAGGA (BamH I)		
GFP-R1	GCGC <u>CTCGAG</u> CTTGTACAGCTCGTCCATGCC (Xho I)		
<i>CBM32</i> -F1	GTGGACAGCAAATGGGTCGCAATCTTGCATTAAATAAGAC		
<i>CBM32</i> -R1	TCCTCGCCCTTGCTCACCATAGAACCACCACCACCGGATCCGCCATAGACTTCAAATTCCC		
<i>CBM32</i> -F2	GCGC <u>GGATCC</u> AATCTTGCATTAAATAAGAC (BamH I)		
<i>CBM32</i> -R2	GCGC <u>CTCGAG</u> GCCATAGACTTCAAATTCCC (Xho I)		
GFP-R2	GCGC <u>CTCGAG</u> TTACTTGTACAGCTCGTCCATGCC (Xho I)		
MEL1-F	GCGC <u>GGATCC</u> TTTGGGGTGTCTCCGAGTTACA (BamH I)		
MEL1-R1	GCGC <u>CTCGAG</u> TTAATAAGCTCAAGAAGAGGGTCTC (Xho I)		
MEL1-R2	GCGC <u>CTCGAG</u> AGAAGAGGGTCTCAACCTAT (Xho I)		
CBM32-MEL1-F	GGGAATTTGAAGTCTATGGCGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGT		
CBM32-MEL1-R1	AGTCAGGAACATCGTATGGGTATCAAGAAGAGGGTCTCAACCTATA		
CBM32-MEL1-R2	CAGGAACATCGTATGGGTATTAAGTAGAATCCAGACCAAGTAGAGGGTTAGGGATAGGCTTAC CAGAACCACCACCACCAGAAGAGGGTCTCAACCTAT		

The underlined are restriction enzyme cutting sites.

1.1.2 主要试剂、仪器及培养基

PrimeSTAR GXL DNA 聚合酶、2×Taq 聚合 酶、限制性核酸内切酶和 Ligation-Mix 连接酶 等购自 TaKaRa 公司; Multi Quick Cloning Mix 同源重组酶购自天霖生物科技(上海)有限公司; PCR 产物纯化、胶回收和质粒抽提试剂盒购自 生工生物工程(上海)有限公司; SDS-PAGE 聚丙 烯酰胺凝胶配制试剂盒、Blue Plus II 蛋白标准 品、Anti-HA Mouse 一抗和 Goat anti-mouse IgG HRP 二抗购自北京全式金生物技术有限公司; Anti-GAPDH Mouse 一抗购自 Proteintech 公司; Clarity[™] Western ECL Substrate 显色剂购自 Bio-Rad 公司;藤黄节杆菌溶壁酶(*Arthrobacter luteus* lyticase)和对硝基苯基-α-D-吡喃半乳糖 苷(*p*NPG)购自 Sigma-Aldrich 公司; PNGase F 酶购自北京生夏蛋白技术有限公司;蛋白酶抑 制剂购自 MedChemExpress 公司。超声破碎仪 (南京新辰生物科技有限公司); SDS-PAGE 凝胶 电泳仪(Bio-Rad 公司); 多功能酶标仪(BioTek 公司); ImageQuantTM LAS 4000 (GE Healthcare 公司); 荧光倒置显微镜(Nikon 公司); 冷冻干 燥机(EYELA 公司)。

(1) LB 培养基(g/L): 胰蛋白胨 10, 氯化钠 10, 酵母粉 5, 琼脂粉 20 (固体培养基); (2) TB 培养基(g/L): 胰蛋白胨 12, 酵母粉 24, 甘 油 4 mL/L, KH₂PO₄ 2.31, K₂HPO₄ 12.53; (3) SD-Ura 缺陷型培养基(g/L): 无氨基酸酵母氮源 (YNB) 6.7, 只缺 Ura 的氨基酸混合物粉末 2, 葡 萄糖 20, 琼脂粉 20 (固体培养基); (4) YPAce 培 养基(g/L): 酵母粉 20, 蛋白胨 10, 腺嘌呤 0.03, 乙酸钾 20; (5) 产孢培养基(g/L): 乙酸钾 20。

1.2 质粒构建

CBM32 来源于类芽孢杆菌(Paenibacillus sp. IK-5, 原名 Paenibacillus fukuinensis D2) 壳聚 糖酶(GenBank: BAB64835.1),基因序列(801 bp) 由天霖生物科技(上海)有限公司合成并根据酿 酒酵母密码子偏好性进行优化, α-半乳糖苷酶 (MEL1, GenBank: LN997416.1)基因从S. cerevisiae AH109 中克隆,并去除自身分泌信号肽(氨基酸 序列为: MFAFYFLTACISLKGVFG)。在前期研 究中, 通过将 Spr1(产孢特异性的外切 β-葡聚糖 酶,并参与孢子壁的组装)的分泌信号肽与可溶 性蛋白融合,已成功将几种可溶性酶分泌到孢子 壁的二酪氨酸层和壳聚糖层之间^[12,15]。故本研究 为了在 dit1∆ 孢子壁表面展示目的蛋白,将 Spr1 蛋白的信号肽(Spr1 signal peptide, SS)序列(氨基 酸序列为: MVSFRGLTTLTLLFTKLVNCN)与酿 酒酵母中表达目的蛋白的 N 端融合。

