

肺炎克氏杆菌 nifA 基因在巴西固氮螺菌固氮基因表达的铵调节中的作用

何路红 阎大来 马旅雁 李季伦

(北京农业大学农业生物技术国家重点实验室 北京 100094)

固氮螺菌 (*Azospirillum*) 是一类仅在限铵和微好氧条件下固氮的微生物，它可与许多禾本科作物联合共生^[1]，具有较大的应用潜力。铵作为固氮作用的调节信号，在固氮螺菌的实际应用中是首要的限制因素。在固氮螺菌中，铵不但具有与肺炎克氏杆菌 (*Klebsiella pneumoniae*) 相似的阻遏固氮酶合成的作用，而且还对已合成的固氮酶进行活性调节^[2]。研究表明，其固氮酶翻译后活性调节的机制类似于深红红螺菌 (*Rhodospirillum rubrum*)^[3]，即在有铵条件下其固氮酶铁蛋白的一个亚基被共价修饰而丧失活性，这一过程是可逆的。由于铵在固氮螺菌中双水平地调节固氮作用，使得在野生菌株中研究其固氮基因表达水平上的调节较为困难。

Zhang 等^[4]利用区域定位诱变技术获得了巴西固氮螺菌 Sp7 (*A. brasiliense* Sp7) 的 *draT*⁻ 突变株，在该突变株中铵不再影响固氮酶的活性，这为其固氮基因表达调节的研究提供了一个良好的材料。本文将组成型表达的肺炎克氏杆菌 *nifA* 基因引入该突变株中，通过分析讨论铵对巴西固氮螺菌固氮基因表达的调节作用方式。

1 材料和方法

1.1 菌株及培养方法

巴西固氮螺菌 Sp7 (Ap^rNx^r, 野生型) 和 UB3 (Ap^rNx^rKm^r, *draT*⁻^[4]) 在 LB 培养基中 30℃ 培养，固氮酶活性测定选用 NfbHp 培养基^[5] 30℃ 培养；大肠杆菌 (*Escherichia coli*) 5K (pCK3) (Tc^r, 30℃ 培养时有 Km^r，含有肺炎克氏杆菌 *nifA*^c^[6]) 和 5K (pRK2013) (Km^r，帮助质粒) 在 LB 培养基中 37℃ 培养。抗生素使用浓度分别为：Ap-50μg/ml、Nx-4μg/ml、Km-20μg/ml、Tc-10μg/ml。抗性测定分别在 LB 和半固体 NfbHp 培养基中 30℃ 或 37℃ 检测。

1.2 质粒的接合转移

按文献 [5] 进行。

1.3 核酸印迹分子杂交

探针的光生物素标记及杂交和检测均按 Clontech 公司生物素标记 DNA 检测盒说明书进行。

1.4 固氮酶活性的测定

固氮酶活性用乙炔还原法测定，用气相色谱测定乙烯生成量。

2 结果

2.1 pCK3 向巴西固氮螺菌中的转移

按三亲交配法将 pCK3 转入巴西固氮螺菌 UB3 菌株，在含 Ap、Nx、Km 和 Tc 的培养基上进行筛

863 计划资助项目。

本文在 1993 年“第六届国际非豆科固氮会议”上报告。

本文于 1994 年 4 月 14 日收到。

选，得到大量接合子。经在选择培养基上多次传代后，选取其中若干接合子进行质粒的电泳分析，发现接合子中全部含有与 pCK3 大小一致的质粒。进一步以肺炎克氏杆菌 nif'BAL' 片段（从质粒 pGR397⁽⁷⁾ 中回收得到）作为探针，进行 Southern 杂交分析，在质粒条带处均呈阳性。以上结果表明，pCK3 已转入 UB3 并可在其中稳定存在。

2.2 接合子的固氮酶活性测定

在不同铵浓度的培养条件下，分别测定接合子与出发菌株 UB3 的固氮酶活性，以 UB3 在无氮条件下的固氮酶活性为 100%，结果见表 1。由于 UB3 菌株是 draT⁻，其固氮酶活性完全不受铵浓度的影响⁽⁸⁾，即使在其活性培养物中加入 20mmol/L 的铵，仍不对其固氮酶活性产生任何影响（本室未发表的数据）。由此可以确定表 1 中的固氮酶活性数据即可代表相应的固氮基因表达的强弱。可见，5mmol/L 的铵即可完全阻遏 UB3 的固氮酶合成；而对于接合子，在 5mmol/L 铵的条件下，固氮基因的表达受到部分阻遏，表达强度随着铵浓度的增高而减弱，在 20mmol/L 铵的条件下仅有极微量的表现。

