第 35卷分析化学(FENX I HUAXUE)研究报告第 5期2007年 5月Chinese Journal of Analytical Chem istry667~671

电泳 质谱技术研究鲨鱼肝铁蛋白及亚基多聚体特性

陈 Ψ^1 黄河清^{*1,3} 林庆梅² 陈 μ^1 黄慧英^{1,3}

(¹ 厦门大学生命科学学院细胞生物学与肿瘤细胞工程教育部重点实验室,

²近海海洋环境科学国家重点实验室,³福建省化学生物学重点实验室,厦门 361005)

摘要改良鲨鱼肝铁蛋白(liver ferritin of *sphyma zygaena*, SZLF)分离技术,并结合非变性梯度聚丙烯酰胺 凝胶电泳(NGPAGE)制备质谱纯SZLF,以维系铁蛋白分子和它的亚基之间的作用类型,供研究铁蛋白结构 与功能。实验结果表明,SZLF由分子量约为20kDa的单类型亚基组成。SZLF和它的亚基均组成不同的聚合体。聚合体类型和聚合数目与铁蛋白亚基和分离介质有关。MALD FTO F质谱仪的激光和基质协同能有 效解吸 SZLF中的亚基成为准分子离子,并供质量分析,其亚基特征质谱峰 *m*/z值分别为10889.35和22030.45,确定为带双电荷 [M+2H]²*和单电荷 [M+H]⁺的 SZLF亚基分子量。SDS-PAGE和变性 IEF技术 研究指出,形成不同聚合态的 SZLF,其分子之间的相互作用强度高于 SZLF亚基自身,难以通过 MALD FTOF 质谱技术测定其亚基的结构信息。尽管 SZLF由单类型亚基组成,但它能通过聚合体和自身亚基之间的相互 作用差异性发挥极其重要的生理功能。

关键词 铁蛋白,多聚体,质谱,亚基

1 引 言

大多数动植物及微生物均含有铁蛋白。铁蛋白的主要生理功能是为细胞合成含铁的酶蛋白提供铁 源,并储存细胞内过剩铁离子,避免产生铁中毒^[1,2]。SDS-PAGE,毛细管电泳、HPLC等分析技术的研究 已表明,多数哺乳动物铁蛋白蛋白壳由 H和 L亚基类型组成,而细菌铁蛋白(bacterial ferritin, BF)却由 单类型亚基和血红素组成^[3~6]。H亚基在铁的矿化和铁核晶体形成过程中起主要作用,而 L亚基可提 供酸性残基以促进或加速铁的成核。由单类型亚基组成的 BF和 SZLF^[2,6],如何实行与调控储存铁与 释放铁的途径和机理至今尚不清楚。饱和硫酸铵沉淀法是目前提取铁蛋白的关键步骤之一^[1,2]。但该 方法,有可能明显地改变铁蛋白亚基表面电荷的分布,消除或减少亚基之间不同聚合态的形成,尤其是 由单亚基类型组成的铁蛋白,从而限制了深入研究不同亚基聚合态与铁蛋白之间生理功能的对应关系。 改变现有的铁蛋白提取与分离方法可有效地维系铁蛋白原有的亚基之间的相互作用强度和聚合态,它 对研究不同聚合态的铁蛋白或由不同聚合态亚基的铁蛋白调控释放与储存铁的途径和机理起着极其重 要的作用。本实验采用改良的铁蛋白提取与分离技术,在制备质谱纯 SZLF同时,维系了 SZLF原有的 亚基之间聚合态,并采用电泳和质谱技术阐明了不同聚合态铁蛋白或不同聚合态亚基的铁蛋白,在参与 释放和储存铁过程中所起的重要作用^[9]。相关的研究,尚未见详细报道。

2 实验部分

2.1 仪器与试剂

0

REFLEX 型基质辅助激光解吸离子化飞行时间质谱仪 (德国 Bruker公司)。超滤离心管截留分子量分别为 10 kDa, 100 kDa,最大上样量 0.5 mL (Millipore公司); DYY- 2型稳压稳流电泳仪 (北京六 一仪器厂)。

