

一种快速提取真菌染色体DNA的方法

周小玲 沈微 饶志明 王正祥 诸葛健

(江南大学工业微生物研究中心江南大学教育部重点实验室 无锡 214036)

摘要:介绍了一种适用于多种真菌染色体DNA的快速提取方法。该方法用石英砂振荡破壁,快速便捷地提取真菌染色体DNA,提取时间仅用1~2 h。作者应用该方法成功地提取了粗糙脉孢菌(*Neurospora crassa*)、米曲霉(*Aspergillus oryzae*)、羊肚菌(*Morchella esculenta*)、酿酒酵母(*Saccharomyces cervisiae*)等4种不同真菌的染色体DNA,所提DNA片段均大于20 kb,可直接用于限制性内切酶切、PCR扩增等分子生物学研究。

关键词:真菌,染色体DNA,提取

中图分类号: Q93 文献标识码:A 文章编号: 0253-2654(2004)04-0089-04

A Rapid Method for Preparation of Fungal Chromosome DNA

ZHOU Xiao-Ling SHEN Wei RAO Zhi-Ming WANG Zheng-Xiang ZHUGE Jian

(The Research Center of Industrial Microbiology, the Key Laboratory of Industrial Biotechnology,
the Ministry of Education, Southern Yangtze University, Wuxi 214036)

Abstract: The article introduce a rapid method for preparation of fungal chromosome DNA. In this method the quartz sand is used to break the fungal cell wall and the chromosome DNA is harvested rapidly in 1~2 h. The method is applied successfully by the author to four kinds of fungi-*Neurospora crassa*, *Aspergillus oryzae*, *Morchella esculenta*, *Saccharomyces cervisiae*. All the chromosome DNA extracted has the fragment size larger than 20 kb and can be used directly for either digestion with restriction endoenzyme or PCR.

Key words: Fungi, Chromosome DNA, Extract

随着真菌分子生物学研究的进展,简便快捷地提取真菌染色体DNA的方法对真菌分子生物学的研究日显其重要的意义。真菌的细胞壁结构坚固,次生代谢产物丰富等特点对其染色体的提取造成一定困难。目前,提取真菌染色体DNA的方法主要有:机械研磨法、酶解制备原生质体法、氯化苄法等^[1]。其中机械研磨法常采用液氮研磨,主要是借助超低温的液氮使真菌的细胞壁变脆,再通过研磨破坏细胞壁使染色体释放出来。此法需要收集较大量的菌体,在提取时为保证研磨充分常常导致染色体DNA受机械剪切力过度而形成碎片,操作过程不太容易掌握。酶解制备原生质体法则受到酶的质量的影响,成本也较高,而且需摸索形成原生质体的适宜条件。氯化苄法在提取某些食用真菌时,几乎没有破壁的作用^[2]。本文提供的方法与以上所述方法相比,具有操作步骤简单,操作时间短,不需特殊的仪器和药品等特点。本法所提的染色体DNA均大于20 kb,可直接用于限制性酶切,PCR等分子生物学研究。

1 材料与方法

1.1 菌株及其培养

粗糙脉孢菌(*Neurospora crassa*),米曲霉(*Aspergillus oryzae*),羊肚菌(*Morchella*

收稿日期:2003-10-17,修回日期:2003-12-13

esculenta), 酿酒酵母 (*Saccharomyces cerevisiae*) 为本实验室保存菌种。

粗糙脉孢菌、米曲霉用改良的 Vogel 培养基^[3]: 柠檬酸三钠 3.0 g, KH₂PO₄ 5.0 g, NH₄NO₃ 2.0 g, MgSO₄·7H₂O 0.2 g, CaCl₂·2H₂O 0.1 g, 葡萄糖 10.0 g, Fe (NH₄)₂·6H₂O 1 mg, CuSO₄·5H₂O 0.25 mg, 加水至 1 L。接种适量孢子于 50 mL 液体 Vogel 培养基中, 置于 30℃ 生化培养箱中培养 36~48 h 至孢子萌发为菌丝。羊肚菌用 PGY 液体培养基: 20 g 马铃薯汁, 5 g 葡萄糖, 0.1 g 酵母膏, 定容至 1 L, pH 6.3。接种适量新鲜菌丝于 50 mL PGY 液体培养基中, 置 25℃ 生化培养箱培养 2~3 d, 时间不宜过长。酿酒酵母用 YEPD 液体培养基: 10 g 酵母膏, 20 g 蛋白胨, 20 g 葡萄糖, 定容至 1 L。接种一环新鲜的酿酒酵母于 20 mL YEPD 液体培养基中, 30℃, 180 r/min 振荡培养 18~22 h。