重组质粒构建过程如下:以实验室保存的 GFP 基因为模板,利用引物 GFP-F/R1 扩增得 到 GFP 基因,经 BamH I 和 Xho I 双酶切后连接 到pET-28a载体上,得到重组质粒pET28a-GFP。 以 CBM32 基因序列为模板,利用引物 CBM32-F1/R1 扩增得到的 CBM32 基因同源重 组到经 BamH I 酶切后的线性化质粒 pET28a-GFP 上,得到重组质粒 pET28a-CBM32-GFP。 以 CBM32 和 GFP 基因序列为模板,利用引物 CBM32-F2/R2 和 GFP-F/R2 分别经过 PCR 扩增 出 CBM32 和 GFP 基因片段,分别连接到 BamH I和 Xho I 双酶切后的质粒 pRS426-TEFpr-ssaraA-3HA上,获得重组质粒 pRS426-TEFpr-ss-CBM32-3HA 和 pRS426-TEFpr-ss-GFP。BamH I 和 Xho I 双酶切质粒 pET28a-CBM32-GFP 得到 CBM32-GFP 融合基因片段, 替换 pRS426-TEFprss-GFP 中的 GFP 基因,得到质粒 pRS426-TEFprss-CBM32-GFP。以 S. cerevisiae AH109 菌株基 因组 DNA 为模板,分别利用引物 MELI-F/R1、 MEL1-F/R2 经过 PCR 扩增得到 MEL1 基因, 经 BamH I 和 Xho I 双酶切后替换载体 pRS426-TEFpr-ss-GFP的 GFP 基因,分别得到重组质粒 pRS426-TEFpr-ss-MEL1 和 pRS426-TEFpr-ss-MEL1-3HA。以 MELI 基因序列为模板,分别利用引 物 CBM32-MEL1-F/R1、CBM32-MEL1-F/R2 经 过 PCR 扩增得到的不同 MELI 片段分别同源重 组到经 Xho I 酶切后的线性化质粒 pRS426-TEFpr-ss-CBM32-3HA上,得到重组质粒 pRS426-TEFpr-ss-CBM32-MEL1和pRS426-TEFpr-ss-CBM32-MEL1-3HA。其中, GFP 和 MEL1 使用接头 (GGGGS)3^[21]分别与 CBM32 的 C 端融合。将上 述构建的 pET28a 载体质粒转化到 E. coli BL21(DE3)中进行诱导表达; pRS426 载体质粒 通过化学转化法导入 dit1Δ 二倍体酵母菌株中 诱导产孢。

1.3 *CBM32*-GFP 和 GFP 基因的表达和重 组蛋白的纯化

将含有重组质粒的单菌落接种到 5 mL 含

有卡那霉素(50 μg/mL)的 LB 培养基中, 37 ℃ 摇床培养 12 h,然后将 1 mL 种子培养物转移到 含有 50 ug/mL 卡那霉素的 100 mL TB 培养基 中。当细胞 OD₆₀₀ 达到 0.6-0.8 时,加入终浓度 为 0.1 mmol/L 的异丙基 β-D-1-硫代半乳糖苷 (IPTG), 16 °C 诱导表达重组蛋白 20 h 后, 9 000×g 离心 5 min 收集细胞,并重新悬浮在 50 mmol/L Tris-HCl 缓冲液(pH 7.5)中,在冰上 进行超声处理。之后, 12 000×g 离心 30 min 获 得粗酶液并用 Ni²⁺亲和层析柱对重组蛋白进行 纯化, 用含有 500 mmol/L 咪唑的 50 mmol/L Tris-HCl缓冲液(pH 7.5)洗脱重组蛋白。最后, 用 50 mmol/L Tris-HCl (pH 7.5)在超滤管中对纯 化的蛋白进行浓缩和脱盐。纯化的重组蛋白在 -20 °C 下保存在甘油(10%, V/V)中。使用 BCA 蛋白检测试剂盒测定蛋白浓度。通过十二烷基 硫酸钠-聚丙烯酰胺凝胶电泳(SDS-PAGE)分析 检测所有重组蛋白的表达水平和纯度。

1.4 CBM32 的表面展示和荧光定位

为了在体外评估 CBM32 与 *dit1*Δ 孢子壁的 结合能力,将终浓度为 0.1 mg/mL 纯化的重组 蛋白 CBM32-GFP/GFP 加入到 200 μL 乙酸钠缓 冲液(50 mmol/L, pH 5.5)中,再加入 1 mg 纯化冻 干的 *dit1*Δ 孢子,将反应混合物在室温 800 r/min 下孵育 1 h。反应结束后,使用 PBS 缓冲液 (200 mmol/L Na₂HPO₄, 35 mmol/L KH₂PO₄, 2.74 mol/L NaCl, 53 mmol/L KCl; pH 7.2–7.6) 将孢子振荡洗涤 3 次,每次 10 min,使用荧光 倒置显微镜定性检测 CBM32 的体外结合能力。 最后,将孢子重悬于 200 μL PBS 缓冲液,并转 移到 96 孔板中,使用多功能酶标仪检测绿色荧 光强度,其中,激发波长为 485 nm,发射波长 为 528 nm^[22]。为确保可靠性,将荧光值标准化 为孢子的 *OD*₆₆₀^[15]。

