

## rmf 基因启动子识别因子选择性研究

丁 清 泉

(中国科学院武汉病毒研究所 武汉 430071)

石 浜 明

(日本国立遗传学研究所, 静冈县三岛市 411)

**摘要** 分别用  $\sigma^{70}$  或  $\sigma^{38}$  因子和核心酶(Core enzyme)重建 RNA 聚合酶全酶(Holoenzyme)对含有 rmf 基因启动子的 DNA 模板进行体外转录。不同的限制性内切酶酶切片段模板证实了 rmf 基因转录起始位点, 尽管 rmf 基因在大肠杆菌进入稳定期大量表达, 但是其启动子对稳定期起重要作用的  $\sigma^{38}$  因子的识别能力很低, 而只能被  $\sigma^{70}$  所识别。rmf 基因启动子体外转录的最适温度为 37℃, 最适 NaCl 浓度为 50mmol/L。

**关键词** 体外转录, 核糖体调节因子, RNA 聚合酶, 启动子选择性

核糖体调节因子(Ribosome Modulation Factor, 简称 RMF)是大肠杆菌从对数生长期进入稳定期伴随 100S 核糖体(70S 核糖体的二聚体)而出现的一种蛋白因子, 其结构基因 rmf 基因位于大肠杆菌基因图 21.8min 处, 编码 55 个氨基酸。在细胞迅速生长的对数期 rmf 保持沉默, 一旦细胞生长从对数期进入稳定期, rmf 即开始大量表达<sup>[1]</sup>。rmf 基因已被克隆和序列分析, 采用引物延伸法确定了 rmf 基因转录的起始位点, 改变 rmf 基因的结构, 细菌的 100S 核糖体不能产生, 细胞的存活率明显降低<sup>[2]</sup>。

$\sigma$  因子是大肠杆菌 RNA 聚合酶的重要亚单位, 被认为具有识别启动子功能。 $\sigma^{70}$ (rpoD 基因产物)是大肠杆菌迅速生长期的必需因子, 而  $\sigma^{38}$ (rpoS 基因产物)则在细胞进入稳定期后对基因转录起重要调控作用<sup>[3]</sup>。采用 rmf 和 rpoS 基因突变株的研究表明, RMF 和  $\sigma^{38}$  对保存稳定期的细胞繁殖活力是不可缺少的调节因子<sup>[4]</sup>。

不同类型的  $\sigma$  因子组成的 RNA 聚合酶全酶能识别不同类型的启动子。Tanaka 根据启动子对  $\sigma^{70}$  或  $\sigma^{38}$  的选择性将启动子分为三组, 第一组被称为“当家启动子(Housekeeper promoter)”, 能被  $\sigma^{70}$  和  $\sigma^{38}$  同时识别; 第二组“严紧启动子(Stringent promoter)”, 主要被  $\sigma^{70}$  识别; 第三组“变速启动子(Gearbox promoter)”, 只能被  $\sigma^{38}$  所识别<sup>[5]</sup>。

RMF 和  $\sigma^{38}$  均为大肠杆菌稳定期的产物, 根据野生型菌株  $\sigma^{38}$  和 RMF 产生的时间来看, RMF 早于  $\sigma^{38}$ <sup>[4]</sup>, 但 rmf 基因能否被  $\sigma^{38}$  所识别还无确切证据。本研究采用  $\sigma^{70}$  或  $\sigma^{38}$  和核心酶( $\alpha_2\beta\beta'$ , 简称 E)体外重组 RNA 聚合酶全酶(E $\sigma^{70}$  或 E $\sigma^{38}$ ), 以主要被  $\sigma^{70}$  识别的 LacUV5, 被  $\sigma^{38}$  识别的 osmY 基因启动子作为对照, 对含 rmf 启动子的 DNA 模板进行体外转录, 探讨 rmf 基因启动子的识别因子选择性及最佳体外转录条件。

本文于 1995 年 1 月 13 日收到。

## 1 材料和方法

### 1.1 RNA聚合酶

$\sigma^70$  按 Igarashi 方法提纯<sup>[6]</sup>。 $\sigma^{38}$  和核心酶( $\alpha_2\beta\beta'$ )按 Tanaka 方法提纯<sup>[5]</sup>。核心酶与  $\sigma^70$  或  $\sigma^{38}$  体外重建全酶的分子比为 1:4。上述材料由日本国立遗传学研究所分子遗传室提供。

### 1.2 含有基因启动子的 DNA 模板

含有 lacUV5、rmf、osmY 基因启动子的质粒 DNA 分别从 pKB252<sup>[7]</sup> pT109<sup>[2]</sup> 和 pDY 1.4<sup>[8]</sup> 菌株中按常规方法提纯<sup>[9]</sup>，经限制性内切酶消化提取本研究所需片段作为体外转录的模板。

