

转座子 Tn5 对柠檬酸细菌的诱变

王敖全 尹萍 陈秀珠

(中国科学院微生物研究所, 北京)

含自杀性质粒 PJB4JI::Mu::Tn5 的大肠杆菌 1830 与四株柠檬酸细菌作接合杂交均能获得 Kan^r 转移接合子。其中一株 (C-3-1) 的 Kan^r 转移接合子中绝大部分对庆大霉素敏感。鉴别了 3000 个这样的转移接合子菌落获得了 21 株营养缺陷型, 其中赖氨酸 1 株, 尿嘧啶 1 株, 精氨酸 2 株, 异亮氨酸 2 株, 组氨酸 2 株, 甲硫氨酸 1 株, 苯丙氨酸 1 株, 酪氨酸 1 株, 丝氨酸 1 株, 苏氨酸 1 株, 亮氨酸 3 株, 脯氨酸 1 株, 腺嘌呤 3 株和乳糖利用 1 株。用琼脂糖电泳检查部分营养缺陷型突变体 DNA 均未发现自杀性质粒 PJB4JI::Mu::Tn5, 以³²P 标记的 Tn5 DNA 为探针与每个营养缺陷型的染色体作杂交均看到了 Tn5 DNA 同源序列的存在。由此得出结论, 这些营养缺陷型产生于转座子 Tn5 从自杀性质粒 PJB4JI 到 C-3-1 染色体的转座。

关键词 柠檬酸细菌; 转座子诱变; 转座子; 自杀性质粒

柠檬酸细菌 (*Citrobacter*) 能有效地将 TNT 转化为对人体和动物无害的物质, 并成功地应用于 TNT 炸药厂的废水处理, 作者试图在这一微生物中开展遗传研究。

由于转座子运载体的不断改进, 转座子在细菌遗传操作中的应用日趋广泛。目前人们已能对大肠杆菌以外的许多革兰氏阴性菌作转座子诱变。Meade, H. M. 等用 Tn5 诱变苜蓿根瘤菌 (*Rhizobium meliloti*) 获得了共生缺陷突变体和各种营养缺陷型突变体^[1]。在此微生物中, Duncan 等用 Tn5 诱变还分离到一系列不能利用碳水化合物的插入突变体^[2]; 此外转座子还成功地用于假单孢菌亚种 (*Pseudomonas spp.*)^[3], 土壤农杆菌 (*Agrobacterium*)^[4] 和软腐病欧文氏菌 (*Erwinia*)^[5] 等, 以研究染色体 DNA 和质粒 DNA 的功能。本文报导转座子 Tn5 对柠檬酸细菌 *Citrobacter* 的诱变结果。

材料和方法

(一) 细菌菌株和质粒

见表 1。

(二) 培养基

LB 培养基和基础培养基按参考文献 [6] 配制。

(三) 转座子诱变

分别取 0.1ml 对数生长期的供体和受体细胞于 LB 培养基上混合, 并涂匀, 置 30℃ 培养 8h, 取等体积的供体和受体细胞单独涂布 LB 培养基作对照。以生理盐水将上述培养基上生长的菌体洗下, 适当稀释后涂布于含卡那霉素和利福平的 LB 选择培养基上, 对受体细胞作活菌计数, 以计算 Kan^r 转移频率。

(四) 营养缺陷型的测定

本文于 1988 年 9 月 21 日收到。

致谢: 本工作曾得到相彦希、李文忠二位同志的热情帮助, 作者深表感谢。

表 1 细菌菌株和质粒
Table 1 Bacterial strains and plasmids

菌 株 Strain	遗 传 型 Genotype	来 源 或 参 考 文 献 Source or References
Citrobacter-3-1	Wild type	[7]
C-14-2	Wild type	[7]
C-17-3	Wild type	[7]
C-23-1	Wild type	[7]
C-3-1-1	lys::Tn5	本研究
C-3-1-2	ura::Tn5	本研究
C-3-1-3	leu::Tn5	本研究
C-3-1-4	arg::Tn5	本研究
C-3-1-5	iso::Tn5	本研究
C-3-1-6	his::Tn5	本研究
C-3-1-7	phe::Tn5	本研究
C-3-1-8	met::Tn5	本研究
C-3-1-9	tyr::Tn5	本研究
C-3-1-10	ade::Tn5	本研究
C-3-1-11	ser::Tn5	本研究
C-3-1-12	ade::Tn5	本研究
C-3-1-13	thr::Tn5	本研究
C-3-1-14	arg::Tn5	本研究
C-3-1-15	leu::Tn5	本研究
C-3-1-16	his::Tn5	本研究
C-3-1-17	leu::Tn5	本研究
C-3-1-18	pro::Tn5	本研究
C-3-1-19	ade::Tn5	本研究
C-3-1-20	iso::Tn5	本研究
C-3-1-21	lac::Tn5	本研究
E. coli 1830	pJB4JI	[8]
Plasmid		
pJB4JI	pJB4JI::Mu::Tn5, Kan ^r Gen ^r	[8]
pRZ102	pRZ::Tn5 Kan ^r	Reznikoff ^[9]