关于本文构建的 pRS426 质粒转化到二倍

体酿酒酵母中的方法,具体步骤如下:离心收 集培养 12 h 左右的酵母细胞,加入 50 μL 的一 步转化液[50% PEG (80% V/V); 2 mol/L LiAc (10% V/V); 1 mol/L DTT (10% V/V)]重悬菌体, 加入 200 ng 质粒混匀, 于 45 °C 下孵育 30 min, 之后涂布于 SD-Ura 平板, 于 30 ℃ 培养箱中培 养3d。关于二倍体酵母诱导产孢及纯化方法: 依据之前所述方法^[23],采用 2% KAc 诱导产孢 之后,按照说明书加入藤黄节杆菌溶壁酶溶解 子囊壳, 37°C、220 r/min 酶解 3 h 左右, 之后 采用超声破碎 10-15 min (破碎 5 s, 停 5 s), 获 得游离的单个孢子,再用 0.5% Triton X-100 清 2 次后,冷冻干燥即得冻干纯化孢子, 洗 -20 °C 储存待用,用天平称取冻干孢子粉末进 行定量分析。

为了评估 CBM32 在 $dit1\Delta$ 孢子中的定位, 将重组质粒 pRS426-TEFpr-ss-GFP 和 pRS426-TEFpr-ss-CBM32-GFP 分别转化到 dit1∆ 酵母中 诱导产孢,并离心收集孢子,用 PBS 缓冲液重 悬孢子在荧光倒置显微镜下进行荧光定位观 察。对于检测 CBM32 与 dit1∆ 孢子壁结合能力 的研究,以pRS426-TEFpr-ss-CBM32-GFP转化 AN120 野生型酵母孢子为阳性对照, 取 2 mg 冻干纯化孢子用含有 0.1% Triton X-100 的 PBS 缓冲液在 500 r/min 振荡条件下,洗涤 3 次,每 次 8-10 min。关于所有用荧光显微镜拍摄的图 片,每组图片都保证在相同荧光强度以及相同 曝光时间下进行拍摄。对于荧光定量的数据化 分析,我们统计了3组以上不同视野拍摄的荧 光图,采用 NIS-Elements AR Analysis 软件对相 同大小区域范围内平均单个孢子的荧光强度进 行定量分析。

1.5 蛋白免疫印迹分析

将 10 mg 纯化冻干的孢子悬浮于 300 μL 蛋 白提取缓冲液[0.2 mol/L 山梨醇, 50 mmol/L

Tris-HCl (pH 7.5), 1 mmol/L EDTA]中,加入玻 璃珠和蛋白酶抑制剂,用样品冷冻研磨机破碎 40 min。4 000×g 离心 15 min 后获得的含有 100 µg 总蛋白的上清液用于 Western blotting 检测(5% 浓缩胶和 10%分离胶)。PNGase F 去糖基化处 理过程:将已加 loading buffer 变性的蛋白样品 取 16 µL,加入 10% NP 40 和 glyco buffer 各 2 µL,最后加入 0.2 µL PNGase F,在 37 °C 静 置处理 2 h 左右,处理结束后进行 SDS-PAGE 凝胶电泳。研究中所用一抗是小鼠抗 HA 抗体, 二抗为辣根过氧化物酶(HRP)缀合的山羊抗小 鼠 IgG, Anti-GAPDH 抗体用作内参,所用抗体 均用 5%脱脂奶粉稀释,且稀释比例为 1:5 000, 最后,用 ImageQuantTM LAS 4000 显影。

1.6 MEL1 酶活测定

α-半乳糖苷酶活性测定方法:以 pNPG 为 底物通过酶标仪检测水解产物对硝基苯酚(pNP) 的产生来确定。标准反应体系如下: 2 mg 冻干 纯化孢子悬浮于 150 μ L 柠檬酸盐缓冲液 (100 mmol/L, pH 4.0)中, 40 °C 预处理 5 min, 然后加入 50 μ L 20 mmol/L pNPG, 40 °C 孵育 10 min,最后加入 800 μ L 250 mmol/L Na₂CO₃ 终止反应。通过离心收集上清液,并用酶标仪 在 405 nm 处测量从 pNPG 释放的 pNP 的量。

一个酶活力单位(U)定义为 1 min 从其底物 *p*NPG产生 1.0 μmol *p*NP 的酶量^[24]。为检测培 养上清液中游离 MEL1 的活性,将上清液用 Amicon-Ultra 超滤管浓缩 100 倍,取 10 μL 用 于检测活性^[23]。

1.7 温度和 pH 对孢子表面展示 CBM32-MEL1 酶活的影响

使用上述标准反应体系在 25-60 °C 不同温 度下检测温度对孢子表面展示 MEL1 活性的影 响。对于温度稳定性分析,将孢子置于 25-60 °C 不同温度下静置孵育 10 h 之后,使用标准反应 体系检测残余相对活性。在 100 mmol/L 缓冲液 中检测 pH 对 MEL1 活性的影响, pH 范围为 1.0-10.0 [柠檬酸盐缓冲液(pH 1.0-5.0);磷酸盐 缓冲液(pH 6.0-7.0); Tris-HC1 缓冲液(pH 8.0-10.0)]。对于 pH 稳定性分析,将孢子置于上述 不同 100 mmol/L pH (2.0-10.0)缓冲液中,在 4 °C 条件下静置孵育 8 h之后,使用标准反应 体系检测残余相对活性。上述研究均以游离 MEL1 为对照,误差线来自 3 个独立实验,温 度和 pH 影响以最高活性定义为 100%,温度稳 定性和 pH 稳定性研究均以未处理样品的酶活 定义为 100%,计算相对活性。

