

巴西固氮螺菌 Yu62 *draTG* 基因及其 下游区域的定位诱变分析*

马旅雁 吴 粤 王 娟 赵银锁 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)

摘要 用卡那霉素盒(Km^r -cassette)插入法, 对巴西固氮螺菌(*Azospirillum brasiliense*)Yu62 的 *draTG* 基因及其下游区域进行了诱变, 并获得相应的突变株。研究表明: *draT* 变突株的固氮酶活性不再受铵抑制, 而 *draG* 突变株在有铵时则丧失固氮酶活性, 但当铵耗尽后却不能像野生型菌株那样恢复活性。*draTG* 下游区域突变株 YZ4(突变位点距 *draG* 约 2kb) 在无氮及限铵条件下, 其固氮酶活性比野生型菌株的高, 但其 *nifH-lacZ* 转录融合子的表达并不受影响, 说明该区域可能有参与固氮酶活性水平调控的基因。

关键词 巴西固氮螺菌, *draTG*, 突变株

分类号 Q78 **文献标识码** A **文章编号** 1000-3061(1999)03-0281-87

固氮螺菌(*Azospirillum*)是一类与许多禾本科作物及牧草根际联合固氮的微生物^[1]。已知巴西固氮螺菌(*A. brasiliense*)Sp7 和深红红螺菌(*Rhodospirillum rubrum*)一样, 其固氮酶的活性也受 DraT(Dinitrogenase reductase ADP-ribosyltransferase)和 DraG(Dinitrogenase reductase activating glycohydrolase)系统的调节^[2,3]。DraT 也称失活酶, 当外界环境中铵浓度高时, 它可使固氮酶铁蛋白亚基上的第 101 位精氨酸残基, 被 ADP-核糖基团共价修饰而丧失活性^[4,5]。DraG 又称为激活酶, 当外界铵浓度降低时, 它可将铁蛋白的 ADP-核糖基团水解下来, 而又恢复固氮活性^[6]。铵对固氮酶活性的这种可逆抑制, 称为铵“关闭”(Switch-off)现象^[7,8]。DraT 和 DraG 分别由 *draT* 和 *draG* 编码, 并组成一个操纵元(operon), *draTG*。在 *A. brasiliense* Sp7 中 *draTG* 的上述功能已得到证实^[9,10]。*A. brasiliense* Yu62 菌株是 1984 年从北京郊区玉米根际分离得到的^[11], 它和来自巴西的 Sp7 菌株基本相似, 只在微量氧(0.5%)和无铵条件下固氮。我们已克隆了 Yu62 的 *draTG* 同源片段, 并进行了序列分析^[12,13], 为了确定其功能, 及探索 *draTG* 基因下游是否有与 *draTG* 表达相关的基因, 对 Yu62 进行了定位诱变, 本文报道这些诱变分析的结果。

