## การวิเคราะห์หาลำดับนิวคลีโอไทด์และการโคลนยืนฟีนิลอะลานีนดีไฮโดรจิเนส จากแบคทีเรียทนร้อน Bacillus badius BC1

นางสาวจิตติมา เจริญพานิช

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาชีวเคมี ภาควิชาชีวเคมี คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย ปีการศึกษา 2544 ISBN 974-17-0512-3 ลิขสิทธิ์ของจุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

# NUCLEOTIDE SEQUENCING AND CLONING OF THE PHENYLALANINE DEHYDROGENASE GENE FROM THERMOTOLERANT Bacillus badius BC1

Miss Jittima Chareonpanich

A Thesis Submitted in Partial Fulfillment of the Requirements
for the Degree of Master of Science in Biochemistry

Department of Biochemistry

Faculty of Science

Chulalongkorn University

Academic Year 2001

ISBN 974-17-0512-3

Thesis Title	Nucleotide sequencing and cloning of the phenylalanine
	dehydrogenase gene from thermotolerant Bacillus badius BC1
Ву	Miss Jittima Chareonpanich
Field of Study	Biochemistry
Thesis Advisor	Assistant Professor Kanoktip Packdibamrung, Ph.D.
Thesis Co-advisor	Associate Professor Siriporn Sittipraneed, Ph.D.
Accepted b	y the Faculty of Science, Chulalongkorn University in Partial
Fulfillment of the Rec	quirements for the Master's Degree.
Pinat 1	Deputy Dean for Administrative Affairs,
	Acting Dean, Faculty of Science
( Associate Professor	Pipat Karntiang, Ph.D.)
THESIS COMMITTE	EE / / / Eize
	P. Rycawadi Chairman
	(Associate Professor Piamsook Pongsawasdi, Ph.D.)
	Kandetip Packalibannung. Thesis Advisor
	(Assistant Professor Kanoktip Packdibamrung, Ph.D.)
	Simporn Sittipranul Thesis Co-advisor
	(Associate Professor Siriporn Sittipraneed, Ph.D.)
	Pail Phylu Member
	( Associate Professor Pairoh Pinphanichakarn, Ph.D. )
	Member

(Rath Pichyangkura, Ph.D.)

จิตติมา เจริญพานิช : การวิเคราะห์หาลำดับนิวคลีโอไทค์และการโคลนยืนฟีนิลอะลานีนดีไฮโครจิเนสจาก แบคทีเรียทนร้อน *Bacillus badius* BC1 (NUCLEOTIDE SEQUENCING AND CLONING OF THE PHENYLALANINE DEHYDROGENASE GENE FROM THERMOTOLERANT *Bacillus badius* BC1) อาจารย์ที่ปรึกษา : ผศ.คร.กนกทิพย์ ภักดีบำรุง, อาจารย์ที่ปรึกษาร่วม : รศ.คร.ศิริพร สิทธิประณีต, 166 หน้า, ISBN 974-17-0512-3

