

细菌和放线菌质粒 DNA 的分离

董可宁

(中国科学院微生物研究所,北京)

到目前为止,所发现的细菌和放线菌的质粒 DNA 都是共价闭合超盘旋的环状结构。它的碱基组成与染色体 DNA 不同,分子量较染色体 DNA 小得多,有的质粒可以通过接合作用有效地转移到受体细胞中去。常利用质粒的这些特性来分离它们。现将几种分离质粒的方法介绍如下。

一、利用碱基组成的差异进行分离

当质粒由一种细菌转移到另一株 DNA 碱基组成不同的细菌中时,后者的质粒即可用此法分离。例如从含有大肠杆菌性因子的奇异变形杆菌 (*Proteus mirabilis*) 中分离质粒即利用这一特性。具体方法有:

1. 甲基白蛋白硅藻土色谱分离^[1]: 先按 Marmur 的方法^[2]提取 DNA(包括染色体 DNA 和质粒 DNA)。然后用甲基白蛋白硅藻土色谱柱(7—8 厘米高, 直径 2—3 厘米)分离。该柱先以 0.6M NaCl-0.1MPO₄³⁻(pH7.3)缓冲液平衡后, 加入 DNA 样品 1 毫克, 用同样缓冲液洗脱, 但 NaCl 的浓度逐渐增加到 0.9M, 分部收集洗脱液, 每管 5 毫升。最先洗脱的 DNA 几乎是

纯的性因子 DNA。该柱对变性 DNA 有很大的亲合力, 利用染色体 DNA 片段对碱的不稳定性, 用碱处理样品(pH12.5, 20℃, 3 分钟), 染色体 DNA 变性, 而质粒 DNA 不变性, 后者可被适当浓度的 NaCl 洗脱, 也能得到纯化的质粒 DNA。

每批甲基白蛋白和每批 DNA 制剂, 在使用前必须试验洗脱时的 NaCl 最适浓度。

2. 硝酸纤维素滤膜过滤分离^[3]: 硝酸纤维素滤膜可以结合单链 DNA 而不结合双链 DNA。如果质粒 DNA 的解链温度比染色体 DNA 的高, 可使染色体 DNA 解链后结合在硝酸纤维素滤膜上被除去, 使质粒 DNA 分离。此法曾用于分离奇异变形杆菌的质粒 DNA。具体方法是: 以含 15mM NaCl-1.5mM 柠檬酸钠的 pH7.3 的溶液透析脱去蛋白质的 DNA 制剂, 透析后的样品经加热 10 分钟使染色体 DNA 变性(对大肠杆菌的大多数常见质粒, 81℃ 足够), 迅速加入等体积预冷的含 1MKCl, 20mM Tris pH7.1 的缓冲液。直径 20—25 毫米, 孔径 0.45 微米的硝酸纤维素滤膜, 先以 60 毫升含 0.5MKCl 和 10mM Tris pH7.1 的缓冲液抽滤洗

涤，然后以 2 毫升/分的流速将 DNA 溶液通过滤膜。滤液含有较纯的质粒 DNA。重复过滤一次，可使 DNA 纯度提高。通常每次过滤可使 90% 的变性 DNA 留在滤膜上，滤膜结合变性 DNA 的能力约为 20 微克/平方厘米。(如用硝酸纤维素柱，变性 DNA 的吸附量可大大增加)

二、利用分子大小差别进行分离

1. 非离子性乳化剂溶胞法^[2-4]: 非离子性乳化剂多氧乙烯十六烷醚 (Polyoxyethylenehexyl ether, Brij-58) 可使经溶菌酶溶菌后的大肠杆菌原生质球能透过小分子，控制 Mg^{2+} 浓度可使存在于细胞质中分子量较小的质粒 DNA 通过，染色体 DNA 则不能通过。分离操作步骤是：将细胞悬浮于含 25% 蔗糖，10 mM Tris pH8.1 的溶液中，置于冰浴内。加入溶于 0.25 M Tris 中的浓度为 850 微克/毫升的溶菌酶，使终浓度为 100 微克/毫升，0℃，45 秒钟溶菌，加 5% Brij-58 使最终浓度为 0.5%，0℃ 继续培养 2—5 分钟。悬液 0℃，5000g 离心 5 分钟。菌体、染色体 DNA 和一部分 RNA 沉降于沉淀中，质粒 DNA 留在上清液中。此法所有器皿和操作都必须保持低温，而且操作不可太剧烈。但在操作上难以掌握，故未被广泛采用。

