

网络出版时间:2012-03-21 18:12

网络出版地址: <http://www.cnki.net/kcms/detail/61.1390.S.20120321.1812.030.html>

兔岩藻糖基转移酶基因的克隆与原核表达

哲名家^{1,2}, 张森涛¹, 云涛³, 王玢瑛^{1,2}, 刘光清²

(1 西北农林科技大学 动物医学院, 陕西 杨凌 712100; 2 中国农业科学院 上海兽医研究所, 上海 200241;

3 浙江省农业科学院 病毒学与生物技术研究所, 浙江 杭州 310021)

[摘要] 【目的】克隆兔岩藻糖基转移酶(FUT2)基因, 并进行原核表达, 为进一步研究 RHDV 的感染过程和致病机理奠定物质基础。【方法】从兔肌肉组织中抽提基因组 DNA 作为模板, PCR 扩增出 FUT2 基因, 然后将该基因亚克隆入原核表达载体 pET30a 中, 获得重组原核表达质粒 pET30a-FUT2。将该重组原核表达质粒转化 *E. coli* BL21(DE3)感受态细胞, 用 IPTG 进行诱导表达, 分别用 SDS-PAGE 和 Western-blot 方法对表达产物进行鉴定。【结果】成功克隆了 FUT2 基因, 该基因长度为 1 044 bp。成功构建了原核重组表达质粒 pET30a-FUT2, 其诱导表达产物分子量约为 45 ku; 表达的重组 FUT2 蛋白可与 His 标签抗体发生抗原抗体反应。【结论】成功克隆了兔岩藻糖基转移酶基因, 获得了分子量约为 45 ku 的 FUT2 蛋白。

[关键词] 兔病毒性出血症病毒; 岩藻糖基转移酶; 原核表达

[中图分类号] S852.65⁺9.6; Q785 **[文献标识码]** A **[文章编号]** 1671-9387(2012)04-0021-04

Cloning and prokaryotic expression of rabbit fucosyltransferases

ZHE Ming-jia^{1,2}, ZHANG Miao-tao¹, YUN Tao³,
WANG Bin-bin^{1,2}, LIU Guang-qing²

(1 College of Veterinary Medicine, Northwest A&F University, Yangling, Shaanxi 712100, China;

2 Shanghai Veterinary Research Institute, CAAS, Shanghai 200241, China; 3 Institute of Virology and Biotechnology,

Zhejiang Academy of Agricultural Sciences, Hangzhou, Zhejiang 310021 China)

Abstract: 【Objective】The research cloned and expressed Fucosyltransferases (FUT2), to lay the basis for further exploring the infection process and pathogenesis mechanism of Rabbit hemorrhagic disease virus. 【Method】Extraction genome from rabbit muscle tissue, FUT2 gene was synthesized and sub-cloned into the pET30a vector, and then the recombinant plasmid pET30a-FUT2 transformed into *E. coli*. BL21 (DE3). The expression of the recombinant plasmid was induced by IPTG and analyzed by SDS-PAGE and Western-blot. 【Result】The results show that FUT2 gene is 1 044 bp in length, and the molecular weight of the recombinant protein, fused to his tag, is about 45 ku. 【Conclusion】FUT2 gene is successfully cloned, and the molecular weight of the recombinant protein is about 45 ku.

Key words: rabbit hemorrhagic disease virus; fucosyltransferases (FUT2); prokaryotic expression

兔出血症 (Rabbit hemorrhagic disease, RHD) 俗称“兔瘟”^[1], 其病原兔出血症病毒 (RHDV) 为无囊膜的单股正链 RNA 病毒, 属于杯状病毒科 (Cali-

civiridae) 兔病毒属 (Lagovirus)。RHDV 可以感染多个品种的兔, 以呼吸系统出血、肝坏死及实质脏器水肿^[2-3]、淤血和出血性变化为主要特征。自 1984

* [收稿日期] 2011-10-28

[基金项目] 国家自然科学基金项目(30870114); 浙江省自然科学基金项目(3100396)

