文章编号:1674-7054(2020)02-0238-07

信号芋螺基因组 DNA 提取方法的优化

陈婉姨,李新佳,罗素兰,长孙东亭

(海南大学 热带生物资源教育部重点实验室/生命科学与药学院/海口市海洋药物重点实验室,海口 570228)

摘 要: 高质量的基因组 DNA 的获取是芋螺毒素基因克隆及基因组文库构建的关键。笔者采用 4 种方法提取信号芋螺(*Conus litteratus*)的不同组织器官的 DNA,并综合比较了各组 DNA 的浓度和纯度、DNA 片段的大小和完整性。结果表明,由改良的 DNA 快速提取试剂盒法提取的 DNA 纯度和浓度较好;4 种组织器官中,腹足纯度较高,是更合适的提取组织;肝胰脏和毒管获取的 DNA 产率最高,但片段完整性差,污染严重; PCR 反应获得了跟预期大小一致的特异扩增产物。因此,信号芋螺基因组 DNA 的提取最佳方法为改良的 DNA 快速提取试剂盒法,提取部位为腹足组织,可以获得高质量的基因组 DNA,且符合后续实验要求。 关键词:信号芋螺;基因组 DNA;提取方法;优化 中图分类号:Q 178.53;Q 523 文献标志码:A DOI: 10.15886/j.cnki.rdswxb.2020.00.015

芋螺 (Conus) 是分布于热带海洋中的肉食性软体动物, 全世界约有 800 种¹¹。不同种类的芋螺都能 通过分泌各自特有的肽类毒素(芋螺毒素、芋螺肽)捕食鱼类、虫类或其他软体动物。根据芋螺的食性, 分为食鱼芋螺,食虫芋螺和食螺芋螺3大类22。芋螺的毒液是由长而卷曲的毒管上皮细胞分泌产生的。 当芋螺捕食猎物时,毒腺的肌肉蠕动,推动毒液进入鱼叉状的舌状牙齿中,将毒液快速注射入猎物体 内^[3-6]。研究发现,每种芋螺毒液中含有约3000种不同的芋螺毒素肽。在萼托芋螺(Conus episcopatus) 的1个个体毒液中,竟发现了3305个前体毒素基因序列^[7]。由此预估全球芋螺可产生超过150万种的 天然毒素肽,它们具有调节各种离子通道和受体等的特殊功能¹⁸,已成为神经科学研究工具药和治疗新药 研发的重要来源的。然而迄今为止,发现的芋螺毒素还不足其总量的1%,因而大量的新型芋螺毒素尚有 待进一步开发。目前,获取芋螺毒素序列的方法主要有4种,包括粗毒液纯化100、芋螺毒素基因克隆111、 毒管转录组测序[7,12]、毒液蛋白质组学和多组学联用测序分析[13-14]。多组学是一种通过生物信息学将转 录组学与蛋白质组学整合的综合策略[15].在芋螺毒素研究领域很受欢迎。芋螺毒素的研究需要持续不断 地捕捞活体芋螺,但由于气候变暖,芋螺赖以生存的海洋环境也越来越恶化,再加上芋螺壳工艺品国际贸 易的兴起,造成了芋螺资源的严重破坏,70%以上的芋螺遭遇生存危机。所以人们更应重视芋螺资源的 保护和可持续利用,例如可建立不同芋螺种类的基因组 DNA 文库、毒管 cDNA 文库以及毒素肽库,长期 保存并加以利用。粗毒纯化需要大量的芋螺,且只能发现一些表达量较高的毒素,为克服粗毒纯化的局 限性,20世纪90年代,基因克隆为新型芋螺毒素的发现提供了极大的帮助^[11]。由于芋螺毒素是由特定的 前体基因表达的,所以可以用特定的引物通过 PCR 技术进行扩增[16-20]。因而,简单快速地获取高质量的 芋螺基因组 DNA 是关键。有关海南产信号芋螺基因组 DNA 的提取方法优化的研究目前尚未见报道, 为此,笔者拟从信号芋螺(Conus litteratus)的不同组织器官中,选取4种试剂盒,分别提取其基因组 DNA,然后比较各种提法的效果,并对其中的优选试剂盒的提取条件进行优化,旨在建立简便快速提取信

- 基金项目:国家自然科学基金项目(41966003,81872794);高等学校学科创新引智计划项目(D20010)
- 第一作者: 陈婉姨 (1993-), 女, 海南大学生命科学与药学院 2017 级硕士研究生. E-mail: chenwanyi2018@163.com
- 通信作者: 长孙东亭 (1964-), 男, 研究员. 研究方向: 海洋药物与生物技术. E-mail: zhangsundt@163.com

收稿日期: 2020-02-26 修回日期: 2020-03-05

号芋螺基因组 DNA 的方法。

1 材料与方法

1.1 材料与试剂 信号芋螺(*Conus litteratus*)活体采自中国南海海域 (N15°46′~17°08′, E111°11′~ 112°54′), 于-80 ℃ 超低温冰箱保存(图 1A), 将冷 冻的信号芋螺置于冰上 30 min, 待微解冻后破壳, 解剖, 分别取出毒腺、毒管、腹足以及肝胰脏(图 1B) 4 种组织待用。

磁珠法动物基因组 DNA 抽提试剂盒(B518721) 和改良的 DNA 快速提取试剂盒(B518221)均购于



图 1 信号芋螺及其不同组织 A:信号芋螺;B:(1)毒腺,(2)毒管,(3)腹足,(4)肝胰脏。 Fig. 1 *Conus litteratus* and the tissues of their different organs

A: *Conus litteratus*; B: (1) venom gland, (2)venom duct, (3) muscular foot, and (4) hepatopancreas.