1.8 孢子表面展示 CBM32-MEL1 重复使 用能力检测

对于孢子表面展示 CBM32-MEL1 可重复 使用能力测定,取 5 mg 冻干纯化孢子悬浮于 300 μL 柠檬酸盐缓冲液(100 mmol/L, pH 4.0) 中,每轮与 100 μL 20 mmol/L *p*NPG 在 40 °C 反应 15 min 后,通过在 7 000×g 离心 5 min 从溶液中回 收孢子,并在下一轮反应之前用 100 mmol/L 柠檬 酸盐缓冲液(pH 4.0)充分洗涤 2–3 次。第 1 次反 应的酶活定义为 100%^[14]。

2 结果与分析

2.1 CBM32-GFP 的表达以及 CBM32 体 外结合能力分析

为了构建基于天然"壳聚糖球"的高效表面 展示系统,寻找能够有效结合 *dit1*Δ 孢子最外 层壳聚糖层的亲和蛋白是最重要的先决条件。 本研究中,我们选择了属于 CBM32 家族的壳聚 糖结合模块作为亲和蛋白,类芽孢杆菌来源的 CBM32 包含 DD1 和 DD2 两个在 C 端串联连接 的壳聚糖结合模块,这种协同作用增强了对底 物壳聚糖的亲和能力^[20]。为了检测 CBM32 与 *dit1*Δ 孢子壳聚糖层的体外结合能力,首先,我 们将 CBM32 融合在 GFP 的 N 端,构建到含有 His 标签的 pET28a 载体上,转化到 *E. coli* BL21(DE3)中进行诱导表达,并用 SDS-PAGE 进行分析。结果如图 2A 所示,融合基因大小 为 1 539 bp,与诱导前样品相比,在 50–70 kDa 之间有明显的蛋白表达条带出现,与理论蛋白 大小为 60.8 kDa 相符,并且大多数以可溶性蛋 白形式存在于上清液中,经过 Ni²⁺亲和层析柱 得到纯化蛋白 CBM32-GFP。

将纯化的 CBM32-GFP/GFP 蛋白与 *dit1*Δ 孢子共孵育,体外验证 CBM32 的结合能力。显 微镜观察以及荧光强度检测结果表明(图 2B-2C),与 *dit1*Δ 孢子壁结合的 CBM32-GFP 的荧光强度远高于 GFP 的荧光强度。值得注意 的是,即使使用含有 0.1% Triton X-100 的 PBS 缓冲液多次洗涤,CBM32-GFP 的荧光强度也没 有显著降低,其荧光强度是 GFP 的 4.6 倍(图 2C)。研究表明,CBM32 通过静电相互作用和 氢键作用与壳聚糖特异性结合^[20],而未融合 CBM32 的 GFP 则以弱静电相互作用与壳聚糖 的结合能力较弱。以上研究结果表明,CBM32 在体外与 *dit1*Δ 孢子壁具有较强的亲和能力。

2.2 CBM32 在酵母孢子内的表达和定位

为了确定 CBM32 在 dit1△ 孢子中的表达情况,在 CBM32 的 C 端融合 3HA 标签,用蛋白提取缓冲液提取酵母孢子蛋白,进行 Western blotting 检测。结果如图 3A 所示,理论蛋白大小为 35.5 kDa,但在 40.0 kDa 左右检测到 2 条蛋白条带。通过对类枯草芽孢杆菌 CBM32 的氨基酸序列分析,发现含有 5 个潜在的 N-糖基化位点(分别是 CBM32 氨基酸序列中的第 5、74、81、210 和 218 位天冬酰胺),用去糖基化酶PNGase F 处理蛋白样品,发现处理之后的单一蛋白特异性条带在 35.5 kDa 左右,因此表明CBM32 因在酵母孢子中发生糖基化使得蛋白分子量变大。



图 2 CBM32-GFP 在 E. coli BL21(DE3)中的表达以及 CBM32 与 dit1∆ 孢子壁的体外结合能力

Figure 2 CBM32-GFP expressed in *E. coli* BL21(DE3) and binding ability of CBM32 with $dit1\Delta$ spore wall *in vitro*. A: SDS-PAGE analysis of CBM32-GFP expression and purification. lane 1: protein marker; lane 2: the whole cells extraction before induction; lane 3: the whole cells extraction after induction; lane 4: the supernatant; lane 5: the precipitation after cell disruption; lane 6: the purified protein of CBM32-GFP. B: the fluorescence images analysis of the binding strength of the CBM32-GFP fusion protein with the $dit1\Delta$ spore wall after washing. Spores were observed under a bright-field (BF) or fluorescein isothiocyanate (FITC) microscope. Bar, 5 µm. C: quantitative detection of the fluorescence intensity of CBM32-GFP bound to $dit1\Delta$ spore wall; Error bars represent the standard deviation of three independent experiments.



图 3 CBM32 在 dit1Δ 酵母孢子体内的表达(A)和定位(B)

Figure 3 Expression (A) and localization (B) of CBM32 in $dit1\Delta$ yeast spores *in vivo*. Bar: 2 µm. A: Western blotting detection of CBM32 expression; PNGase F(+): CBM32 was treated by PNGase F enzyme.

