

猪基因组文库的构建及其生长激素基因的分离

寇 蔽 曹 颀 宋德秀

(中国科学院发育生物学研究所, 北京)

本工作以长白猪为材料, 分别用Charon28及EMBL 3为载体, 构建了猪的基因组文库。用牛生长激素基因为探针对基因文库进行筛选, 由两个基因文库中各获得一个阳性克隆 λ PGH1, λ PGH2。其后, 以质粒pUC19为载体对 λ PGH1进行了亚克隆。通过对亚克隆pPGH的酶切图谱及其Southern杂交结果的分析表明, 在pPGH中含有完整的猪生长激素基因。

关键词 基因文库; 生长激素基因; 长白猪

生长激素是由脑下垂体前叶产生的单链多肽, 一般含有190个氨基酸残基。生长激素在促进个体生长, 治疗各种创伤疾病如骨折, 皮肤烧伤, 溃疡^[1]等已证实是有效的。

1974年Jaenisch等^[2]用显微注射技术把SV40注入小鼠胚胎囊胚腔, 获得第一只转基因鼠。1982年和1983年Palmiter等^[3]分别把大鼠和人生长激素基因注射入小鼠受精卵, 得到了体重比正常小鼠大的“超级鼠”。八十年代以来, 科学家先后分离了人^[4]、牛^[5]、大鼠^[6]、羊^[7]等的生长激素基因, 并进行了多方面的研究^[8-10]。

为了能够用转移生长激素基因的方法得到生长快, 瘦肉率高的新品种, 加速我国大牲畜的品种改良, 我们以长白猪为材料构建了猪的基因组文库, 并分离出猪的生长激素基因。现正构建含有羊MT-I启动子的表达质粒, 准备将其转入到猪的受精卵中, 以期在猪体内表达, 从而培养出瘦肉型、生长快、饲料转化率高的猪的新品种。

材料和方法

(一) 材料

1. 长白猪猪肝: 由北京农业大学提供。

2. 菌株: *E.coli* DP50购自微生物所; *E.coli* K802由动物所提供; λ 噬菌体溶原菌BHB2688, BHB2690为西德Walter教授赠送; *E.coli* RR1为美国纽约大学生物化学实验室赠送。

3. 载体: 噬菌体EMBL3为西德Walter教授赠送; 噬菌体Charon28, 质粒pUC19为本室自备。

4. 酶: 除Mbo I为BRL公司产品外, 其它限制酶均为Boehringer Mannheim公司产品。碱性磷酸酶、RNA酶、T4DNA连接酶、DNA聚合酶部分为Boehringer Mannheim公司产品, 部分购自华美生物工程公司。

5. 膜及其他产品: 硝酸纤维素膜为Millipore公司产品; 混合纤维素膜购自上海新亚净化器件厂; 尼龙膜(Hybond-N)为Amersham公司产品。低融点琼脂糖为BRL产品; α -³²P-dATP, α -³²P-dCTP为美国ICN公司产品。

(二) 方法

1. 15—23kb猪DNA的分离纯化:

本文于1989年6月21日收到。

本课题为国家高技术发展计划资助项目。

取猪肝脏按文献[10]的方法提取高分子量DNA。DNA经Mbo I部分酶切后，在0.4%低融点琼脂糖中电泳，30V过夜，将含所需大小的DNA片段的胶块切下，加等体积1mol/L NaCl，70℃5min，经酚、氯仿抽提后即得构建基因文库所需的15~20或19~23kb的DNA片段。

2. 载体DNA的制备：噬菌体Charon28、EMBL3基本按文献[10]的方法，经氯化铯密度梯度超离心获得纯化的噬菌体，酚、氯仿抽提后即得纯化的载体DNA。

质粒pUC19 DNA的提取采用文献[10]的快速碱解法，用0.7%低融点琼脂糖纯化。

3. 噬菌体体外包装及细菌转化：按文献[10]的方法提取包装蛋白。包装效率为 2×10^8 pfu/ μg λ DNA。感受态菌的制备及细菌转化按Boehringer Mannheim公司推荐的方法进行。

