

一种不依赖钙离子的酸性 α 淀粉酶基因的 克隆表达

杨键^{1,2} 王青艳^{1,2} 金辉^{1,2} 秦艳² 王成华^{2,3} 黄日波^{1,2*} (1. 广西大学生命科学与技术学院 广西亚热带生物资源保护利用重点实验室 广西 南宁 530005) (2. 广西科学院国家非粮生物质能源研究工程中心 广西 南宁 530007) (3. 南京工业大学生物与制药工程学院 江苏 南京 210009)

摘 要:以产酸性淀粉酶菌株 Bacillus sp. CN7 的基因组 DNA 为模板, PCR 扩增到α淀粉酶成熟肽 基因,将该基因插入表达质粒 pSE380 中,构建重组质粒 pSE380-cn7a。将重组质粒导入到 Escherichia coli JM109 中, IPTG 诱导表达。重组酶经 Sephacryl S300、Ni-NTA 纯化后测定其酶学 性质。重组酶 CN7A 的最适温度为 65°C,最适 pH 为 5.5-6.0,对可溶性淀粉的 K_m值为 3.784 g/L,最 大反应速度为 101.2 mg/(L·min),该酶的热稳定性不依赖钙离子。 关键词:酸性淀粉酶,不依赖钙离子,克隆表达,pKa

Cloning and Expression of Ca-independent Acid α-amylase Gene

YANG Jian^{1,2} WANG Qing-Yan^{1,2} JIN Hui^{1,2} QIN Yan² WANG Cheng-Hua^{2,3} HUANG Ri-Bo^{1,2*}

(1. Guangxi Key Laboratory of Subtropical Bio-resource Conservation and Utilization, College of Life Science and Technology, Guangxi University, Nanning, Guangxi 530005, China)

(2. National Non-grain Bio-energy Engineering Research Center, Guangxi Academy of Sciences, Nanning, Guangxi 530007, China)

(3. College of Biotechnology and Pharmaceutical Engineering, Nanjing University of Technology, Nanjing, Jiangsu 210009, China)

Abstract: The α -amylase gene cn7a was amplified by PCR from *Bacillus* sp. CN7 genome DNA. The recombinant plasmid pSE380-cn7a was constructed by inserting gene cn7a into expression vector pSE380 and then transformed into *Escherichia coli* JM109. The purified amylase CN7A showed an optimal activity at pH 5.5–6.0 and 65°C, the K_m value is 3.784 g/L taking soluble starch as substrate, and the maximum velocity was determined as 101.2 mg/(L·min). Ca ion was not required for the thermal stability of CN7A.

Keywords: Acid amylase, Ca-independent, Cloning and expression, pKa

* 通讯作者: Tel: 86-771-3235706; ⊠: rbhuang@gxas.cn 收稿日期: 2010-03-29; 接受日期: 2010-05-27

基金项目: 国家科技支撑计划项目(No. 2007BAD75B05); 国际科技合作项目(No. 2008DFA30710)

[◎] 中国科学院微生物研究所期刊联合编辑部 http://journals.im.ac.cn

α淀粉酶是一种重要的工业酶,被广泛应用于 食品、纺织、洗涤剂及生物能源等行业。自上世纪 80 年代以来工业用α淀粉酶大多来自Bacillus licheniformis,该酶的最适作用温度为 90°C,最适 pH为 6.5,且该酶的热稳定性依赖于钙离子^[1]。而 淀粉液的pH约 4.5,且后续的糖化酶最适作用pH也 在 4.5 左右,为了让淀粉转化为葡萄糖使用到的两 种酶都能起到最佳效果往往需要在液化前后加入 碱或酸调整pH,这样既增加了工序又抬高了成本。 因此开发耐酸且不依赖钙离子的淀粉酶显得格外 重要。

本实验室从堆肥中筛选到一株产淀粉酶菌株 Bacillus sp. CN7,该菌株所产淀粉酶耐酸性能优越, 酶活也较高。为了更深入地了解该淀粉酶的结构与 功能,本文对 Bacillus sp. CN7 的α淀粉酶基因进行 了克隆表达。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 菌株与质粒: *Bacillus* sp. CN7 为本实验室筛选; 克隆载体 pMD18-T 购自 TaKaRa 公司; 质粒 pSE380 购自 Invitrogen 公司; *Escherichia. coli* JM109 为本实验室保存。

1.1.2 酶和试剂: LA *Taq* DNA 聚合酶购自 TaKaRa 公司;限制性内切酶、λDNA/*Hind* III marker、T4 连 接酶及 Protein molecular mass marker 均购自 MBI 公 司;其余为国产分析纯。

1.1.3 培养基: LB 培养基(每升含:蛋白胨 10 g,酵 母粉 5 g, NaCl 10 g,调 pH 至 7.0)氨苄青霉素终浓度 为 100 mg/L。