ฟีนิลอะลานีนคีไฮโครจิเนส (EC 1.4.1.20) เร่งปฏิกิริยาการคึ่งหมู่อะมิโนจากแอล-ฟีนิลอะลานีนให้ ผลิตภัณฑ์คือแอมโมเนีย ฟีนิลไพรูเวท และ NADH ซึ่งเป็นปฏิกิริยาที่ผันกลับได้และต้องการ NAD⁺ เป็นโคเอนไซม์ จากปฏิกิริยาดังกล่าวจึงได้มีการนำเอนไซม์นี้ม<mark>าใช้ในการสังเคราะห์</mark>แอล-ฟีนิลอะลานีนซึ่งเป็นสารต้นตอในการผลิต สารให้ความหวานแอสพาเทม รวมทั้งนำมาประยกต์ใช้ในการวินิจฉัยโรคนีโอนาทาลไฮเปอร์ฟีนิลอะลานีเมีย และ ฟีนิลคีโตนิวเรียอีกด้วย จากการจำแนกแบคทีเรียทนร้อนสายพันธุ์ BC1 ที่มีแอคติวิตีของฟีนิลอะลานีนดีไฮโครจิเนส สูง โดยใช้สมบัติทางสัณฐานวิทยาและชีวเคมี รวมทั้งลำคับเบสบริเวณอนุรักษ์ของ 16S rRNA พบว่าเป็น Bacillus badius นอกจากนี้ยังพบว่าลำดับกรคอะมิโนบริเวณปลายอะมิโนคือ TSIIKDFTLFEKMSEHEQV VFANDPATGLR และส่วนภายในของสายโปรตีนคือ GMTYKXAASDVDFGGGKAVIIGDPQKDKSPELFRAFG QFVDSLGGRFYTGTDMGTNMEDFIHAMK, ATNK, DDLGGVTYAIQGLGKVGYKVAEGLLEEGAHLFVT, AIAGSANNQLLTEDHGRHLADK, ERVLAK, และ WDIRN จากผลการทดลองนี้ใช้เป็นข้อมูลพื้นฐานในการ ออกแบบไพรเมอร์เพื่อเพิ่มชิ้นยืนส่ว<mark>นในของฟีนิลอะลานีนคีไฮโครจิเนสยีนโคยเทคนิคพีซีอาร์ซึ่งใช้โครโมโซมอล</mark> ดีเอ็นเอที่ผ่านการย่อยด้วยเอนไซม์ตั<mark>ดจำเพาะ</mark>เป็นดีเอ<mark>็นเอต้นแบบ จากนั้นนำผลิ</mark>ตภัณฑ์จากพีซีอาร์ที่ได้ไปวิเคราะห์หา ลำคับนิวคลีโอไทค์และนำมาเป็นข้อมูลในการออกแบบไพรเมอร์ในการเพิ่มชิ้นยืนในส่วนปลาย 5' และ 3' ที่ยังไม่ทราบลำดับนิวคลีโอไทค์โดยเทคนิคพีซีอาร์ที่อาศัยการเชื่อมต่อชิ้นคาสเซท จากการวิเคราะห์หาลำดับ นิวคลีโอไทค์พบว่าชิ้นยืนฟีนิลอะลานีนคีไฮโครจิเนสแปลรหัสพันธุกรรมได้สายพอลิเปปไทค์ที่มี 380 กรคอะมิโน นำฟีนิลอะลานีนดีไฮโครจิเนสยีนที่ได้มาโคลนเข้าสู่ E. coli JM109 เมื่อวิเคราะห์สารละลายเอนไซม์ที่ได้จากโคลน พบว่าเอนไซม์มีค่าแอกติวิตีรวมอยู่ในช่วง 0-360 ยูนิตต่ออาหารเลี้ยงเชื้อ 100 มิลลิลิตร แอกติวิตีสูงที่สุดของโคลนที่ พบสูงกว่าแอคติวิตีจาก Bacillus badius BC1 ประมาณ 60 เท่า เวลาที่เหมาะสมในการเหนี่ยวนำให้เกิดการแสดงออก ของยืนฟีนิลอะลานีนคีไฮโครจิเนสสูงคือ 120 นาทีก่อนเก็บเซลล์ จากการทคสอบความเสถียรของยืนฟีนิลอะลานีน ดีไฮโครจิเนสในเซลล์เจ้าบ้าน E. coli JM109 โคยใช้วิธีเลี้ยงโคลนที่มีเอนไซม์แอกติวิตีสูงต่อเนื่องวันต่อวันเป็นเวลา 15 วัน พบว่ารูปแบบและการแสดงออกของยืนฟืนิลอะลานีนดีใฮโดรจิเนสใน 5 โคลน จาก 6 โคลนยังคงมี ความเสถียรโคยปราศจากกระบวนการกำจัดออกของเซลล์เจ้าบ้านในช่วง 15 รุ่น ขณะที่หนึ่งโคลนถูกกำจัดชิ้นยืน ออกไป และจากการส่งถ่ายรีคอมบิแนนท์พลาสมิคสู่เซลล์เจ้าบ้าน E. coli JM109 อีกครั้งโดยการใช้กระแสไฟฟ้า พบว่ารูปแบบของพลาสมิดยังคงเหมือนเดิม และให้แอคติวิตีของฟีนิลอะลานีนดีไฮโดรจิเนสในปริมาณที่คงที่