丙烯酰胺、甲叉双丙烯酰胺等电泳试剂 (Sangon公司);参考样品马脾铁蛋白 (HSF,美国 Signa公司);两性电解质载体 pH 3.0~9.5、pH 4~6、pH 5~8(北京军事医学科学院);牛血清白蛋白 (BSA,

* E-mail: hqhuang@xmu edu cn

²⁰⁰⁶⁻⁰⁸⁻¹⁵收稿; 2006-11-03接受

本文系国家自然科学基金 (Na 30470372)和厦门大学预研基金 (Na 20004 xdcx 207, xdkicx 2005 1009)资助项目

Sangon公司);三(羟甲基)氨基甲烷(Tris, Sangon公司);三氟乙酸(TFA,日本东京化成工业株式会社);DEAE纤维素-52(Wateman);SDS分子量标准Marker(Sigma公司);2,5-二羟基苯甲酸(DHB)、 2氰基-4羟基肉桂酸(HCCA)、芥子酸(SA)均购于美国 ICN生物医学公司。

2.2 制备粗铁蛋白

参考文献 [7,8],对粗铁蛋白的制备方法作了改进:鲨鱼肝脏去除脂肪组织及膜系物后,以 1 1.2 (*m /m*)的比例加入去离子水,用组织捣碎机高速捣碎鱼肝组织成匀浆(约 15 min),随后迅速把匀浆液置于 75 恒温水浴锅中,热处理 20 min,间歇搅拌,使绝大多数非耐热蛋白质变性和沉淀。随后将破碎液置于 4 冷却至室温,并高速离心(15000 r/min)30 min,收集的上清液于 4 放置过夜,吸去表层油脂后,再经 25000 r/min离心 20 min,收集上清液备用。将上清液分装到 1000 mL的烧杯中(溶液厚度
<1 cn),用 6层纱布妥善密封后,置于 - 20 冷冻成固体后,冷冻干燥 2~3天,至样品完全成干粉状。

2.3 铁蛋白的纯化

将上清干粉加入适量 0.025 mol/L Tris-HC1缓冲液 (pH 7.25)溶解后,透析过夜,以 12000 r/min离 心 15 min,弃沉淀。然后用 Tris-HC1(0.025 mol/L, pH 7.25)缓冲液预平衡过的 DEAC-52(2.0 cm × 25.0 cm)纤维素柱分离,并用上述 Tris-HC1缓冲液洗脱,去除大部分与 DEAC-52亲和力较弱的杂蛋白后,再分别用 0.10,0.15,0.20和 0.25 mol/L NaCl(0.025 mol/L Tris-HC1缓冲液, pH 7.25)洗脱。波长 280 mn 监测,部分收集器收集每个洗脱峰。纯化后的铁蛋白再次透析、脱盐、浓缩,再经 DE-52离子交 换层析柱 (2.0 cm ×20.0cm),并用含 0.25 mol/L NaCl的 Tris-HC1缓冲液 (pH 7.25)洗脱分离纯化。铁蛋白铁核中的铁磷含量参考文献 [1,9]。铁蛋白释放铁的动力学过程参考文献 [10]。

纯化后的蛋白脱盐、离心,冻干浓缩后,用最小量的 DDW (double distilled water)溶解,离心去除沉 淀表层的油脂。以 4 1 (*m*/*m*)加入天然样品于 Tris-HCl缓冲液 (pH 7. 25)后,进行天然梯度聚丙烯酰胺 凝胶电泳 (ND-PAGE) (100 V,4 ,12 h),电泳结束,将铁蛋白条带切成 1 mm ×1 mm,再用适量的 DDW 浸泡,在 4 下存放 48 h以上,去除碎胶块,得到的铁蛋白经 100 kDa超滤管超滤 20 min,备用。