1 材料和方法

1.1 菌株与质粒

实验用菌株和质粒见表 1。

* 国家高技术研究发展计划项目(No. 863-101-03-04-02)。

收稿日期: 1998-08-17, 修回日期: 1999-04-19。

表 1 菌株与质粒

Table 1 Bacterial strains and plasmids

Strains/Plasmids	Phenotype and/or genotype	Reference
Strains		
<i>E. coli</i> K-12 S17-1	Tp ^r Sm ^r RP4-2(Tc ^r :Mu)(Km ^r :Tn7), Pro, res ⁻ mod ^r	[14]
<i>A. brasiliense</i>		
Yu62	Ap ^r Nx ^r , wild type	[11]
YT	Ap ^r Nx ^r Km ^r , draT::Km	This study
YG	Ap ^r Nx ^r Km ^r , draG::Km	This study
YZ1, YZ4	Ap ^r Nx ^r Km ^r , draTG downstream region::Km-lacZ	This study
Plasmids		
pSUP202	Ap ^r Tc ^r Cm ^r	[14]
pUC4K	Ap ^r Km ^r , Km ^r gene from Tn903	[15]
pKOK5	Ap ^r Km ^r , lacZ	[16]
pAB358	Tc ^r , pRK290 derivative carrying a nifH-lacZ transcriptional fusion	[17]
pLYM106	Ap ^r , <i>A. brasiliense</i> Yu62 draTG (8.0-kb Sal I fragment) in pUC19	[12]
pSUTG	Ap ^r Cm ^r Tc ^r , <i>A. brasiliense</i> Yu62 draTG (3.0kb fragment) in pSUP202	This study
pSUTG-1	Ap ^r Cm ^r Tc ^r Km ^r , derivative plasmid of pSUTG (draT::Km)	This study
pSUTG-2	Ap ^r Cm ^r Tc ^r Km ^r , derivative plasmid of pSUTG (draT::Km)	This study
pLYM106-KZP1	Ap ^r Km ^r , derivative plasmid of pLYM106(draTG downstream region::Km)	This study
pSUP-KZP1	Km ^r Cm ^r Tc ^r , 12kb fragment from pLYM106-KZP1 in pSUP202	This study

1.2 酶及试剂

核酸限制酶、DNA聚合酶分别购自 Promega 公司和华美公司, T4 DNA 连接酶购自 New England Biolabs 公司。

1.3 方法

1.3.1 培养: 巴西固氮螺菌用 LD 培养基^[4]30℃ 培养, 测定全细胞固氮酶活性时选用 Nf-bHp 培养基^[4]30℃ 培养。大肠杆菌(*Escherichia coli*)用 LB 培养基 37℃ 培养。对 *E. coli*, 各种抗生素的使用浓度分别为: Ap-50μg/mL, Cm-25mg/mL, Tc-12.5μg/mL, Km-50μg/mL。对 *A. brasiliense*, 各种抗生素浓度分别为: AP-25μg/mL; Km-12.5μg/mL; Nx-6μg/mL。

1.3.2 质粒的接合转移及突变株的筛选: 按文献[18]进行。

1.3.3 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。

1.3.4 β-半乳糖苷酶活力测定: 将各菌株接种至 K-乳酸盐无氮培养基^[20]中, 分别在微量氧(0.5% O₂, 99.5% Ar)、高氧(21% O₂, 79% Ar)、无铵及有铵的条件下, 培养 4h 后分别取样, 参照 Miller 的方法测定 β-半乳糖苷酶活力^[19]。

2 结果和讨论

2.1 draTG 基因及其下游区域的定位诱变

2.1.1 draTG 基因定位诱变: 从质粒 pLYM106 上回收 3.0kb dra TG 片段, 亚克隆到 pSUP202 质粒上, 获得重组质粒 pSUTG。pSUTG 用 Pst I 部分酶切后与从 pUC4K 上酶切回收的 1.4kg Pst I Km^r 基因片段连接, 得到质粒 pSUTG-1(draT::Km, 见图 1A)。