将 N 端融合 Spr1 分泌信号肽(SS)的融合蛋 白 CBM32-GFP 表达在 dit1Δ 孢子中,并以表达 N 端融合 SS 的 GFP 孢子为对照,通过荧光显 微镜检测 CBM32 在 dit1Δ 孢子中的定位。结果 如图 3B 所示,表达 GFP 的荧光定位在子囊胞 质中,绿色荧光泄漏在孢子与子囊壁之间;而 表达 CBM32-GFP 的孢子,其绿色荧光大多存 在于 dit1Δ 孢子壁上,未发现泄露在子囊胞质 中,说明 CBM32 主要表达且定位在 dit1Δ 孢子 壁上,证明 CBM32 能在 dit1Δ 孢子内与壳聚糖 层结合,而少量分布在孢子内部的荧光具体原 因尚不清楚。

2.3 CBM32 与 dit1∆ 孢子壁结合能力评估

基于 CBM32 在 dit1Δ 酵母孢子体内成功定 位于孢子壁上,接下来研究 CBM32 在体内与 dit1Δ 孢子壁的结合能力。将上述荧光定位成功 的孢子进行纯化,去除子囊壁,并以表达 CBM32-GFP 融合蛋白的野生型 AN120 菌株的 孢子作为阳性对照,AN120 孢子的最外层为二 酪氨酸层。前期研究表明,该孢子表达的固定 化酶存在于二酪氨酸层和壳聚糖层之间,而二

🖂 actamicro@im.ac.cn, 🕾 010-64807516

酪氨酸层能有效阻挡蛋白的泄漏,且孢子经含 有去污剂的溶液洗涤之后对蛋白没有影响^[15]。 本研究将上述纯化后的孢子经含有 0.1% Triton X-100 的 PBS 缓冲液洗涤数次后用于荧光显微 镜观察。结果如图 4A 所示,表达 GFP 的 *dit1*Δ 孢子由于 GFP 与 *dit1*Δ 孢子结合能力较弱,故 经洗涤后大部分荧光蛋白被洗掉;而表达 CBM32-GFP 的 *dit1*Δ 孢子经洗涤之后保留了大 部分的荧光,与表达在 AN120 孢子中的荧光蛋 白结合效果类似。

通过对洗涤后的孢子荧光图进一步定量分 析并数据化可知,表达 CBM32-GFP 的 ditlΔ 孢 子的荧光强度是表达 GFP 的 2.4 倍,荧光强度 差别明显,而表达 CBM32-GFP 的 AN120 野生 型孢子仅比其高 1.3 倍(图 4B),两者差别不大。 因此,表明 CBM32 与 ditlΔ 孢子壁具有较好的 体内结合能力,能将蛋白较好地"固定"在 ditlΔ 孢子表面。综上所述,CBM32 作为壳聚糖结合 模块,其较强的底物亲和能力与 ditlΔ 孢子壁 壳聚糖层紧密结合,可以作为 ditlΔ 孢子表面 展示蛋白的有效"桥梁"。



图 4 CBM32 与 dit1∆ 酵母孢子壁的体内结合能力

Figure 4 Binding ability of CBM32 to $dit1\Delta$ yeast spore wall *in vivo*. Bar: 5 µm. A: the fluorescence images analysis of the binding strength of the CBM32-GFP fusion protein with the $dit1\Delta$ spore wall after PBS washed. Spores were observed under a bright-field (BF) or fluorescein isothiocyanate (FITC) microscope. Bar: 5 µm. B: quantitative detection of the fluorescence intensity of CBM32-GFP binding to the $dit1\Delta$ spore wall after PBS washed; Error bars represent the standard deviation of three independent experiments.

2.4 验证 CBM32-MEL1 在孢子表面展示 体系中的表达

CBM32 经过体外和孢子内验证之后,我们 将酿酒酵母来源的多糖基化位点修饰的四聚体 α-半乳糖苷酶替换 GFP,研究 CBM32 表面展示 酶的应用价值。同样地,我们在 MEL1 的 C 端融 合 3HA 标签, Western blotting 检测 CBM32-MEL1 在表面展示体系中的表达。结果如图 5A 所示,



图 5 dit1A 孢子表面展示 MEL1 和 CBM32-MEL1

Figure 5 Surface display of MEL1 and CBM32-MEL1 in $dit1\Delta$ spore. A: Western blotting detection of MEL1 (57.2 kDa) and CBM32-MEL1 (86.8 kDa) expression; B: MEL1 was treated by PNGase F enzyme.

在 70-100 kDa 之间检测到 MEL1 的表达, 在 100-120 kDa 之间检测到 CBM32-MEL1 融合蛋 白的表达。GAPDH作为一个管家基因,是常用 的内参之一,本文利用 GAPDH 将蛋白上样量 均一化。根据 MELI 的基因长度预测其蛋白条 带大小为 57.2 kDa, 而检测到的特异性蛋白大 小远远大于其理论的条带。对 MEL1 的氨基酸 序列进行分析,发现含有9个潜在的N-糖基化 位点(分别是 MEL1 氨基酸序列中的第 105、 175、270、370、403、413、422、435 和 454 位天冬酰胺),因此推断该蛋白在酵母孢子中发 生了糖基化。图 5B 的结果验证了该猜想,用去 糖基化酶 PNGase F 处理蛋白样品,发现处理之 后的蛋白特异性条带在 50-70 kDa 之间,条 带单一,与糖基化的目的条带相比差别较大, 发生糖基化的条带由于糖基化程度不同发生 弥散。

2.5 孢子表面展示 CBM32-MEL1 的酶活 测定

基于 MEL1 和 CBM32-MEL1 在孢子表面 展示体系中成功表达,以 *p*NPG 为底物检测其 酶活。结果如图 6A 所示,表面展示



CBM32-MEL1的孢子是MEL1孢子酶活的1.7倍。 通过富集产孢培养基里的游离酶,检测并计算 了整个产孢体系的总酶活,结果如图 6B 所示, 表面展示 CBM32-MEL1 的总酶活虽然略低于 表面展示 MEL1 的总酶活,但表面展示 CBM32-MEL1 泄漏在培养基中的酶仅为总酶 活的 2.91%,大多数酶被固定在孢子表面;而 没有融合 CBM32 的孢子酶活与泄漏在培养基 中的酶活相当,上述结果表明 CBM32 通过将体 系中更多的酶固定在孢子表面,从而提高了孢 子表面展示酶的活性,最高酶比活力达到 460.59 U/g DCW。

