

在结瘤基因 *nod A* 启动子内发现了两个不同功能的结构区域

常维忠 洪国藩

(中国科学院上海生物化学研究所 上海 200031)

摘要 在豌豆根瘤菌(*Rhizobium Leguminosarum*)结瘤基因 *nod A* 的启动子内发现了具有两个不同功能的结构区域:其一我们称为 R_{IP} , 在 *nod A* 诱导表达中起着关键作用, 可能识别经诱导剂作用而发生构象变化的调控蛋白 NodD;另一为 R_P 缺失后留下的, 我们称为 R_P 区。只要 R_P 存在, 不需要诱导剂, NodD 蛋白即能导致结瘤基因 *nod A* 的表达。因此该区可能识别原始构象的调控蛋白 NodD。

关键词 共生固氮, 结瘤基因, *nod A* 启动子, 表达调控, 诱导表达

生物固氮是生物圈中重要的生命活动, 因为它为几乎所有的生物直接或间接地提供了可利用的氮源, 其中共生固氮是固氮效率最高的一种形式。结瘤过程是共生固氮的必需环节, 它是一个复杂的过程, 既受根瘤菌有关基因(结瘤基因, *nod gene*)的控制, 又受到豆科植物基因的控制。显然, 对结瘤基因调控机制的阐明, 关系到对豆科植物和根瘤菌相互关系的认识的深入, 有着重要的理论和实际意义。豌豆根瘤菌(*R. leguminosarum*)中, 至少有 13 个结瘤基因参与了豌豆根部的结瘤, 这些基因分属五个操纵子, 均受 NodD 蛋白的调控, 不过 NodD 控制这些操纵子时, 必须要有根分泌的诱导剂类黄酮类物质(flavonoid)的存在^[1]。

作为结瘤基因之一的 *nod A* 的启动子可在类黄酮类物质(本研究使用 Narigenin)存在下, 由 NodD 蛋白诱导表达。在本工作中, 我们利用 ExoIII 对 *nod A* 启动子进行系统缺失, 结果发现, *nod A* 启动子内含有两个功能不同的区域:其一我们称为 R_{IP} , 在 *nod A* 诱导表达中起着关键作用, 可能识别经诱导剂作用而发生构象变化的调控蛋白 NodD;另一为 R_P 缺失后留下的, 我们称为 R_P 区。只要 R_P 存在, 不需要诱导剂, NodD 蛋白即能导致结瘤基因 *nod A* 的表达。因此该区可能识别原始构象的调控蛋白 NodD。

1 材料和方法

1.1 菌株

E. coli 803^[2]; *E. coli* pRK2013 (Km^r)^[3]; *E. coli* MV1190; *R. leguminosarum* 8401pIJ1518 (*nodD*⁺, Str^r , Km^r)^[1]; *R. leguminosarum* 8401pKT230 (*nodD*⁻, Str^r , Km^r)^[4]。

1.2 质粒

本文于 96 年元月 8 日收到。

pND487^[5], pUC119, pMP220^[6], Bluscript KS(M13-)。

1.3 细菌培养

大肠杆菌于 37℃ LB 培养基中培养过夜;根瘤菌于 28℃ TY 培养基(每升含 5g 蛋白胨, 3 克酵母膏和 0.66g CaCl₂, pH7.0)中培养 36~48h。

1.4 DNA 重组

质粒提取、DNA 酶解与连接、质粒转化大肠杆菌均按 Molecular Cloning^[7]进行。

1.5 ExoⅢ系统缺失

根据 Pharmacia 公司的系统缺失试剂盒(Catalog No. 27-1691-01)的标准方法进行,但作了如下改变:为降低缺失进行速度,于 16℃ 进行反应,30s 取样一次。所得的缺失质粒进行测序以确定缺失位置,测序方法按 BIO-RAD 公司的 Bst DNA Sequencing Kit (catalog No. 170-3409)说明书中双链测序方法进行(包括 DNA 模板的提取和纯化)。

1.6 接合

在 *E. coli* pRK2013 存在下, pMP220 系列质粒会从 *E. coli* 803 转移至 *R. leguminosarum* 8401 中,以 Ty(Str、Km、Tc)筛选接合子。