4. 噬斑原位杂交及菌落原位杂交：基本上按文献[10]的方法进行。噬斑原位杂交温度为60℃；菌落杂交温度为42℃，加50%甲酰胺。

5. 探针制备和Southern杂交：采用牛生长激素基因(bGH)为探针，低融点胶分离纯化。DNA片段的转移及分子杂交按Southern方法进行^[11]。

结果和讨论

(一) 猪基因组文库的构建

在建库时我们选用了两种载体Charon28和EMBL3。Charon28为BamHI位点特异的载体，可容纳15~20kb外源DNA片段^[12]。EMBL3可容纳19~23kb外源DNA片段，具有多种特异性的限制酶位点^[13]。在以Charon28和EMBL3为载体构建基因文库时，Mbo I是一个理想

的限制酶。因为它识别四个碱基，切割DNA的随机性较大，另外它还可产生与限制酶BamHI互补的粘性末端。我们把猪的高分子量DNA用Mbo I部分酶切后，用低融点胶分离纯化15~20 kb和19~23kb DNA片段，此方法迅速、简便、经济，可用于构建真核基因文库。

构建基因文库的另一关键是获得高包装效率和重组率。高质量的包装蛋白是构建文库的前提，当包装效率达到 10^8 pfu/ μg λ DNA以上时，方可认为其质量达到了要求。高质量的基因文库的建立不但要求载体及插入片段的质量好，还需要两者在一定的比例和浓度下连接。经过用不同的比例进行比较，发现用1.5~2.0 μg 载体加 $\approx 0.5\mu\text{g}$ 插入片段在10 μl 反应体系中，12℃连接过夜可以得到最佳结果。我们用Charon28和EMBL3为载体分别构建的两个猪基因文库的包装效率均达到 $1 - 5 \times 10^8$ pfu/ μg DNA。

在基因文库中筛选目的基因时，采用建库后直接筛选的方法。筛选工作在较高的密度下进行，每个直径150mm的培养皿中含约 10^4 个重组噬斑，其中非重组体所占比例<1%。以牛生长激素基因为探针，在两个文库中筛选，在分别筛选 $3 - 6 \times 10^5$ 个重组噬斑后，分别得到了阳性噬斑。通过再次纯化得到阳性单克隆，其中 λ PGH1为本文所鉴定的单克隆（图版I-2）。

(二) λ PGH1的酶切分析

参考文献[14]中猪生长激素基因序列及噬菌体Charon28的酶切图谱^[12]，选用在基因中没有切点，而且距插入位点近的限制酶Hpa I，对快速提取的 λ PGH1 DNA进行酶切反应，经电泳，Southern转移后用牛生长激素基因作探针杂交，结果在4.6kb处有一明显杂交带（图版I-1）。

(三) 将 λ PGH1上的猪生长激素基因克隆到pUC19质粒上

在 λ PGH1上插入的外源DNA片段大约有20kb，其中大部分与本研究无关。因此我们选用pUC19质粒进行亚克隆。它与适当的宿主菌配合可以为重组子的鉴别提供方便，它的分子量较小且在菌体中拷贝数高，有利于酶切分析，此外它能直接用于克隆片段的序列分析。

λ PGH1用Hpa I酶切后产生平末端，与pUC19的Sma I末端在T4DNA连接酶作用下连接，转化到宿主体内，菌落原位杂交后获得含有猪生长激素基因的阳性克隆pPGH。

(四)pPGH的酶切分析

为进一步分析pPGH，我们选用了9种限制酶对pPGH进行酶切、电泳并用完整牛生长激素基因为探针作Southern杂交(图版I-3)。由实验结果并参考文献[14]。确定了DNA片段插入的方向和基因在片段中的位置及酶切位点(图1)。其中Acc I、Pst I、Rsa I和Sma I酶分别切出并杂交出0.45, 1.75, 0.95和1.6kb的片段(与文献[14]相符)，另外对部分序列的测定结果也与文献[14]相符(图版I-4)。由此我们认为，在pPGH中含有完整的猪生长激素基因。

