

嗜水气单胞菌 UDP-乙酰葡萄糖胺-4-差向异构酶基因的克隆表达及酶的性质

龚霞, 陆承平, 姚火春

(南京农业大学, 农业部动物疫病诊断与免疫重点开放实验室, 江苏南京 210095)

摘要: 通过水生动物源性嗜水气单胞菌 (*Aeromonas hydrophila*, Ah) 强毒株 J-1 株与弱毒株 MR-1 株抑制差减杂交得到 *gneJ* 差减片段, 该片段与创伤弧菌 (*Vibrio vulnificus*) 和人源嗜水气单胞菌的 UDP-乙酰葡萄糖胺-4-差向异构酶基因有较高的同源性。扩增完整的 *gneJ* 基因, 进行分布检测并将其克隆至质粒 pET32a(+), 在大肠杆菌 (*Escherichia coli*) BL21 中进行异源表达, SDS-PAGE 结果显示, 重组表达蛋白的分子量约 59.7 kD, 与理论推算值基本相同。酶活性分析表明, 该重组蛋白可将 UDP-乙酰葡萄糖胺转化为 UDP-乙酰半乳糖胺, 确证 *gneJ* 基因编码蛋白为 UDP-乙酰葡萄糖胺-4-差向异构酶。Western Blot 分析显示, 嗜水气单胞菌 J-1 株胞外产物的免抗血清可识别该重组蛋白, 表明该蛋白与天然蛋白有相同的抗原性。以重组蛋白为免疫原, 对小鼠进行动物保护实验, 结果显示, 该重组蛋白对小鼠有 60% 的保护率, 证明 UDP-乙酰葡萄糖胺-4-差向异构酶可作为亚单位疫苗的候选成分。[中国水产科学, 2008, 15(1): 106-112]

关键词: 嗜水气单胞菌; 差向异构酶基因; 克隆表达; 抗原性分析

中图分类号: S947 文献标识号: A 文章编号: 1005-8737-(2008)01-0106-07

嗜水气单胞菌 (*Aeromonas hydrophila*, Ah) 是一类广泛存在于水环境的革兰氏阴性菌, 是中国淡水养殖鱼类暴发性传染病的主要病原, 可引起鱼类败血症^[1-2], 亦可引发人类的腹泻或败血症等, 对食物安全具有威胁, 并且是免疫抑制病人和肝功能疾病患者的机会致病菌。因此, 嗜水气单胞菌已成为人兽鱼共患病原菌^[3-4]。

通过抑制差减杂交技术^[5-6] 对 Ah 强毒株 J-1 株与 Ah 弱毒株 MR-1 株进行抑制差减杂交时, 发现一差异片段 (命名为 *gneJ*) 的核苷酸序列与创伤弧菌 (*Vibrio vulnificus*) 的 *wbpP* 基因 (AY350749) 和人源 Ah AH-3 的 *gne* 基因 (DQ119103) 分别有 83% 和 88.3% 的同源性, 推测其功能可能为 UDP-乙酰葡萄糖胺-4-差向异构酶 (UDP N-Acetylglucosamine 4-Epimerase, EC No.: 5.1.3.7)。为证实该推测, 本实验扩增了 Ah J-1 株 *gneJ* 基因全长, 对其进行水生动物源性 Ah 分布检测并将其克隆至大肠杆菌进行重组表达, 经酶活性分析确证其编码产物为 UDP-乙酰葡萄糖胺-4-差向异构酶。Rocío Canals 等^[7] 报道该酶与嗜水气单胞菌的 LPS 生物合成及毒力作用有关。

革兰氏阴性菌的脂多糖 LPS 有 2 种形式: O 抗

原保守型 A 群 LPS; O 抗原可变型 B 群 LPS。B 群 LPS 是革兰氏阴性菌重要的毒力因子, 它在细菌感染宿主的初始阶段, 逃避宿主防御系统以及定植中起着重要作用^[8-9], 可引起组织损伤和炎症反应。Carole^[10] 等报道, 铜绿假单胞菌 (*Pseudomonas aeruginosa*) B 群 LPS 合成功能的缺失突变株相比野生株更敏感于抗血清^[11-13], 更易受噬菌作用影响^[14], 且几乎对鼠无毒作用^[9]。Poole 等^[15] 报道, 铜绿假单胞菌所具有的多抗药性与其存在于细菌外膜 B 群 LPS 上的多抗药性泵有关。LPS 的生物合成已成为当前药物研发的重要目标。因此, 研究 UDP-乙酰葡萄糖胺-4-差向异构酶可为深入研究嗜水气单胞菌的致病机理奠定基础。