2.6 温度和 pH 对孢子表面展示 CBM32-MEL1 酶活的影响

以游离 MEL1 为对照,首先检测了不同温度(25-60°C)对孢子表面展示 CBM32-MEL1 酶活的影响。结果如图 7A 所示,孢子表面展示 CBM32-MEL1 和游离 MEL1 的最适温度都为40°C。此外,孢子表面展示 CBM32-MEL1 在40-60°C 表现出更高的相对酶活,结合图 7C的温度稳定性分析结果,将孢子置于不同温度下孵育 10 h之后,在 60°C 高温条件下,孢子





图 6 dit1A 孢子表面展示 MEL1 和 CBM32-MEL1 的活性

Figure 6 Activity of MEL1 and CBM32-MEL1 displayed on the $dit1\Delta$ spore surface. A: spores activity; B: total activity of during sporulation; Error bars represent the standard deviation of three independent experiments.

表面展示 CBM32-MEL1 仍保留 90%以上的相 对酶活,而游离 MEL1 保留约 75%的酶活,表 明孢子表面展示 CBM32-MEL1 比游离 MEL1 具有更好的温度稳定性。接着,研究了不同 pH (1.0-10.0)对孢子表面展示 CBM32-MEL1 的影 响。从图 7B 可以看出,孢子表面展示 CBM32-MEL1 出现了 pH 偏移,其最适 pH 为 4.0,而 游离 MEL1 最适 pH 为 3.0,孢子表面展示 CBM32-MEL1 最适 pH 向中性偏移,且在 pH 4.0-8.0 之 间表现出更高的相对活性。为了进一步检测其 pH 稳定性,将表面展示 CBM32-MEL1 的孢子 和游离酶在不同 pH (2.0–10.0)下孵育 8 h,结果 如图 7D 所示,两者的最适储存 pH 都为 4.0, 而孢子表面展示 CBM32-MEL1 表现出更高的 pH 稳定性,且剩余酶活都能保持在 65%以上, 而游离 MEL1 在 pH 10.0 时,仅剩约 40%的相 对酶活。从以上结果可以得出结论,本研究构 建的新型表面展示体系不仅能提高孢子固定化 酶的活性,使更多的酶展示在孢子表面,还能 提高酶的温度稳定性和 pH 稳定性。



图 7 温度和 pH 对 dit1Δ 孢子表面展示 CBM32-MEL1 和游离 MEL1 活性的影响

Figure 7 Effect of temperature and pH on the activity of displayed CBM32-MEL1 on the $dit1\Delta$ spore surface and free MEL1. A: effect of temperature; B: effect of pH; C: thermostability; D: pH stability. Error bars represent the standard deviation of three independent experiments.

2.7 表面展示 CBM32-MEL1 的孢子重复 使用能力研究

在工业生产中,可重复使用性能是评估固 定化酶的重要指标。本研究中,孢子表面展示 CBM32-MEL1 的重复使用性能被评估,并以未 融合 CBM32 的表面展示 MEL1 为对照,经过 7 轮使用检测每轮残留的活性。结果如图 8 所示, 表面展示 MEL1 的孢子经过 7 轮使用之后,其 剩余酶活低于初始酶活的 40%,而表面展示 CBM32-MEL1 的孢子在相同条件处理之后,其 酶活还保留 60%以上,这一结果表明,CBM32 结合模块将酶有效地结合在孢子壁上,显著提 高了重复使用效率,为酵母孢子表面展示酶工 业化应用提供了保障。

3 讨论与结论

我们基于 CBM32 建立了一个新型酿酒酵 母孢子表面展示系统。首先,将 GFP 融合在 CBM32 的 C 端,在 *E. coli* BL21(DE3)体系中表 达纯化,体外初步验证了 CBM32 与 *dit1*Δ 孢子



图 8 *dit1*Δ 孢子表面展示 MEL1 和 CBM32-MEL1 的重复使用能力

Figure 8 Reusability of MEL1 and CBM32-MEL1 displayed on the $dit1\Delta$ spore surface. Error bars represent the standard deviation of three independent experiments.

壁的亲和能力;将 CBM32 在 $dit1\Delta$ 孢子中表达, 通过 Western blotting 以及荧光定位证实了 CBM32 在体内具有与孢子壁壳聚糖层紧密结 合的能力。将 S. cerevisiae AN109 来源的多糖基 化位点修饰的四聚体 MEL1 应用到孢子表面展 示体系中,与以往通过静电吸附作用展示在孢 子表面的 MEL1 相比,本研究建立的孢子表面 展示 CBM32-MEL1 体系将孢子酶活提高了 68.65%, 最高酶比活力达到 460.59 U/g DCW。 产孢体系中的总酶活结果表明,更多的酶被固 定在孢子表面,这和 CBM32 与孢子壁的高亲和 能力有关。孢子表面展示 CBM32-MEL1 最适反 应条件为 40 °C, pH 4.0 (100 mmol/L 柠檬酸盐 缓冲液),与游离酶相比,孢子表面展示 CBM32-MEL1具有更高的温度稳定性以及更广泛的 pH 稳定性。此外,表面展示 CBM32-MEL1 的孢子 重复使用性能显著高于通过静电吸附所展示 MEL1 孢子的性能。总之,本研究建立的孢子 表面展示系统解决了以往酵母孢子固定化酶活 性低,重复使用能力差的问题^[12,15]。

