

# Research Article 研究报告

# 在大肠杆菌中拓展合成途径合成异胡椒醇

马文晓,陈弼致,孟春,王航\*

福州大学生物科学与工程学院, 福建 福州 350108

马文晓,陈弼致,孟春,王航. 在大肠杆菌中拓展合成途径合成异胡椒醇[J]. 微生物学报, 2023, 63(3): 1243-1253. MA Wenxiao, CHEN Bizhi, MENG Chun, WANG Hang. Expanding the pathway to synthesize isopiperitenol in *Escherichia coli*[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2023, 63(3): 1243-1253.

摘 要: 天然异胡椒醇作为一种植物来源香料,具有很高的经济价值。目前国内外还未见利用大肠杆菌工程菌株转化生产异胡椒醇的报道。【目的】构建工程菌,采用生物合成方法获得天然香料 异胡椒醇。【方法】对来自胡椒薄荷的细胞色素 P450 家族的柠檬烯-3-羟化酶(LIM3H)基因 PM2 进 行改造,截短 LIM3H 的 N 端疏水区,分别添加 17α 短肽或 2B1 短肽增加其亲水性,采用 CO 差示 光谱法检测 LIM3H 活性;将 N 端疏水区截短后的来自拟南芥(Arabidopsis thaliana)的 NADPH-细胞 色素 P450 还原酶基因(trATR)和修饰后 LIM3H 基因(Modi-LIM3H)融合后表达,最终以柠檬烯为底 物进行全细胞转化。【结果】3 种 N 端修饰 LIM3H 基因均检测到 LIM3H 表达和异胡椒醇生成,其 中 17α 短肽修饰后的蛋白表达量最高,异胡椒醇产量达到 1.94 mg/L。【结论】本研究在大肠杆菌中 增加外源 LIM3H 与 ATR,成功催化柠檬烯生成异胡椒醇,为天然异胡椒醇的生产提供了新的方法。

关键词:柠檬烯-3-羟化酶;大肠杆菌;N端修饰;异胡椒醇

# Expanding the pathway to synthesize isopiperitenol in *Escherichia coli*

#### MA Wenxiao, CHEN Bizhi, MENG Chun, WANG Hang<sup>\*</sup>

College of Biological Science and Engineering, Fuzhou University, Fuzhou 350108, Fujian, China

**Abstract:** As a plant-derived aromatic compound, isopiperitenol has a high economic value. Little is known about the production of isopiperitenol in *Escherichia coli* engineering strains.

资助项目: 福建省自然科学基金(2022J01094)

This work was supported by the Fujian Provincial Natural Science Foundation (2022J01094).

<sup>\*</sup>Corresponding author. Tel: +86-591-22866379, E-mail: whbio@foxmail.com

Received: 2022-08-01; Accepted: 2022-10-09; Published online: 2022-10-20

**[Objective]** To construct the engineering strains of *E. coli* for the biosynthesis of natural isopiperitenol. **[Methods]** We modified the limonene-3-hydroxylase (LIM3H) gene *PM2* of cytochrome P450 family from *Mentha*×*piperita* by truncating the N-terminal hydrophobic region or adding 17 $\alpha$  short peptide or 2B1 short peptide of LIM3H to increase its hydrophilicity. The activity of LIM3H was detected by CO differential spectroscopy. The NADPH-cytochrome P450 reductase gene with truncated N-terminal hydrophobic region (*trATR*) from *Arabidopsis thaliana* was fused with the modified *LIM3H* (*Modi-LIM3H*) gene and the fusion gene was expressed in *E. coli*. The obtained fusion protein was used to catalyze the production of isopiperitenol from limonene. **[Results]** LIM3H expression and isopiperitenol production were detected in all the strains with the *LIM3H* N-terminus modified in three different ways. The *LIM3H* modified by addition of 17 $\alpha$  short peptide showed the highest protein level, and the strain carrying this modified gene had the highest yield (1.94 mg/L) of isopiperitenol. **[Conclusion]** In this study, exogenous *LIM3H* and *ATR* were introduced into *E. coli* and the fusion protein catalyzed the production of isopiperitenol.

