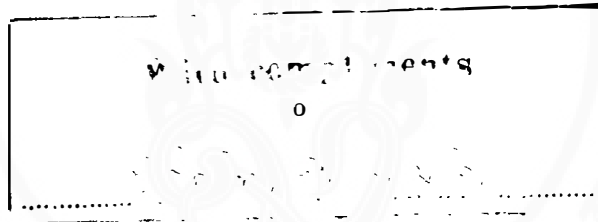


5 SEP 1996

**STUDIES OF LIPASE EXPRESSED IN *E. COLI* FROM  
A CLONED GENE OF A THERMOPHILIC BACTERIUM  
AND FROM A SYNTHETIC GENE OF *PSEUDOMONAS FRAGI***

**SITTIRUK ROYTRAKUL**

//



**A THESIS SUBMITTED IN PARTIAL FULFILLMENT OF  
THE REQUIREMENTS FOR THE DEGREE OF  
MASTER OF SCIENCE  
(BIOCHEMISTRY)**

**IN**

**FACULTY OF GRADUATE STUDIES**

**MAHIDOL UNIVERSITY**

**1996**

TH  
Sittiruk  
1996

36145



กว่า 100,000 ดาลตัน ในภาวะที่ไม่มี SDS อย่างไรก็ตามเอ็นไซม์นี้ยังคงแสดงสมบัติของเอ็นไซม์ไลเปส โดยการย่อยโมเลกุลของสับสเตรทชนิดน้ำมันมะกอกหรือ *p*-NPP ทั้งเอ็นไซม์ที่อยู่ในรูปโมเลกุลเดี่ยวหรือเกาะกลุ่มกันเป็นก้อน นอกจากนี้ยังพบว่า เอ็นไซม์นี้มีค่า *pI* เท่ากับ 7.75 และเสถียรในช่วง pH 8-12 ส่วนผลของอุณหภูมิพบว่า เอ็นไซม์นี้เกิดปฏิกิริยาได้ดีที่อุณหภูมิ 45 องศาเซลเซียสและทนที่อุณหภูมิ 55 องศาเซลเซียสเป็นเวลากว่า 5 วัน โดยยังคงมี activity เหลืออยู่สูงถึง 65% แต่ activity ของเอ็นไซม์จะลดลงอย่างรวดเร็วที่อุณหภูมิสูงกว่า 68 องศาเซลเซียส และเมื่อทำการศึกษาผลของ สารเคมีต่อ activity ของเอ็นไซม์พบว่า activity ของเอ็นไซม์จะลดลง 17% เมื่อมี PMSF อยู่เป็นปริมาณ 10 mM แต่ EDTA ที่ความเข้มข้น 10 mM ไม่มีผลต่อ activity ของเอ็นไซม์เลย แสดงว่ากรดอะมิโนเซรีนอาจเกี่ยวข้องกับ active site ของเอ็นไซม์ และไม่ว่า EGTA หรือ CaCl<sub>2</sub> ที่ความเข้มข้น 10 mM ก็ไม่มีผลต่อ activity ของเอ็นไซม์ ผลการทดลองนี้ชี้ให้เห็นว่า เอ็นไซม์ไลเปสนี้ไม่มีส่วนจับแคลเซียมประกอบในโมเลกุล นอกจากนี้ยังมีผลการทดลองที่แสดงว่า activity ของเอ็นไซม์จะเพิ่มขึ้นประมาณ 2 เท่า เมื่อมี 4% Triton X-100 หรือ 3M ยูเรียผสมอยู่ และ activity ของเอ็นไซม์จะลดลงทันทีที่มี SDS เข้มข้นมากกว่า 1%

สายยีนสังเคราะห์สำหรับเอ็นไซม์ไลเปส (JPLip1) ได้ถูกออกแบบและสังเคราะห์ขึ้น โดยมีพื้นฐานจากลำดับกรดอะมิโนของเชื้อชูโดโมแนสฟราจี สายพันธุ์ IFO 3458 แต่จากการตรวจสอบพบว่า ลำดับเบสบนสายยีนสังเคราะห์ดังกล่าวยังมีความผิดพลาดอยู่ วิทยาลัยพจนานุกรมจึงกล่าวถึงการซ่อมแซมสายยีนสังเคราะห์ JPLip 1 จนกระทั่งได้สายยีนสังเคราะห์ JPLip 2 ที่มีลำดับเบสเหมือนกับ JPLip 1 เว้นแต่มีการกลายของเบสที่ตำแหน่ง 156 จาก A เป็น G และตำแหน่ง 172 จาก T เป็น A ซึ่งการกลายดังกล่าวไม่มีผลกระทบต่อลำดับกรดอะมิโนของเอ็นไซม์ตามที่ย่อแบบไว้แต่แรก