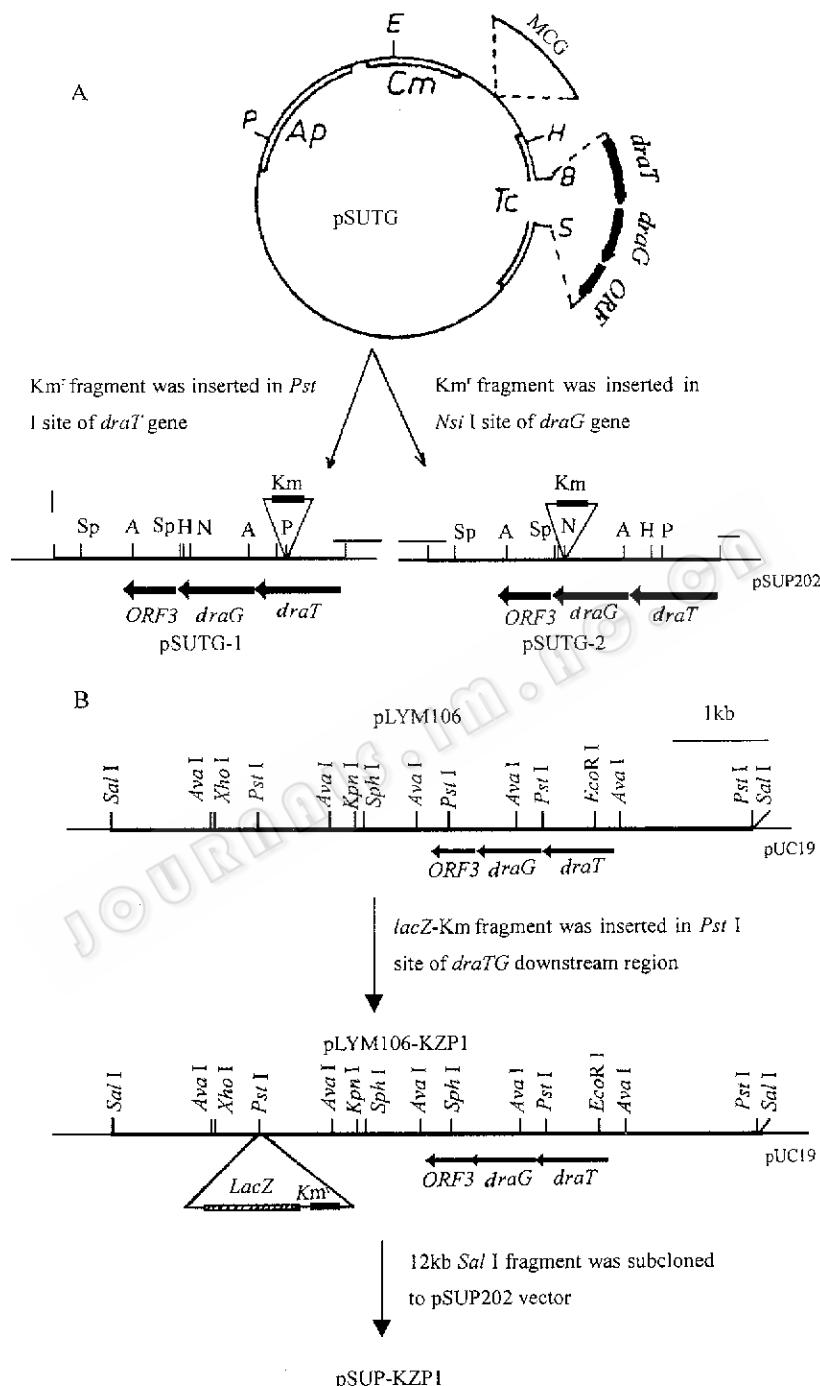


图 1 *A. brasiliense* Yu62 *draTG* 基因及下游区域的定位诱变示意图

Fig. 1 Site-directed mutagenesis of *draTG* genes and its downstream region in *Azospirillum brasiliense* Yu 62

A. Site-directed mutagenesis of *draTG* genes;

B. Site-directed mutagenesis of the *draTG* 's downstream region

用 *Nsi* I 酶切的 pSUTG 与 1.4kb *Pst* I Km 片段连接, 得到 *draG* 基因结构区被插入诱变的质粒 pSUTG-2(图 1A)。将这 2 个质粒分别转入 *E. coli* S17-1 中, 再经接合转移法引入 *A. brasiliense* Yu62, 筛选出 *draT* 和 *draG* 的突变株, 分别命名为 *A. brasiliense* YT 和 *A. brasiliense* YG。

2.1.2 *draTG* 基因下游区域定位诱变: pLYM106 的 *Pst* I 部分酶切产物与 Km-*lacZ* *Pst* I 片段(从 pKOK5 上回收)连接, 获得重组质粒 pLYM106-KZP1, 对该质粒酶切鉴定表明: Km-*lacZ* 插在 *draTG* 下游的 *Pst* I 位点(距 *draG* 约 2kb, 见图 1B)。用 *Sal* I 酶切 pLYM106-KZP1, 酶切产物经 Klenow 补平后, 与用 *Pst* I 酶切并经 T4 DNA polymerase 切平的 pSUP202 进行连接, 获得质粒 pSUP-KZP1(图 1B)。将该质粒转入 *E. coli* S17-1 中, 再经接合转移法引入 *A. brasiliense* Yu62, 获得该区域插入失活的突变株 YZ1 和 YZ4。