2. 高浓度氯化钠沉淀大分子 DNA^[5]: 在 SDS 存在时，高浓度的氯化钠可沉淀大分子 DNA，小分子的质粒 DNA 留在上清液中。此法的优点是简便，得到的不单是超盘旋环状结构的质粒 DNA，还能得到开环的和线状的质粒 DNA 及复制中间物。

天蓝色链霉菌 (*Streptomyces coelicolor*) A3 (2) 的质粒即采用这种方法分离^[6]。具体方法是：10 毫升基本培养基以孢子接种后，30℃ 振荡培养 50 小时，4℃ 15000rpm 离心收集菌体，以 TES 缓冲液(含 0.03M Tris, 0.005M EDTA 及 0.05M NaCl, pH8.0) 洗 3 次，菌丝悬浮在 1 毫升 0.01 M Tris-HCl 缓冲液 (pH7.3, 含蔗糖 25%) 中。悬液中再加 0.3 毫升的 0.25M EDTA (pH8.0)，溶菌酶 2 毫克。混合液 37℃ 保温 30 分钟后加入 SDS，至终浓度为 0.5%，每升加 200

毫克蛋白酶 K。混合液再在 37℃ 保温 30 分钟，然后将 SDS 浓度提高到 1%，继续保温 15 分钟，加入 5M 的 NaCl 溶液至最终浓度为 1M。置冰浴中 2 小时，再以 4℃，16000rpm 离心 15 分钟，上清液含质粒 DNA。若要进一步纯化，则需作平衡超离心或柱层析。

三、利用质粒 DNA 的超盘旋闭合环状结构特点。

1. 溴化乙锭-氯化铯密度梯度离心^[1,4]: 溴化乙锭插入 DNA 分子中，降低了它在氯化铯溶液中的密度。超盘旋闭合环状结构（简称 CCC 构型）的质粒 DNA，每单位长度中能插入的溴化乙锭分子最大限量较线形 DNA 分子少，因而其密度降低也少。因此利用密度梯度离心可以把 CCC 构型的质粒 DNA 分离出来。

例如分离天蓝色链霉菌中的质粒，曾采用此法^[6,7]。方法是：14 毫升溶菌上清液，0.5 毫升 0.25M EDTA (pH8.0)，0.5 毫升溴化乙锭 (10 毫克/毫升) 和 11.6 克氯化铯，置于钛 60 型转头上的硝酸纤维素管中混合，以 Bakmann LS-65 超速离心机 20℃ 44000rpm 离心 40 小时，收集 CCC DNA 区带，再放到钛 50 型转头上离心到平衡。CCC DNA 可浓缩到 50—100 微克/毫升。从 2 克菌丝体的溶菌上清液中可得到 20 微克的 CCC DNA。

2. 酸酚法^[8]: 在一定 pH 和离子强度条件下，构型不同的 DNA 分子在酚和水中的分配系数不同。酸性 pH 和低离子强度时，CCC DNA 留在水相中，而酚相选择地抽提线形的和有缺口的环状 DNA。此法的基本步骤是：1) 含 CCC DNA 粗制品先除去蛋白质和 RNA；2) DNA 制品以乙醇沉淀并重新悬浮在含有 50mM 乙酸钠，75mM NaCl 的 pH4.0 缓冲液中；3) 以等体积的经 50mM 乙酸钠 (pH4.0) 平衡的重蒸酚抽提，一次抽提可使大于 1500 碱基对的线性和有缺口的开环 DNA 分子从水相中去除 95%，三次抽提后可除去 99% 以上，而 CCC DNA 定量地留在水相中，此法不需特殊试剂，分离效果可与密度梯度离心法相比。此法要点是：1) 必