此外,酵母孢子表面展示体系与芽孢表面 展示体系以及酶固定化纳米材料相比具有优 势。目前,大多数枯草芽孢杆菌芽孢展示体系 是利用芽孢壁的衣壳蛋白作为锚定蛋白,将目 标蛋白与锚定蛋白进行融合以实现目标蛋白展 示在芽孢表面^[2,6-7],而该方法不仅容易使被展 示蛋白因折叠在膜内或嵌入膜上导致活性降 低,而且对于真核来源的多糖基化位点修饰的 复杂蛋白在原核细胞展示体系中不适配,可能 会失活。本研究利用 CBM32 与酿酒酵母孢子壁 壳聚糖层的特异性高亲和能力,实现将目标蛋 白展示在酵母孢子表面,这样避免了展示蛋白 嵌入膜内或在胞内折叠,不破坏蛋白的空间构 象,提高了蛋白的完整性和催化效率;此外, 酿酒酵母孢子为真核来源的蛋白提供了翻译后

修饰过程(糖基化和二硫键异构化等),保证了真 核来源蛋白的生物活性;酿酒酵母孢子比枯草 芽孢的细胞外表面积大,其表面能展示更多的 蛋白,提高了展示效率,可用于多酶组装体系 的构建。与普通酵母营养细胞表面展示系统相 比,酿酒酵母孢子表面展示体系抗逆性好,增 强了表面展示蛋白的稳定性以及可操作性, 使 其能耐受高温、酸碱、蛋白酶 K 以及有机试剂 等^[15-16]。此外,休眠的酵母孢子代谢不活跃, 重复使用能力较好,在生物催化反应过程中不 会出现副产物等,是一种生命活性材料;酿酒 酵母孢子表面展示的蛋白不需要跨膜转运,提 高了蛋白的展示效率。与大多数固定化酶纳米 材料相比^[25-26],我们建立的展示体系是一种潜 在的工程生命材料,在产孢的同时实现了蛋白 的表达和固定化。除了不需要购买商品酶、不 需要单独表达和纯化蛋白等优势外, 酵母孢子 作为休眠体,在一定条件下可以萌发形成单倍 体的营养细胞,经过融合可再次产孢,是一种 潜在的生命材料,可实现材料的再生和循环。

酿酒酵母作为公认的安全菌株,因此本研 究建立的展示体系不仅可用于生物催化,还能 广泛应用于食品、生物医药、材料以及环境治 理等领域。后续我们会将 MEL1 替换成其他多 亚基真核来源的复杂蛋白,如 LXYL-P1-2,该 酶来源于香菇,用于酶法合成紫杉醇,是一个 含有多糖基化位点修饰的四聚体复杂蛋白,在 之前的研究中,由于该蛋白分子量过大,未能 实现在毕赤酵母中的分泌表达^[27],且目前还没 有关于该酶在细胞表面展示的成功案例。此外, 也可将该展示体系与支架蛋白联合起来用于酶 的级联反应,开发生物活性材料。

参考文献

[1] Lee SY, Choi JH, Xu ZH. Microbial cell-surface

display. Trends in Biotechnology, 2003, 21(1): 45-52.

- [2] Liu HL, Yang SJ, Wang XH, Wang TF. Production of trehalose with trehalose synthase expressed and displayed on the surface of *Bacillus subtilis* spores. *Microbial Cell Factories*, 2019, 18(1): 100.
- [3] 张莉. 毕赤酵母 GPI 型细胞壁蛋白基因的挖掘及功 能研究. 华南理工大学博士学位论文, 2014.
- [4] 蔡锟, 储引娣, 黄丕英, 韦良婉, 范恩国. 基于蛋白 质跨外膜自转运系统的细菌细胞表面蛋白展示技术 研究进展. 微生物学报, 2022, 62(2): 458-475.
 Cai K, Chu YD, Huang PY, Wei LW, Fan EG. Trend of bacterial cell surface display: the autodisplay technology. *Acta Microbiologica Sinica*, 2022, 62(2): 458-475. (in Chinese)
- [5] Yang XY, Tang HT, Song MH, Shen Y, Hou J, Bao XM. Development of novel surface display platforms for anchoring heterologous proteins in *Saccharomyces cerevisiae*. *Microbial Cell Factories*, 2019, 18(1): 85.
- [6] 李威杰,刘明刚,李建臻,潘康成.枯草芽孢杆菌表 面展示技术用于黏膜疫苗的研究进展.微生物学报, 2022, 62(1): 65-76.
 Li WJ, Liu MG, Li JZ, Pan KC. Research progress on *Bacillus subtilis* surface display technology for mucosal vaccine. *Acta Microbiologica Sinica*, 2022, 62(1): 65-76. (in Chinese)
- [7] Zhang XP, Al-Dossary A, Hussain M, Setlow P, Li JH. Applications of *Bacillus subtilis* spores in biotechnology and advanced materials. *Applied and Environmental Microbiology*, 2020, 86(17): 01096-20.
- [8] Piekarska I, Rytka J, Rempola B. Regulation of sporulation in the yeast Saccharomyces cerevisiae. Acta Biochimica Polonica, 2010, 57(3): 241–250.
- [9] Briza P, Ellinger A, Winkler G, Breitenbach M. Chemical composition of the yeast ascospore wall. The second outer layer consists of chitosan. *The Journal of Biological Chemistry*, 1988, 263(23): 11569–11574.
- [10] Zhang HN, Tachikawa H, Gao XD, Nakanishi H. Applied usage of yeast spores as chitosan beads. *Applied and Environmental Microbiology*, 2014, 80(16): 5098-5105.
- [11] Lin CP, Kim C, Smith SO, Neiman AM. A highly redundant gene network controls assembly of the outer spore wall in *S. cerevisiae*. *PLoS Genetics*, 2013, 9(8): e1003700.
- [12] Li ZJ, Li Y, Duan SL, Liu J, Yuan P, Nakanishi H, Gao XD. Bioconversion of D-glucose to D-psicose with immobilized D-xylose isomerase and D-psicose 3-epimerase on Saccharomyces cerevisiae spores.