Keywords: limonene-3-hydroxylase; Escherichia coli; N-terminal modification; isopiperitenol

异胡椒醇即 3-甲基-6-(1-甲基乙烯)-2-环己 烯-1-醇,又称异薄荷二烯醇、异紫堇醇<sup>[1]</sup>,是主 要在苏菲亚玫瑰草和胡椒薄荷微粒体中存在的 一种天然香料,也是薄荷醇、薄荷酮、青蒿素等 重要药用物质生物转化途径中的必要前体<sup>[2-3]</sup>。 由于受季节性限制以及自然生长周期较长,从天 然植物中提取异胡椒醇存在成本高、纯化困难以 及产率低等问题;化学反应合成生物安全性难以 保证;基于代谢工程的微生物合成异胡椒醇被认 为是可工业化的合成"天然"香料的新方法。

植物中异胡椒醇的生物合成途径以柠檬烯 为底物,通过细胞色素 P450 还原酶传递电子, 由柠檬烯-3-羟化酶催化生成。1998 年, van Dyk 等<sup>[4]</sup>将柠檬烯作为黑色酵母样真菌 *Hormonema* sp. UOFS Y-0067 的底物,首次报道了通过微生 物合成途径得到异胡椒醇。Haudenschild 等<sup>[5]</sup>在 酿酒酵母 WAT21 和大肠杆菌 JM109 中表达出 2 种有活性的 LIM3H: *PM2* 和 *PM17*,通过构建 体外微粒体重组膜系统证明了 LIM3H 催化柠檬 烯生成异胡椒醇的能力。2021 年, Schempp 等<sup>[6]</sup> 从出芽短梗霉(Aureobasidium pullulans)中筛选 并鉴定出柠檬烯-3-羟化酶功能蛋白 CYP65FA1, 并命名为 L3H. Ap,将其基因转入毕赤酵母中, 利用高浓度酵母(*OD*<sub>600</sub>=2 250)在 100 mL 密闭玻 璃瓶中发酵 51 h,获得 165 mg/L 异胡椒醇。

本研究中,我们对真核来源 LIM3H N 端进 行修饰,获得了在大肠杆菌中具有生物活性的蛋 白,并与拟南芥 NADPH-细胞色素 P450 还原酶 (*Arabidopsis thaliana* NADPH-cytochrome P450 reductase, ATR)在大肠杆菌中融合表达,成功催 化柠檬烯合成异胡椒醇。

# 1 材料与方法

#### 1.1 材料

PM2 基因(GenBank 登录号为 AF124817)由安 徽滁州通用生物公司合成, ATR 基因(GenBank 登 录号为 X66017.1)由南京金斯瑞公司合成; 大肠杆 菌 BL21(DE3)为本实验室保存; pETDuet-1 载体为 本实验室保存。S-柠檬烯购自 Sigma 公司, 异胡 椒醇对照品由上海纳孚生物公司定制, Taq 酶、限 制性内切酶、T4 连接酶购自 TaKaRa 公司, DNA 提取、无缝克隆试剂盒购自南京诺唯赞生物公司, 其他试剂为国产分析纯。

#### 1.2 LIM3H 载体构建和表达

将 PM2 基因构建在 pETDuet-1 载体的 Nco I 和 Not I 酶切位点之间,重组质粒转入大肠杆菌 BL21(DE3)中得到重组菌株 BL21-Duet-PM2。

将重组菌株 BL21-Duet-PM2 按接种量 1% (体积分数)接种于 4 mL 氨苄(ampicillin, Amp)抗 性的 LB 试管培养基中, 37 ℃、200 r/min 条件 下培养至  $OD_{600}$  约 0.6 时加入 0.5 mmol/L IPTG、 1 mmol/L 氨基乙酰丙酸(aminolevulinic acid, ALA)和 0.5 mmol/L 的硫酸铁铵。37 ℃、200 r/min 振荡培养 16 h, 通过 SDS-PAGE 电泳验证目的 蛋白表达情况。

#### 1.3 LIM3H 二级结构分析及 N 端修饰

在ExPASy网站(https://web.expasy.org/protparam/) 对该基因编码蛋白质的理论相对分子质量和理 论等电点进行预测,使用 TMpred (https://embnet. vital-it.ch/software/TMPRED\_form.html) 对该基 因编码蛋白质的跨膜区进行预测,使用 SignalP 5.0 (http://www.cbs.dtu.dk/services/SignalP/)对该 基因编码蛋白质的信号肽进行预测。最后根据预

