

中国人杀菌蛋白氨基端基因的克隆和序列分析

陈薇 黄策 王海涛 傅玲

俞晓峰 徐静 杜桂鑫

(军事医学科学院微生物流行病学研究所 北京 100071)

摘要 本文报道中国人杀菌蛋白(BPI)氨基端基因 cDNA 的克隆及序列测定。采用逆转录 PCR 方法,分别从 HL-60 细胞和正常人外周血、HGV RNA 阳性献血员外周血的淋巴细胞中克隆了人 BPI 氨基端基因 BG₆₀、BG_{Nor} 和 BG_{HGV}。序列分析结果表明:BG₆₀ 与文献报道一致;BG_{Nor} 有 3 个核苷酸差异,推导有 1 个氨基酸变化;BG_{HGV} 有 3 个核苷酸差异,其中一处与 BG_{Nor} 相同,推导有 2 个氨基酸变化。由此推测中国人 BPI 氨基端基因可能具有特殊性。

关键词 人杀菌蛋白,PCR, cDNA 克隆, 序列分析

由革兰氏阴性菌(GNB)感染所致的败血症休克是目前临床患者死亡的重要原因之一,而细菌脂多糖(LPS)是造成感染过程中多器官功能衰竭及休克死亡的重要始动因子^[1]。因此,探索一种既能杀灭细菌又能中和 LPS 毒性效应的疗法,已成为当今抗细菌感染研究的热点之一。

通透性增加杀菌蛋白(Bactericidal / Permeability increasing Protein, BPI),简称杀菌蛋白,是人和其它哺乳类动物多型核白细胞(PMN)的天然成分,具有选择性对 GNB 细胞毒及中和内毒素活性的作用,对宿主无毒副作用,无免疫原性,且与某些抗生素有协同作用^[2~4],是目前很有希望应用于 GNB 感染治疗的新型抗细菌蛋白。

国外 Gray 等^[5]由人骨髓白血病细胞系(HL-60)中得到了人 BPI 的全长 cDNA 克隆,该基因编码 31 个氨基酸的信号肽和 456 个氨基酸的成熟蛋白;Gazzano-Santora 等^[6]又获得了重组人 BPI 氨基端(含信号肽序列和前 199 个氨基酸),分子量为 23ku 的蛋白片段(rBPI₂₃),且证实该片段保留了完整人天然 BPI(nBPI₅₅)的全部杀菌及中和内毒素的活性。我国对 BPI 的研究尚处起步阶段。本文报

道了通过逆转录 PCR 的方法,从 HL-60 细胞和两种外周血淋巴细胞中分别克隆了人 BPI 氨基端的基因,并对其核苷酸序列进行了分析。

1 材料与方法

1.1 细胞

HL-60 细胞由本院放射医学研究所曹菊容惠赠,在含 15% 小牛血清的 RPMI 1640 培养基中生长至对数生长期,离心收集细胞。

淋巴细胞是从某正常人和某献血员(HGV RNA 阳性^[7])的外周血中,用淋巴细胞分离液(天津血研所产品)分离而得。

1.2 cDNA

按照 mRNA 分离试剂盒(Invitrogen 公司产品)提供的方法,将 HL-60 细胞和淋巴细胞分别提取 mRNA,用第一链逆转录试剂盒(Gibco/BRL 公司产品),以 Oligo-d(T) 为引物,逆转录为 cDNA。

1.3 酶及其他试剂

PCR 试剂为 Perkin Elmer 公司产品,克隆

T载体、XL1-Blue 菌为 Invitrogen 公司产品, 测序所用的双链质粒提取试剂盒为 QIAGEN 公司产品, 通过 ABI 公司 DNA 序列分析仪进行序列测定, 其它酶及试剂购自华美公司。基因操作参照文献 [8]。

1.4 引物合成及 PCR 扩增条件

参照 Gray 等^[5]发表的 BPI 序列, 设计合成了 3 条引物:

P1 5' - ATGAGAGAGAACATGGCC-AGG - 3' (信号肽起始序列)

P2a 5'-CTCACTGTAAAACCTCCCCCTTCATCTG - 3' (757 - 783bp)

P3a 5' - TTATATTTTGGTCATTACTGGC - 3' (672 - 690bp, 插入终止密码 TAA)