1 材料与方法

1 材料

1.1.1 菌株、质粒和培养条件 Ah J-1 株系由本实验室陈怀青等从江苏省某养殖场患病的银鲫 (*Carassius auratus gibelio*) 中分离, Ah MR-1 株由罗氏沼虾 (*Macrobrachium rosenbergii*) 分离, 由浙江淡水所提供。Ah4332 菌株分离自牛犊, 来自德国吉森大学。其他 Ah 株分离自 1990~2004 年

收稿日期: 2007-03-30; 修订日期: 2007-05-30.

基金项目: 江苏省攻关 (三药) 项目 (BE2004609).

作者简介: 龚霞 (1981-), 女, 硕士, 研究方向: 鱼类病原微生物.

通讯作者: 姚火春. Tel: 025-84395328; E-mail: yaoch@njau.edu.cn

间浙江、福建、湖北及江苏等地不同患病水产动物的肝肾等脏器(除W1株分离自池塘水)。其中4332株、W1株是无致病力菌株,MR-1株为不产胞外蛋白酶的弱毒株,其他19株是强致病性菌株(表1)。大肠杆菌(*Escherichia coli*)BL21及质

粒pET-32a(+)由本室保存。Ah J-1株、大肠杆菌分别于28℃、37℃摇振过夜培养于LB培养基内。当被用于培养携带有质粒的细菌时,LB培养基添加氨苄青霉素的质量浓度为100μg/mL。

表1 嗜水气单胞菌菌株宿主及来源
Tab.1 Host and resources of *Aeromonas hydrophila* strains

菌株 Strain	宿主 Host	样品 Sample	来源与时间 Resource and time
J-1	银鲫 <i>C. auratus gibelio</i>	肾 Kidney	江苏 Jiangsu 1991
TPS30	鲫 <i>C. auratus gibelio</i>	肾 Kidney	浙江 Zhejiang 1991
TPS49	鳊 <i>P. pekinensis</i>	不详 Unknown	浙江 Zhejiang 1997
MR-1	罗氏沼虾 <i>M. rosenbergii</i>	不详 Unknown	浙江 Zhejiang 2004
PBS10	鲫 <i>C. auratus gibelio</i>	肾 Kidney	浙江 Zhejiang 1991
BSK10	鲫 <i>C. auratus gibelio</i>	肾 Kidney	浙江 Zhejiang 1990
SPS103	鳊 <i>P. pekinensis</i>	肝 Liver	浙江 Zhejiang 1994
SB94-7	鳊 <i>P. pekinensis</i>	不详 Unknown	浙江 Zhejiang 1994
SB94-5	鳊 <i>P. pekinensis</i>	不详 Unknown	浙江 Zhejiang 1994
SBS106	鳊 <i>P. pekinensis</i>	肾 Kidney	浙江 Zhejiang 1994
HA9	鳖 <i>T. sinensis</i>	不详 Unknown	江苏 Jiangsu 1992
DF2CC	鲫 <i>C. auratus gibelio</i>	肾 Kidney	江苏 Jiangsu 1997
DF43CC	鲫 <i>C. auratus gibelio</i>	肾 Kidney	江苏 Jiangsu 1991
DF42GC	草鱼 <i>C. idella</i>	肾 Kidney	江苏 Jiangsu 1991
DF850P	鲫 <i>C. auratus gibelio</i>	肾 Kidney	江苏 Jiangsu 1997
FPK-81	鳊 <i>P. pekinensis</i>	不详 Unknown	浙江 Zhejiang 1991
CHSO0-3	欧鳗 <i>A. japonicus</i>	肝 Liver	福建 Fujian 2000
WC00-2	欧鳗 <i>A. japonicus</i>	肝 Liver	福建 Fujian 2000
L316	日鳗 <i>A. japonicus</i>	肝 Liver	福建 Fujian 2000
AH9617	鲢 <i>H. molitrix</i>	腹水 Abdominal liquid	湖北 Hubei 1996
4332	牛 Calf	不详 Unknown	德国 Germany 1994
W1	池塘水 Pond water		江苏 Jiangsu 1994