2.2 突变株固氮酶活性铵关闭现象的检测

用 NfbHP-谷氨酸钠(10mmol/L)液体培养基, 分别培养野生型 Yu62 及其突变型 YT 和 YG, 16~20h 后, 在已有固氮酶活性的培养液中, 加入终浓度为 1 mmol/L 或 2 mmol/L 的 NH₄Cl, 对照则加相应体积的灭菌水, 定时取 1 mL 菌液测定固氮酶活性。在野生型 Yu62 的培养液中, 只加 1 mmol/L NH₄Cl 时, 其固氮酶活性立即被全部抑制; 继续培养 45min 后, 又恢复固氮活性, 此时培养液中的 NH₄⁺ 已基本耗尽。而加入 2 mmol/L NH₄Cl 时, 虽继续培养 80min 后, 其固氮酶活性仍不能恢复(图 2A)。在 DraT 突变株 YT 的培养液中, 加入 2 mmol/L NH₄Cl 后, 其固氮酶活性变化不大, 与野生型 Yu62 加水后的对照基本一致(图 2B, 2A), 说明 *draT* 的功能已被破坏, 在有铵时固氮酶不再被 DraT 修饰失活。在突变株 YG 的培养液中, 加入 0.5mmol/L NH₄Cl 后, 其固氮酶活性立即被抑制; 虽继续培养 90min, 其固氮酶活性仍不能恢复(图 2B), 说明 *draG* 已被插入失活, 突变了的 DraG 不能将已结合在固氮酶铁蛋白上的 ADP-核糖基团水解下来。

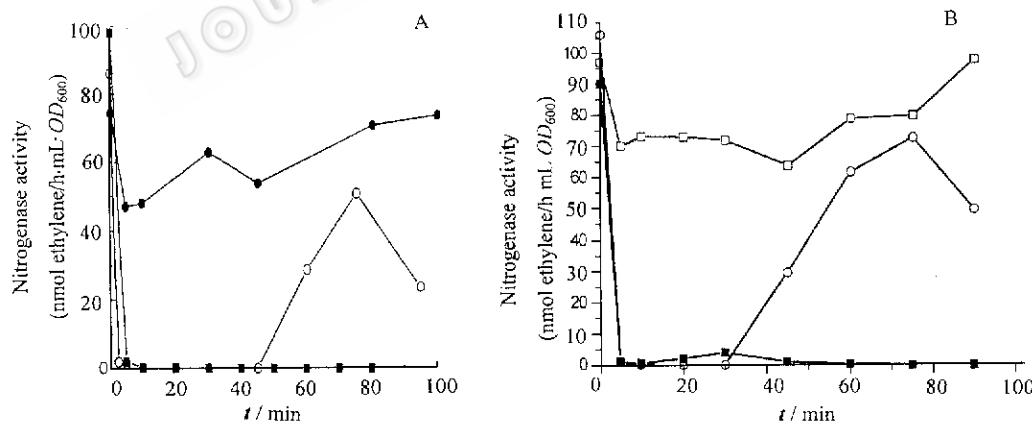


图 2 *A. brasiliense* Yu62 及其突变株固氮酶铵关闭现象的检测

Fig. 2 Regulation of nirtrogenase activity by ammonium addition in the culture of the wild type and its mutants of *A. brasiliense* Yu62(NH₄Cl was added in time zero)