按 R. W. Davis 和 J. Roth 方法^[10]进行。

(五) 质粒 DNA 的提取, 琼脂糖电泳分析以及 DNA-DNA 杂交

均按文献[11]进行。

结 果

(一) “自杀性”质粒 PJB4JI 向受体的转移

以能降解三硝基甲苯(简称 TNT)的柠檬酸细菌 C-3-1、C-14-2、C-17-3 和

C-23-1 为受体,(为对供体作反向选择,通过自发突变给受体菌标记利福平抗性),与带有“自杀性”质粒的大肠杆菌 1830 进行接合杂交,在含 50mg/ml 卡那霉素和 100 mg/ml 利福平的 LB 培养基上选择 Kan^r rif^r 接合子。卡那霉素抗性基因向四株柠檬酸细菌转移频率见表 2。四株柠檬酸细菌获得 Kan^r 基因的频率明显不同。为测定“自杀性”质粒进入细胞后的稳定性,将各个杂交组合出现的 Kan^r rif^r 转移接合子菌落分别以牙签接种到含有 20μg/ml 庆

表 2 Kan^r 从大肠杆菌 1830 到柠檬酸细菌的转移频率和转移接合子中 Gen^r 的频率
Table 2 Frequency of $\text{Tn}5$ transfer from *E. coli* 1830 to *Citrobacter*
and Gen^r frequency in Kan^r transconjugants

菌株 Strain	Kan^r 转移频率 Kan^r transfer frequency Kan^r/ml recipient cells	$\text{Kan}^r \text{Gen}^r/\text{Kan}^r$ rif ^r (%)
C-3-1	2.6×10^{-6}	100
C-14-2	2.0×10^{-6}	0
C-17-3	7.5×10^{-2}	0
C-23-1	5.5×10^{-2}	0

大霉素的 LB 培养基。已知质粒 PJB4JI 带有编码卡那霉素抗性和庆大霉素抗性二个基因，因此质粒在柠檬酸细菌中的稳定性可通过测定转移接合子 Kan^r rif^r 的庆大霉素敏感性得知(各测定 50 个 Kan^r rif^r 菌落)，其结果见表 2。四个受试的柠檬酸细菌中，C-3-1 的 Kan^r rif^r 转移接合子为 100% 庆大霉素敏感，这说明质粒 PJB4JI 在 C-3-1 细胞中很不稳定(具有“自杀性”)，它是对 C-3-1 作转座子诱变的理想载体。

(二) 营养缺陷型突变体的分离和鉴定

实验以含“自杀性”质粒 PJB4JI 的大肠杆菌 1830 为供体，以 C-3-1 为受体作接合杂交，在补加卡那霉素和利福平的 LB 固体培养基上选择 Kan^r rif^r 转移接合子，在此选择条件下单独的供体和受体均不能生长，从转移实验可知质粒 PJB4JI 不能在 C-3-1 中复制，因此在选择培养基上形成的 Kan^r rif^r 菌落可初步判定产生于 $\text{Tn}5$ 的转座。也可以预期在这些 Kan^r rif^r 的转移接合子中存在着各种营养缺陷型。为此我们检查了 3000 Kan^r rif^r 转移接合子的营养要求，共获得了 21 株营养缺陷型突变体，占所测定转移接合子的 0.7%，这与 $\text{Tn}5$ 诱变大肠杆菌所获得的频率很接近^[12]。21 株营养缺陷型中有：赖氨酸 (Lys^-) 1 株，

尿嘧啶 (Ura^-) 1 株，精氨酸 (Arg^-) 2 株，异亮氨酸 (Iso^-) 2 株，组氨酸 (His^-) 2 株，蛋氨酸 (Met^-) 1 株，苯丙氨酸 (Phe^-) 1 株，酪氨酸 (Tyr^-) 1 株，丝氨酸 (Ser^-) 1 株，苏氨酸 (Thr^-) 1 株，亮氨酸 (Leu^-) 3 株，胱氨酸 (Pro^-) 1 株，腺嘌呤 (Ade^-) 3 株，乳糖利用 (Lac^-) 1 株。这表明 $\text{Tn}5$ 在柠檬酸细菌染色体 DNA 上有着广泛的插入位点。