1.7 启动子活力的测定

测定 1.6 得到的根瘤菌的 β-半乳糖苷酶活力^[8],即可比较克隆在 pMP220 系列质粒的多克隆位点中启动子的活力。

2 结果与讨论

2.1 系统缺失

2.1.1 操作质粒的构建及其系统缺失: 在 pND487^[6]中,有两个 SalI 和 BamHI 作用位点,所以无法利用 pND487,因此将 pND487 中的 EcoRI-PstI 片段(*nodA-nodD* 基因间区)重组入 pUC119,得 pUCWZ(图 1),这样我们就可以利用其中的 SalI 和 BamHI 内切酶位点:以 SalI 酶解 pUCWZ,用 Klenow 催化以 α-S-dNTP 补平,产生抗 ExoⅢ作用的末端;以 BamHI 酶解上述 DNA,可得一 5'突出的对 ExoⅢ敏感的末端;利用 1.5 所述之 ExoⅢ缺失方法,得到从 *nodD* 基因方向开始的系统缺失的缺失突变质粒 pUCWZD(图 1)。

图 1 描述了本项研究的战略,表明了本项研究的启动子 DNA 在结瘤基因群的位置,基本操作质粒的构建,启动子 DNA 的缺失方向及启动子活力报告质粒的构建。

2.1.2 缺失位置的确定: 经测序确定了一系列缺失突变质粒 pUCWZD 的缺失位置,我们着重研究其中的 3 个缺失突变子,其缺失位置见图 2。

2.2 缺失突变的 *nodA* 启动子活力的测定

我们对表达质粒 pMP220 进行了改造:先以 HindⅢ 酶切,再重新将多克隆位点重组进去,获得多克隆位点方向完全相反的表达质粒 pMP220T。为了以后实验的需要,再将 pUC18 的 EcoRI 与 PstI 之间的多克隆位点重组入 pMP220T,得 pMP221(图谱见图 1)。

将 pUCWZ 和 pUCWZD 的 EcoRI-PstI 片段克隆入 pMP221,分别得到野生型和缺失突变型的 *nodA* 启动子活力报告质粒 pMPUDA(图 1),使作为报告基因 *lacZ* 基因在野生型和缺失突变型的 *nodA* 启动子的控制之下。将含有以上报告质粒 pMPUDA 的 *E. coli* 803, 分别与 *R. leguminosarum* 8401pJ1518(*nodD*⁺)和 *R. leguminosarum* 8401pKT230

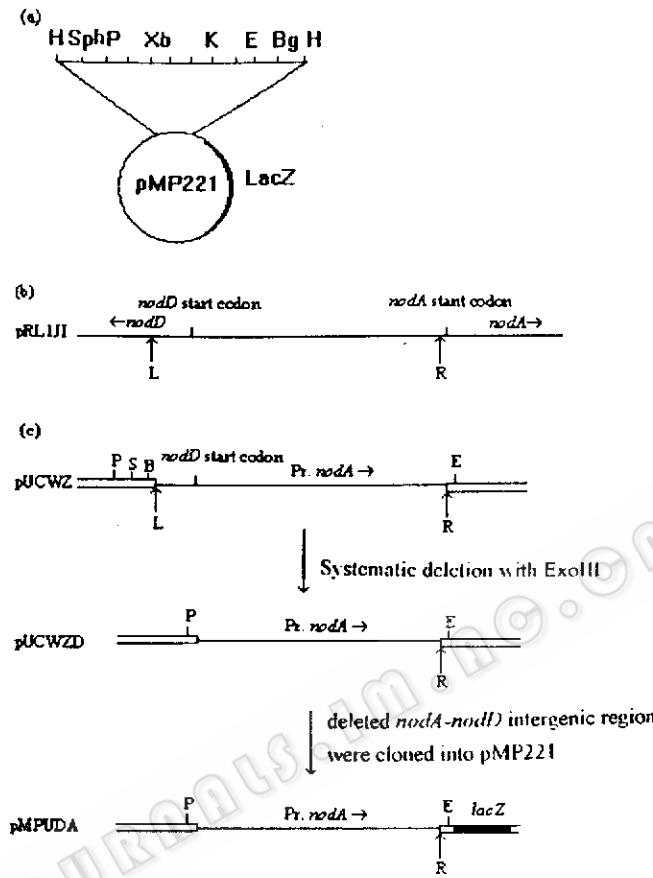


图1 本项研究的流程图

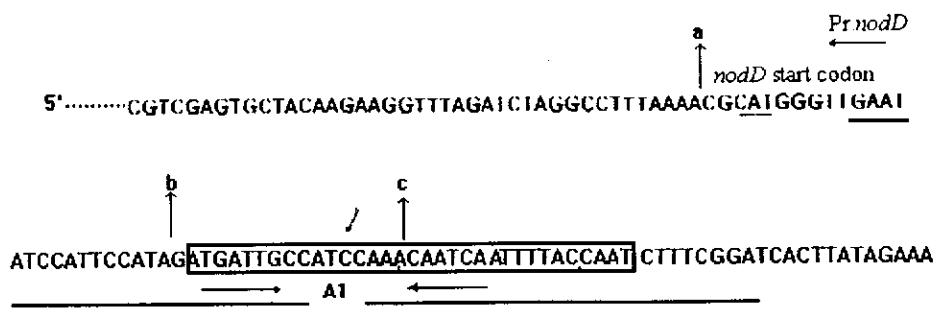
Fig. 1 Flow chart of the research strategy