表 1 不同铵浓度培养条件下的固氮酶活性

菌株	相应特性	固氮酶活 / % (NH ₄ Cl 浓度 / mmol · L ⁻¹)		
		0	5	20
<i>A. brasiliense</i> UB3	draT ⁻ , Ap ^r Nx ^r Km ^r	100	0	0
<i>A. brasiliense</i> UB3 (pCK3)	draT ⁻ , Ap ^r Nx ^r Km ^r Tc ^r <i>K. pneumoniae</i> nifA ^r	100	15	0.5~2

我们曾测定过肺炎克氏杆菌 NifA 对巴西固氮螺菌固氮基因的转录激活作用⁽⁹⁾，结果表明前者可以有效地启动后者的转录表达。结合这一结论及表 1 的结果，又由于 pCK3 中的 nifA 是在抗卡那霉素基因启动子下组成型表达的，间接说明接合子在高铵条件下固氮基因仅微弱表达的原因，是由于铵抑制了 NifA 的转录激活活性。为了进一步验证这一结论，我们利用 pCK3 自身的特点，又进行了卡那霉素抗性的测定。

2.3 卡那霉素抗性的测定

在 pCK3 中，肺炎克氏杆菌 nif'BAL' 插入抗卡那霉素基因的启动子下游，nifA 依赖抗卡那霉素基因启动子组成型转录，而抗卡那霉素基因本身则依赖于 nifB 启动子。有活性的 NifA 激活 nifB 启动子引导下的抗卡那霉素基因的转录，使得含有 pCK3 的大肠杆菌在 30℃ 条件下具有卡那霉素抗性。由于肺炎克氏杆菌 NifA 是温度敏感的，37℃ 时 NifA 失活，此时大肠杆菌 (pCK3) 不能在含卡那霉素的培养基上生长。pCK3 的这种抗卡那霉素温度敏感的特点，经检测在巴西固氮螺菌中同样存在（见表 2），说明可以利用这一特点，通过测定卡那霉素抗性，了解不同条件下 NifA 的活性情况。

表 2 卡那霉素抗性的测定

菌株	温度 / °C	培养基		LB
		NfbHp	NfbHp + 20mmol · L ⁻¹ NH ₄ Cl	
<i>E. coli</i> (pCK3)	30	ND	ND	+
	37	ND	ND	-
<i>A. brasiliense</i> Sp7	30	-	-	-
	37	-	-	-
<i>A. brasiliense</i> Sp7 (pCK3)	30	+	-	-
	37	-	-	-

ND：不能确定；+：生长；-：不生长。

由于 UB3 本身具有卡那霉素抗性, 无法进行卡那霉素抗性的检测, 我们就将 pCK3 引入野生菌株 Sp7, 在含有卡那霉素的培养基中分别测定 Sp7 和 Sp7 (pCK3) 的生长情况(见表 2)。在无氮条件下, Sp7 (pCK3) 具有卡那霉素抗性; 温度变化($30^{\circ}\text{C} \rightarrow 37^{\circ}\text{C}$) 和氮源的变化(无氮 \rightarrow 高铵) 均导致卡那霉素抗性的丧失; 而作为对照, 原始菌株 Sp7 则在任何条件下均不具备卡那霉素抗性。这些现象充分说明了在高铵条件下 NifA 是失活的, 不能激活固氮基因的转录表达。

3 讨 论

Liang 等⁽⁹⁾曾构建了巴西固氮螺菌 nifA::lacZ 及 nifH::lacZ 的转录融合质粒, 并分别测定了其在不同条件下的 β -半乳糖苷酶活性。结果发现 nifA 的转录活性在无氮条件下最高, 在 20mmol/L 铵条件下仅有部分抑制作用, 说明其 nifA 是组成型表达; 而 nifH 的转录在 20mmol/L 铵条件下则几乎完全被抑制。这一结果间接说明了, 铵是通过控制 NifA 的活性来调节巴西固氮螺菌固氮基因的表达的。