A. Wild type: Yu62 - ● - Water(control), - ○ - 1 mmol/L NH₄Cl, - ■ - 2 mmol/L NH₄Cl

B. Mutants: YT, YG and YZ4 - □ - YT(2mmol/L NH₄Cl), - ■ - YG(0.5mmol/L NH₄Cl), - ○ - YZ4(0.5mmol/L NH₄Cl)

draTG 下游区域突变株 YZ4 和野生型 Yu62 的铵关闭现象基本一致(图 2A, 2B - o -), 说明此区域的突变并未影响菌株对铵的反应。但对 *draTG* 下游区域突变株 YZ1 和 YZ4 的固氮酶活性测定表明: 在无铵及有 2mmol/L NH₄Cl(限铵条件)的 NfbHP 半固体培养基中, 它们的固氮酶相对活性都比野生菌株的高(表 2)。

2.3 转录融合子 *nifH-lacZ* 在突变株 YZ4 的表达

为了研究突变株 YZ4 在固氮酶合成水平的调控上是否发生变化, 将带有 *A. brasiliense* SP7 *nifH-lacZ* 转录融合子的质粒 pAB358 分别转入突变株 YZ4 和野生型 Yu62 中, 检测这 2 个菌株在不同铵浓度条件下的 β -半乳糖苷酶活性, 结果见表 3。

表 3 *nifH-lacZ* 转录融合子在 *A. brasiliense* Yu62 野生型及突变株 YZ4 中的表达

Table 3 Specific activity of β -galactosidase of the *nifH-lacZ* (pAB358) transcriptional genes fusion in wild type Yu62 and mutant YZ4 of *A. brasiliense*

Strains/Plasmids	Specific activity of β -galactosidase* (u/min. mg protein)			
	0.5% O ₂		21% O ₂	
	- NH ₄ ⁺	+ NH ₄ ⁺ (20mmol/L)	- NH ₄ ⁺	+ NH ₄ ⁺ (20mmol/L)
YZ4 (Km- <i>lacZ</i>)	890 ± 7	1088 ± 68	882 ± 49	1046 ± 63
YZ4 (Km- <i>lacZ</i>) + pAB358 (<i>nifH-lacZ</i>)	8896 ± 85	1021 ± 34	798 ± 15	959 ± 37
Yu62 + pAB358 (<i>nifH-lacZ</i>)	9141 ± 45	167 ± 8	269 ± 46	219 ± 37

* Data are averages of three independent assays.

从表 3 中可以看出: 突变株 YZ4 的 β -半乳糖苷酶比活性无论在低氧、高氧、无铵和高铵的条件下都较高(约 1000 左右), 这是由于构建 YZ4 时, 插入了 Km-*lacZ* 片段。此 *lacZ* 基因是组成性表达的, 不受 O₂ 或 NH₄⁺ 的调控。YZ4 + PAB358 中由于除 Km-*lacZ* 外还引入了 *nifH-lacZ*, 这个 *lacZ* 的表达, 可被 O₂ 或 NH₄⁺ 调控; 只在微量 O₂ 或无铵时才表达, 其 β -半乳糖苷酶比活性要比突变株 YZ4 在无铵条件下的比活性高约 10 倍, 而与 Yu62 + pAB358 的比活性相似。说明突变株 YZ4 中的 *nifH* 的转录并无影响, 也就是说这个被突变的区域内没有与固氮酶合成相关的基因; 但该区域被插入突变后, 却导致了固氮酶活性的提高(表 2), 说明此区域内可能有参与固氮酶活性水平调节的基因。我们对此区域已进行了克隆和测序, 发现其中含有一个依赖 σ⁵⁴ 的开放阅读框架, 其功能分析尚在进行, 结果将另行报道。

在无铵或低 O₂(0.5%) 条件下, YZ4 + PAB358 比 Yu62 + pAB358 的 β -半乳糖苷酶比活性略低(应该略高, 因是 2 个 *lacZ* 表达之和); 以及在高铵(20mmol/L)或高 O₂(21%) 条

表 2 突变株 *A. brasiliense* YZ1 和 YZ4 在不同铵浓度培养条件下的固氮酶活

Table 2 Nitrogenase activity of *A. brasiliense* YZ1, 4 while growing in nitrogenfree medium and medium with 2mmol/L ammonium

Strains	Relative nitrogenase activity/ % *	
	- NH ₄ ⁺	+ NH ₄ ⁺ (2 mmol/L)
<i>A. brasiliense</i> Yu62	100	130
<i>A. brasiliense</i> YZ1	190	170
<i>A. brasiliense</i> YZ4	196	214

* The relative activity of nitrogenase was expressed as a percentage of the activity of *brasiliense* Yu62 in nitrogen-free condition. (Data were taken from averages of three independent assays).