(a) Plasmid map of pMP221 constructed in this paper. (b) The location on symbiotic plasmid pRL1J1 of the *nodA*-*nodD* intergenic region marked with L and R. the sequence of the region was shown in Fig. 2. (c) Systematic deletion of *nodA*-*nodD* intergenic region from *nodD* toward *nodA* with Exo β III and the construction of recombinants pMPUDA with deleted regions placed upstream of reporting gene (*lacZ*) in the direction of *nodA* promoter. Pr. *nodA* denoted *nodA* promoter. Restriction site designation: P, PstI; S, SalI; B, BamHI; E, EcoRI; H, HindIII; Sph, SphI; Xb, XbaI; K, KpnI; Bg, BglII.

(*nodD*⁻)两种根瘤菌菌株接合,从而将pMPUDA分别转入这两种根瘤菌菌株中,然后测定各接合菌株的β-半乳糖苷酶活力。结果如表1所示(每个活力数据为三个独立反应的平均值)。

由表 1 可以看出, 缺失进行到箭头 a(图 2)时, *nodA* 启动子特征几乎没有变化, 但是, 当缺失进行到箭头 b 时, *nodA* 启动子的性质发生了质的变化: 它仍可导致基因表达, 但是却不再需要诱导剂了。Burn 等^[10, 11]的研究指出: 诱导剂是和 NodD 蛋白作用, 引起 NodD 蛋白构象的变化, 而这种构象变化了的 NodD 蛋白与结瘤基因启动子作用, 导致结瘤基因的表达。我们的研究指出, 虽然在 a-b 缺失的情况下, 结瘤基因的表达仍需要

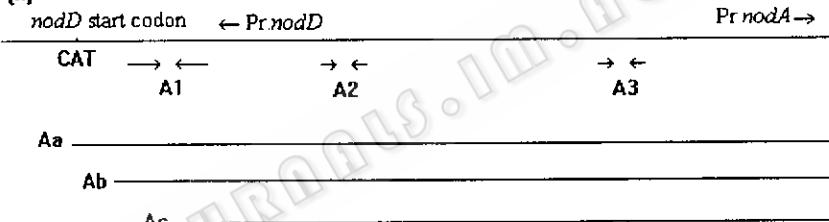
(i)



ACCCGGAAC TGAT CAATATCA GG ACCAGGAAC AAAAAA ACGAAGCGGCCGGCAGGGGCCGAT
62bp to *nodA*
54bp available

TTGAGACTCTTACATCTCTAACCGCTCGATTGCCTAACCG GCAATCCAACAAGTA 3'
A3 Pr.*nodA*

(ii)

图 2 *nodA* 启动子系统缺失突变Fig. 2 Systematic deletion mutated *nodA* promoter

(Ⅰ) DNA sequence of the *nodA*-*nodD* intergenic region with a series deletion from *nodD* toward *nodA*. Arrows a, b and c indicated the sites where the deletion ended. Boxed sequence stands for *nod* box. Sequences underlined with long thick line were the regions protected by NodD protein^[9].

(Ⅱ) The diagram of deletion mutated *nodA* promoter.

NodD 蛋白, 但并不需要诱导剂, 这说明 NodD 蛋白的构象变化对 *nodA* 表达已不再必需, 所以 a-b 区 (R_{IP}) 可能是构象变化了的 NodD 蛋白的作用场所, 亦即它与诱导剂 (Inducer) 和诱导蛋白 (Protein) 两者相关。另一方面, 由于只要有 R_P (缺 R_{IP} 后剩下部分) 存在, 不需要诱导剂, NodD 蛋白即能使 *nodA* 表达, 这说明 R_P 可能是原始构象 NodD 蛋白的作用场所。不过, 我们应该注意到, 虽然去掉 a-b 区后, 未发生构象变化的 NodD 蛋白能诱导结瘤基因的表达, 但表达量只有正常情况的 60% 左右 (表 1), 这说明 a-b 区可能还存在着与启动子活力有关的其它功能, 但此已不在本文内容之列。