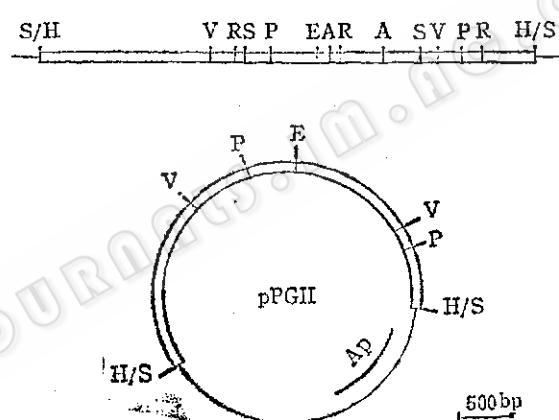


图1 pPGH的限制酶酶切图谱

Fig. 1 Restriction endonuclease map of pPGH
Double line: Inserted λ PGH1-Hpa I fragment
Single line: pUC19

A:Acc I, E:EcoR I, H:Hpa I, P:Pst I, R:Rsa I, S:Sma I, V:Pvu I

参 考 文 献

- [1] Goeddel, D. V., et al.: *Nature*, 281:544—548, 1979.
- [2] Jaenisch, R. and Mintz, B.: *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 71:1250—1254, 1974.
- [3] Palmiter, R. D. et al.: *Nature*, 300:611, 1982.
- [4] Fiddes, J. C. et al.: *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 75:4294, 1978.
- [5] Woychik, R. P. et al.: *Nucleic Acids Research*, 10: 7197—7210, 1982.
- [6] Page, G. S. et al.: *Nucleic Acids Research*, 9:2087—2104, 1981.
- [7] Byrne, C.R., et al.: *Aust. J. Biol. Sci.*, 40:459—468, 1987.
- [8] Hammer, R. E. et al.: *Nature*, 315: 680—683, 1985.
- [9] Seamark, R. F. et al.: *J. Cell. Sci.*, 90:295—300, 1988.
- [10] Maniatis, T. et al.: *In Molecular Cloning, A laboratory Manual*, SCH. USA, 1982.
- [11] Southern, E. M. et al.: *J. Mol. Biol.*, 98:503, 1975.

- [12] Rimm, D. et al.: *Gene*, 12:301, 1980.
- [13] Frischauf A-M. et al.: *J. Mol. Biol.*, 170: 827—842, 1983.
- [14] Vize, P. D. et al.: *Gene*, 55:339—344, 1987.
- [15] Yanisch-Perron, G. et al.: *Gene*, 33:103—119, 1985.

Construction of Porcine Genomic Library and Isolation of Porcine Growth Hormone Gene

Kou Kou Cao Jie Song Dexiu

(Institute of Developmental Biology, Academia Sinica, Beijing)

Two porcine genomic libraries have been constructed using both phage Charon 28 and EMBL3 as the vectors and two positive plaques (λ PGH₁, λ PGH₂) have been isolated using bovine growth hormone gene (bGH) as the hybridization probe. The gene within the λ PGH₁ was subcloned into plasmid pUC19. By digestion with 9 different restriction enzymes and Southern hybridization, it showed that the plasmid pPGH contains full length porcine growth hormone gene.

Key words

Genomic library; growth hormone gene; porcine

图 版 说 明

Explanation of Plate I

1. DNA from λ PGH₁ were digested with restriction enzyme Hpa I and electrophoresed on a 0.8% agarose gel
 a: λ DNA/EcoR I + Hind III; b: Charon28 DNA/Hpa I; c,d: λ PGH₁ DNA/Hpa I
 Right: The Southern hybridization result of the same gel
2. Plaque *in situ* hybridization: Recombinant phage DNA was transferred to microcellulose filter and hybridized with ³²P-labelled bGH probe and autoradiographed
3. Analysis of pPGH DNA digested with different restriction enzymes
 Left: Ethidium bromide stained gel
 a. λ DNA/EcoR I + Hind III; b. Positive control: bGH gene digested with Pst I; c—k. pPGH digested with Acc I, Alu I, EcoR I, Hind III, Kpn I, Pst I, Pvu II, Rsa I, Sma I, respectively
 Right: Southern hybridization result of the same gel
4. Part sequence from pPGH