经梯度胶分离纯化后的铁蛋白样品,经 5%天然聚丙烯酰胺电泳 (70 V /120 V,4 ,80 min)进一步 纯化。按常规切胶、浸泡,提取、超滤方法获得电泳纯铁蛋白样品,备用。

2.4 分离与测定铁蛋白亚基分子量

SDS变性聚丙烯酰胺凝胶电泳采用 Tris甘氨酸不连续电泳体系 (浓缩胶 pH 6 8,分离胶 pH 8 9), SDS聚丙烯酰胺电泳中浓缩胶浓度 5%,分离胶浓度 15%,浓缩胶电压 70 V,分离胶 200 V,电泳在 4 下进行。铁蛋白与 SDS样品缓冲溶液以 1 4混合后,100 煮 5 min,离心后用于电泳。考马斯亮蓝染 色和脱色方法:同天然电泳。凝胶成像系统扫描确定亚基分子量及亚基组成比。

2.5 MALD FTOF质谱分析 SZLF

样品和饱和基质溶液按 1 1 (V/V)混合后,取 0 8 µL混合物直接点滴在 MALD FTOF质谱仪专用样品靶上。在室温下自然干燥后,将样品靶直接放入质谱仪的靶箱内,设置激光相对强度为 50%,分子量

80 kDa,进行样品分析。分析采用带 DE(delayed exatraction)的线性模式。铁蛋白的肽指纹图谱分析 参考文献 [11]。利用网上数据库 (SW ISS-PROT and TrEMBL)对肽质量指纹图谱进行检索分析与鉴定。

3 结果与讨论

3.1 多聚态 SZLF制备

目前,铁蛋白提取与分离主要采取饱和硫酸铵沉淀法,中和蛋白壳外表层电荷,使铁蛋白高度聚集 而沉淀,无法维持原有的电荷数目和聚合状态。为了尽可能保持铁蛋白蛋白壳外表层原有的电荷数目 及功能,实验对常见的铁蛋白制备技术进行改良(见22节),删除饱和硫酸铵沉淀步骤。改良鲨鱼肝 铁蛋白(SZLF)粗制品经2次DEAE-52纤维素层析柱分离后,获得3个典型的蛋白样品峰(见图1),并 分别收集样品。采用考马斯亮蓝染色和铁染色后,发现图1中样品A和B含有蛋白质,并呈现铁染阳 性现象;图1中样品C呈现铁染阴性。采用铁蛋白释放铁动力学研究,发现图1中样品A和B均表现 相似于铁蛋白释放铁的过程和规律,推测其样品可能含有 SZLF。参比图 1中样品 A和 B的保留时间. 可获悉两者之间样品色谱峰保留时间相差约 280 min, 这与两者蛋白质之间可交换的离子数目不同有

关,因而推测图 1中样品 A和 B可能由不同聚合态的 SZLF组 成、图 1中样品 B的 SZLF可能由高于二聚体以上的 SZLF组 成,其可交换的阴离子数目明显多于 SZLF(图 1A)。为了证实 这一论点,实验选用 ND-PAGE技术进一步分离 SZLF粗样品 组分。

图 2是采用非变性梯度聚丙烯酰胺凝胶电泳技术 (ND-PAGE)分离图 1中样品 A和 B的混合物。图 2中有 4条不同 迁移率的蛋白质带,表明该样品中至少含有4种不同分子结 构或不同种类的蛋白质组成。进一步采取铁染色和释放铁动 力学研究发现,图 2中样品 A、B和 C均显示出铁蛋白基本特 性,说明样品可能是铁蛋白。参考标准的 DALF(liver feritin of dasyatis akajei)样品迁移率 (图 2-1),同样也说明了 2C可能是 铁蛋白。而 2B和 2C样品可能是由不同聚合态的铁蛋白组 成。电泳纯 DALF样品 (图 2-1)中同样也呈现出不同聚合态 铁蛋白,这一现象进一步证实图 2-2实验结果的可靠性。采用 肽指纹技术分别鉴定图 1和图 2中 A、B和 C所对应的蛋白 质,其鉴定结果均属于铁蛋白。