Yu62 中, 检测这 2 个菌株在不同铵浓度条件

下的 β -半乳糖苷酶活性, 结果见表 3。

表 3 *nifH-lacZ* 转录融合子在 *A. brasiliense* Yu62 野生型及突变株 YZ4 中的表达

Table 3 Specific activity of β -galactosidase of the *nifH-lacZ* (pAB358) transcriptional genes fusion in wild type Yu62 and mutant YZ4 of *A. brasiliense*

Strains/Plasmids	Specific activity of β -galactosidase* (u/min. mg protein)			
	0.5% O ₂		21% O ₂	
	- NH ₄ ⁺	+ NH ₄ ⁺ (20mmol/L)	- NH ₄ ⁺	+ NH ₄ ⁺ (20mmol/L)
YZ4 (Km- <i>lacZ</i>)	890 ± 7	1088 ± 68	882 ± 49	1046 ± 63
YZ4 (Km- <i>lacZ</i>) + pAB358 (<i>nifH-lacZ</i>)	8896 ± 85	1021 ± 34	798 ± 15	959 ± 37
Yu62 + pAB358 (<i>nifH-lacZ</i>)	9141 ± 45	167 ± 8	269 ± 46	219 ± 37

* Data are averages of three independent assays.

从表 3 中可以看出: 突变株 YZ4 的 β -半乳糖苷酶比活性无论在低氧、高氧、无铵和高铵的条件下都较高(约 1000 左右), 这是由于构建 YZ4 时, 插入了 Km-*lacZ* 片段。此 *lacZ* 基因是组成性表达的, 不受 O₂ 或 NH₄⁺ 的调控。YZ4 + PAB358 中由于除 Km-*lacZ* 外还引入了 *nifH-lacZ*, 这个 *lacZ* 的表达, 可被 O₂ 或 NH₄⁺ 调控; 只在微量 O₂ 或无铵时才表达, 其 β -半乳糖苷酶比活性要比突变株 YZ4 在无铵条件下的比活性高约 10 倍, 而与 Yu62 + pAB358 的比活性相似。说明突变株 YZ4 中的 *nifH* 的转录并无影响, 也就是说这个被突变的区域内没有与固氮酶合成相关的基因; 但该区域被插入突变后, 却导致了固氮酶活性的提高(表 2), 说明此区域内可能有参与固氮酶活性水平调节的基因。我们对此区域已进行了克隆和测序, 发现其中含有一个依赖 σ⁵⁴ 的开放阅读框架, 其功能分析尚在进行, 结果将另行报道。

在无铵或低 O₂(0.5%) 条件下, YZ4 + PAB358 比 Yu62 + pAB358 的 β -半乳糖苷酶比活性略低(应该略高, 因是 2 个 *lacZ* 表达之和); 以及在高铵(20mmol/L)或高 O₂(21%) 条