ภาควิชาชีวเคมี	ลายมือชื่อนิสิต 🔑 🌬
สาขาวิชาชีวเคมี	ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษา การคใน กาลกุด
ปีการศึกษา2544	ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาร่วม

## 4272233023 : MAJOR BIOCHEMISTRY

KEY WORD: phenylalanine dehydrogenase/ nucleotide sequence/ PCR cloning/ thermotolerant bacteria/ overexpression

JITTIMA CHAROENPANICH: NUCLEOTIDE SEQUENCING AND CLONING OF THE PHENYLALANINE DEHYDROGENASE GENE FROM THERMOTOLERANT *Bacillus badius* BC1. THESIS ADVISOR: ASSISTANT PROFESSOR KANOKTIP PACKDIBAMRUNG, Ph.D., THESIS CO-ADVISOR: ASSOCIATE PROFESSOR SIRIPORN SITTIPRANEED, Ph.D., 166 pp. ISBN 974-17-0512-3

Phenylalanine dehydrogenase (EC 1.4.1.20) catalyzes the NAD<sup>+</sup>- dependent reversible oxidative deamination of L-phenylalanine to form ammonia, phenylpyruvate. and NADH. The enzyme is important as a catalyst for the synthesis of L-phenylalanine used in the artificial sweetener, aspartame, production. Moreover, it is therefore applicable to diagonosis of neonatal hyperphenylalaninaemia and phenylketonuria. Thermotolerant bacterial strain BC1, which had high phenylalanine dehydrogenase activity, was identified by morphological and biochemical properties as well as 16S rRNA gene sequence. The results indicated that this strain was Bacillus badius. Amino acid sequence at the N-terminus was TSIIKDFTLFEKMSEHEQVVFANDP ATGLR and 6 internal sequences of this enzyme were GMTYKXAASDVDFGGGK AVIIGDPQKDKSPELFRAFGQFVDSLGGRFYTGTDMGTNMEDFIHAMK, ATNK, DDLGGVTYAIQGLGKVGYKVAEGLLEEGAHLFVT, AIAGSANNQLLTEDHGR HLADK, ERVLAK, and WDIRN. The amino acid sequence was used to design degenerated primers which were used to amplify an internal part of phenylalanine dehydrogenase gene by PCR technique using restriction enzyme digested chromosomal DNA as templates. These PCR products were sequenced and the data was used for design next primers for amplification of 5' and 3' regions of the gene by using cassette-ligation mediated PCR. The whole nucleotide sequence of the structural gene consisted of 1140 nucleotides. The open reading frame encoding a polypeptide of 380 amino acids. The phenylalanine dehydrogenase gene was successfully cloned and expressed in E. coli JM109 cells. The enzyme total activities were found in crude extract of the clones in the range of 0 to 360 units/100 ml culture. The highest activity was 60 fold higher than that of the enzyme from *Bacillus badius* BC1. The optimum time to induce phenylalanine dehydrogenase gene expression was 120 minutes before cell harvesting. Stability of phenylalanine dehydrogenase gene in E. coli JM109 was studied. After daily subculturing recombinant clones that showed high phenylalanine dehydrogenase activity for 15 days, five from six recombinant clones still gave the plasmid pattern and enzyme activity similar to their original clones, however, the inserted gene from one of them was removed by host cell deletion process. Retransformation of recombinant plasmids into the host cell E. coli JM109 showed that all of them gave the same pattern with their original recombinant plasmids and phenylalanine dehydrogenase activity of all retransformants was still constantly remained.

DepartmentBiochemistry	Student's signature
Field of studyBiochemistry	Advisor's signature. M. Pacholibamum
Academic year2001	Co-advisor's signature Siepera Sillipram

#### **ACKNOWLEDGEMENT**

I would like to express my deepest gratitude to my advisor, Assist. Prof. Dr. Kanoktip Packdibamrung for her generous advice, skillful assistance, technical helps, guidance, encouragement, supporting, fruitful and stimulating discussions through the period of my study.

It is also a great honor and pleasure to acknowledge Assoc. Prof. Dr. Siriporn Sittipraneed for her valuable comments, new ideas and insights concerning.