3.2 SZLF多聚体质谱特性

铁蛋白蛋白壳由 24亚基组成 其亚基分布具有高对称性 特点^[12,13]。MALD FTOF质谱仪的激光在基质辅助下能解离 铁蛋白蛋白壳中的亚基成分子离子,并供质谱仪分析^[2]。根 据上述分析原理和依据.采用电渗法技术分别分离图 2A-C中 不同聚合态的铁蛋白,并采用 MALD I-TOF质谱技术给予逐一 测定,获得图 3结果。由图 3A、B和 C结果中,可看出只有图 3C的 SZLF中的亚基被激光和基质解吸成分子离子,供质谱 检测,并获得带双电荷和单电荷的亚基(M),其分子式为



图 1 柱层析法分离 SZLF的洗脱曲线

Fig 1 Elution profile of crude liver ferritin of sphyma zygaena (SZLF) separated with column chromatography

A. 洗脱剂 (eluant) 0. 15 mol/L NaCl; B. 洗脱剂 (eluant) 0. 20 mol/L NaCl; C. 洗脱剂 (eluant) 0. 25 mol/L NaCl



图 2 粗 SZLF样品的 ND-PAGE图谱 Fig 2 Non-denaturing (ND) -PAGE analysis from the curde sample of SZLF 1. 鱼缸肝铁蛋白 (live feritin of dasyatis akajei) (DALF); 2. 粗鲨鱼肝铁蛋白 (grude SZLF)。

[M+2H]²⁺和 [M+H]⁺;分子量分别为 11836 64和 22030 45 Da, 略高于 SDS-PAGE方法和 MALD F TOF质谱法所获得的实验结果^[2]。此外,图 3A-B 却未显示出 SZLF的亚基特征质谱峰(分子量 80 kDa, 图中只给出有质谱峰的部分,无峰部分略去),这一现象说明了由于不同聚合态 SZLF之间的亚



图 3 不同聚合态 SZLF质谱图

Fig 3 Mass spectrum of SZLF with different polymers

A、B、C分别为图 2A、2B和 2C样品 (are the sample extracted from Fig 2 2A, 2B and 2C, respectively)。

基相互作用强度高于单分子 SZ_F自身亚基作用力,使激光和基质难于解吸多亚基聚合体为分子离子,

669

但能解吸络合在 SZLF蛋白壳外表层的多肽成多肽离子,并供质谱分析 (图 3AB)。由此可见,不同 SZLF分子之间的亚基相互作用力大于单 SZLF蛋白壳亚基之间的作用力。为了证实单 SZLF蛋白质壳 亚基之间是否也存在着不同聚合态亚基,实验采用 SDS-PAGE研究 SZLF亚基之间的相互作用强度,它 对今后开展铁蛋白亚基的解离和重组途径与机理研究起着极其重要的作用。

3.3 SZLF亚基聚合态特性

3.3.1 SD S-PAGE法分离 SZLF亚基 SD S-PAGE研究指出,电泳纯的 SZLF由单类型亚基组成,其亚 基分子量约为 20 kDa(图 3), 略小于哺乳动物铁蛋白的 H亚基 (21 kDa),但大于 L亚基 (19 kDa)的分 子量^[14,15]。为了了解 SZLF亚基是否也含有不同聚合态结构,实验采用电转移技术分别获取图 2C单