[作者简介] 哲名家(1984—), 女, 满族, 辽宁锦州人, 在读硕士, 主要从事动物病毒分子生物学研究。

[通信作者] 刘光清(1968—), 男, 安徽砀山人, 研究员, 主要从事病毒分子生物学研究。E-mail: liugq@shvri.ac.cn

张森涛(1963—), 男, 陕西礼泉人, 副教授, 博士, 主要从事动物病毒分子生物学研究。E-mail: zmt6371@yahoo.com.cn

年中国首次报道 RHD 以来,该病已经传播至全球 40 多个国家和地区,给世界养兔业和野生兔资源造成了极大的威胁^[4]。关于 RHDV 的感染过程和致病机理,目前还不是很清楚,研究 RHDV 的受体了解此过程将很有帮助。Ruvoën-clout 等^[5]研究发现,RHDV 能够与兔上呼吸道和消化道上皮细胞表面的三糖(Fuc α 2Gal β 4GlcNAc β -R)结合,这种特殊的三糖是 H2 型组织血型抗原(HBGA)家族的一个成员,虽然该抗原在其他哺乳动物(包括人类)中广泛存在,但其在各组织中的分布具有明显的动物种属差异性。RHDV 能够与 HBGA 结合,并且该特殊抗原的糖基化过程需要在 α 1,2 岩藻糖基转移酶(FUT2)的参与下才能完成^[6]。据报道,兔体内有 3 种不同的岩藻糖基转移酶基因:FUT1、FUT2 和 Sec1,其中 Sec1 和 FUT2 基因只在上皮细胞中才可以表达相应的蛋白,而 FUT1 的 mRNA 仅在脑组织中能够检测到^[7-8]。最近的研究还证明,Sec1 不仅是一个假基因,而且与兔 FUT2 基因具有直接同源性,其表达决定了宿主是否对诺瓦克病毒具有敏感性或抵抗力^[9-10]。FUT2 基因首先通过 α 1,2 糖苷键与 HBGA 前体的半乳糖基团相互连接,然后发挥催化岩藻糖基的功能,使其糖基化成为 RHDV 的功能性受体。因此,FUT2 的表达与否决定了兔是否对 RHDV 敏感,研究 FUT2 基因在宿主细胞内的表达和分布,对于探索 RHDV 的感染过程和致病机理等具有重要意义。为此,本试验对兔体内的 FUT2 基因进行了克隆和表达,并对 FUT2 蛋白进行了纯化,以期为进一步研究 FUT2 在 RHDV 致病过程中的作用提供物质基础。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 试验动物 2~3 kg 新西兰白兔,购自上海陈行实验用兔有限公司。

1.1.2 质粒和菌株 原核表达载体 pET-30a(+)及工程菌株 *E. coli* DH5 α 和 *E. coli* BL21(DE3),购自 Novagen 公司。

1.1.3 主要试剂 T4 DNA 连接酶、DNA 抽提试剂盒和 Ex Taq DNA 聚合酶,均购自大连宝生物工程有限公司;His-tag Monoclonal Antibody,为北京康为世纪公司产品;HRP 标记的山羊抗小鼠 IgG,为中杉金桥公司产品。

1.2 方法

1.2.1 引物的设计与合成 根据 GenBank 登录的

兔 FUT2 基因序列(GenBank 登录号:X91269),采用 Primer premier 5.0 软件设计 1 对扩增 FUT2 的特异性引物,其两端分别设计有 Not I 和 Xho I 酶切位点。引物由上海杰李生物技术有限公司合成,其序列如下:

FUT2F:5'-CAAGA GCGGCCTAACTAACAT CCCTGC-3',下划线部分为 Not I 酶切位点;

FUT2R:5'-GAAACCTCGAG TGGCCCACG T-3',下划线部分为 Xho I 酶切位点。

1.2.2 FUT2 基因的 PCR 扩增及产物的纯化 使用 DNA 基因组抽提试剂盒,按照说明书从兔肌肉组织抽提兔基因组 DNA。以抽提的兔基因组 DNA 为模板,用 Ex Taq Mix DNA 聚合酶 PCR 扩增 FUT2 基因,PCR 反应体系为 50 μ L,其中模板 DNA(100 ng/ μ L)1.0 μ L,Ex Taq Mix DNA 聚合酶 25 μ L,引物 FUT2F、FUT2R(10 pmol/L)各 1 μ L,加灭菌蒸馏水至 50 μ L。PCR 反应程序为:94 $^{\circ}$ C 5 min;94 $^{\circ}$ C 1 min,56 $^{\circ}$ C 1 min,72 $^{\circ}$ C 1 min,30 个循环;72 $^{\circ}$ C 10 min。取 PCR 产物,进行 10 g/L 琼脂糖凝胶电泳分析,并以 DNA 片段小量快速回收纯化试剂盒进行纯化,操作方法按产品说明书进行。