My appreciation is also expressed to Prof. Haruo Misono and Prof. Shinji Nagata for their supporting and sequencing helps.

Sincere thanks and appreciation are due to Assoc. Prof. Dr. Piamsook Pongsawasdi, Assoc. Prof. Dr. Pairoh Pinphanichakarn and Dr. Rath Pichyangkura, who serve as the members of the master committees, for their helpful suggestions and comments.

The financially support of research scholarship, Chulalongkorn university, is also gratefully acknowledged.

The special thanks are also extended to Miss Arunee Leksakorn for her purified enzyme.

I wish to extend my appreciation to Miss Nantawadee Suwannaboon from Armed Forces Research Institutes of Medical Sciences (AFRIMS) and also Department of Vertinary Pathology, Faculty of Veterinary Science, Chulalongkorn University for their helps about sonication step.

I would like to express my sincere thanks to all teachers for their care and encouragement.

My cordial thanks also go to all friends of the Biochemistry and Biotechnology department especially my best friend, Miss Namthip Trongniphut, for their helps in the laboratory and friendships that make me enjoy and happy throughout my study.

I would like to feel grateful Mr. Paramai Supadulchai for his big help, take care, understanding and encouragement.

Last but not least, the warmest gratitude is extended to the patience, understanding, helping, encouragement, constant support and warmhearted love of my families whilst I have spent many hours with this thesis rather than with them. My thanks are also extended to my patience and sedulous too.

## **CONTENTS**

	1 agc
THAI ABSTRACT	iv
ENGLISH ABSTRACT	v
ACKNOWLEDGEMENT	vi
CONTENTS	vii
LIST OF TABLES	ix
LIST OF FIGURES	X
ABBREVIATIONS	xiii
CHAPTER I INTRODUCTION	
CHAPTER II MATERIALS AND METHODS	18
2.1 Equipments	18
2.2 Chemicals	19
2.3 Enzymes and restriction enzymes	21
2.4 Primers and cassettes	22
2.5 Bacterial strains and plasmids	
2.6 Chromosomal DNA extraction	22
2.7 Identification of thermotolerant bacterial strain BC1	23
2.8 Amino acid sequence analysis	24
2.9 PCR Amplification	26
2.10 Agarose gel electrophoresis	32
2.11 Nucleotide sequencing	34
2.12 Recombinant DNA preparation	34
2.13 Transformation	35
2.14 Plasmid extraction	36
2.15 Crude extract preparation	36
2.16 Enzyme activity assay	37
2.17 Protein measurement	38
2.18 Polyacrylamide gel electrophoresis	
2.10 Induction time determination	

	Page
2.20 Stability of phenylalanine dehydrogenase gene	
in host cell E. coli JM109	40
CHAPTER III RESULTS	
3.1 DNA extraction	
3.2 Identification of thermotolerant bacterial strain BC1	
3.3 Amino acid sequence of phenylalanine dehydrogenase	
3.4 PCR amplification for the internal	
gene fragment of phenylalanine dehydrogenase	50
3.5 PCR amplification for the 5'- terminal and 3'-terminal	
gene fragment of phenylalanine dehydrogenase	60
3.6 Deduced amino acid sequence comparison with	
phenylalanine dehydrogenase from other sources	68
3.7 PCR amplification of the whole gene fragment	68
3.8 Transformation	82
3.9 Phenylalanine dehydrogenase activity of transformant	
3.10 Protein and activity patterns of crude extract from transformant	
3.11 Induction time determination	86
3.12 Stability of phenylalanine dehydrogenase gene	
in host cell E. coli JM109	90
CHAPTER IV DISCUSSION	101
CHAPTER V CONCLUSION	110
REFERENCES	112
APPENDICES	120
BIOGRAPHY	
JM JULIAR TALLANE LUE	