1.1.2 试剂 DNA凝胶抽提试剂盒和Taq DNA聚合酶购自上海生兴公司。所有限制性内切酶、DNA分子量标准、dNTP、IPTG和T4 DNA连接酶均购自大连TaKaRa公司或Promega公司。His Bind purification Kit纯化试剂盒购自Novagen公司。UDP-GalNAc购自Sigma公司。

1.2 方法

1.2.1 *gneJ*基因的全长扩增 根据人源Ah AH-3的*gne*基因及其两侧序列设计引物,P1:5'-AGAGGATCCATGACAATAT TGGTC AC-3'(划线碱基为BamHI酶切位点),P2:5'-ATAGAATTCTCACGGCTTCAGTAG-3'(划线碱基为EcoRI酶切位点),扩增*gneJ*基因全长。以Ah J-1总DNA为模板,按常规方法进行PCR反应,优化后的PCR反应条件为:94℃5 min;94℃1 min,52℃50 s,72℃1 min,30个循环;72℃10 min。引物合成及DNA测序均由上海英骏生物技术有限公司进行。

1.2.2 *gneJ*基因的分布检测 在Ah J-1的*gneJ*基因的保守区内设计引物P1:5'-ATGACAATATTGGCTCGACGG-3';P2:5'-TCACGGCTTCPCGGCTT CGCA-3',对以强毒株J-1与弱毒株MR-1为代表的不同来源、不同毒力的22株嗜水气单胞菌菌株进行*gneJ*基因分布检测,设ddH₂O与*E. coli* BL21为阴性对照。

1.2.3 *gneJ*基因的克隆和表达 扩增片段经BamHI和EcoRI双酶切后克隆至同样双酶切的pET-32a(+)质粒,转化至*E. coli* BL21。对重组质粒pET-32a(+)-*gneJ*进行酶切鉴定后,再转化入表达载体*E. coli* BL21,对重组质粒进行DNA测序分析。将*E. coli* BL21 pET-32a-*gneJ*接种于含氨苄青霉素的LB平板上,37℃培养。2 mL过夜培养菌液接种入100 mL含氨苄LB,37℃培养,当600 nm OD值达到0.6时加入终浓度0.1 mmol/L的IPTG,37℃诱导3 h,4℃8 000 g离心15 min去上清,

收集沉淀,用1×Binding Buffer(0.5 mol/L NaCl, 20 mmol/L Tris-HCl, 5 mmol/L 咪唑, 6 mol/L 盐酸胍, pH 7.9)悬浮,500Hz 5 s 间歇进行超声裂解,4 ℃高速离心分别收集沉淀和上清,沉淀重悬,分别取1.5 mL 沉淀液和上清夜,同时取转化空载体pET-32a(+)及未经诱导的重组表达菌作对照,进行SDS-PAGE以观察表达产物的存在形式和表达量。表达蛋白在变性条件下用His Tag Kit亲和层析柱纯化。将包涵体沉淀重悬于含6 mol/L 盐酸胍的1×Binding Buffer,冰浴1 h以彻底溶解包涵体蛋白,然后16 000 g 离心30 min,取上清,将上清用0.45 μm 滤膜过滤,以备His-Bind纯化。