分子铁蛋白样品,并采用 SDS-PAGE技术给予分离,获得图 4结果。实验结果表明,SZLF分子显示出 3条亚基蛋白层 析带,其分子量约为 20、40和 60 kDa。采用肽指纹分析技 术分别鉴定图 4A - C样品均为铁蛋白。结果表明, SZLF 蛋白壳中的亚基也存在着不同聚合态特性。从图 1~图 4 的实验结果,证明鲨鱼肝铁蛋白和它的亚基由不同聚合态 组成,但这些铁蛋白一旦受 SDS处理后,其结果不仅均显 示出分子量为 20 kDa的亚基组成,而且还伴随着各种各样 由不同亚基聚合而成非完整铁蛋白分子结构的高聚体。表 明解离后的 SZLF亚基易在适当的条件下,可自发结合成多 聚体。这一现象为今后深入研究铁蛋白解离与快速组装提 供科学依据。

3.3.2 变性 IEF分离 SZLF亚基 双向凝胶电泳技术是 目前开展蛋白质组学最常见的蛋白质组分离技术,即第一向为变性 IEF,第二向为 SDS-PAGE的分离技

术^[18]。实验采用第一向变性 IEF技术分离电泳纯 SZLF,结果 见图 5。从图中可看出,由单类型亚基组成的 SZLF在经变性 IEF分离后,显示出 8条不同等电点的蛋白质层析带,其等电 点分别为 4. 67、4. 73、4. 77、4. 84、5. 02、5. 13、5. 20和 5. 37。这 一现象说明了在变性 IEF分离条件下,部分亚基自发形成 8种 不同聚合态,由此形成不同的等电点的亚基多聚体。不同的 聚合体和聚合数目不仅与 SZLF自身亚基组成与结构有关,而 且还与分离介质或方法有关。例如: SDS-PAGE和变性 IEF分 离有关,图 4与图 5所获得 SZLF亚基聚合体类型与数目明显不 同。铁蛋白蛋白壳的亚基和具有协同作用的铁蛋白聚合体结构 对铁蛋白重组及发挥生理功能可能起着极其重要的作用。

铁蛋白分子结构由蛋白壳,铁核和物质交换隧道组成。



图 4 SZLF亚基聚合体(SDS-PAGE法)

Fig 4 Polymers of SZLF subunits (SDS-PAGE app roach)

a 亚基单体 (monomer of subunit); b. 亚基二聚体 (dimer of subunits); c. 亚基三聚体 (trimer of subunits)。



图 5 SZLF亚基多聚体 (变性 IEF法) Ploymers of SZLF subunits (dena-Fig 5 tured IEF approach) IEF: 1. 4. 67; 2. 4. 74; 3. 4. 77; 4. 4. 84; 5. 5. 02; 6. 5. 13; 7. 5. 20; 8. 5. 37.

铁核位于蛋白壳中心区域。铁蛋白蛋白壳由 24个亚基高度对称性组成。在 pH 2 0~11.0介质中,铁 蛋白难于产生变性现象,它的铁核由数千铁离子和数百磷酸盐组成。铁蛋白蛋白壳分子量约为 440 kDa, 铁核质量约为 220 kDa, 但铁蛋白和脱铁核铁蛋白却显示出相似的电泳迁移率,即位于铁蛋白中 心区域的铁核不影响电泳迁移率^[7]。脱铁核 DALF未发现多聚体现象,这说明铁核组成对铁蛋白之间 形成多聚体起着重要作用^[16]。此外,与自然界绝大多数蛋白质不同之处是铁蛋白在物理电极上能接受 电子,并用于氧化还原反应。由于铁蛋白分子结构的特殊性,在采用 MALD FTOF质谱技术测定铁蛋白 过程中,所获得的质谱峰是属于铁蛋白亚基或全蛋白,仍然有待于采用其它技术给予证实。相关研究需 要进一步拓展多种新颖分析技术,才能更加科学合理地阐明图 3C的实验结果,同时也为今后拓展采用 MALD FTOF分析质谱技术研究各类蛋白质之间亚系稳定性和大蛋白质分子量测定提供科学依据和可