#### 表1 引物序列

#### Table 1 Primer sequences

测的跨膜区及信号肽序列设计对 LIM3H 的修饰。

设计 *PM2* 基因不含 5'端 4-69 bp 的 5'端引 物(表 1),通过 PCR 得到截短的 *PM2* (*trPM2*); 将 2 种不同的亲水性修饰片段 17α 和 2B1 序列 通过 5'端引物设计加入到 *trPM2* 中,分别得到 *17αtrPM2*、2*B1trPM2*。

分别以表 1 中引物 2/5、3/5、4/5 为上下游 引物,以 *PM2* 为模板, PCR 产物分别克隆至 pETDuet-1 载体 *Nco* I 和 *Not* I 酶切位点之间,并 转化至表达菌 BL21(DE3)中,得到 BL21-Duet-trPM2、BL21-Duet-17αtrPM2、BL21-Duet-2B1trPM2 三种重组菌株,经修饰后表达的 LIM3H 统称为 Modified LIM3H (Modi-LIM3H)。 通过琼脂糖凝胶电泳和测序验证阳性转化菌。

#### 1.4 Modi-LIM3H 蛋白浓度测定

采用 Omura 等于 1964 年报道的 CO 差示光 谱法测定<sup>[7]</sup>。

#### 1.5 ATR 与 Modi-LIM3H 融合

以表 1 中引物 6/7 为上下游引物,以携带有 ATR 基因的 pETDuet-1 载体为模板,扩增得到 trATR 基因,同源重组至 pETDuet-1 的 MCS2 Nde I 和 Xho I 酶切位点之间得到重组质粒 pETDuet-trATR。

|     | Finnel sequences    |  |
|-----|---------------------|--|
| No. | Primer name         | Sequences $(5' \rightarrow 3')$  |
| 1   | Duet-PM2-F          | TTAAGAAGGAGATATACCATGGAACTGCTGCAGCTG   |
| 2   | Duet-trPM2-F        | AGAAGGAGATATACCATGGAAAATCAGTGGCGC  |
| 3   | Duet-17atrPM2-F     | GAAGGAGATATACC <u>ATGGCTCTGTTATTAGCAGTTTTT</u> ATGGAAAATCAGTG<br>GCG                                   |
| 4   | Duet-2B1trPM2-F     | AAGAAGGAGATATACC <u>ATGGCTAAGAAAACGAGCTCTAAAGGGAAGCTCC</u><br><u>CACCAGGACCTAGC</u> ATGGAAAATCAGTGGCGC |
| 5   | Duet-PM2-R          | CATTATGCGGCCGCTTAGCTAGACGGAT   |
| 6   | Duet-trATR-F        | TAAGAAGGAGATATACATATGGGCAGCGGCAACTCGAAGC   |
| 7   | Duet-trATR-R        | CTTTACCAGACTCGAGTTACCACACATCGCGCAGATA  |
| 8   | Duet-FX-Fus-F(trAt) | <b>GGATCTATCTCTTCAGGATCCGGA</b> ATGGGCAGCGGCAACT   |
| 9   | Duet-FX-Fus-R(trAt) | CCATGGTATATCTCCTTCTTAAAGTTAAACAAAATTATT  |
| 10  | Duet-PM2FUS-R       | TCCGGATCCTGAAGAGATAGATCCGCTAGACGGATCATACGGGGT  |

Underscore: Hydrophilic modified peptides; Bold: Linker.