件下,其 β -半乳糖苷酶比活性也比突变株YZ4的略低(应该持平)的现象,可是由于插入突变使YZ4合成 β -半乳糖苷酶的效率略有降低所致。

致 谢:部分试验在法国巴斯德研究所C. Elmerich教授实验室进行了重复验证,并得到她的建议和帮助,特此深表谢意。

参 考 文 献

- [1] F.O. Pedrosa. *CRC Crit. Rev. Plant Sci.*, 1985, **6**:345~384.
- [2] A. Hartmann, Fu H-A., R. H. Burris. *J. Bacteriol.*, 1986, **165**:864~870.
- [3] P. W. Ludden, G. P. Roberts. *Curr. Top. Cell Regul.*, 1989, **30**:23~55.
- [4] R. G. Lowery *et al.* *J. Bacteriol.*, 1986, **166**:513~518.
- [5] M.R. Pope *et al.* *Biochemistry*, 1985, **24**:2374~2380.
- [6] L. L. Saari *et al.* *J. Biol. Chem.*, 1986, **261**:4973~4977.
- [7] R. H. Kanemoto, P. W. Ludden. *J. Bacteriol.*, 1984, **158**:713~720.
- [8] P. W. Ludden, G. P. Roberts. *Curr Top Cell. Regul.*, 1989, **30**:23~55.
- [9] Y-P Zhang, R. H. Burris, G. Roberts. *J. Bacteriol.*, 1992, **174**:3364~3369.
- [10] J-H Liang, G. M. Nielsen, D. P. Lies *et al.*, *J. Bacteriol.*, 1991, **173**:6903~6909.
- [11] 杨洁彬,曹增良,李季伦.北京农业大学学报,1984,10(3):321~329.
- [12] 马旅雁,李季伦.生物工程学报,1997,13(3):227~235.
- [13] 马旅雁,李季伦.生物工程学报,1997,13(4):343~349.
- [14] R. Simon *et al.* *Molecular Genetics of the Bacteria-Plant Interaction*. Spring-verlag, Berlin, Heidelberg. 1983, 98~106.
- [15] J. Vieira, J. Messing. *Gene*, 1982, **19**:259~268.
- [16] W. Kokotek, W. Lotz. *Gene*, 1989, **84**:467~471.
- [17] F.O. Pedrosa, M. G. Yate. *FEMS Microbiol. Lett.*, 1985, **23**:95~101.
- [18] Y. Y Liang, P. A. Kaminski, C. Elmerich. *Mol. Microbiol.* 1991, **5**(11):2735~2741.
- [19] J. H. Miller. *Experiments in Molecular Genetics*. Cold Spring Harbor, New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1972, 352~355.
- [20] M. Galimand, B. Perroud, F. Delorme. *Gen. Microbiol.*, 1989, **135**:1047~1059.

Site-directed Mutagenesis Analysis of *draTG* Genes and Their Downstream Region of *Azospirillum brasiliense* Yu62*

Ma Lüyan Wu Yue Wang Juan Zhao Yinsuo Li Jilun

(China Agricultural University, Beijing 100094)

Abstract *draT* and *draG* genes are involved in post-translational regulation of nitrogenase activity of *Azospirillum brasiliense* Yu62. Both genes and their downstream region were mutagenized by Km^r cassette insertions. Analysis of mutations introduced into the *dra* region on the *A. brasiliense* Yu62

* Project of Chinese National Programs for High Technology Research and Development(No. 863-101-03-04-02).

chromosome showed that mutants affected in *draT* were incapable of regulating nitrogenase activity in response to ammonium. In contrast, a mutant with an insertion in *draG* was still capable of ADP-ribosylating dinitrogenase reductase in response to ammonium, but was no longer able to recover the activity after ammonium depletion. These results confirm that *draTG* genes are active in the regulation of nitrogenase activity of *A. brasiliense* Yu62. Analysis of mutations introduced into the *draTG* downstream region (the mutagenized site is about 2kb downstream from *draG*) showed that the nitrogenase activity of the mutants were higher than that of the wild strain while growing in nitrogen-free medium and medium with 2 mmol/L ammonium. These results reveal that there isn't any gene that is necessary for transcription of *nifHDK* in the mutagenized region, but it is possible that there are some genes which play a role in regulation of the activity of nitrogenase. The results of monitoring the expression of transcriptional *nifH-lacZ* gene fusion in the mutant YZ4 showed that the transcription of *nifH* in the mutant YZ4 was the same as that in wild strain Yu62.

Key words *Azospirillum brasiliense* Yu62, *draTG*, mutants