1.2.4 重组pET-32a(+) -gneJ蛋白的纯化 用His-Bind Resin purification Kit纯化重组pET-32a(+) -gneJ蛋白,方法按使用说明书进行,把混匀的His Bind Resin转入柱床当液体流到柱底后,依次加入3倍柱体积的去离子水,5倍柱体积的1×Charge Buffer(50 mmol/L NiSO₄),3倍柱体积的1×Binding Buffer。当柱顶部液体流干后,加入收集的上清,流速为每小时10倍体积,然后依次加入10倍柱体积的1×Binding Buffer,6倍柱体积的1×Wash Buffer(0.5 mol/L NaCl, 20 mmol/L Tris-HCl, 20 mmol/L 咪唑, 6 mol/L 盐酸胍, pH 7.9),6倍柱体积的1×Elute Buffer(0.5 mol/L NaCl, 20 mmol/L Tris-HCl, 1 mol/L 咪唑, 6 mol/L 盐酸胍, pH 7.9)洗脱蛋白,将洗脱蛋白用20 mmol/L Tris-HCl缓冲液(pH 7.9)在4 ℃进行透析,换液6次,冻干后于-20 ℃保存。

1.2.5 表达蛋白Western blot分析 参照《分子克隆指南》^[16]进行, SDS-PAGE电泳结束后,将蛋白从凝胶转印至硝酸纤维素膜,5% 脱脂奶溶液4 ℃封闭过夜,PBST洗膜3次,每次10 min;加入一抗即Ah J-1抗血清(体积比1:100),37 ℃反应2 h。洗膜后再加入HRP-SPA(1:10 000)37 ℃反应1 h,最后加入底物DAB显色。

1.2.6 酶活性测定 参照Morgan-Elson反应方法^[10,17]对重组pET-32a(+) -gneJ蛋白进行酶活测试,反应总体积为500 μL:含20 μL表达蛋白溶液(含蛋白4 μg),10 mmol/L氨基乙酸,1 mmol/L MgCl₂,0.1 mmol/L EDTA,10 μL UDP-GalNAc(终浓度为1 mmol/L),20 mmol/L Tris-HCl(pH 7.9)。37 ℃反应,分别在5 min和10 min时加入10 μL 5 mol/L HCl终止反应,检测波长为585 nm。重复3次酶活测试取结果平均值以增加准确性。

1.2.7 表达蛋白的相对保护率测定 将经镍柱纯化的表达蛋白与弗氏完全佐剂等量充分混合,形成乳液。首次背部皮下多点注射免疫20只实验鼠,每只注射含蛋白50 μg 乳液200 μL。14 d后与弗氏不完全佐剂等量充分混合,加强免疫,以后每隔1周加强免疫1次。随机选取两只免疫鼠,尾静脉采血,由琼脂扩散实验检测抗体效价。当抗体琼扩效价达1:32以上时,即免疫后第35天,对受免疫组与未免疫的对照组小鼠每只腹腔注射0.2 mL浓度为2×10⁷ CFU(约50LD₅₀, J-1的LD₅₀为0.5×10^{5.4} CFU)的Ah J-1株菌液。观察3 d,记录各组死亡数,计算相对保护率(Relative percentage survival, RSP)。计算公式如下: 相对保护率=(1-免疫组死亡百分率/对照组死亡百分率)×100%

2 结果与分析

2.1 gneJ基因序列测定及同源性分析

根据Ah AH-3的gne基因设计引物扩增得到了gneJ全长基因,GenBank登录号为DQ512488。用EcoRI+BamHI双酶切所构建的重组质粒对pET-32a(+) -gneJ,酶切产物电泳结果可观察到约1 026 bp的插入片段。插入片段的核苷酸序列测定结果与gneJ全基因序列完全相符,证明插入片段的核苷酸序列测定结果与实验设计序列完全一致(图1)。

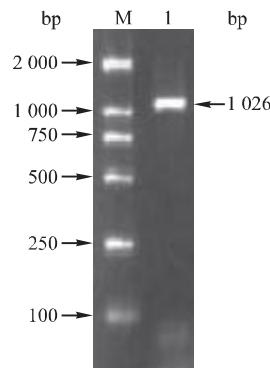


图1 gneJ基因片段PCR扩增结果

Fig.1 Identification of PCR of gneJ

M: DNA Marker DL 2000; lane1: PCR product of Ah J-1

gneJ基因共有1 026个碱基,编码341个氨基酸,进行BLAST比对,结果发现,其氨基酸序列与大肠杆菌的UDP-Galactose 4-Epimerase同源性达57%,与铜绿假单胞菌的UDP-N-Acetylglucosamine 4-Epimerase有27%的同源性。用Swiss Model spdbv软件对gneJ基因编码的氨基酸序列进行三