以重组质粒 pETDuet-*trATR* 为模板,以表 1 中引物 8/9 为上下游引物,通过反向 PCR 扩增 出携带有 *trATR* 基因的 pETDuet-1 线性化质粒。 分别以表 1 中引物 2、3、4 为上游引物,引物 10 为下游引物对 *PM2* 进行扩增,人工构建 Modi-LIM3H 与 trATR 的融合蛋白,得到重组菌 株 BL21-Fus-trPM2-trATR、BL21-Fus-17αtrPM2trATR、BL21-Fus-2B1trPM2-trATR。各重组菌株 蛋白表达方法同 1.2。

#### 1.6 全细胞反应

将融合表达菌株按 1%接种量接种至 200 mL LB 培养基中, 37 ℃、200 r/min 培养至 *OD*<sub>600</sub> 约 为 0.4-0.6 时,添加终浓度 0.2 mmol/L IPTG、 1 mmol/L ALA、0.5 mmol/L 硫酸铁铵, 16 ℃诱 导 16 h,离心收集菌体重悬至 30 mL LB 培养基 中,并加入终浓度 2.5 g/L (S)-柠檬烯、15 g/L 葡 萄糖,于 32 ℃进行全细胞催化,反应于 24 h 后 终止。

#### 1.7 产物分析方法

采用安捷伦 MSD5977A 气相色谱-质谱联用 (GC-MS) 仪 进行 分析。色谱条件:色谱柱 Hp-INNOWAX (30 m×0.250 mm×0.25 µm);检测 器为 TCD;进样口温度 250 ℃;压力 7 psi;载 气为氦气,总流量 19 mL/min;进样模式为标准, 不分流;隔垫吹扫流量:3 mL/min。质谱电离方 式:EI;电子能量 70 eV;扫描方式:全扫描。 升温程序:初始温度 40 ℃,保持 5 min。按 15 ℃/min 升温,升至 240 ℃,保持 5 min。

异胡椒醇对照品合成:委托上海纳孚生物科技 有限公司通过化学合成的方法得到了纯度>95%的 异胡椒醇对照品,并进行了核磁氢谱(HNMR)与液 相色谱-质谱联用(LCMS)检测[HNMR 和 LCMS 数 据已提交到国家微生物科学数据中心 NMDC (http://nmdc.cn),编号为 NMDCX0000143]。 样品预处理:取1mL发酵液于2mLEP管中,加入0.6g的磷酸氢二钾,加入200µL乙酸乙酯溶剂,旋涡振荡直至磷酸氢二钾完全溶解,4℃、5000×g离心10min,取上层有机相进行GC-MS检测。

# 2 结果与分析

## 2.1 薄荷来源 LIM3H 在 E. coli 中异源表达 策略

在胡椒薄荷中(图 1A),微粒体细胞色素 P450 LIM3H 在柠檬烯(1)烯丙基位置引入一个 氧原子,产生(-)-反式异胡椒醇(2)。为了具有催 化活性,P450 必须与细胞色素 P450 还原酶 (cytochrome P450 reductase, CPR)结合,CPR 将 2个电子从NAD(P)H顺序转移到 P450 血红素中 心<sup>[8]</sup>。

从 Uniprot 蛋白质序列数据库中查询到 *PM2* 对应的蛋白质序列 CYP71D15, 通过在线分析软 件 TMpred,确定其跨膜区为 3-23 aa。ExPASy 分析表明 *PM2* 基因全长 1 497 bp,共编码 498 个氨基酸,理论等电点为 pI 8.30。为了使 LIM3H 在 *E.coli* 中可溶性表达产生活性蛋白,对其跨膜 区结构设计了 3 种修饰方法(图 1B),修饰方法 1 仅截除其 N 端输水区,修饰方法 2、3 分别在截 短后的序列 N 端再接上一段亲水性修饰短肽 17α、2B1 从而促进其可溶性表达,3 种修饰方 法统称为 Modi-LIM3H。

#### 2.2 Modi-LIM3H 蛋白表达及优化

*PM2* 基因编码蛋白质的理论分子量为 54.89 kDa。如图 2 所示,图中 A、B、C 分别表 示 BL21-Duet-PM2 在不同诱导温度、诱导时间 以及不同 IPTG 诱导浓度下全菌的蛋白表达情 况,蛋白电泳在 50-70 kDa 之间均未检测到外源 基因的过表达情况。



#### 图 1 LIM3H 催化反应过程及改造和表达策略

Figure 1 LIM3H catalytic reaction process and transformation and expression strategies. A: LIM3H catalytic reaction. B: LIM3H transformation and expression strategies.