从表 1 又可以看出, 当缺失继续进行到箭头 c 时, NodD 蛋白对 *nodA* 启动子的诱导活力消失。

我们以前研究^[9]指出, NodD 蛋白在结瘤基因 *nodA* 启动子内有两个结合位点, 位于

**表 1 从 *nodD* 向 *nodA* 方向开始的缺失突变
nodA 启动子的活力**

Table 1 Activities of mutated *nodA* promoter deleted from *nodD* toward *nodA*

No of Promoter	pKT230 (8401, <i>nodD</i> ⁻)	pIJ1518(8401, <i>nodD</i> ⁻)	N ⁻	N ⁺
Aw	32.5	32.5	396.9	
Aa	34.3	31.0	426.2	
Ab	33.7	222.6	235.3	
Ac	33.1	32.0	34.0	

* N⁺ 100nmol/L naringenin present in media.

N⁻ No naringenin present in media. W Wild type

不同的结构区:其一在 *nodA* 诱导表达中起着关键作用,可能为变构蛋白识别区,识别经诱导剂作用而发生构象变化的调控蛋白 NodD(我们称此区域为 R_{IP});另一结构区域(我们称为 R_P)则可能为原始构象 NodD 蛋白识别区,因为在 R_{IP}缺失的情况下(即只有 R_P 存在),不需要诱导剂,原始构象 NodD 蛋白也能导致结瘤基因 *nodA* 的表达。

nod-box 及其附近区域(图 2),我们这次研究表明,当缺失到达箭头 b 时, NodD 蛋白的一个结合区被破坏了(图 2),此时调控蛋白 NodD 的变构不再必需, *nodA* 仍能表达;缺失到箭头 c 第二个 NodD 蛋白结合区也被破坏了(图 2),此时导致 *nodA* 启动子活力的完全丧失。所以,更确切地说,R_{IP} 和 R_P 区域可能是被 NodD 蛋白精确保护的两个区域。

总之,我们对 *nodA* 启动子的缺失研究表明,在 *nodA* 启动子区存在两个功能不同的结构区:其一在 *nodA* 诱导表达中起着关键作用,可能为变构蛋白识别区,识别经诱导剂作用而发生构象变化的调控蛋白 NodD(我们称此区域为 R_{IP});另一结构区域(我们称为 R_P)则可能为原始构象 NodD 蛋白识别区,因为在 R_{IP} 缺失的情况下(即只有 R_P 存在),不需要诱导剂,原始构象 NodD 蛋白也能导致结瘤基因 *nodA* 的表达。

参 考 文 献

- [1] Rossen L, Shearman C A, Johnston A W B et al. EMBO J, 1985, 4: 3369~3373.
- [2] Wood W B. J Mol Biol, 1966, 16: 118~113.
- [3] Ditta G, Stanfield S, Corbin D et al. Proc Natl Acad Sci USA, 1980, 77: 7347~7351.
- [4] Bagdasarian M. et al. Gene, 1981, 16: 237~247.
- [5] Ni F D. et al. Chinese Science Bulletin, 1990, 36: 1126~1129.
- [6] Spaink H P, Okker R J H, Wijffelman C A et al. Plant Mol Biol, 1987, 9: 27~39.
- [7] Sambrook J, Fritsch E F, Maniatis T. Molecular Cloning (2nd ed) 1990, Cold Spring Harbor Laboratory Press, N Y.
- [8] Miller J H. Experiments in Molecular Genetics. Cold Spring Harbor Laboratory Press, N Y. 1972, pp352~355.
- [9] 吕幼仪,徐有成,洪国藩.科学通报,1993,38:1998~2000.
- [10] Burn J E, Rossen L, Johnston A W B. Genes Dev. 1987, 1: 256~464.
- [11] Burn J E, Hamilton W D, Wootton J C et al. Mol Microbiol. 1989, 11: 1567~1577.

Two Functional Regions were Discovered within *nodA* Promoter

常维忠 Hong Guofan

(Shanghai Institute of Biochemistry, Academia Sinica, Shanghai 200031)

Abstract Within *Rhizobium leguminosarum* bv. *viciae* *nodA* promoter, two functional regions were discovered: One was named as R_{IP}, which played key role in induction of *nodA* expression. It may recognize the conformation-changed NodD (regulatory protein) induced by inducer. Another was named as R_P, which was the remainder of *nodA* promoter region when R_{IP} was deleted. When R_{IP} was deleted (R_P was remained), *nodA* expression could be induced by NodD in the absence of inducer. Therefore, R_P region may recognize the original conformation of NodD protein.

Key words Symbiotic nitrogen fixation, nodulation gene, *nodA* promoter, regulation of gene expression, induced expression