### 1.3 体外转录

体外转录采用标准单循环(single-round)方式完成<sup>[6,10]</sup>，简述如下：将纯化的核心酶(E)与  $\sigma^70$  或  $\sigma^{38}$  按分子比 1:4 重建全酶 E $\sigma^70$  或 E $\sigma^{38}$ 。标准的体外转录程序为：10 $\mu$ l 转录反应液(50mmol/L Tris-HCl pH7.6, 3mmol/L MgCl<sub>2</sub>, 50mmol/L NaCl, 0.1mmol/L EDTA, 1mmol/L DTT, 0.1pmol 模板 DNA, 1pmol 的全酶 E $\sigma^70$  或 E $\sigma^{38}$ )于 37 °C 保温 30min，加入 10 $\mu$ l 含有底物的缓冲液(0.2mmol/L ATP, GTP 和 CTP, 0.05mmol/L UTP, 1 $\mu$ Ci[ $\alpha$ -<sup>32</sup>P] UTP, 200 $\mu$ g/ml Heparin)继续保温 5min，终止反应后采用乙醇沉淀回收转录产物 RNA，样品在含 8mol/L 尿素的聚丙烯酰胺凝胶中进行电泳，凝胶置于显像板(BAS-III, Fuji Imagine Plate)内放射自显影，然后在显像分析仪(Fuji X Bio-Imaging Analyzer, BAS2000)上拍照及分析转录产物的放射强度。

## 2 结果和讨论

### 2.1 rmf 基因启动子对识别因子的选择性

为了证明 E $\sigma^70$  和 E $\sigma^{38}$  的可靠性，以对 E $\sigma^70$  亲和性大的 lacUV5 和对 E $\sigma^{38}$  亲和性大的 osmY 启动子作为对照实验，分别用 E $\sigma^70$ , E $\sigma^{38}$  转录 lacUV5, osmY 和 rmf 启动子。放射自显影的结果见图 1，它表明 rmf 只能被  $\sigma^70$  识别。比较三种启动子的核酸序列(图 2)，rmf 启动子的 -35 区与 lacUV5 相似，而与 osmY 相差甚远；三种启动子的 -10 区均富含 TA，差别不大，可以推测  $\sigma$  因子的识别位置是在 -35 区。尽管 rmf 和 osmY 都是在大肠杆菌稳定期表达，但 rmf 表达在稳定期前期<sup>[2]</sup>，而 osmY 则是在稳定期后期<sup>[8]</sup>。同是稳定期表达的基因启动子识别的  $\sigma$  因子就可能不同，按照 Tanaka 的分类法<sup>[5]</sup>，rmf 应归于第二组“严紧启动子”。

从野生型菌株 RMF 和  $\sigma^{38}$  大量产生的角度来看，RMF 早于  $\sigma^{38}$ <sup>[4]</sup>。rmf 基因依赖于  $\sigma^{38}$  转录的可能性不大。 $\sigma^70$  是大肠杆菌生长时基因转录所必需的 RNA 聚合酶的亚单位，其产量大于  $\sigma^{38}$ ，因此，rmf 能被  $\sigma^70$  识别的理论根据更充分。本实验结果直接证实了 Yamagishi 关于 rmf 基因表达不需要 katF(即 rpoS) 基因产物的推测<sup>[2]</sup>。

### 2.2 rmf 基因转录起始位点的分析

Yamagishi 根据引物延伸法确定 rmf 基因转录的起始点位于结构基因上游 -65 处。在结构基因 +56, +140 处分别含有 Hap II 和 EcoT14I 酶切位点<sup>[2]</sup>，依此计算 EcoT14I

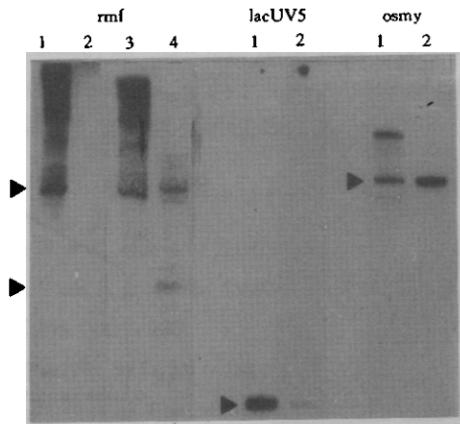


图1 标准条件下体外转录产物的放射自显影

▲ 表示转录产物 RNA 的位置, 下面三角形表示经 HpaII 消化的 rmf 启动子模板转录的产物位置; 1,2 分别是 E $\sigma$ <sup>70</sup> 和 E $\sigma$ <sup>38</sup> 的转录产物; 3 和 4 是采用相同的条件(3 无 HpaII, 4 加 HpaII) 消化后用 E $\sigma$ <sup>70</sup> 转录的产物。