Figure 2 Protein expression optimization of LIM3H and Modi-LIM3H. A: LIM3H recombinant strain at different induction temperatures with 0.5 mmol/L IPTG for 16 h. B: LIM3H recombinant strain at different induction times with 0.5 mmol/L IPTG in 37 °C. C: LIM3H recombinant strain at different IPTG inducing concentrations in 37 °C for 16 h. D–F: Modi-LIM3H protein expression induced by 0.2 mmol/L IPTG at 16 °C for 16 h. M: Marker; 1: Uninduced; 2: Whole bacteria; 3: Supernatant; 4: Precipitation. D: BL21-Duet-trPM2. E: BL21-Duet-17αtrPM2. F: BL21-Duet-2B1trPM2.

根据基因改造示意图构建 3 种 LIM3H N 端 修饰的重组菌,分别对 Modi-LIM3H 蛋白表达的 诱导温度、时间及 IPTG 浓度进行优化,确定了 最佳诱导条件为 0.2 mmol/L IPTG 在 16 ℃诱导 16 h,图 2D、2E、2F 分别表示 BL21-Duet-trPM2、 BL21-Duet-17αtrPM2、BL21-Duet-2B1trPM2 三 种菌株在最佳诱导条件下的蛋白表达情况,其中



BL21-Duet-17atrPM2蛋白上清表达量最高。

LIM3H 属于 P450 家族,根据 P450 具有特 定索瑞吸收峰的特性,测定了其在还原态下与 CO 的吸收光谱,结果显示,BL21-Duet-trPM2、 BL21-Duet-17αtrPM2、BL21-Duet-2B1trPM2 菌 株均在 450 nm 处显示出有吸收峰(图 3A),重组 菌株表达出的 LIM3H 具有酶活性。



#### 图 3 Modi-LIM3H CO 吸收光谱和活性 LIM3H 蛋白浓度

Figure 3 Modi-LIM3H CO absorption spectrum and protein concentration of active LIM3H. A: CO absorption spectrum. B: Protein concentration of active LIM3H. According to the one-way ANOVA test to analyze the significance between the data of each group. \*\*\*\*: There is a significant difference.

根据 CO 还原前、后的  $\Delta A_{450}$  与  $\Delta A_{490}$  吸光 值之差代入 Omura<sup>[7]</sup>的公式,我们得到各菌株表 达的活性 LIM3H 蛋白浓度(图 3B)。其中, BL21-Duet-17αtrPM2 表达的 LIM3H 浓度最高, 为 278 nmol/L。表 2 中详细展示了各菌株 CO 还 原前后的  $\Delta A_{450}$  与  $\Delta A_{490}$  数值。

### 2.3 ATR 与 Modi-LIM3H 融合及全细胞 转化

通过同源重组成功构建了 Modi-LIM3H 与 ATR 的融合表达菌株: BL21-Fus-trPM2-trATR、 BL21-Fus-17αtrPM2-trATR 和 BL21-Fus-2B1trPM2trATR,经测序比对完全正确。在 Modi-LIM3H

表 2 Modi-LIM3H CO 还原前后  $\Delta A_{450}$  与  $\Delta A_{490}$  值 Table 2  $\Delta A_{450}$  and  $\Delta A_{490}$  values before and after Modi-LIM3H CO reduction

| Strain             | $\Delta A_{450}$ | $\Delta A_{490}$ |  |
|--------------------|------------------|------------------|--|
| BL21-Duet-trPM2    | 0.009 7          | 0.007 2          |  |
| BL21-Duet-17atrPM2 | 0.038 4          | 0.013 2          |  |
| BL21-Duet-2B1trPM2 | 0.142 0          | 0.157 0          |  |

最佳诱导条件下对3株重组菌株进行SDS-PAGE 蛋白电泳验证。

3 种融合蛋白理论分子量分别为 123.16 kDa、 124.04 kDa、124.92 kDa。如图 4 所示, BL21-Fus-trPM2-trATR 仅在全菌中观察到融合蛋白的微 量表达, BL21-Fus-17αtrPM2-trATR、BL21-Fus-2B1trPM2-trATR 两株菌均可在 100-135 kDa marker 之间观察到明显的蛋白过表达情况。