1.2 方法

1.2.1 淀粉酶成熟肽基因的克隆: *Bacillus* sp. CN7 基因组 DNA 提取方法见华舜细菌基因组 DNA 提取 试剂盒。设计引物 amy-sense: 5'-GGCCGAATTCG AAACTGCAAACAAATCGAATG-3', amy-antisense: 5'-GCGCAAGCTTATGCGGAAGATAACCATTCAA A-3', 上下游引物分别含有 *Eco*R I、*Hind* Ш酶切位 点。以基因组 DNA 为模板扩增α淀粉酶成熟肽基因, PCR 条件为: 95°C 5 min; 94°C 30 s, 56°C 30 s, 72°C 2 min, 30个循环; 72°C 10 min。PCR 产物经 *Eco*R I、 *Hind* Ш双酶切后与 pSE380 载体连接, 测序分析正 确后进行表达。 **1.2.2** α淀粉酶基因的表达与纯化:挑取重组子于 37°C、220 r/min 摇床培养至 *OD*₆₀₀ 为 0.6,加入终浓 度为 1 mmol/L 的 IPTG 于 37°C、220 r/min 诱导表达 10 h,收集菌体超声破碎,粗酶液分别经 Sephacryl S300 和 Ni-NTA 进行纯化。

1.2.3 淀粉酶酶活的检测: 将 500 μL、pH 6.0 的柠 檬酸缓冲液配制成 0.1 g/L 可溶性淀粉置于 65°C 水 浴保温 5 min, 加入 10 μL 纯酶液反应 5 min, DNS 法测定生成还原糖的量。一个酶活力单位(U)定义为 在上述反应条件下,每分钟转化等价于 1 μmol 葡萄 糖的还原糖所需的酶量。

1.2.4 序列分析及同源建模:基因序列测定委托鼎 安生物工程公司完成,核苷酸及氨基酸序列利用 Vector NTI及 NCBI BLAST 在线工具进行分析。蛋 白质同源模型的构建使用 M4T sever^[2],活性中心位 点 pKa 值的计算利用 PROPKA^[3]程序完成。

2 结果

2.1、淀粉酶基因 cn7a 的克隆

以 Bacillus sp. CN7 基因组 DNA 为模板, amysense 和 amy-antisense 为引物, PCR 扩增得到约 1.8 kb 的片段, 并将其酶切后与 pSE380 连接。对重 组子测序结果分析表明获得的淀粉酶基因 *cn7a* 与 来自 Bacillus subtilis 的α淀粉酶基因同源性最高为 98%, 对应的氨基酸同源性为 97%。此外, CN7A 与 来自 Bacillus amyloliquefaciens (95%)、Streptococcus bovis (54%)、Lactobacillus amylovorus (52%)的α淀 粉酶均有一定的同源性。

2.2 淀粉酶基因 cn7a 的表达与纯化

SDS-PAGE 结果(图 1)表明淀粉酶成熟肽基因 cn7a在Escherichia coli JM109中成功表达,66 kD附 近出现了明显的蛋白表达条带,与预测的蛋白大小 相符。粗酶液经 Sephacryl S300 和 Ni-NTA 纯化后得 到单一的电泳条带,可用于酶学性质分析。

2.3 重组酶 CN7A 的酶学性质

用不同pH的缓冲液(pH 3.0-8.0: 柠檬酸-Na₂HPO₄缓冲液,pH 9.0-10.0: 甘氨酸-NaOH缓冲 液)配制 0.1 g/L的可溶性淀粉,于 65°C分别测酶活, 可得到pH与酶活之间的关系曲线(图 2),确定CN7A 最适作用pH为 5.5-6.0,是酸性淀粉酶。



图 1 重组大肠杆菌表达淀粉酶基因 cn7a 的 SDS-PAGE 分析

Fig. 1 SDS-PAGE analysis of *cn7a* gene expressed in *Escherichia coli* JM109

Note: M: Protein weight marker; 1: Crude extract of *E. coli* JM109 with pSE380; 2: Crude extract of *E. coli* JM109 with pSE380-*cn7a*; 3: Purification of CN7A.



