一种改良的 CTAB 法提取马尾松基因组 DNA

陈碧华

(福建省林业科学研究院 福州 350012)

摘要 以马尾松针叶为试验材料,利用改良的 CTAB 法抽提基因组 DNA,其浓度和纯度符合 PCR 实验的要求,经凝胶电泳检测,DNA 纯化效果好。

关键词 改良 CTAB 法 马尾松 针叶 基因组 DNA

中图分类号: Q527⁺.3 文献标识码:A 文章编号:1006-4427(2009)02-0026-04

The Genomic DNA Extraction of *Pinus massoniana* Using an Improved CTAB Method

Chen Bihua

(Fujian Academy of Forestry Sciences, Fuzhou Fujian, 350012)

Abstract The needles of *Pinus massoniana* were collected to extract the genomic DNA of *P. massoniana* using an improved CTAB method. Its concentration and purity satisfied the request of PCR experiments. The gel electrophoresis demonstrated the good effect of DNA purification.

Key words improved CTAB method, Pinus massoniana, needle, genomic DNA

马尾松(*Pinus massoniana* Lamb)是我国南方地区低山丘陵荒山造林的先锋树种,具有生长快,适应性广,造林更新容易,营林成本低,耐干旱、瘠薄等优良特性。其松脂产量高,木材纤维长,是造纸和人造纤维的重要工业用材树种,在我国林业生产中占有十分重要的地位。

马尾松分子水平上的研究目前主要集中在分子标记和 cDNA 文库方面,对基因的研究较少。本研究主要目的是开展马尾松桂酸辅酶 A 还原酶基因(cinnamyol-CoA reductase, 简称 CCR)基因的克隆,基因组 DNA 的提取是最基本的也是首要的一步,其成功与否关系到对今后马尾松 CCR 研究能否顺利进行,因此马尾松基因组 DNA 提取方法对马尾松分子生物学特性的研究起着十分重要的作用。马尾松基因组 DNA 的提取方法已见发表,但提取方法和效果不尽相同[12],本文利用改良的 CTAB 法提取基因组 DNA。

1 实验材料与仪器

1.1 试验材料

试验以马尾松针叶为原材料提取基因组 DNA。2008 年 1 月 16 日于福建省林业科学研究院采集马尾松 幼树枝条上部针叶。样品采集后挑取无病虫害嫩叶,立即置于 - 20℃的冰箱中保存备用。

1.2 仪器及试剂

1.2.1 抽提仪器 陶瓷研钵,50,1.5 mL 离心管,量筒,烧杯,玻璃棒,镊子,1000,200,10,2.5 μ L 的 Eppendorf 移液器,手术剪刀,电热恒温水浴锅 HWS24 型(上海一恒),温度勾配恒温器(日本产),电子天平,Ep-

^{*} 基金/项目:福建省科技厅青年人才项目(2007F3017)。 作者简介:陈碧华(1967-),男,福建龙海人,博士,高级工程师,从事林业生物技术研究。

pendorf centrifuge 5804 R 离心机(德国 Eppendorf 公司), Eppendorf centrifuge 5415 D 离心机,旋涡混合器,哈纳酸度离子计 pH211,高压蒸汽灭菌器 KT-30L(日本)。

- 1.2.2 检测仪器 凝胶成像仪 UVP (White/ultraviolet Transilluminator),紫外分光光度计 U-3210(日本 Hitachi 公司),电泳仪 DYY-6C 型和电泳槽 DYCP-33A 型(北京市六一仪器厂)。
- 1.2.3 试剂 液氮,β-巯基乙醇,氯仿,异戊醇,异丙醇,无水乙醇,95% 乙醇,Tris(三羟甲基氨基甲烷),硼酸,EDTA(乙二胺四乙酸二钠),NaOH,CTAB(十六烷基三乙基溴化铵),NaCl,溴酚蓝,二甲苯青,RNase A,三氯甲烷,电泳级琼脂糖,溴化乙锭,PVP(聚乙烯吡咯烷酮),双蒸水。