经 GC-MS 检测, 异胡椒醇对照品离子流色 谱图(TIC)(图 5A)在 14.4 min 出峰, 而重组的融 合表达菌株全细胞催化反应产物也在该位置有 丰度最强信号峰。提取异胡椒醇对照品和 BL21-Fus-17αtrPM2-trATR 在 14.4 min 的质谱图 进行比对(图 6A、6B),它们的主要特征峰均相 似,表明在保留时间 14.4 min 时的色谱峰即目标 产物异胡椒醇。最终,由异胡椒醇标准曲线可知, BL21-Fus-17αtrPM2-trATR 的产物浓度最高为 1.94 mg/L。



#### 图 4 融合表达菌株的蛋白表达情况

Figure 4 Protein expression of fusion expression strains. A: BL21-Fus-trPM2-trATR. B: BL21-Fus-17αtrPM2-trATR. C: BL21-Fus-2B1trPM2-trATR. M: Marker; 1: Uninduced; 2: Whole bacteria; 3: Supernatant; 4: Precipitation.



异胡椒醇 TIC 图及其在各重组菌中的产量 图 5

Figure 5 TIC of isopiperitenol and its yield in each recombinant strain. A: TIC chart of isopiperitenol reference substance. B: Chromatogram of transformed products by fusion expression strain. C: Yield of transformation products of recombinant strain. \*\*: T-test shows significant differences, ns: T-test shows no significant differences.



#### 图 6 异胡椒醇质谱图

Figure 6 Mass spectra of isopiperitenol. A: Mass spectra of isopiperitenol reference substance at t=14.4 min. B: Mass spectra of BL21-Fus-17 $\alpha$ trPM2-trATR at t=14.4 min.

# 3 讨论与结论

研究表明<sup>[9]</sup>,由于真核 CYP450 及其还原蛋 白均在其 N 端有一段疏水性螺旋区域,导致异 源表达水平偏低甚至不表达。本研究中,构建的 *PM2* 基因重组菌在不同诱导温度、诱导时间以 及不同 IPTG 诱导浓度下均未检测到外源基因的 过表达情况。

Ichinose 等<sup>[10]</sup>的研究表明,用适当的 "chimeric partners"替换 N 末端结构域可以改善 许多 P450 的异源表达,尽管这些"partners"并不 总是对其他 P450 有效。根据真核来源 P450 在 大肠杆菌中成功表达的报道,我们设计了 3 种对 于 LIM3H 异源表达的 N 端修饰。

第一种是将 PM2 基因的 5'端疏水区基因截 除,这种 N 端截短的方法曾被用来提高哺乳动物 P450 酶在大肠杆菌中表达的溶解度<sup>[11]</sup>。麦婉 莹等<sup>[12]</sup>指出,真菌来源的 P450 基因 Au8002 只 有敲除 N 端疏水区序列全长时才能实现蛋白可 溶性表达。基于 LIM3H 生物信息学分析的结果,它的跨膜区存在于第 3-23 aa,结合文献[12],我们设计敲除其 2-23 aa 得到 trPM2。

牛心 17α 羟化酶最早是在 1991 年由 Barnes 等<sup>[13]</sup>发现,在大肠杆菌 JM109 中可以重建羟化 酶的酶活性,开创了真核来源 P450 在大肠杆菌 中表达的先例。Haudenschild<sup>[5]</sup>根据这种设计方 法,以牛心 17α 羟化酶上 7 个氨基酸的短肽替换 limonene-6-hydroxylase (LIM6H)和 LIM3H 的 N 端疏水区,在大肠杆菌中重建了 LIM6H 和 LIM3H 的酶活性,*PM2* 基因编码的 LIM3H 含量 达到 500 nmol/L,随后作者通过整合了 ATR 酵 母微粒体膜提取物与纯化的 LIM3H 构建了体外 重组反应,通过 GC-MS 检测到了异胡椒醇的产 生(未定量)。

Effendi 等<sup>[14]</sup>在 2007 年、Li 等<sup>[9]</sup>在 2019 年 还应用了另外一种亲水性短肽 2B1 替换 P450s 的 N 端疏水区,通过与长春花和拟南芥的 CPR 重组,分别实现了异黄酮和黄岑素在大肠杆菌中 的全细胞催化转化。