Fig. 2 Effects of pH on activity of amylase CN7A

纯酶液保存于不同 pH 的缓冲液中,4°C 放置 30 min 后在最适作用条件下测定残余酶活力, 由图 2 可知 CN7A 在 pH 4.0-10.0 均能保持 80%以 上的酶活。

在 pH 5.5 的条件下,于不同温度中测定 CN7A 的酶活,温度-相对酶活力曲线如图 3 所示,由图可 知 CN7A 的最适温度为 65℃。

在纯酶液中分别添加EDTA和CaCl₂使其终浓 度为1 mmol/L,4°C下放置过夜,然后65°C水浴。 分别在1、3、5、10、15 min后取出10 μL酶液测 定其残余酶活力,得到时间与残余酶活之间的关 系曲线如图 4。由图可知,CN7A在金属螯合剂 EDTA或Ca²⁺存在的条件下,热稳定性均与未添加 外源离子的酶液保持一致,因而可证明CN7A的热 稳定性不依赖钙离子。 以不同浓度的可溶性淀粉为底物,在最适作 用条件下测定其反应速度,得到 1/v = 1/[S]之间的 关系线(图 5),由计算结果可知,CN7A 对可溶性 淀粉的 K_m 值为 3.784 g/L,其最大反应速度为 101.2 mg/(L·min)。



图 3 温度对 CN7A 酶活的影响

Fig. 3 Effects of temperature on activity of amylase CN7A



图 4 CN7A 在 65°C 下的热稳定性

Fig. 4 Irreversible thermoinactivation of CN7A at 65°C





2.4 CN7A 的同源建模

以来自*Bacillus subtilis* α淀粉酶的三维结构 (PDB登录号为1ua7)为模板,利用M4T服务器对 CN7A进行同源建模。CN7A的三维结构如图6,由 图可发现明显的(α/β)₈桶结构即结构域A,该结构 为α淀粉酶家族所共有,活性中心D173、E205、 D266位于(α/β)₈桶中央。结构域B、C分别位于A区 的两侧。



图 6 淀粉酶 CN7A 的同源建模结构 Fig. 6 Homology modeling structure of CN7A

3 讨论

α淀粉酶的活性中心高度保守,都由 2 个天冬 氨酸和 1 个谷氨酸组成。其中谷氨酸在催化过程中 是质子供体,而第一位天冬氨酸(对应 CN7A 的 D173)起亲核试剂的作用,另外 1 个天冬氨酸不直接 参与催化反应,但对提高谷氨酸的 pKa 值以及使底 物分子变形起到重要的作用^[4-5]。Mcintosh 等^[6]以木 糖异构酶为材料证实了酶的最适作用 pH 与活性中 心 pKa 值有关,并提出这种现象可能普遍存在于水 解糖苷酶家族中。PROPKA 程序^[3]可用来预测蛋白 质极性氨基酸残基的 pKa 值,我们找到了来自芽孢 杆菌属具有代表性的酸性、中性、碱性α淀粉酶,其 预测的 pKa 值见表 1。由表中可以发现作为质子供 体的谷氨酸的 pKa 越小,作为亲核基团的第 1 位天 冬氨酸的 pKa 值就越大,其最适 pH 值便越小。

几乎所有已知三维结构的α淀粉酶都含有至少1 个钙离子结合位点,其中在A结构域与B结构域接 口处的钙离子结合位点CaI高度保守^[11]。CaI连接 A、B两区对催化中心结构的稳定以及底物结合域的 形成起着极其重要的作用^[12]。然而对来自 *Bacillus* sp. KSM-K38的一种不依赖钙离子的α淀粉酶 (Amyk38)X射线衍射结果表明,在CaI相应的位置 并没有结合上钙离子,而是被钠离子所取代^[13]。本 文研究的 CN7A 也不依赖于钙离子,但其同源性与 AmyK38的同源性非常低(仅为25%),是否其 CaI 位点被钠取代还有待其三维结构得到详细解析才能 确定。

表 1 来自芽孢杆菌 α 淀粉酶活性中心 pKa 值的预测 Table 1 Predicted pKa value of active sites from <i>Bacillus</i> α-amylase					
PDB ID	Source	Optimum pH	Asp	Glu	Asp
1vjs	B. licheniformis	6.5 ^[1]	6.73	3.71	10.04
3BH4	B. amyloliquefaciens	6.0 ^[7]	9.36	2.99	3.25
Predicted	Bacillus sp. XY	5.0 ^[8]	9.17	1.25	10.07
Predicted	<i>Bacillus</i> sp. KSM-1378	8.0 ^[9]	7.39	3.02	9.91
Predicted	B. subtilis X-23	5.5 ^[10]	9.30	5.50	0.64
Predicted	Uncultured GXAA	7.0	9.52	2.96	7.50
Predicted	Bacillus sp. CN7	5.5-6.0	9.26	1.01	9.63

本文研究的α淀粉酶热稳定性不依赖钙离子, 最适作用 pH 为 5.5-6.0, pH 5.0 时可达到最高酶活力 的 90%以上,且在 pH 4.0-10.0 范围内稳定,该α淀 粉酶的性质与糖化酶基本一致,有望在同步糖化工 艺中得到应用。