1.2 菌丝的收集和预处理

粗糙脉孢菌、米曲霉、羊肚菌等采用过滤的方法收集菌丝, 并用生理盐水充分洗涤 1~2 次。置于 5 mL 离心管中, 最大转速离心, 去除残余的生理盐水。酿酒酵母则离心收集菌体, 用生理盐水重悬, 离心弃上清。

1.3 真菌染色体 DNA 的简易提取方法

将收集好的菌体置于 5 mL 离心管中, 按照每 0.5 g 菌体加入 1 mL 裂解缓冲液 (50 mmol/L Tris-HCl pH 8.0, 180 mmol/L EDTA pH 8.0, 1% SDS, 现配), 少量菌体可采用 1.5 mL 离心管, 加适量裂解缓冲液, 保证能振荡开为宜。同时加入 3/10 总体积的石英砂, 盖紧离心管盖, 在漩涡振荡器上振荡 5~8 min, 每隔 1 min 用力上下晃动离心管 30 s, 使内容物混合均匀。65℃ 放置 10 min, 加入 600 μL 7.5 mol/L 乙酸铵溶液, 冰浴 8 min。以最大转速离心 5 min, 转移上清至另一无菌的 5 mL 离心管中, 加入 0.1 倍体积的 3 mol/L 的 NaAc 以及 0.6 倍体积的异丙醇, 颠倒混匀, 冰浴 8 min。室温下以最大转速离心收集沉淀, 弃上清, 用 200 μL TE 溶液溶解沉淀, 加入适量 RNase, 65℃ 温浴 10 min。取出, 加入 200 μL 氯仿: 异戊醇 (24: 1) 抽提一次, 将上清转入另一无菌的 1.5 mL 离心管中, 加入 0.1 倍体积的 3 mol/L 的 NaAc 以及 2.5 倍体积的无水乙醇, 以最大转速离心 8 min 收集染色体 DNA, 70% 乙醇洗涤一次, 待乙醇挥发完全, 用适量 TE 溶液溶解沉淀^[4~6]。

1.4 用提取的真菌染色体 DNA 进行酶切消化及 PCR 扩增

采用 EcoR I (Takara 公司) 37℃, 1 h 对提取的 4 种真菌染色体 DNA 分别进行酶切消化。设计引物: P1: 5'-ACCGAATTCCGCTGAGAACGGCTACCAC-3', P2: 5'-ACCGAATTCCGGCAGGAGCGTAATCAACGC-3' 作扩增真菌 18S rDNA 保守序列用。PCR 反应条件为: 94℃ 变性 4 min; 50 μL 反应体系中加入 Pyrobest™ DNA 聚合酶 1.5 u, 混合后加入矿物油 30 μL 进行 PCR 反应: 94℃ 变性 1 min, 56℃ 退火 1.5 min, 72℃ 延伸 3 min, 经过 30 个循环后, 72℃ 再延伸 8 min。

2 结果与讨论

2.1 真菌染色体 DNA 的提取

本方法操作简易, 提取 DNA 所需时间仅为 1~2 h, 所提真菌染色体 DNA 长度均大于 20 kb, 如图 1 所示。 OD_{260}/OD_{280} 比值均在 1.8 左右。本实验用到的 4 种真菌种属差异很大, 由此可见该方法具有较广的适用性。

2.2 提取的真菌染色体 DNA 的质量分析

2.2.1 限制性酶切提取的真菌染色体DNA: 限制性酶切验证所提染色体DNA的质量,用EcoRI对所提染色体DNA进行酶切,结果显示所提4种真菌的染色体DNA均能被消化完全,而且片段大小分布均匀,如图2所示。

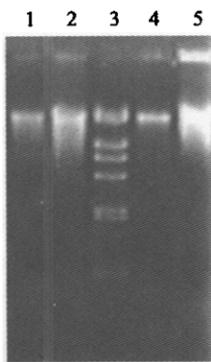


图1 本方法提取的4种不同种属的真菌染色体DNA琼脂糖凝胶电泳图

1 粗糙脉孢菌染色体DNA, 2 羊肚菌染色体DNA, 3 λ DNA/Hind III分子量标准, 4 酿酒酵母染色体DNA, 5 米曲霉染色体DNA

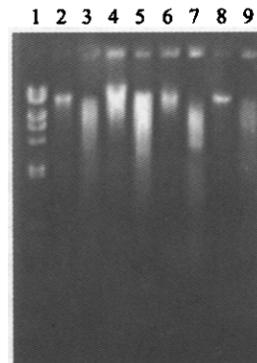


图2 所提4种真菌染色体DNA EcoRI酶解产物琼脂糖凝胶电泳图

1 λ DNA/Hind III分子量标准, 2, 4, 6, 8 分别为提取的粗糙脉孢菌、羊肚菌、酿酒酵母、米曲霉染色体DNA, 3, 5, 7, 9 分别为粗糙脉孢菌、羊肚菌、酿酒酵母、米曲霉染色体DNA EcoRI酶解结果