Journal of Industrial Microbiology and Biotechnology, 2015, 42(8): 1117–1128.

[13] 乔颖鑫,李子杰,中西秀树,高晓冬.酿酒酵母孢子表面展示系统的构建及应用.食品与发酵工业,2017,43(6):8-14.

Qiao YX, Li ZJ, Nakanishi H, Gao XD. Construction and application of a novel surface display system on yeast spore. *Food and Fermentation Industries*, 2017, 43(6): 8–14. (in Chinese)

- [14] Chen L, Holmes M, Schaefer E, Mulchandani A, Ge X. Highly active spore biocatalyst by self-assembly of co-expressed anchoring scaffoldin and multimeric enzyme. *Biotechnology and Bioengineering*, 2018, 115(3): 557–564.
- [15] Liu XX, Li ZJ, Chen Z, Wang N, Gao YH, Nakanishi H, Gao XD. Production of L-ribulose using an encapsulated L-arabinose isomerase in yeast spores. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2019, 67(17): 4868–4875.
- [16] Rao J, Zhang RZ, Liang HB, Gao XD, Nakanishi H, Xu Y. Efficient chiral synthesis by Saccharomyces cerevisiae spore encapsulation of Candida parapsilosis Glu228Ser/(S)-carbonyl reductase II and Bacillus sp. YX-1 glucose dehydrogenase in organic solvents. Microbial Cell Factories, 2019, 18(1): 87.
- [17] Das SN, Wagenknecht M, Nareddy PK, Bhuvanachandra B, Niddana R, Balamurugan R, Swamy MJ, Moerschbacher BM, Podile AR. Amino groups of chitosan are crucial for binding to a family 32 carbohydrate binding module of a chitosanase from Paenibacillus elgii. The Journal of Biological Chemistry, 2016, 291(36): 18977–18990.
- [18] Qin Z, Lin S, Qiu YJ, Chen QM, Zhang Y, Zhou JC, Zhao LM. One-step immobilization-purification of enzymes by carbohydrate-binding module family 56 tag fusion. *Food Chemistry*, 2019, 299: 125037.
- [19] Lin S, Qin Z, Chen QM, Fan LQ, Zhou JC, Zhao LM. Efficient immobilization of bacterial GH family 46 chitosanase by carbohydrate-binding module fusion for the controllable preparation of chitooligosaccharides. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2019,

67(24): 6847-6855.

- [20] Shinya S, Nishimura S, Kitaoku Y, Numata T, Kimoto H, Kusaoke H, Ohnuma T, Fukamizo T. Mechanism of chitosan recognition by CBM32 carbohydrate-binding modules from a *Paenibacillus* sp. IK-5 chitosanase/glucanase. *The Biochemical Journal*, 2016, 473(8): 1085–1095.
- [21] Lv XQ, Wu YK, Tian RZ, Gu Y, Liu YF, Li JH, Du GC, Ledesma-Amaro R, Liu L. Synthetic metabolic channel by functional membrane microdomains for compartmentalized flux control. *Metabolic Engineering*, 2020, 59: 106–118.
- [22] Yang XY, Liu JH, Zhang J, Shen Y, Qi QS, Bao XM, Hou J. Quorum sensing-mediated protein degradation for dynamic metabolic pathway control in *Saccharomyces cerevisiae. Metabolic Engineering*, 2021, 64: 85–94.
- [23] Shi LB, Li ZJ, Tachikawa H, Gao XD, Nakanishi H. Use of yeast spores for microencapsulation of enzymes. *Applied and Environmental Microbiology*, 2014, 80(15): 4502–4510.
- [24] Álvarez-Cao ME, Cerdán ME, González-Siso MI, Becerra M. Optimization of Saccharomyces cerevisiae α-galactosidase production and application in the degradation of raffinose family oligosaccharides. Microbial Cell Factories, 2019, 18(1): 172.
- [25] Bayramoglu G, Celikbicak O, Kilic M, Yakup Arica M. Immobilization of *Candida rugosa* lipase on magnetic chitosan beads and application in flavor esters synthesis. *Food Chemistry*, 2022, 366: 130699.
- [26] Yu XX, Zhang ZY, Li JZ, Su YJ, Gao MY, Jin TW, Chen G. Co-immobilization of multi-enzyme on reversibly soluble polymers in cascade catalysis for the one-pot conversion of gluconic acid from corn straw. *Bioresource Technology*, 2021, 321: 124509.
- [27] Cheng HL, Zhao RY, Chen TJ, Yu WB, Wang F, Cheng KD, Zhu P. Cloning and characterization of the glycoside hydrolases that remove xylosyl groups from 7-β-xylosyl-10-deacetyltaxol and its analogues. *Molecular & Cellular Proteomics*, 2013, 12(8): 2236–2248.