1.2.3 pMD18-T-FUT2 的构建及鉴定 将纯化的 PCR 产物与 pMD18-T simple 载体于 16 $^{\circ}$ C 下连接过夜后,转化 *E. coli* DH5 α 感受态细胞。提取质粒 pMD18-T-FUT2,进行 PCR 和 Not I、Xho I 双酶切鉴定,对鉴定正确的质粒送上海华津生物技术有限公司测序。

1.3 pET30a-FUT2 重组原核表达质粒的构建

将 pET-30a(+)质粒和 pMD18-T-FUT2 质粒分别用 Not I 和 Xho I 双酶切,双酶切反应体系为 50 μ L,其中质粒 30 μ L、10 \times H Buffer 5 μ L、Not I 1.5 μ L、Xho I 1.5 μ L,加灭菌蒸馏水至 50 μ L;反应条件为 37 $^{\circ}$ C 反应 3 h。胶回收 pET-30a(+)载体片段和 FUT2 基因片段,之后用 T4 DNA 连接酶于 16 $^{\circ}$ C 连接过夜,将连接产物转化 *E. coli* BL21(DE3)感受态细胞,涂布于固体 LB 培养基上(含 Kan^r100 μ g/ μ L),37 $^{\circ}$ C 过夜培养后,挑取单菌落进行培养,用质粒提取试剂盒提取重组质粒,进行 Not I 和 Xho I 双酶切鉴定。将酶切鉴定正确的质粒送上海华津生物技术有限公司测序,测序正确的质粒命名为 pET30a-FUT2。

1.4 pET30a-FUT2 的诱导表达

挑取鉴定正确的阳性克隆,接种于 3 mL LB(含 Kan^r100 μ g/ μ L)培养基中,37 $^{\circ}$ C、250 r/min 振荡培

养 12 h。按 1 : 100 比例转接种到新鲜液体 LB 培养基中(含 Kan^r 100 μg/μL),振荡培养 3 h 至 OD₆₀₀ 为 0.5~0.6 时,预先吸取 3 mL 菌液作为未诱导对照,其余菌液加入 IPTG 至终浓度为 1.0 mmol/L, 37 °C 诱导 8 h,期间每隔 1 h 收获菌液样品 3 mL,检测 FUT2 的表达情况,以确定 IPTG 的最佳诱导时间。将全部菌液于 12 000 r/min 离心 10 min,所得沉淀用 PBS 缓冲液重悬,用 120 g/L 的 SDS-PAGE 电泳方法分析 FUT2 的表达情况。

1.5 表达产物的纯化及鉴定

向 400 mL 的菌液中加入 IPTG 至终浓度为 1.0 mmol/L,培养 5 h 后将全部菌液离心(10 000 r/min,10 min);弃上清,向沉淀中加入 40 mL 的 Tris-HCl 缓冲液(pH8.0、20 mmol/L),悬浮菌体,吹打均匀;再加入 400 μL 新配制的溶菌酶液(浓度为 1 mg/mL),37 °C 振荡培养 30 min 后,置于-20 °C 冷冻 30 min,反复冻融 3 次裂解菌体;超声波破碎(超声破碎每次 5 s,间隔 6 s,99 次/周期,电压 40 V)菌体后再反复冻融 3 次。裂解后的菌体经洗涤后,用 8 mol/L 尿素透析过夜,每 12 h 更换 1 次透

析液,最终得到纯化的重组蛋白,浓缩后进行蛋白定量,-70 °C 保存。用 Western-blot 方法检测纯化的蛋白,一抗为 1 : 1 000 倍稀释的 His-标签鼠单抗,二抗为 1 : 1 000 倍稀释的 HRP 标记的山羊抗小鼠 IgG,使用 DAB 法显色。