สายยีนสังเคราะห์ JPLip 2 สามารถผลิตโปรตีนในเชื้อแบคทีเรียเจ้าบ้านชนิด *Escherichia coli* สายพันธุ์ JM 109 ภายใต้การควบคุมของยีน *lac Z* ที่เป็นส่วนหนึ่งของดีเอ็นเอพาหะ pBluescript SK+ คิดเป็นปริมาณ 12% ของปริมาณโปรตีนทั้งหมดในเซลล์โปรตีนที่ผลิตได้นี้จะสะสมอยู่ในไซโตพลาสซึมของเซลล์เจ้าบ้านในรูปของอินคลูชันบอดี ซึ่งมีขนาดโมเลกุล 19,000 ดาลตัน เท่ากับขนาดของโปรตีนที่ออกแบบไว้ (14,643 ดาลตัน) รวมกับปลายอะมิโนของเอ็นไซม์เบตา-กาแลคโตไซเดส และที่สำคัญคือ เอ็นไซม์นี้อยู่ในรูปที่ไม่มี activity จึงต้อง

ใช้กัวนิตินไฮโดรคลอไรด์, ยูเรีย และ CTAB เพื่อละลายเอ็นไซม์ออกมาจากอินคลูชันบอดี และทำให้เอ็นไซม์คืนสู่สภาพที่มี activity ผลการวิจัยชี้ให้เห็นว่าเอ็นไซม์ที่ผ่านกระบวนการดังกล่าวโดยใช้ CTAB จะมี activity สูงกว่าที่ใช้ยูเรียหรือกัวนิตินไฮโดรคลอไรด์ และเอ็นไซม์ที่ผ่านกระบวนการคืนสภาพโดยใช้ CTAB จะมี activity สูงกว่าเอ็นไซม์ตัวเดียวกันที่แสดงออกโดยสายยีนธรรมชาติกว่า 3.7 เท่า



substrate. It was stable at a broad pH range of 8 to 12. The enzyme retained 65% of its total activity even after incubation at 55°C for 5 days. Rapid loss of enzyme activity was observed above 68°C. Lipase activity was inhibited by 17% in the presence of 10 mM phenylmethylsulfonyl fluoride (PMSF), and was not inhibited by 10 mM of the chelating agent ethylenediaminetetraacetate (EDTA), indicating the possible involvement of a serine residue in the active site of this enzyme. The lipase was neither inhibited by 10 mM ethyleneglycol-bis[aminoethylether]-N, N, N', N'-tetraacetic acid (EGTA) nor activated by 10 mM calcium chloride suggesting that a calcium binding site did not exist. Enzyme activity was significantly enhanced 2-fold by 4% Triton X-100 and 3M urea, and strongly inhibited by 1% and greater of sodium dodecylsulfate (SDS).

Based on the known (135 residues) amino acid sequences of *Pseudomonas fragi* IFO3458 lipase, a 434 bp gene was designed, and assembled from eight synthetic overlapping DNA fragments. The JPLip1 construct was found to contain a number of errors. This synthetic gene was therefore corrected. The resulting construct, JPLip2, has the same nucleotide sequence as JPLip1, except two point mutations at base position 156 (A to G) and at base position 172 (T to A). For expression in bacteria, the lipase-encoding gene (JPLip2) was inserted into the *lacZ* gene fragment contained in the small expression vector, pBluescript SK<sup>+</sup>, and cloned into the *Escherichia coli* JM109. Expression of this construct yielded a protein approximately 19,000 in size, equivalent to expected protein, with an Mr of 14,643, plus 43 additional amino acids of  $\beta$ -galactosidase at the N-terminus. It was found that the high-level expression of this synthetic gene in *E. coli* JM109 resulted in its cytoplasmic deposition as biologically inactive and insoluble inclusion bodies, equivalent to 12 % of total cell protein. The expressed lipase was solubilized from inclusion bodies using either 6 M guanidinium hydrochloride (GuHCl), 8 M urea or by a cationic detergent, cetyltrimethylammonium bromide (CTAB). The refolding efficiency resulting in final yield of purified expressed lipase was in the order of CTAB > urea > GuHCl. The refolded JPLip2 lipase also showed 3.7-fold greater lipolytic activity than that of native *Pseudomonas fragi* IFO3458 lipase.