### LIST OF TABLES

Tab	le	Page
1.1	The group of NAD(P) +- dependent amino acid dehydrogenase	2
1.2	Comparison of properties of microbial phenylalanine dehydrogenases	7
1.3	Synthesis of (S)-amino acids from 2-keto acids by using	
	phenylalanine dehydrogenase and formate dehydrogenase	13
2.1	Nucleotide sequence of all primers used in 16S rRNA gene amplification	25
2.2	Nucleotide sequence and $T_m$ of all primers used in	
	phenylalanine dehydrogenase amplification	29
2.3	Compatible recognition sites of the oligonucleotide-cassettes DNA	31
2.4	PCR condition in each step	33
3.1	Characteristics of the thermotolerant bacterial strain BC1 by TISTR	43
3.2	Phenylalanine dehydrogenase activity from	
	crude extracts of transformants	87
3.3	Phenylalanine dehydrogenase activity from	
	crude extracts of retransformants clones	99

## LIST OF FIGURES

Figu	re	Page
1.1	The general reaction of L-amino acid dehydrogenases	4
1.2	The reaction of L-phenylalanine dehydrogenase	4
1.3	Strategy of cassette-ligation mediated polymerase chain reaction	10
1.4	Enzymatic synthesis of L-phenylalanine with coenzyme regeneration	12
1.5	Synthesis of (S)-amino acid from their 2-keto analogues by	
	phenylalanine dehydrogenase (PheDH) with a regeneration of NADH	
	by formate dehydrogenase (FDH)	13
1.6	Enzymatic synthesis of D-amino acids by a multienzyme system	
	consisting of the coupling reaction of four enzymes	14
1.7	Structures of allysine ethylene acetal and VANLEV	14
1.8	Scheme for conversion of the corresponding	
	keto acid acetal to acetal amino acid	15
1.9	The detection system of L-phenylalanine	15
2.1	Position of primers used for 16S rRNA gene amplification and sequencing	25
2.2	Flow chart for degenerated primer design	27
2.3	Strategy for PCR amplification and sequencing of	
	phenylalanine dehydrogenase gene of thermotolerant bacterial strain BC1	28
2.4	The sequences of oligonucleotide cassettes used in this research	31
3.1	PCR products of the 16S rRNA whole gene amplification	
	using primer A and H'	47
3.2	Comparison between 16S rRNA gene sequence of Bacillus badius	
	and partial 16S rRNA gene sequence of thermotolerant	
	bacterial strain BC1	48
3.3	Phylogenetic relationship of thermotolerant bacterial strain BC1 and	
	some related organisms based on 16S rRNA gene sequence	49
3.4	The reverse-phase HPLC profiles of lysyl endopeptidase	
	digested peptides	51
3.5	The CLUSTAL X alignment of amino acid sequence of	
	phenylalanine dehydrogenase from various sources	52

Figu	re ,	Page
3.6	Restriction enzyme digested chromosomal DNA of	
	Bacillus badius BC1	54
3.7	PCR products of primer N1 and C1 using various DNA templates	55
3.8	PCR products of primer N1 and C2 using various DNA templates	56
3.9	PCR products of primer N2 and C1 using various DNA templates	57
3.10	Recovered PCR products of the internal gene fragment	
	of phenylalanine dehydrogenase	58
3.11	Nucleotide sequence of the internal gene fragment of	
	phenylalanine dehydrogenase	59
3.12	The first 5'-terminal amplified products using primer	
	Phe-N1 and Cassette primer C1	61
3.13	The first 3'-terminal amplified products using primer	
	Phe-C1 and Cassette primer C1	62
3.14	The second 5'-terminal amplified products using primer	
	Phe-N2 and Cassette primer C2	63
3.15	The second 3'-terminal amplified products using primer	
	Phe-C2 and Cassette primer C2	64
3.16	Nucleotide sequence of the 5'-terminal gene fragment of	
	phenylalanine dehydrogenase using antisense primer	
	Phe-N1 and Phe-N2	65
3.17	Nucleotide sequence of the 3'-terminal gene fragment of	
	phenylalanine dehydrogenase using sense primer	
	Phe-C1 and Phe-C2	66
3.18	Nucleotide sequence of the 3'-terminal gene fragment of	
	phenylalanine dehydrogenase using sense primer Phe-C3	67
3.19	The nucleotide sequence and the deduced amino acid of	
	phenylalanine dehydrogenase gene from Bacillus badius BC1	69
3.20	Linear alignment of the nucleotide sequence of	
	phenylalanine dehydrogenases gene from various sources	70