Fig.1 Transcripts by truncatedDNA template in standard condition

▲ Indicated the site of transcripts. 1 and 2 was transcript by E $\sigma$ <sup>70</sup> and E $\sigma$ <sup>38</sup> separately.  
4 was transcript of rmf DNA fragment digested with HpaII by E $\sigma$ <sup>70</sup>. 3 was  
digested with same condition but no HpaII.

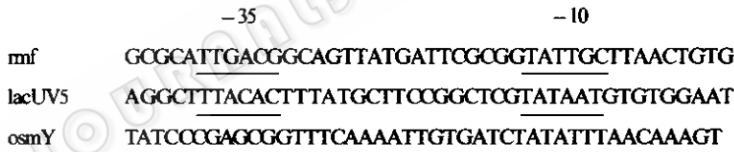


图2 三种启动子序列的比较

Fig.2 Comparision of three promoters

片段 DNA 模板转录产物 RNA 为 205 个碱基, 用 HpaII 再消化的模板转录产物应为 121 个碱基, 图 1 中 4 号样品处的结果证实了这一点, 图中 205 个碱基迁移位置仍有转录物出现, 可能是由于 HpaII 消化不完全所致。

### 2.3 温度对 rmf 转录的影响

采用标准的反应系统但在不同反应温度(包括酶和模板的预热温度和加入底物后的 RNA 合成温度)下进行体外转录, 以放射性强度最大的转录物的转录水平为 100%, 其它的依据放射强度换算成相应值。图 3 的结果表明在 37 °C 时 E $\sigma$ <sup>70</sup> 对 rmf 的转录水平最高, 温度愈低下降愈快, 而 E $\sigma$ <sup>38</sup> 无论处于什么温度, 其转录活性均未超过 5%。

### 2.4 盐浓度对 rmf 转录的影响

大肠杆菌在生长过程中, 由于细胞和环境不断进行物质交换, 细胞内外的盐浓度将会不断变化, 盐浓度的变化将直接影响基因的表达。按本实验要求, 采用不同浓度 NaCl

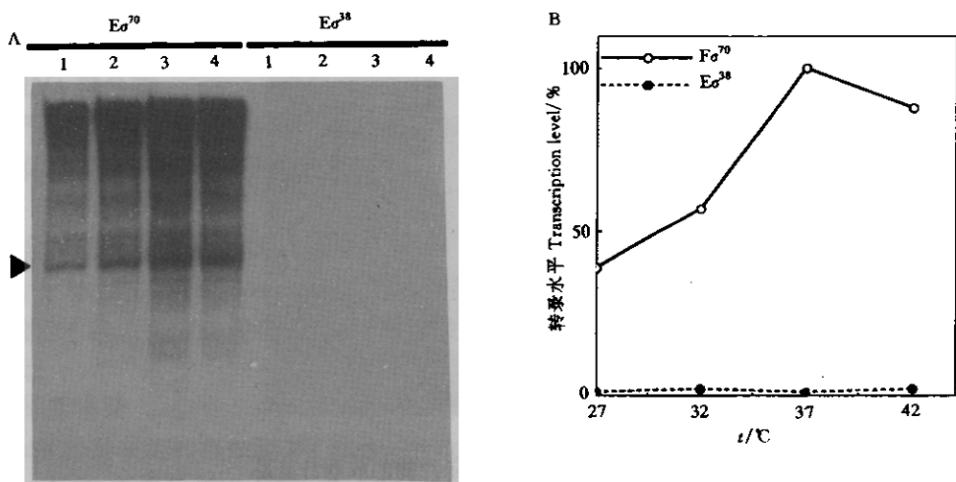


图3 温度对mf转录的影响

A: 1, 2, 3 和 4 分别是在 27、32、37 和 42 °C 条件下转录; B: 转录水平的比较。

Fig.3 Effect of temperature *in vitro* transcription for mf promoter

A: 1, 2, 3 and 4 was transcript in 27, 32, 37 and 42 °C , respectively;