须除净蛋白质，以免使各种构型的 DNA 从水相中丢失；2) pH 必须十分准确测定，精确调整到 pH4.0，因为 pH3.0 时 CCC DNA 会从水相中丢失，而超过 pH4.0，则 CCC DNA 与其它构型 DNA 无法分开；3) 离子强度要低，当 NaCl 浓度超过 125mM 时，各种构型的 DNA 都会进入酚中；4) 低温操作，减少酸催化的脱嘌呤作用。

3. 双相法^[9]：闭合环状质粒 DNA 加热后能迅速恢复双链结构，染色体 DNA 则仍呈单链。单链和双链 DNA 在葡聚糖和聚乙二醇两相中的分配系数不同，因而可以分开。例如：以氯霉素 170 微克/毫升处理对数生长后期的大肠杆菌细胞 16 小时，使质粒 DNA 扩增，加 Triton-100 溶菌，溶菌后上清液用蛋白酶 K 100 微克/毫升 37℃ 处理 30 分钟，以酚和氯仿-异丙醇 (99:1) 各处理 2 次，以 2 倍体积乙醇沉淀 DNA，在微型离心管中以 0.2 毫升含 10mM Tris 1mMEDTA，pH8.0 的 TE 缓冲液溶解 DNA 成浓度为 20 微克/毫升的溶液，在 100℃ 加热 2 分钟使染色体 DNA 变性，然后立即置于干冰-乙醇中迅速冷却，加入 500 微升葡聚糖溶液（与水的重量比为 16.8%），250 微升聚乙二醇（与水的重量比为 18.4%）和 0.5M，pH6.8 的磷酸钠缓冲液。操作于 4℃ 下进行，加水至体积为 1 毫升，混合后，4℃ 离心 1 分钟，收集上层聚

乙二醇相，加 NaCl 至 0.2M，加 2 倍体积的乙醇沉淀 DNA，再以无水乙醇洗涤干燥后，溶于少量水中。此法关键在于两相的浓度及缓冲液的 pH 要严格控制，操作要在 4℃ 进行。据文献报道，用此法可纯化 79 倍。

此法的优点是：1) 较浮力密度离心法快速，分离效果相近；2) 适用于同时处理大批样品，测定质粒 DNA 的限制性内切酶酶切图谱；3) 可少量提取质粒 DNA，也可以放大。

上述各类方法，还应根据不同菌株中质粒的特点和实验室的具体条件，作相应的修改。

参 考 文 献

- [1] Freifelder, D.: Isolation of Extrachromosomal DNA from Bacterial, *Methods in Enzymology* (ed. by Colowick, S. P. and N. O. Kaplan) Vol. 21, Nucleic Acids Part D, Academic Press, New York, 1971, pp. 153—163.
- [2] Marmur, J.: *J. Mol. Biol.*, 3: 208—218, 1961.
- [3] Godson, G. N. and R. L. Sinheimer: *Biochim. Biophys. Acta*, 149: 476—488, 1976.
- [4] 王尔中：遗传，1979年第2期，32—34页。
- [5] Guerry, P. et al.: *J. Bacteriol.*, 116: 1064—1066, 1973.
- [6] Schrempf, H. H. Bujard, D. A. Hopwood and W. Goebel: *J. Bacteriol.*, 121: 416—421, 1975.
- [7] Schrempf, H. and W. Goebel: *J. Bacteriol.*, 131: 251—258, 1977.
- [8] Zasloff, M., G. D. Ginder and G. Felsenfeld: *Nucleic Acids Res.*, 5: 1139—1152, 1978.
- [9] Chlsson, R., C. C. Hentschel and J. G. Williams: *ibid*, 5: 583—590, 1978.