参考文献

- M Violet, JC Meunier. Kinetic study of the irreversible thermal denaturation of *Bacillus licheniformis* alpha-amylase. *Biochem J*, 1989, 263(3): 665–670.
- [2] Fernandez-Fuentes N, Rai BK, Madrid-Aliste CJ, et al. Comparative protein structure modeling by combining multiple templates and optimizing sequence-to-structure alignments. *Bioinformatics*, 2007, 23(19): 2558–2565.
- [3] Bas DC, Rogers DM, Jensen JH. Very fast prediction and rationalization of pKa values for protein-ligand complexes. *Proteins*, 2008, 73(3): 765–783.
- [4] Strokopytov B, Penninga D, Rozeboom HJ, et al. X-ray structure of cyclodextrin glycosyltransferase complexed with acarbose. Implications for the catalytic mechanism of glycosidases. *Biochemistry*, 1995, 34(7): 2234–2240.
- [5] Uitdehaag JC, Mosi R, Kalk KH, *et al.* X-ray structures along the reaction pathway of cyclodextrin glycosyltransferase elucidate catalysis in the α-amylase family. *Nat Struct Biol*, 1999(6): 432–436.
- [6] McIntosh LP, Hand G, Johnson PE, *et al*. The pKa of the general acid/base carboxyl group of a glycosidase cycles

during catalysis: a ¹³C-NMR study of *Bacillus circulans* xylanase. *Biochemistry*, 1996, **35**(31): 9958–9966.

- [7] Haki GD, Rakshit SK. Developments in industrially important thermostable enzymes: a review. *Bioresour Technol*, 2003, 89(1): 17–34.
- [8] Xu DL, Yan X. A novel raw starch digesting α-amylase from a newly isolated *Bacillus* sp. YX-1: Purification and characterization. *Bioresource Technology*, 2008, 37(7): 4315-4320.
- [9] Kazuaki I, Yuji H, Hiroshi H, *et al.* Enzymatic properties of a novel liquefying α-amylase from an alkaliphilic bacillus isolate and entire nucleotide and amino acid sequences. *Applied and Environmental Microbiology*, 1998, 64(9): 3282–3289.
- [10] Kohji O, Takashi K, Hiroki K, et al. Characteristics of two

forms of α -amylases and structural implication. *Applied and Environmental Microbiology*, 1999, **65**(10): 4652–4658.

- [11] Machius M, Wiegand G, Huber R. Crystal structure of calcium-depleted *Bacillus licheniformis* α-amylase at 2.2Å resolution. *J Mol Biol*, 1995, **246**(4): 545–559.
- [12] Machius M, Declerck N, Huber R, et al. Activation of Bacillus licheniformis α-amylase through a disorderorder transition of the substrate-binding site mediated by a calcium-sodium-calcium metal triad. Structure, 1998, 6(3): 281–292.
- [13] Nonaka T, Fujihashi M, Kita A, *et al.* Crystal structure of calcium-free α-amylase from *Bacillus* sp. strain KSM-K38 (AmyK38) and its sodiumion binding sites. *J Biol Chem*, 2003, **278**(27): 24818–24824.

中国科学院微生物研究所期刊广告部简介

 ϕ

中国科学院微生物研究所期刊广告部于 2007 年 3 月正式成立,已取得北京市工商管理局正式批准的广告经营许可证(京朝工商广字第 8154 号)。广告部代理《生物工程学报》、《微生物学报》、《微生物学通报》、《菌物学报》四个期刊的广告经营业务,此四种期刊均为中国自然科学核心期刊,国内外公开发行,主要报道微生物学和生物技术领域的最新研究成果和研究动态,已被美国化学文摘(CA)、生物学文摘(BA)、医学索引(MEDLINE)、俄罗斯文摘杂志(AJ)及《中国学术期刊文摘》、《生物学文摘》等国内外著名数据库和检索期刊收录,是促进国内外学术交流的重要科技期刊。

广告刊登内容主要包括大型生化仪器(如显微镜、离心机、色谱仪、无菌操作台、大、中、小型发酵罐)、设备耗材 (如 PCR 仪、细胞生物反应器、微量移液器、离心管、杂交膜)及生化试剂(如各种酶、载体、试剂盒)等的产品宣传信息, 也可以发布生物技术人才招聘信息、会议消息、以及与生命科学有关的各类服务信息。广告部以严谨、诚信为原则,愿 与从事生物技术产品生产与销售的各类厂商和公司精诚合作,共同发展。如有刊登广告的需要,欢迎与我们电话或 E-mail 联系获取各刊版位及报价信息!也可以登陆各刊网站,了解更多详情。

各公司与此四刊签订的广告费用请汇入以下账号:

- 收款单位:中国科学院微生物研究所
- 开户银行: 中国工商银行北京分行海淀西区支行
- 帐 号: 0200004509089117425

中国科学院微生物研究所·期刊广告部 联系电话: 010-64807336; 010-64807521 联系人: 武文 王闵 电子信箱: gg@im.ac.cn 网 址: http://journals.im.ac.cn 编辑部公告