B: The comparision of transcription level in different reaction temperature

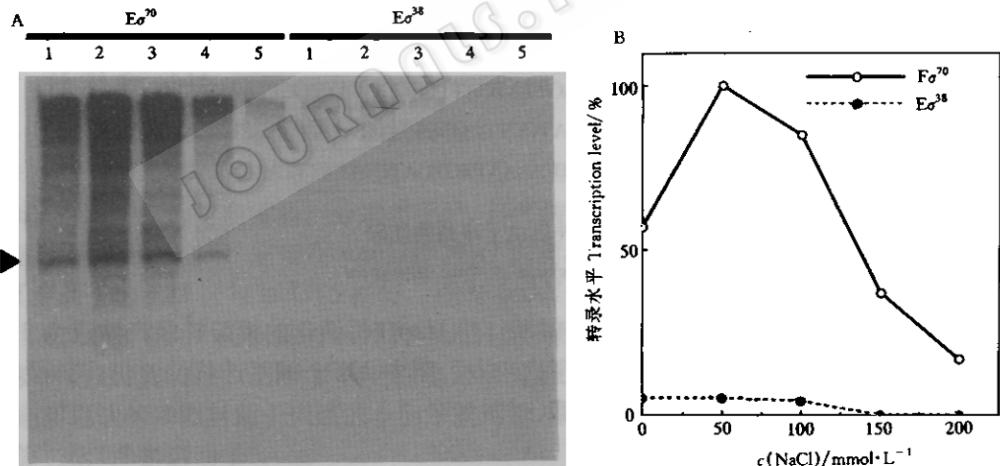


图4 NaCl浓度对mf转录的影响

A: 1, 2, 3, 4 和 5 分别表示反应缓冲液中含 0、50、100、150 和 200mmol / L NaCl;

B: 转录水平的比较。

Fig.4 Effect of NaCl concentration *in vitro* transcription for mf promoter

A: 1, 2, 3, 4 and 5 was transcript in 0, 50, 100, 150 and 200mmol / L NaCl concentration buffer, respectively;

B: The comparision of transcription level.

取代标准反应系统中 50mmol /L 的 NaCl, 图 4 结果表明, E $\sigma^7$  对 rmf 基因启动子体外转录的最适 NaCl 浓度为 50mmol /L, 当 NaCl 浓度超过 100mmol /L 则转录水平大为下降。可见低盐浓度有利于 rmf 的转录, 在高于 150mmol /L NaCl 时, E $\sigma^8$  不能转录 rmf, 而在低于 100mmol /L 时其转录水平也不超过 E $\sigma^7$  的 5%。

## 参 考 文 献

- [1] Wada A, Yamazaki Y, Fujita N et al. *Proc Acad Sci USA*, 1990, **87**: 2657 ~ 2661.
- [2] Yamagishi M, Matsushima H, Wada A et al. *The EMBO Journal*, 1993, **12**(2): 625 ~ 630.
- [3] Ishihama A. *J Bacteriol*, 1993, **175**: 2483 ~ 2489.
- [4] 丁清泉, 石浜明. 微生物学报, 1996, **36**(5): 344 ~ 350.
- [5] Tanaka K, Takayanagi Y, Fujita N et al. *Proc Acad Sci USA*, 1993, **90**: 3511 ~ 3515.
- [6] Igarashi K, Ishihama A. *Cell*, 1991, **65**: 1015 ~ 1022.
- [7] Kajitania M, Ishihama A. *Nucl Acids Res*, 1983, **11**: 671 ~ 686.
- [8] Yim H H, Villarejo M. *J Bacteriol*, 1992, **174**: 3637 ~ 3644.
- [9] Maniatis T, Fritsch E F, Sambrook J. *Molecular Cloning*. New York: Cold Spring Harbor Lab., 1982, 365 ~ 373.
- [10] Zou C, Fujita N, Igarashi K et al. *Mol Microbiol*, 1992, **6**: 2599 ~ 2605.

## STUDIES ON SELECTIVITY OF RECOGNIZING FACTOR FOR rmf PROMOTER

Ding Qingquan

(Wuhan Institute of Virology, Academia Sinica, Wuhan 430071)

Akira Ishihama

(National Institute of Genetics, Mishima, shizuoka 411 Japan)

**Abstract** The truncated DNA template carrying rmf gene promoter was transcribed by *E. coli* RNA polymerase holoenzyme (E $\sigma$ ) reconstituted with core enzyme ( $\alpha, \beta\beta'$ ) and  $\sigma^7$  or  $\sigma^8$  *in vitro*. The initial site of the transcription of rmf was confirmed with different restriction endonuclease. rmf promoter can be recognized by E $\sigma^7$  but not E $\sigma^8$ . The suitable temperature for *in vitro* transcription was 37°C, NaCl concentration was 50mmol /L.

**Key words** *In vitro* transcription, Ribosome Modulation Factor (RMF), RNA polymerase, Promoter selectivity