采用半巢式 PCR 反应, 以 cDNA 为模板, P1 / P2a 为外引物进行第一轮 PCR, 扩增条件为: 95℃ 预变性 180s, 94℃ 50s, 48℃ 50s, 72℃ 80s, 25 个循环后 72℃ 10min; 取反应物 1μl 为模板, P1 / P3a 为内引物扩增第二轮, 退火温度为 58℃, 30 个循环, 其余条件同第一轮。

2 结果

2.1 BPI 氨基端基因的克隆

PCR 产物的琼脂糖电泳表明: 扩增所获得的三条 DNA 片断均为 700bp 左右, 与预期结果

一致(图 1)。将扩增产物纯化后, 直接与 T 载体连接, 转化大肠杆菌 XL1 - Blue, 挑取白色菌落, 用 PCR 快速筛选和质粒抽提酶切鉴定, 证实了 BPI 氨基端基因克隆的正确。各取一个阳性克隆, 命名为 BG₆₀、BG_{Nor} 和 BG_{HGV}, 分别制备双链质粒模板用于 DNA 序列分析。

2.2 BPI 氨基端基因的核苷酸序列分析

用 DNA 序列分析仪分别从基因的 5' 端和 3' 端对 BG₆₀、BG_{Nor} 和 BG_{HGV} 进行双向测序。序列分析结果表明, BG₆₀ 的核苷酸序列与文献报道的一致, 而 BG_{Nor} 和 BG_{HGV} 均有 3 个核苷酸的差异(图 3), 推导各有 1 个和 2 个氨基酸的变化(图 2)。

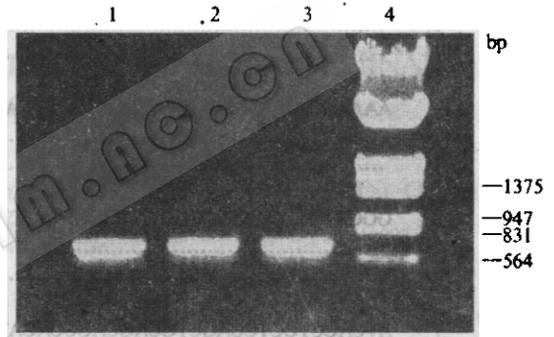


图1 PCR扩增的人杀菌蛋白氨基端基因片段
1. BG₆₀; 2. BG_{Nor}; 3. BG_{HGV}; 4. DNA Marker

	-30	-20	-10	1	10	20	
r	MRGNMARGPCNDPRWVSLMVLVAIGTAVITDAVNPGVVVRSQKGLEAYASQQGTAALQKGL						
N					A	
H						
	30	40	50	60	70	80	90
r	KRIKIPEYSESFKIKHLGKGHYSFYSMEIREFQLPSSQISMVNVGLKFSISNANIKISGKWKAQK						
N						
H					H	
	100	110	120	130	140	150	160
r	RFLKMSGNFELSREGMSISADLKLGSNPTSGKPTTCCSSSHINSVHVHISKSKVGWLIQLFHK						
N						
H						
	170	180	190	199			
r	KIGSDLRNKMNSQVCGKVTNSVSSKLQPYFQILPVMTKI						
N					#	
H					G	#

图2 中国人杀菌蛋白氨基端基因cDNA序列和推导的氨基酸序列及与文献报道序列的比较

r: 文献报道的序列; N: 正常人的序列; H: HGV RNA阳性人的序列

r	ATGAGAGAGAAACATGGCCAGGGGCCCTTGCAACCGCCGAGATGGGTGTCCCTGATGGTG	60
N	
H	
r	CTCGTCGCCATAGGCACCGCOGTGACAGCGGCCGTCAACCOCTGGCGTCTGTGGTCAGGATC	120
N	
H	
r	TCCCAGAAGGGCCTGGACTACGCCAGCCAGCAGGGGACGGCCGCTCTGCAGAAGGAGCTG	180
NG.....	
H	
r	AAGAGGATCAAGATTCTGACTACTCAGACAGCTTTAAGATCAAGCATCTTGGGAAGGGG	240
N	
H	
r	CATTATAGCTTCTACAGCATGGACATCCGTGAATTCCAGCTTCCCAGTCCCAGATAAGC	300
N	
H	
r	ATGGTGCCCAATGTGGCCCTTAAGTCTCCATCAGCAACGCCAATATCAAGATCAGCGGG	360
N	
HA.....	
r	AAATGGAAAGCACAAAAGAGATTCTTAAAATGAGCGGCAATTTTGACCTGAGCATAGAA	420
N	
H	
r	GGCATGTCCATTTGGGCTGATCTGAAGCTGGGCAGTAACCCACAGTCAGGCAAGCCACC	480
NG.....	
H	
r	ATCAOCTGCTCCAGCTGCAGCAGCCACATCAACAGTGTCCACGTGCACATCTCAAAGAGC	540
N	
H	
r	AAAGTCGGGTGGCTGATCCAACCTCTCCACAAAAAAATTGAGTCTGCGCTTCGAAACAAG	600
NG.....	
HG.....	
r	ATGAACAGCCAGGTCGCGAGAAAGTGACCAATTCTGTATCCTCCAAGCTGCAACCTTAT	660
N	
HG.....	
r	TTCCAGACTCTGCCAGTAATGACCAAAATA	720
NTAA	
HTAA	