级结构预测,分析发现,该氨基酸序列的第3至339位与1i3kA,即人源 UDP-Galactose 4-Epimerase 等蛋白模版有60%的同源性。

2.2 *gneJ*基因的分布

对不同来源的22株嗜水气单胞菌菌株进行分

布检测,结果显示,19株强致病性Ah均可检测到1 026 bp的特异目的条带,MR-1弱毒株、4332与W1两株非致病菌中未检测到该基因,推测*gneJ*基因普遍存在于强致病性Ah菌株中(图2)。

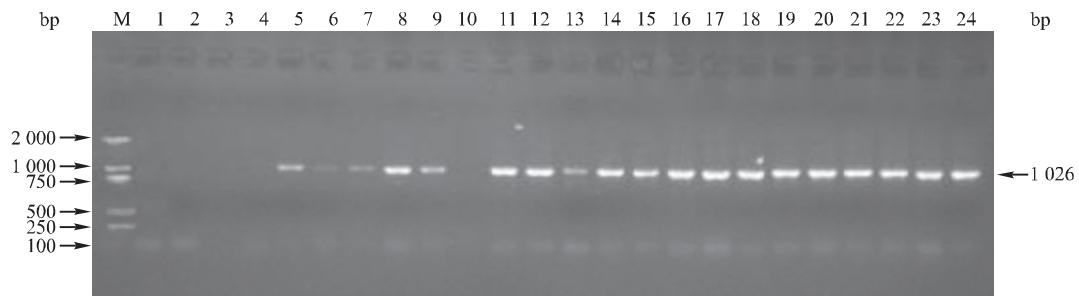


图2 Ah菌株 *gneJ*基因的分布检测

Fig.2 Distribution detection of *gneJ* gene of Ah strains

Lane M: DNA Marker DL2 000; lanes 1~24: ddH₂O, *E.coli* BL21, 4332, W1, PBS10, BSK10, SPS103, SB94-7, SB94-5, MR-1, J-1, TPS30, TPS49, SBS106, HA9, DF2CC, DF43CC, DF42GC, DF850P, FPK-81, CHSOO-3, WC00-2, L316, AH9617.

2.3 *gneJ*基因的克隆和表达

经过IPTG诱导,pET-32a(+) - *gneJ*主要以包涵体形式表达重组*gneJ*蛋白,经凝胶扫描确定约占菌体总蛋白的26%,分子量与预期的大小基本一致,约为59.7 kD(图3),这表明所采用的表达体系和条件能高效表达该重组蛋白。转化至pET-32a(+) - BL21空载体的对照菌可诱导表达分子量为22.5 kD的特异蛋白(His片段),重组表达菌则诱导表达了

分子量59.7 kD的特异蛋白,与预期的重组蛋白分子量大小(22.5 kD + 37.2 kD)吻合,同时在22.5 kD处的蛋白带消失了,说明插入的外源基因与His所形成的融合基因成功在大肠杆菌BL21中表达。Western Blot结果显示,Ah J-1株抗血清可以识别分子量为59.7 kD的融合蛋白,表明该重组蛋白具备天然*gneJ*蛋白的部分抗原性(图4)。

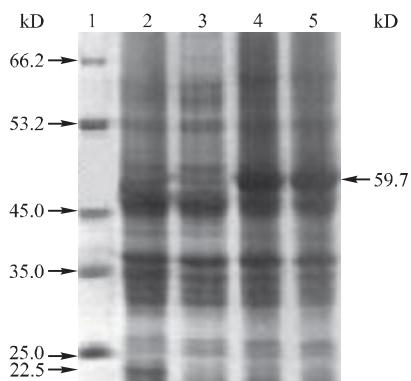


图3 pET32a-*gneJ*表达产物的SDS-PAGE

1:蛋白Marker;2:*E.coli* BL21/pET32a空载体诱导;3:重组蛋白诱导前;4:组蛋白37℃诱导2 h;5:重组蛋白37℃诱导3 h

Fig.3 Analysis SDS-PAGE of pET32a-*gneJ* proteins
lane 1, protein standard molecular weight marker; lane 2, *E.coli* BL21/pET32a(+) induced by IPTG; lane 3, pET32a(+) - *gneJ* recombinant before induced .