2.2.2 真菌18S rDNA的PCR扩增: 采用根据真菌18S rDNA的保守序列设计的引物P1, P2对所提4种真菌染色体的质量进行PCR验证。结果表明以4种真菌的染色体为模板均能扩增出所需18S rDNA的保守序列间约1.3 kb左右的片段,如图3所示,非特异性扩增很少。这表明本方法所提取的真菌染色体DNA可用于一般的分子生物学研究。

2.2.3 特异性基因片段的PCR扩增: 应用所提的粗糙脉孢菌染色体DNA成功扩增出一特异性基因片段约2.5 kb,如图4所示。所提的酿酒酵母染色体DNA也成功地被用于扩增几丁质酶基因,图略。

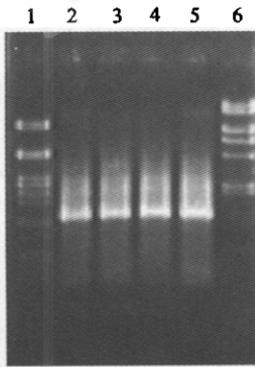


图3 以提取的DNA为模版PCR扩增4种真菌的18S rDNA

1 λ DNA/Pst I分子量标准, 2, 3, 4, 5 分别为PCR扩增出来的粗糙脉孢菌、羊肚菌、酿酒酵母、米曲霉的18S rDNA的片段, 6 λ DNA/Hind III

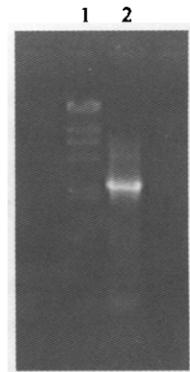


图4 以提取的粗糙脉孢菌染色体DNA为模版PCR扩增特异性基因片段

1 λ DNA/Hind III分子量标准, 2 PCR扩增出来的粗糙脉孢菌特异性基因片段

本方法成功地快速提取了4种不同种属的真菌的染色体DNA关键在于考虑了以下几方面因素：(1)大多真菌的细胞壁主要成分为几丁质，与细菌相比其结构要坚固的多。真菌细胞壁各成分的比例在细胞生活周期的过程中也存在差异，一般而言，当真菌细胞处于幼嫩时期时，破壁要相对容易些，故在真菌的培养方式上要注意，不要让收集的菌的菌龄过老。(2)真菌的次级代谢产物很多，与次生代谢相关的酶类也很多，而且许多酶是直接分泌到胞外。为尽可能减少这些物质对提取染色体DNA的影响，可以通过充分洗涤收集的菌丝以除去胞外各种酶及杂质。提取过程中，采用较高浓度的EDTA可抑制破壁时释放的大量酶类对DNA可能的降解^[6]。此外，随着操作时间的延长，酶对DNA的降解的几率也在增加，故提取真菌DNA的操作时间也不宜过长。(3)真核生物的染色体主要由核DNA和组蛋白组成，用高盐溶液可防止在SDS作用下解聚后的核DNA和组蛋白发生重聚，本方法采用了7.5 mol/L乙酸铵溶液。最后，为避免提取过程中机械力对染色体DNA的反复剪切，应尽可能简化操作步骤。

致谢 衷心感谢本实验室谌斌博士提供宝贵的建议和讨论。

参 考 文 献

- [1] 朱衡,瞿峰,朱立煌.真菌学报,1994,13(1):34~40.
- [2] 曾凡亚,张义正.食用菌学报,1996,3(3):13~17.
- [3] 诸葛健,王正祥.工业微生物实验技术手册.北京:中国轻工业出版社,1994.493.
- [4] Wendland J A, Lengeler K B, Kothe E. Fungal Genetics Newsletter, 1996, 43: 54~55.
- [5] 萨姆布鲁克J,拉塞尔D W著.黄培堂等译.分子克隆实验指南(第三版).北京:科学出版社,2002.485~486.
- [6] 王建荣,张曼夫.遗传,1992,14(6):29~30.