图3 cDNA序列

3 讨论

从正常人外周血和 HGV RNA 阳性献血员外周血中克隆的人 BPI 氨基端基因, 其核苷酸序列与文献报道有所差异, 可能有两方面的原因: 一是在 PCR 反应中发生了突变, 二是存在

基因特殊性。在目前 PCR 条件下, Taq DNA 聚合酶的平均错误渗入率仅为 5×10^{-6} [9], 本实验扩增片段为 700bp, 其中有三个核苷酸变异, 占基因长度的 0.4%, 远高于平均突变率, 特别是同样方法条件下, BG₆₀ 的基因序列未发生变异, 且 BG_{Nor} 和 BG_{HGV} 核苷酸变异有一处相同,

提示核苷酸的差异因 PCR 突变的可能性很小,最有可能是因为中国人 BPI 氨基端基因存在特殊性。这种特殊性的遗传学意义以及对人 BPI 生物学活性的影响等,有待进一步研究。

查 CMCC(中文生物医学期刊数据库, 1994.1~1997.4), 未见有关 BPI 的研究报道。本工作为我国开展相关研究打下了基础。

参 考 文 献

- [1] Horison D C, Ryan J L. *Annu Rev Med*, 1987, **38**: 417~432.
- [2] Wiss J, Elsbach P, Olson I *et al.* *J Biol Chem*, 1978, **253**:2664~2672.
- [3] Elsbach P, Weiss J, Franson R C *et al.* *J Biol Chem*, 1979, **254**:11000~11009.
- [4] Elsbach P, Weiss J. *Infect - Agent - Dis*, 1995, **4(2)**: 102~109.
- [5] Gray P W, Flagg G, Leong S R *et al.* *J Biol Chem*, 1989, **264**:9505~9509.
- [6] Gazzzno - Santoro H, Parent J B, Grinna L *et al.* 1992, *Infect Immun*, **60(11)**:4754~4761.
- [7] 周育森, 陈 薇, 赵秋敏等. 军事医学科学院院刊, 1996, **20(4)**: 249~253.
- [8] Sambrook J, Fritsch E F, Maniatis T *et al.* *Molecular cloning, A Laboratory Manual(2nd.)*, Cold Spring Harbor Press, 1989.
- [9] 林万明, 杨瑞德, 黄尚志等. PCR 技术操作和应用指南, 北京: 人民军医出版社, 1993.

cDNA CLONING AND SEQUENCING OF THE N - TERMINAL GENE OF BPI FROM CHINESE

Chen Wei Huang Ce Wang Haitao Fu Ling Yu Xiaofeng Xu Jing Du Guixin

(*Institute of Microbiology and Epidemiology, Academy of Military Medical Sciences, Beijing 100071*)

Abstract The genes, named BG₆₀, BG_{Nor} and BG_{HGV}, encoding human N-terminal of bactericidal / permeability increasing protein (BPI) were cloned by RP-PCR method using mRNA templates isolated from HL-60 cells and peripheral blood lymphocytes of a normal person and a blood donor with hepatitis G virus(HGV) RNA. The results of DNA sequencing showed that the BG₆₀ had the same sequence as that reported, but both BG_{Nor} and BG_{HGV} had three nucleotide substitutions, which resulted in one and two amino acid variations respectively. The results suggested that N-terminal gene of BPI exists diversity.

Key words BPI PT-PCR, cDNA cloning, Sequencing