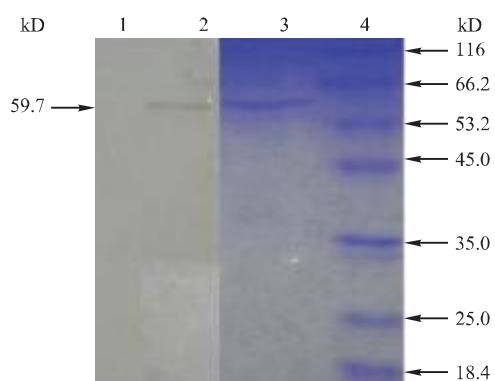


图4 纯化pET32a-*gneJ*表达产物的Western blot

1:*E.coli* BL21/pET32a空载体;2,3:纯化的重组蛋白;4:蛋白Marker

Fig.4 Western blot of recombinant *gneJ* protein
lane 1, *E.coli* BL21/pET32a(+); lane 2, Western blot of purified pET32a(+) - *gneJ* protein; lane 3, SDS-PAGE of purified pET32a(+) - *gneJ* protein; lane 4, protein standard molecular weight marker.

2.4 重组蛋白酶活性测定

酶活测试结果见表 1。Ah J-1 野生株与 pET-32a(+) -gneJ 重组菌分别培养于含葡萄糖或半乳糖的 LB 培养基,两者均显示出高 Gal 和 GalNAc 4-epimerase 活性。而根据 Rocío Canals 等报道, Ah AH-3gne 基因缺失株完全失去 GalNAc 4-epimerase 活性,在缺失株中插入 gne 基因则可恢复 GalNAc

4-epimerase 活性^[10]。据此推断 gneJ 基因编码的蛋白更大可能为 UDP-乙酰葡萄糖胺-4-差向异构酶。

2.5 重组蛋白的相对保护率

免疫组和对照组小鼠经 Ah 强毒株 J-1 攻毒后的死亡情况如表 2 所示,接种 10⁷ CFU 组产生了较强的保护力,重组蛋白对免疫小鼠的相对保护率达到了 60%。

表 1 Ah J-1 细胞提取物及 pET-32a-gneJ 重组蛋白 Gal 及 GalNAc 差向异构酶酶活测试结果

Tab.1 Gal and GalNAc 4-epimerase activities in cell extracts of Ah J-1 and recombinant gneJ protein in *E.coli*

$\bar{X} \pm SD$

菌株 Strain	碳源 Carbon source	半乳糖-4 Gal 4-epimerase activity	乙酰半乳糖-4-异构酶 GalNAc 4-epimerase activity
Ah J-1	葡萄糖 Glucose	90.7±1.4	22.7±2.1
	半乳糖 Galactose	34.3±1.1	14.8±0.9
pET-32a-gneJ	葡萄糖 Glucose	90.1±1.2	25.8±1.7
	半乳糖 Galactose	32.6±1.7	12.5±1.1

表 2 受免和对照组小鼠经 Ah J-1 株攻毒后的免疫保护力

Tab.2 Relative percent survival of immunized and control mice challenged by strain Ah J-1

组别 Trial (CFU/只)	攻毒小鼠总数 <i>n</i>	死亡总数/只 Death nos.	相对保护率/% Relative percentage survival
10 ⁷	10	4	60
10 ⁵	10	6	40
对照组 (PBS)	10	10	