2 提取方法

2.1 方法一

采用唐效蓉等报道的改良 CTAB 法[1]。经凝胶电泳检测,未提取到 DNA。

2.2 方法二

- 总 DNA 的提取方法如下^[3]:
- (1) 于 50 mL 离心管中加入 10 mL 2 × CTAB 提取缓冲液,65℃预热。
- (2)快速称取约 2.0 g 低温贮存的嫩叶,剪碎后,立即投入研钵中。研钵预先加入 0.1 g PVP 和液氮,倒液氮 $3 \sim 4$ 次,将样本研磨成细粉末状。
 - (3) 將粉狀样本迅速转入提取缓冲液中, 尽快用玻璃棒混匀, 于 65℃温育 30 min。其间轻摇 2~3 次。
- (4)取出离心管,冷却至室温,加入等体积的氯仿/异戊醇(24: 1 = V/V),轻缓上下颠倒混匀,静置 10 min。
 - (5)室温下,在 Eppendorf 5804 R 离心机上以 10 000 r·min⁻¹离心 10 min。
- (6)转移上清液于另一离心管中,加入 2/3 体积冷冻的异丙醇(-20℃),轻缓颠倒混匀,至絮状物出现, 室温放置 15 min。
 - (7)10 000 r·min⁻¹离心 10 min,弃上清。
 - (8)用2 mL 75%的乙醇洗涤沉淀2次,转入1.5 mL 离心管,室温下微干,溶于500 μ L 灭菌的双蒸水。
 - (9)加入 2.5 μL 浓度 10 mg·mL⁻¹的 RNase 溶液,37℃保温 1 h。
 - (10)用等体积的氯仿/异戊醇抽提2次。
- (11)上清液中加入终浓度为 $0.3 \text{ mol} \cdot \text{L}^{-1}$ 的 NaCl 和 2 倍体积的冷冻无水乙醇(-20°C),放置 1 h, 12 000 r·min⁻¹离心 10 min,除去上清液。
- (12)用75%的乙醇洗涤沉淀 3 次,自然干燥后溶于100 μL 灭菌的双蒸水,放置冰箱中 20℃保存备用。

2.3 总 DNA 的纯化方法

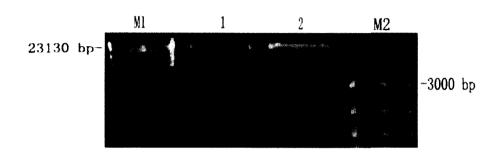
- (1) 加入等体积的氯仿/异戊醇(24: 1),轻缓颠倒混匀,室温静置 10~15 min。
- (2) 10 000 r·min⁻¹,离心 10 min_o
- (3) 重复步骤(1)和(2)。
- (4) 取上清液,加入终浓度 $0.2 \sim 0.4 \text{ mol} \cdot \text{L}^{-1}$ 的 NaCl,2 倍体积的无水乙醇,放置 1 h。
- (5) 12 000 r·min⁻¹, 离心 10 min, 弃上清液。
- (6) 用 70% 乙醇洗涤沉淀 2~3 次。
- (7) 自然干燥后溶于 50~100 μL dd H₂O 中, -20℃保存备用。

3 提取效果分析

3.1 凝胶电泳检测马尾松基因组 DNA 的提取效果

- (1) 将电泳级琼脂糖加入 $1 \times TBE$ 电泳缓冲液中(W/V 为 1.0%),在电磁炉或电炉上煮开熔化,混匀,冷却至 $45 \sim 50\%$,将琼脂糖凝胶倒入已插样品梳并封好边的凝胶灌制平台上。
 - (2)胶凝固后(30 min 左右),从制胶平台上拔出梳子。
- (3)往电泳槽加入适量的1×TBE电泳缓冲液,小心将凝胶放入电泳槽,缓冲液刚好没过凝胶表面为宜。

- (4)于 Parafilm 封口膜上,用移液枪注入2 μL 加样缓冲液于每 Marker 或样本中, Marker 各 1 μL, DNA 样本各 2 μL。充分混匀,然后用移液器将样品和缓冲液一起依次加入到凝胶样品孔中。 Marker 为 Fermantas 公司产品,分别为 Lambda DNA/HindIII Marker 2(23 130 ~ 125 bp)和 GeneRulerTM 100 bp Plus DNA Ladder (3 000 ~ 100 bp)。
 - (5)接通电极,在110 V 电压下电泳。当溴酚蓝与二甲苯青迁移到适当位置时,关闭电源。
 - (6)小心取出凝胶,移入含有溴化乙锭(EB)的溶液中染色,后经清水漂洗。
 - (7)凝胶成像仪拍片,观察分析(见图1)。



M1:Lambda DNA/HindIII Marker 2; 2:马尾松样本 2 的总 DNA; 1:马尾松样本 1 的总 DNA; M2:GeneRulerTM 100 bp Plus DNA Ladder