2 结果与分析

2.1 兔 FUT2 基因的 PCR 扩增

PCR 结果显示,从兔肌肉组织提取染色体 DNA 中成功扩增到 1 044 bp 的 FUT2 基因(图 1)。测序结果表明,该基因由 1 044 个碱基组成;序列比对分析发现,扩增的 FUT2 基因与 GenBank 登录的兔 FUT2 参考基因(GenBank 登录号:X91269)同源性在 99% 以上。

2.2 pET30a-FUT2 重组原核表达质粒的鉴定

对重组原核表达质粒 pET30a-FUT2 进行 Not I 和 Xho I 双酶切鉴定,结果获得了约 5 400 和 1 044 bp 的 2 个基因片段(图 2),表明目的基因已成功连接到表达载体中。

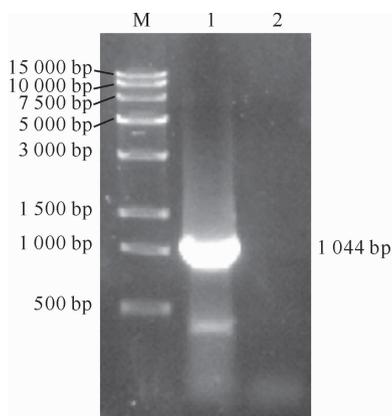


图 1 兔 FUT2 基因的 PCR 扩增

M. DNA 分子质量标准 DL15000;1. PCR 产物;
2. 阴性对照

Fig.1 PCR product of rabbit FUT2 gene

M. DNA Marker DL15000;1. PCR product;
2. Negative control

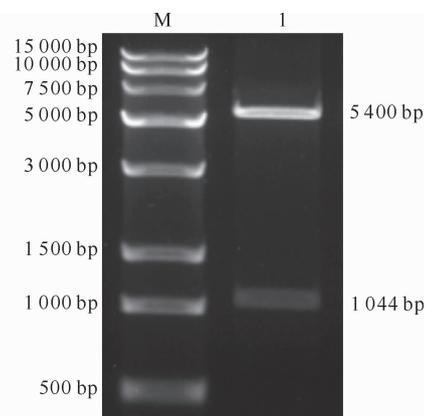


图 2 重组原核表达质粒 pET30a-FUT2 的双酶切鉴定

M. DNA 分子质量标准 DL15000;

1. pET30a-FUT2 的 Not I 和 Xho I 双酶切产物

Fig.2 Identification of the recombinant pET30a-FUT2

by the double enzymes digestion

M. DNA Marker DL15000;1. The products from
pET30a-FUT2 digested with Not I + Xho I

2.3 pET30a-FUT2 重组原核表达质粒的诱导表达

图 3 结果显示,获得的 FUT2 重组蛋白的分子质量约为 45 ku,与预期结果一致,说明重组蛋白已成功表达;重组蛋白的表达量随诱导时间的延长而增加,在诱导 5 h 时达到高峰,此时的表达量与 6~8

h 的表达量几乎无差别,所以选取 5 h 为重组蛋白的最佳诱导时间。

2.4 重组 FUT2 蛋白的 Western-blot 分析

Western-blot 结果(图 4)显示,在膜上出现 1 条特异性反应条带,融合表达的 FUT2 蛋白分子质量大小约为 45 ku。该结果表明,所构建的重组原核表