(三) 营养缺陷型突变体 DNA 的琼脂糖电泳

虽然已证明了质粒 PJB4JI 在 C-3-1 中不能稳定存在(共测定 350 个 Kan^r rif^r 转移接合子)，但仍不能完全排除营养缺陷型突变体中存在 PJB4JI 质粒的可能性，所以除了确证 21 株营养缺陷型均为 Kan^r Gen^r 外，还对其中部分突变体提取质粒作琼脂糖电泳分析(图 1)。受试的 8 株营养缺陷型突变体中均无 PJB4JI 存在，进一步证明了这些突变体产生于 $\text{Tn}5$ 的转座。

(四) 营养缺陷型突变体 DNA 与 $\text{Tn}5$ DNA 的杂交

营养缺陷型产生于 $\text{Tn}5$ 转座的最直接证据是在突变体的基因组中找到 $\text{Tn}5$ 序列，为此我们提取每一个营养缺陷型突变体的染色体 ($\text{lac}:\text{Tn}5$ 除外)，分别与以³²P 标记的 $\text{Tn}5$ 探针 DNA 进行点杂交。图

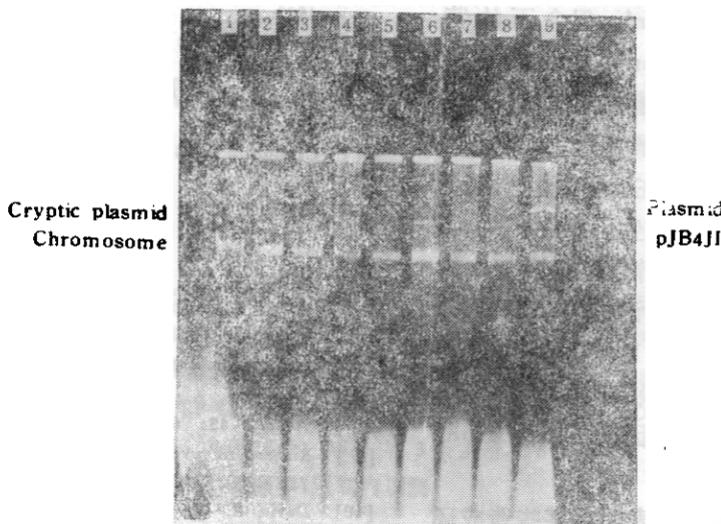


图 1 部分营养缺陷型突变体的琼脂糖电泳琼脂糖浓度 0.7%，电泳缓冲液为 TAE，电压 75V，室温，2h。
样品 1.C-3-1；2—8. 营养缺陷型突变体；样品 9.1830 (PJB4JI)

Fig.1 Agarose gel electrophoresis of part of auxotrophs Agarose gel concentration:0.7%, electrophoresis buffer:TAE, Voltage 75V for 2h. lane 1.C-3-1; lane 2—8. auxotrophs mutants; lane9. 1830 (PJB4JI)

注: C-3-1 本身有一隐蔽质粒 Note: There is a cryptic plasmid in the C-3-1

2 表明 20 个营养缺陷型突变体的 DNA 均能与探针杂交呈阳性。而受体 C-3-1 尽

管 DNA 的用量加倍仍为阴性,说明 C-3-1 基因组中原无 Tn5 同源序列存在。

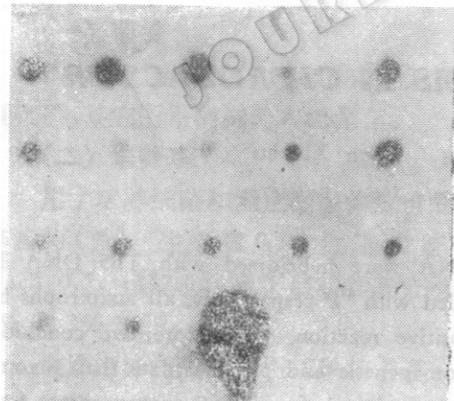


图 2 部分营养缺陷型突变体 DNA 与 Tn5 DNA 的点杂交

第四排从左到右第三斑点为 pRZ102 (Col E1::Tn5)