图 1 基因组 DNA 凝胶电泳图

3.2 DNA 纯度与浓度的测定

将抽提的 DNA 于 U-3210 spectrophotometer(日本 Hitachi 公司制造)上检测。利用紫外分光光度法,测定抽提的 DNA 样品的纯度与浓度。

每次取 DNA 样品 2 μ L,稀释 500 倍,于波长 260 nm 和 280 nm 分别测定 5 次,计算得到平均值。试验虽做了一个植株,但做了 2 个管,管(1)和管(2)。所提取的 DNA 纯度用 OD_{260} 和 OD_{260} 的比值来评判 OD_{260} 0 的比值来评

管(1)DNA 纯度 = OD₂₆₀/OD₂₈₀ = 0.03110/0.01886 = 1.648;

管(2) DNA 纯度 = OD_{260}/OD_{280} = 0.04308/0.02626 = 1.640;

2个比值接近,均小于1.8,没有RNA污染;均大于1.6,表明没有或极少有蛋白质、酚等污染。

DNA 样本浓度($ug \cdot \mu L^{-1}$) = $OD_{260} \times$ 稀释倍数 × 50/1000。

管(1)浓度 = $50 \times 0.0311 \times 500 = 0.777 (\text{ug} \cdot \mu \text{L}^{-1}) = 777 (\text{ng} \cdot \mu \text{L}^{-1});$

管(2)浓度 = $50 \times 0.0431 \times 500 = 1.077 (\text{ug} \cdot \mu \text{L}^{-1}) = 1077 (\text{ng} \cdot \mu \text{L}^{-1})$ 。

4 结果与讨论

- 4.1 马尾松基因组 DNA 抽提时,应尽量采用幼嫩、无病虫害材料,所采集的针叶应该低温运输,并尽快保存于 -20℃。手工研磨时应尽量避免材料解冻,并多次倒入液氮,研磨时保持均匀全面,使植物细胞壁有效破碎。
- 4.2 在 DNA 的提取和使用过程中,应避免激烈震荡(如震荡器)和急速吹吸(如移液枪),以免发生 DNA 断链。
- 4.3 本次基因组 DNA 提取目的是用于扩增 CCR 基因,通常一次 PCR 扩增反应所需的 DNA 模板用量仅为 $50 \sim 100 \text{ ng}$, 当样品 DNA 浓度最低达 $60 \text{ ng} \cdot \mu \text{L}^{-1}$, 纯度在 1.6 以上时可满足 PCR 实验要求。
- 4.4 改良 CTAB 法抽提马尾松针叶 DNA 的浓度和纯度均符合以上要求。本实验中样本的总基因组 DNA 未提纯和提纯后,杂质含量都较少,可直接用于 CCR 基因的 PCR 实验,已成功扩增出 CCR 基因(GenBank 登录号:EU753854)。
- 4.5 方法一没有加入 PVP, 混和物颜色深暗, 而方法二加入 PVP, 混和物颜色浅, 因为木本植物的 DNA 提取

过程中加入 PVP,有利于阻止酚类氧化而抑制酶的活性。方法一离心时转速低,只有 4 000 r·min⁻¹,导致 CTAB 与核酸的复合物同蛋白质、多糖类物质不能很好地分开,上清液浑浊,影响 DNA 提取效果。方法二离心时转速高达 10 000 r·min⁻¹,CTAB 与核酸的复合物同蛋白质、多糖类物质能很好地分开,上清液清澈透明,DNA 提取效果好。

- 4.6 在65℃水浴过程中,要不断将混合液摇匀。而且,时间不宜太长,否则材料易发生褐化,DNA 质量和产量都不理想。
- 4.7 DNA-CTAB 复合物的沉淀为白色纤维状,很容易从溶液中钩出^[1]。本试验用离心方法,将 DNA-CTAB 复合物沉淀用离心的方法分离,离心的时间不宜太长。如果沉淀过分紧密,会导致 DNA 难重新溶解,但加入 双蒸水后,用手指轻弹,仍然可以溶解,只是时间延长。

参考文献

- [1] 唐效蓉,申响保,陈明皋,等. 马尾松针叶 DNA 抽提[J]. 湖南林业科技,2006,33(5):14.
- [2] 李丹,凌定厚. 五种提取马尾松基因组 DNA 方法的比较[J]. 植物学通报,2000,17(2):168-173.
- [3] 王关林,方宏筠,等. 植物基因工程[M]. 2 版. 北京:科学出版社,2002:744.
- [4] 周延清. DNA 分子标记技术在植物研究中的应用[M]. 北京:化学工业出版社,2005:43-44.