本文通过对 UB3 (pCK3) 的固氮酶活性测定, 以及 Sp7 (pCK3) 的卡那霉素抗性测定, 说明了在巴西固氮螺菌中, 肺炎克氏杆菌 NifA 在高铵条件下丧失活性, 从而不能激活固氮基因的转录表达。

在肺炎克氏杆菌中, 铵信号通过 NifL 抑制 NifA 的活性⁽¹⁰⁾, NifL 和 NifA 基本上是等量合成的⁽¹¹⁾, 免疫化学分析表明 NifL 与 NifA 可形成复合物⁽¹²⁾, 推测 NifL 是等量作用于 NifA 来使之丧失活性的。当向该菌中引入组成型表达的 nifA 时, 在高铵条件下超量的 NifA 仍具有转录激活活性⁽¹³⁾。很显然, 巴西固氮螺菌则不同, 迄今为止, 未在巴西固氮螺菌中发现 nifL 的同源基因。通过前面的测定和分析, 又因为肺炎克氏杆菌 nifA 转录表达后的产物是有活性的(这已在 nifA 的体外转录翻译体系中得到证实⁽¹⁴⁾), 我们推测在巴西固氮螺菌中存在一种负调节因子, 铵通过这一因子控制 NifA 的活性。这种负调节因子在肺炎克氏杆菌中是不存在的。寻找和研究这一因子, 将是构建固氮基因脱铵阻遏的巴西固氮螺菌工程菌株的关键。

参 考 文 献

- [1] Pedrosa F O: CRC Crit. Rev Plant Sci, 1988, 6: 345~384.
- [2] Hartmann A, Fu H A, Burris R H. et al. J Bacteriol, 1986, 165: 864~870.
- [3] Roberts G P, Ludden P W. Biological Nitrogen Fixation, Stacey G et al. (eds), Chapman and Hall, New York, London, 1992, pp. 135~165.
- [4] Zhang Y P, Burris R H, Roberts G P. J Bacteriol, 1992, 174: 3364~3369.
- [5] Pedrosa F O, Yates M G. FEMS Microbiol Lett, 1985, 23: 95~101.
- [6] Ennedy C, Drummond M H. J Gen Microbiol, 1985, 131: 1787~1795.
- [7] Riedel G E, Brown S N, Ausubel F M. J Bacteriol, 1983, 153: 45~56.
- [8] 阎大来, 何路红, 李季伦. 生物工程学报, 1995, 11 (3): 205~210.
- [9] Liang Y Y, Arsene F, Elmerich C. Mol Microbiol, 1991, 5: 2735~2744.
- [10] Merrick M J, Hill S, Hennecke H. et al. Mol Gen Genet, 1982, 185: 75~81.
- [11] Govantes F, Santero E. 9th International Congress on Nitrogen Fixation: Program and Abstracts, 1992, ESX 443.
- [12] Henderson N, Austin A S, Dixon R A. Mol Gen Genet, 1989, 216: 484~491.
- [13] Uozumi T, Wang P L, Tonouchi N. et al. Agric Biol Chem, 1986, 50: 1539~1544.
- [14] Santero E, Takahashi T, Spudich J L, et al. Proc Natl Acad Sci USA, 1989, 86: 7746~7350.

Effect of *Klebsiella pneumoniae* nifA on the Regulation of nif Gene Expression by Ammonia in *Azospirillum brasiliense*

He Luhong Yan Dalai Li Jilun

(National Laboratory for Agrobiotechnology, Beijing Agricultural University, Beijing 100094)

Abstract Plasmid pCK3, which carried a constitutive nifA gene of *Klebsiella pneumoniae*, was transferred into a dra T⁻ mutant strain of *Azospirillum brasiliense*. It was found that pCK3 could not derepress nif gene expression of *A. brasiliense* under high concentration of ammonia. Combined with the result of the phenotypes of the kanamycin resistant gene from pCK3 in *A. brasiliense* under different incubated conditions, it demonstrated that NifA activity was inhibited by ammonia. We suppose that there is a negative regulator in *A. brasiliense*, although not existing in *K. pneumoniae*, which has effect on NifA activity by ammonia.

Key words *Azospirillum brasiliense*, NifA, nif gene expression