第四(无斑点可见者)为 C-3-1

Fig. 2 Hybridization of auxotrophy mutants DNA with Tn5 probe

The third blot from Left to right in the fourth row is

pRZ102 (Col E1::Tn5); In the same row the fourth one (without blot) is C-3-1

讨 论

本文首次报导利用转座子 Tn5 对柠檬酸细菌的诱变结果。我们采用“自杀性”质粒 PJB4JI 为 Tn5 的载体,通过接合转移将该质粒引入受体细胞,实验表明, PJB4JI 质粒在四株来源不同的柠檬酸细菌中稳定性不同(见表 2),造成这一差别的机理尚不清楚。在 C-3-1 的 Kan^{rif} 转移接合子中有 0.7% 为各种营养缺陷型,这些突变体对庆大霉素敏感,无 PJB4JI 质粒,而且存在 Tn5 同源序列。这证明 Tn5 在柠檬酸细菌 C-3-1 染色体上不同位点的插入造成了基因型的改变。从所得突变体类型之多,充分显示出 Tn5 在柠檬酸细菌 C-3-1 中转座的随机性。此外还观察到半数以上的营养缺陷型突变体在自发回

复到原养型时同时为 Kan^r, 但余下的营养缺陷型回复子仍为 Kan^r。Zink 在研究 Tn5 诱变软腐病欧文氏菌中有过类似报导^[7], 对这一现象的可能解释是 Kan^r 来自 Tn5 的双重转座, 或是在营养缺陷型突变体的保存过程中 Tn5 发生了新的转座。当用 EcoRI 酶切部分营养缺陷型突变体的 DNA, 然后与用 ³²P 标记的 Tn5 探针 DNA 杂交, 我们观察到 Kan^r 的原养型回复子出现二条放射自显影带(结果未列出), 这结果支持前一种解释(因为 Tn5 无 EcoRI 切点, 预期为一条带)。

近年来的一些研究表明, 某些造成环境污染的化合物如氯化汞、苯、甲苯、水合盐酸等的降解基因位于质粒上, 我们在能转化 TNT 的柠檬酸细菌 C-3-1 中也观察了隐蔽质粒的存在(图 1), 但是转化基因是否位于该质粒上, 有待进一步研究。

参考文献

[1] Meade, H. et al.: *J. Bacteriol.*, 149, 114—122,

- 1982.
- [2] Duncan, M. G.: *G. Gen. Microbiol.*, 122: 61—67, 1981.
- [3] Boucher, C. et al.: *Phytopathology*, 71: 639—642, 1981.
- [4] Carfinkel, D. G.: *G. Bacteriol.*, 144: 732—743, 1980.
- [5] Zink, R. T. et al.: *G. Bacteriol.*, 160: 809—814, 1984.
- [6] Miller, J. H.: Experiments in Molecular Genetics, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, New York, p. 431—434, 1972.
- [7] 杨彦希等: *微生物学报*, 4: 408, 1979,
- [8] Chatterjee, A. K. et al.: *Appl. Environ. Microbiol.*, 45: 644, 1983.
- [9] Richard, A. et al.: *Mol. Gen. Genet.*, 177: 65—72, 1979.
- [10] Davis, R. W. et al.: Advanced Bacterial genetics, A manual for Genetic Engineering, Cold Spring Harbor Laboratory, New York, P. 209—210, 1980.
- [11] Manirris, T. et al.: Molecular cloning. A laboratory manual, Cold Spring Harbor Laboratory, New York, 1982.
- [12] Shaw, K. J. et al.: *Genetics*, 92: 741—747, 1979.

TRANSPO Tn5 MUTAGENESIS IN CITROBACTER

Wang Aoquan Yin Ping Chen Xiuzhu

(Institute of Microbiology, Academia Sinica, Beijing)

When *E. coli* 1830/PJB4JI mating with four *Citrobacter* strains all were Kanamycin resistant, but a majority of Kan^rGen^s transconjugants were obtained from C-3-1. Among 3000 Kan^rGen^s 21 were auxotrophs, these are Lys⁻(1), Ura⁻(1), Arg⁻(2), Iso⁻(2), His⁻(2), Met⁻(1), Phe⁻(1), Tyr⁻(1), Ser⁻(1), Thr⁻(1), Leu⁻(3), Pro⁻(1), Ade⁻(3), Lac⁻(1), PJB4JI plasmid DNA were detected in parent strain *E. coli* 1830, but not in auxotrophs strains which carrying Tn5 induced mutations. Twenty auxotrophs chromosome

DNA were hybridized with Tn5 DNA labeled with ³²P respectively, all auxotrophs has positive reaction. Therefore, we concluded from genetic and physical data that auxotrophs resulted from Tn5 transposition from PJB4JI into C-3-1 chromosome.

Key words

Citrobacter; Transposon mutagenesis; Transposon; Suicide plasmid