行性分析技术,尤其是针对异常蛋白质,例如铁蛋白和金属硫蛋白等。

References

- 1 Huang H Q, Xiao Z Q, Lin Q M, Chen P. Anal Chen. , 2005, 77(2): 1920~1927
- 2 Huang H Q, Xiao Z Q, Chen X, Lin Q M, Cai Z, Chen P. Biophys Chen. , 2004, 111(1): 213~222
- 3 Omio K, Uehara M, Okano S, Watanabe K B ion etals, 2006, 19: 315 ~ 322
- 4 Suryakala S, Deshpande V. Veterinary Res Comm., 1999, 23: 165~181
- 5 Zhao Z, Malik A, Lee M L. Anal Biochen., 1994, 218: 47~54
- 6 Huang H Q, Lin Q M, Zhang F Z, Chen C H, Chen X, Chen Z Bioelectrochan. Bioergetics, 1999, 38: 87~93
- 7 Kong B, Huang H Q, Lin Q M, Kim W, Cai Z, Cao T M, Miao H, Lou D M. J. Pro. Chen. , 2003, 22: 61 ~ 70
- 8 Geetha C, Deshpande V, Comp. Biochen. Phyiol (Part B), 1999, 123: 285 ~ 294
- 9 Huang H Q, Lin Q M, Kong B, Zeng R Y, Qiao Y H, Chen C H, Zhang F Z, Xu L S J. Pro Chem. , 1999, 18(4): 497 ~ 504
- 10 Chen Ping (陈 平), Huang Heqing (黄河清), Yan Li (颜 利), Huang Hening (黄河宁), Yang Tianci (杨天赐), Zhou Changyi (周常义). A cta B ioch in ical et B iophysica S in ica (生物物理学报), 2004, 20: 285~289
- 11 Zhu J Y, Huang H Q, Bao X D, Lin Q M, Cai Z Aquatic Toxicol, 2006, 78: 127 ~ 135
- 12 Meldrum FC, Heywood ER, Mann S Science, 1992, 257: 522 ~ 523
- 13 Arosio P, Ademan T G, Drysdate J W. J. Bia Chan. , 1978, 253: 4451~4458
- 14 Durand J P, Goudard F, Pieri J, Escoubas J M, Schreiber N, Cadoret J P. Gene, 2004, 338: 187~195
- 15 Watanabe K, Hayashi K, Miyamoto T, Tanaka, M, Okano S, Yamamoto S Biometals, 2000, 13: 57~63

Polymer Characteristics of Shark L iver Ferritin and Its Subunits by Electrophoresis and Mass Spectrometry

Chen Ping¹, Huang He-Qing^{*1,3}, Lin Qing-Me², Chen Xu¹, Huang Hui-Ying^{1,3}

(¹ The Key Laboratory for Cell B iology and Tum or Cell Engineering of the M inistry of Education, School of Life Sciences,

² S tate Key Laboratory of M arine Environ π ental S cience,

³ Chen ical B iology Laboratory of Fujian Province, X iam en University, X iam en 361005)

Abstract An analytical technology from the Liver ferritin of *Sphyma zygaena* (SZLF) has been modified for maintaining original interaction types both ferritin and its subunits for studying on the structure and function A non-denaturing degrade polyacrylamide gel electrophoresis (ND-PAGE) was used to produce SZLF with high purity for analysis of mass spectrometry (MS). It was found that there were different polymers both SZLF and its subunits. The types and numbers of polymers were connected with the protein subunits and the separation medium. The laser come from the MALD FTOFMS and matrix has capacities for making the subunits of ferritin into molecular ions for mass analysis, indicating that m/s of two representive peaks are 10889. 35 and 22030. 45, called $[M + 2H]^{2+}$ with double charge and $[M + H]^+$ with single charge. Both SDS-PAGE and NDPAGE revealed that the interaction intensity of SZLF with different polymer are higher than that of single protein itself, which resulted in the structural information of subunit from the SZLF were difficult to be determined by MALD FTOF MS. Even the protein consists of single subunit type, the polymer interaction both SZLF and its subunits still play an important role in carrying out its physiological functions.

(Received 15 August 2006; accepted 3 November 2006)