		Page
3.21	Linear alignment of the nucleotide sequence of	
	phenylalanine dehydrogenases gene from	
	Bacillus badius BC1 and published Bacillus badius	75
3.22	Linear alignment of the deduced amino acid sequence of	
	phenylalanine dehydrogenase gene from Bacillus badius BC1	
	and published Bacillus badius	78
3.23	Linear alignment of the deduced amino acid sequence of	
	phenylalanine dehydrogenases	79
3.24	PCR product of the whole phenylalanine dehydrogenase gene	
	amplification using primer Phe-Eco and Phe-Bam	83
3.25	Extracted plasmid of transformants	84
3.26	EcoRI-BamHI digested plasmid of transformants	85
3.27	Protein pattern of crude extracts of phenylalanine dehydrogenase	
	producing transformants detected by native-PAGE	88
3.28	Phenylalanine dehydrogenase activity staining of crude extracts of	
	phenylalanine dehydrogenase producing transformants	89
3.29	Induction time course studies of the transformant No. 15	91
3.30	Extracted plasmid of the 15 <sup>th</sup> subcultured transformants	92
3.31	EcoRI – BamHI digested plasmid of the 15 <sup>th</sup> subcultured transformants	93
3.32	Comparison of phenylalanine dehydrogenase activity of	
	subcultured clones	94
3.33	Protein pattern of crude extracts of 15 <sup>th</sup> subcultured	
	transformants detected by native-PAGE	95
3.34	Phenylalanine dehydrogenase activity staining of crude extracts of	
	the 15 <sup>th</sup> subcultured transformant	96
3.35	Extracted plasmid of retransformants	97
3.36	EcoRI - BamHI digested plasmid of retransformants	98
3.37	Protein pattern of crude extracts of retransformants	
	detected by native-PAGE	100

#### **ABBREVIATIONS**

A absorbance, 2'-deoxyadenosine (in a DNA sequence)

bp base pairs

BLAST Basic Local Alignment Search Tool

BSA bovine serum albumin

C 2'-deoxycytidine (in a DNA sequence)

<sup>O</sup>C degree Celsius

cm centrimetre

Da Dalton

DNA deoxyribonucleic acid

dNTP 2'-deoxynucleoside 5'-triphosphate

DTT dithiothreitol

EC Enzyme Commission

EDTA ethylene diamine tetraacetic acid

G 2'-deoxyguanosine (in a DNA sequence)

HPLC high-performance liquid chromatography

IPTG isopropyl-thiogalactoside

kb kilobase pairs in duplex nucleic acid,

kilobases in single-standed nucleic acid

kDa kiloDalton

 $K_m$  Michaelis constant

l liter

LB Luria-Bertani

μg microgram

μl microlitre

μM micromolar

M mole per liter (molar)

mg milligram

min minute

ml millilitre

mM millimolar

M<sub>r</sub> relative molecular mass

MW molecular weight

N normal

NAD<sup>+</sup> nicotinamide adenine dinucleotide (oxidized)

NADH nicotinamide adenine dinucleotide (reduced)

NADP<sup>+</sup> nicotinamide adenine dinucleotide phosphate (oxidized)

NADPH nicotinamide adenine dinucleotide phosphate (reduced)

ng nanogram

nm nanometer nt nucleotide

OD optical density

ORF open reading frame

PAGE polyacrylamide gel electrophoresis

PCR polymerase chain reaction

PheDH phenylalanine dehydrogenase

pmol picomole

PMSF phenyl methyl sulfonyl fluoride

RBS ribosome-binding site

rpm revolution per minute

RNase ribonuclease

rRNA ribosomal ribonucleic acid

SDS sodium dodecyl sulfate

T 2'-deoxythymidine (in a DNA sequence)

TB tris-borate buffer

TE tris-EDTA buffer

 $T_m$  melting temperature, melting point

UV ultraviolet

V voltage

v/v volume by volume w/w weight by weight

X-gal 5-bromo-4-chloro-3-indolyl- $\beta$ -D-galactopyranoside