为了促进 LIM3H 更好地可溶性表达,本研 究将 2 种不同的亲水性修饰片段 17α 和 2B1 序 列通过 PCR 加入到 *trPM2* 5'端。结果表明,N 端截短及 2 种 N 端替换修饰均可以有效促进 LIM3H 在大肠杆菌中蛋白表达的可溶性,其中 17α 修饰的可溶性蛋白表达量最高。

由于大肠杆菌中 CPR 的缺失, P450 在细胞 内无法发挥活性作用,因此还需外源导入一段 CPR 基因,而遗憾的是薄荷的 CPR 基因序列至 今还未见报道。参考植物细胞 P450 在大肠杆菌 中能够实现全细胞催化的相关报道<sup>[5,9,15]</sup>,ATR 对其他非拟南芥 P450 酶具有协同作用,可作为 一个较好的还原伴侣蛋白应用于酶的催化反应。 与原核的恶臭假单胞菌 P450 类似<sup>[16]</sup>,可以通过 将 LIM3H 基因与 ATR 基因用一定长度的柔性肽 链(linker)连接在一起构建成人工融合的蛋白,以 满足 LIM3H 对氧化还原蛋白的需求以及防止 2 个相近的蛋白结构折叠错误。Effendi<sup>[14]</sup>报道了 异黄酮合酶与长春花 CPR 在融合表达时所选用 的一种 linker, 该片段编码多肽序列 GSTSSGSG。我们应用这个 linker 成功将 ATR 与 LIM3H 融合表达出有活性的蛋白,将柠檬烯 转化为异胡椒醇。

本研究中,LIM3H 上清蛋白表达量最高的 修饰菌株 BL21-Duet-17αtrPM2, 其对应的融合 菌株异胡椒醇产量也最高。该菌株在摇瓶中转化 24 h 的终产量为 1.94 mg/L, 与 Schempp 等<sup>[6]</sup>报 道的酵母菌株浓缩前在最佳发酵条件下转化产 量相当。对 PM2 和 L3H. Ap 碱基序列进行 blast 比对发现, 二者没有显著的相似性, 这可能归因 于它们的种属来源不同, PM2 来源于胡椒薄荷 (Mentha×piperita), 而 L3H. Ap 从出芽短梗霉菌 (Aureobasidium pullulans)中筛选得到。它们在 催化功能上也存在一些差异, L3H. Ap 对底物 特异性较弱,不仅可以催化柠檬烯,还可以催 化 α-蒎烯、β-蒎烯和 3-蒈烯的羟化。而 PM2 表 达的 LIM3H 选择特异性较强<sup>[17]</sup>,仅催化柠檬 烯。由于底物柠檬烯的强挥发性以及微溶于水 的特性,目前异胡椒醇产量提升仍面临着巨大 的挑战。

综上所述,本研究以编码 LIM3H 的 PM2 为研究对象,重点探索了植物来源 P450 酶在大 肠杆菌中经不同 N 端修饰后蛋白的可溶性表达 情况以及以 ATR 为电子传递蛋白构建融合表达 蛋白,最终成功在大肠杆菌中合成了异胡椒醇。

#### 参考文献

 陈吟, 亓希武, 徐东北, 陈泽群, 房海灵, 梁呈元. 薄荷柠檬烯-6-羟化酶基因(MhL6OH)的克隆与表达 分析[J]. 植物资源与环境学报, 2019, 28(2): 25-31.
 CHEN Y, QI XW, XU DB, CHEN ZQ, FANG HL, LIANG CY. Cloning and expression analysis on limonene-6-hydroxylase gene (MhL6OH) of Mentha haplocalyx[J]. Journal of Plant Resources and Environment, 2019, 28(2): 25-31 (in Chinese).

- [2] NÍ CA, MANSELL DAVID J, TOOGOOD HELEN S, SHIRLEY T, ANTONIOS L, SCRUTTON NIGEL S, GARDINER JOHN M. Chemoenzymatic synthesis of the intermediates in the peppermint monoterpenoid biosynthetic pathway[J]. Journal of Natural Products, 2018, 81(7): 1546-1552.
- [3] 薛劲松,李鸿雁,傅强,马世平. 左旋薄荷酮抗抑郁 作用及机制研究[J]. 药学与临床研究, 2015, 23(3): 238-241.