3 讨论

Rocío 等^[7]在人源嗜水气单胞菌 AH-3 株中发现了 gne 基因,突变该基因可使细菌黏附性及对动物的毒力作用下降,从而首次证明了 gne 为嗜水气单胞菌一个重要的毒力因子。本实验克隆了 Ah J-1 株中的 gneJ 基因并在大肠杆菌中进行了高效表达,获得了高纯度、有生物活性的重组蛋白,经酶活性分析证明其为 UDP-乙酰葡萄糖胺-4 差向异构酶。该酶存在于革兰氏阴性菌脂多糖 (LPS) 的核心,通过催化 UDP-乙酰葡萄糖胺 (UDP-GlcNAc) 和 UDP-乙酰半乳糖胺 (UDP-GalNAc) 之间的转换在 LPS 的合成中起着关键作用。UDP-乙酰葡萄糖胺-4 差向异构酶调节 LPS 的合成,研究该酶对进一步研究嗜水气单胞菌的致病机理具有一定意义。

目前可选择的 Ah 检测方法包括选择性培养基与生化鉴定、免疫荧光技术、酶联免疫吸附试验 (ELISA) 和单克隆抗体技术等。选择性培养基鉴别法操作简单,但培养时间较长,且只能用于粗略

检测;免疫荧光抗体标记技术比 ELISA 更敏感,但由于需要荧光显微镜,使其应用受到限制。而 PCR 检测方法具有简便快速、特异性强的优点。对不同来源、不同毒力的嗜水气单胞菌菌株进行 PCR 分布检测,结果显示,强致病性 Ah 菌株均存在 gneJ 基因,弱毒株与无毒株则未检测到该基因,推测 gneJ 基因普遍存在于强致病性 Ah 菌株中。本实验将抑制性差减杂交技术与 PCR 检测相结合,检测了可能的毒力基因在 Ah 菌株间的分布情况,以验证毒力基因的存在与菌株致病性强弱的相关性,从而探究了新的快速鉴定 Ah 菌株及菌株毒力类别的检测方法。

以重组 gneJ 蛋白为免疫原,对小鼠进行动物保护实验,结果显示该重组蛋白对小鼠有 60% 的保护率。Ah J-1 胞外产物的兔抗血清可以识别此融合蛋白,表明该蛋白与天然蛋白有相同的抗原性,可作为重组亚单位疫苗研制的候选成份。同时,对 gneJ 基因的分布检测证实了其在水生动物源

性嗜水气单胞菌强致病性菌株中广泛存在,可望用于建立嗜水气单胞菌强致病性菌的快速鉴别诊断方法。

参考文献:

- [1] Deodhar LP, Saraswathi K, Varudkar A. *Aeromonas* spp. and their association with human diarrhea disease [J]. *J Clin Microbiol*, 1991, 29(5): 853-856.
- [2] Handfield M, Simard P, Couillard M, et al. *Aeromonas hydrophila* isolated from food and drinking water: hemagglutination, hemolysis, and cytotoxicity for a human intestinal cell line (HT229) [J]. *Appl Environ Microbiol*, 1996, 62 (9): 3459-3461.
- [3] Altweig M, Geiss H K. *Aeromonas* as a human pathogen [J]. *Crit Rev Microbiol*, 1989, 16 : 253-286.
- [4] Janda J M, Duffey P S. Mesophilic aeromonads in human disease: current taxonomy laboratory identification and infectious disease spectrum [J]. *Rev Infect Dis*, 1988, 10: 980-997.
- [5] Diatchenko L, Lau Y F C, Campbell A P, et al. Suppressions subtractive hybridization: A method for gene rating differentially regulated or tissue-specific cDNA probes and libraries [J]. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1996, 93(12): 6 025-6 030.
- [6] Stocki S L, Babiuk L A, Rawlyk N A, et al. Identification of genomic differences between *Escherichia coli* strains pathogenic for poultry and *E. coli* K_12MG1655 using suppression subtractive hybridization analysis [J]. *Microb Pathog*, 2002, 33(6): 289-298.
- [7] Rocí o Canals, Natalia Jiménez, et al. The UDP-N-Acetylgalactosamine 4-Epimerase Gene Is Essential for Mesophilic *Aeromonas hydrophila* Serotype O34 Virulence [J]. *Infect Immun*, 2006, 74, 537-548.
- [8] Cryz S J, Jr Pitt, Furer T L E, et al. Role of lipopolysaccharide in virulence of *Pseudomonas aeruginosa*. *Infect Immun*, 1984, 44: 508-513.
- [9] Pier G B, Thomas D M. Lipopolysaccharide and high-molecular-weight polysaccharide serotypes of *Pseudomonas aeruginosa* [J]. *J Infect Dis*, 1982, 148: 217-223.
- [10] Carole Creuzenet, Myriam Belanger, Wakarchuk W W, et al. Expression, purification, and biochemical characterization of WbpP, a New UDP-GlcNAc C4 epimerase from *Pseudomonas aeruginosa* Serotype O6 [J]. *J Biolog Chem*, 2000, 275: 19 060-19 067.
- [11] Hancock R E, Mutharia L M, Chan L, et al. *Pseudomonas aeruginosa* isolates from patients with cystic fibrosis: a class of serum-sensitive, nontypable strains deficient in lipopolysaccharide O side chains [J]. *Infect Immun*, 1983, 42, 170-177.
- [12] Schiller N L, Hatch R A. The serum sensitivity, colonial morphology, serogroup specificity, and outer membrane protein of *Pseudomonas aeruginosa* strains isolated from several clinical sites [J]. *Diagn Microbiol Infect Di*, 1983, 1: 145-157.
- [13] Goldberg J B, Pier G B. *Pseudomonas aeruginosa*, lipopolysaccharides and pathogenesis [J]. *Trends Microbiol*, 1996, 4: 490-494.
- [14] Engles W, Endert J, Kamps, M A F, et al. Role of lipopolysaccharide in opsonization and phagocytosis of *Pseudomonas aeruginosa* [J]. *Infect Immun*, 1985, 49: 182-189.
- [15] Poole K, Krebes K, McNally C, et al. Multiple antibiotic resistance in *Pseudomonas aeruginosa*: evidence for involvement of an efflux operon [J]. *J Bacteriol*, 1993, 175: 7 363-7 372.
- [16] Sambrook J, Fritsch E F, Maniatis T. *Molecular Cloning: A Laboratory manual*. 2en ed [M]. New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989.
- [17] Wang L S, Huskic A, Cisterne D, et al. The O-antigen gene cluster of *Escherichia coli* O55: H7 and identification of a new UDP-GlcNAc C4 epimerase gene [J]. *J Bacteriol*, 2002, 184: 2 620-2 625.

Cloning and expression of UDP N-acetylgalactosamine 4-epimerase gene from *Aeromonas hydrophila* and characteristics of the enzyme

GONG Xia, LU Cheng-ping, YAO Huo-chun

(Key Laboratory of Animal Disease Diagnostic and Immunology, Ministry of Agriculture, Nanjing 210095, China)

Abstract: The *gneJ* gene was subtracted from SSH between high virulent strain J-1 and low virulent strain MR-1 of aquatic *Aeromonas hydrophila* strains. It was highly homologous to *wbpP* gene of *Vibrio vulnificus* and *gne* gene of Ah AH-3. Full length of *gneJ* gene was amplified by PCR, and its distribution was detected. Then it was cloned into plasmid pET32a(+) and transformed into *E.coli* BL21, induced by IPTG and expressed. The results of SDS-PAGE showed that recombinant protein molecular weight was 59.7 kD. Enzyme activity assay showed that the recombinant protein was a UDP N-acetylgalactosamine 4-epimerase, which could catalyze the inter conversion of UDP-GlcNAc and UDP-GalNAc. So the *gneJ* gene was identified to encode a UDP N-acetylgalactosamine 4-epimerase. The result of recombinant protein Western Blot with Ah J-1 antiserum revealed that *gneJ* recombinant protein had similar antigenicity to savageness protein. The mice were immunized with the recombinant protein, then challenged by Ah J-1 strain (50LD_{50}), showing that the relative percentage survival (RPS) of recombinant protein to the immunized mice was 60%. The research suggests that *gneJ* gene commonly present in the pathogenic Ah and play an important role in pathogenesis. [Journal of Fishery Sciences of China, 2008, 15(1): 106–112]

Key words: *Aeromonas hydrophila*; UDP N-Acetylgalactosamine 4-Epimerase; cloning and expression; antigenicity analysis

Corresponding author: YAO Huo-chun. E-mail: yaohch@njau.edu.cn