达载体 pET30a-FUT2 能正确表达出目的蛋白,且 重组 FUT2 蛋白具有良好的反应原性。

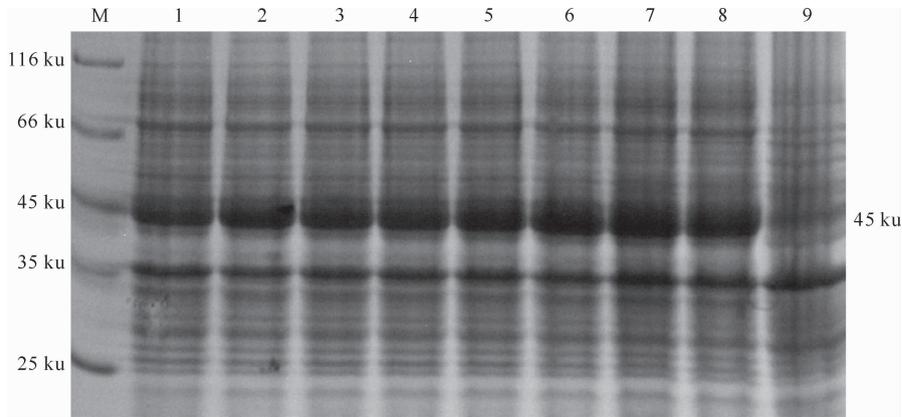


图 3 兔 FUT2 重组蛋白的 SDS-PAGE 电泳分析

M. 蛋白质分子质量标准;1~8. 分别为 pET30a-FUT2 在 1,2,3,⋯,8 h 内的诱导表达产物;9. 未诱导对照

Fig. 3 Analysis of recombinant FUT2 with SDS-PAGE electrophoresis.

M. Protein molecular weight marker;1-8. The expression products of recombinant *FUT2* at 1-8 h.;9. *E. coli* BL21 without induction

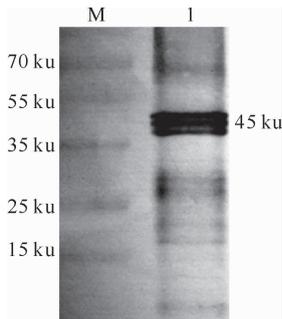


图 4 纯化重组兔 FUT2 蛋白的 Western-blot 分析

M. 蛋白质分子质量标准;1. 纯化的重组 FUT2 蛋白

Fig. 4 Analysis of the purified recombinant FUT2 with Western-blot

M. Protein molecular weight Marker;

1. The purified recombinant FUT2

够抵抗诺瓦克病毒的感染^[12-16]。可见,FUT2 不仅在诺瓦克病毒感染过程中发挥重要作用,而且在兔出血症病毒的致病机制中也起到决定性作用。因此,研究兔 FUT2 在 HBGA 糖基化过程中的催化机理以及其在兔体内的表达和分布,对于探明 RHDV 的致病机理和感染机制具有重要意义。

本研究从正常成年兔体内成功克隆到了 *FUT2* 基因,其与 GenBank 登录的兔 *FUT2* 参考基因(GenBank 登录号:X91269)序列具有高度同源性,表明该基因在兔体内是高度保守的。*FUT2* 基因的克隆对于建立 RHDV 的细胞感染模型具有重要意义,研究人员可以通过构建稳定表达 *FUT2* 基因的细胞系,人为地提高宿主细胞中 *FUT2* 的表达水平,进而提高 HBGA 前体的糖基化水平,最终建立一种对 RHDV 比较敏感的细胞系,在当前缺乏有效培养 RHDV 细胞系的情况下,该研究思路无疑将突破这种瓶颈,可为体外研究 RHDV 的感染过程提供良好的研究平台。本研究利用原核表达系统成功表达了兔 FUT2 蛋白,并进行了纯化,为进一步研究 RHDV 的感染过程和致病机理奠定了良好的物质基础。

3 讨论

兔瘟是一种可感染多品种兔的烈性传染病,具有极高的发病率和致死率。但临床诊断结果发现,兔瘟仅发生于青壮年兔,幼龄兔很少发生兔瘟,即便是用强毒感染乳兔,也不能够使其发病死亡,最初人们以为这是由于母源抗体干扰所致,但最近研究发现,这是由于幼龄兔体内 *FUT2* 表达水平低下,H2 型组织血抗原的糖基化水平过低,不能与 RHDV 有效结合引发自然感染过程造成的^[11]。此类现象也存在于诺瓦克病毒中,有研究发现,诺瓦克病毒也可以利用 HBGA 作为受体感染人类,而 HBGA 的糖基化过程也需要在 *FUT2* 的参与下才能完成,人的 *FUT2* 非功能性等位基因决定其非分泌表型,具有非分泌表型的 *FUT2* 非功能性等位基因的个体能

[参考文献]

- [1] 刘光清,云涛,陈柳,等. 动物病毒反向遗传学 [M]. 北京: 科学出版社,2009.
Liu G Q, Yun T, Chen L, et al. Reversed genetics of animal virus [M]. Beijing: Science Press, 2009. (in Chinese)