XUE JS, LI HY, FU Q, MA SP. Antidepressant-like effects of L-menthone in depressed mice and its possible mechanisms[J]. Pharmaceutical and Clinical Research, 2015, 23(3): 238-241 (in Chinese).

- [4] van DYK M, van RENSBURG E, MOLELEKI N. Hydroxylation of ()limonene, (-)α-pinene and (-)β-pinene by a *Hormonema* sp.[J]. Biotechnology Letters, 1998, 20(4): 431-436.
- [5] HAUDENSCHILD C, SCHALK M, KARP F, CROTEAU R. Functional expression of regiospecific cytochrome P450 limonene hydroxylases from mint (*Mentha* spp.) in *Escherichia coli* and *Saccharomyces cerevisiae*[J]. Archives of Biochemistry and Biophysics, 2000, 379(1): 127-136.
- [6] SCHEMPP FLORENCE M, INGMAR S, ETSCHMANN MARIA MW, ELENA B, JOHANNES P, HENDRIK S, JENS S, MARKUS B. Identification of fungal limonene-3-hydroxylase for biotechnological menthol production[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2021, 87(10): e02873-20.
- [7] OMURA T, SATO R. The carbon monoxide-binding pigment of liver microsomes[J]. Journal of Biological Chemistry, 1964, 239(7): 2370-2378.
- [8] HUSSAIN R, AHMED M, KHAN TA, AKHTER Y. Fungal P450 monooxygenases - the diversity in catalysis and their promising roles in biocontrol activity[J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2020, 104(3): 989-999.
- [9] LI JH, TIAN CF, XIA YH, MUTANDA I, WANG KB, WANG Y. Production of plant-specific flavones baicalein and scutellarein in an engineered *E. coli* from available phenylalanine and tyrosine[J]. Metabolic

Engineering, 2019, 52: 124-133.

- [10] ICHINOSE H, HATAKEYAMA M, YAMAUCHI Y. Sequence modifications and heterologous expression of eukaryotic cytochromes P450 in *Escherichia coli*[J]. Journal of Bioscience and Bioengineering, 2015, 120(3): 268-274.
- [11] WILLIAMS PA, COSME J, SRIDHAR V, JOHNSON EF, McREE DE. Mammalian microsomal cytochrome P450 monooxygenase[J]. Molecular Cell, 2000, 5(1): 121-131.
- [12] 麦婉莹,洪葵. 真菌细胞色素 P450 在大肠杆菌中的 表达[J]. 微生物学通报, 2019, 46(5): 1092-1099.
  MAI WY, HONG K. Heterologous expression of a fungal cytochrome P450 in *Escherichia coli*[J].
  Microbiology China, 2019, 46(5): 1092-1099 (in Chinese).
- [13] BARNES HJ, ARLOTTO MP, WATERMAN MR. Expression and enzymatic activity of recombinant cytochrome P450 17 alpha-hydroxylase in *Escherichia coli*[J]. PNAS, 1991, 88(13): 5597-5601.
- [14] EFFENDI L, KOFFAS MATTHEOS AG. Engineering of artificial plant cytochrome P450 enzymes for synthesis of isoflavones by *Escherichia coli*[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2007, 73(22): 7246-7251.
- [15] MORRONE D, CHEN XM, COATES RM, PETERS RJ. Characterization of the kaurene oxidase CYP701A3, a multifunctional cytochrome P450 from gibberellin biosynthesis[J]. The Biochemical Journal, 2010, 431(3): 337-344.
- [16] MUNRO AW, GIRVAN HM, MCLEAN KJ. Cytochrome P450-redox partner fusion enzymes[J]. Biochimica et Biophysica Acta – General Subjects, 2007, 1770(3): 345-359.
- [17] WÜST M, LITTLE DB, SCHALK M, CROTEAU R. Hydroxylation of limonene enantiomers and analogs by recombinant (-)-limonene 3- and 6-hydroxylases from mint (*Mentha*) species: evidence for catalysis within sterically constrained active sites[J]. Archives of Biochemistry and Biophysics, 2001, 387(1): 125-136.