上海生工公司; FastPure Tissue DNA 提取试剂盒(DC102)购于诺唯赞公司;海洋动物组织 DNA 提取试剂 盒(DP324)购于天根公司。2×*Taq* PCR Master Mix(天根生化科技有限公司); 4S Red Plus 核酸染色剂(生 工生物工程有限公司); 琼脂糖、6×Loading Buffer, 10×Loading Buffer(北京索莱宝科技有限公司); DL15000 DNAMarker, DL5000 DNAMarker(南京诺唯赞公司)。

1.2 实验仪器 所用仪器(品牌)主要有:琼脂糖水平电泳仪 (Bio-Rad),高速冷冻离心机 (HITACHI), PCR 扩增仪 (Eppendorf Mastercycler X50), 低温循环水浴锅 (Polyscience), 凝胶成像系统 (Protein-Simple), NanoDrop 2000 超微量分光光度计 (Thermo) 等。

1.3 磁珠法动物基因组 DNA 抽提试剂盒法 称取毒腺 20 mg、毒管 10 mg、腹足 20 mg 及肝胰脏 10 mg, 冰上剪碎, 分别置于研钵中用液氮研磨成粉末, 加入 1.5 mL 的离心管中, 然后向离心管中加入 200 µL Buffer MACL 和 20 µL Proteinase K(PK), 上下颠倒混匀, 稍离心, 65 ℃ 水浴 30 ~ 40 min。期间, 多次颠倒混匀, 待溶液基本澄清, 取出离心管, 12 000 r·min⁻¹离心 5 ~ 10 min, 小心吸取上 清液 500 µL 至新的 1.5 mL 的离心管中; 加入 20 µL RNase (10 g·L⁻¹) 溶液, 混匀, 室温放置 5 min。加入 500 µL Buffer MA 和 15 µL MagicMag Beads(MMB), MMB 加到液面以下, 且尽量将枪头上残留的 MMB 吸干净, 混匀, 室温静置 1 min。将离心管置于磁力架上 30 s, 待 MMB 完全吸壁后, 吸弃上清, 取下 离心管; 加 700 µL 70% 乙醇, 颠倒混匀, 置于磁力架上 30 s, 吸弃上清, 重复 1 次。室温开盖干燥或者 55 ℃ 恒温箱开盖干燥至管内无液体; 向离心管中加入 50 µL TE Buffer(pH8.0), 65 ℃ 水浴 5 ~ 10 min, 混 匀; 取出离心管置于磁力架上 30 s, 小心吸取上清至新的离心管, 即得基因组 DNA。

1.4 改良的 DNA 快速提取试剂盒法 组织处理如 1.3, 加入 400 µL buffer Digestion 和 20 µL PK, 振荡 混匀; 65 ℃ 水浴 1 h 至溶液变澄清透明,否则可适当延长裂解时间;水浴后加入 20 µL RNase(10 g·L⁻¹)溶 液, 颠倒混匀, 室温放置 5 min; 加入 200 µLBuffer PA, 充分颠倒混匀, 置于 20 ℃ 冰箱 5 min 后室温 10 000 r·min⁻¹ 离心 5 min, 吸取 500 µL 上清液到新的离心管中(若上清液浑浊,可加等体积的氯仿混匀, 12 000 r·min⁻¹ 离心取上清); 加入等体积的异丙醇, 充分颠倒混匀, 于-20 ℃ 放置 20 min, 10 000 r·min⁻¹ 离 心 5 min, 弃上清; 用 1 mL 75% 乙醇漂洗 2 min, 10 000 r·min⁻¹ 离心 2 min, 取上清, 重复 1 次, 漂洗时一定 要使沉淀悬浮起来; 开盖室温倒置至残留乙醇完全挥发, 肉眼可见 DNA 沉淀变成半透明状, 离心管内无 乙醇味道即可; 干燥完成后用 50 µL TE Buffer(pH8.0)溶解即得 DNA。

1.5 FastPure Tissue DNA 提取试剂盒法 组织处理如 1.3, 加入 230 μL Buffer GA 和 20 μL PK, 涡旋 混匀, 55 ℃ 水浴至组织完全酶解; 加入 20 μL RNase (10 g·L⁻¹) 溶液, 颠倒混匀, 室温放置 5 min; 若消化液 比较浑浊或存在明显的颗粒, 则 10 000 r·min⁻¹ 离心 3 min, 转移上清液至新的离心管中; 加入 250 μl Buffer GB, 充分涡旋混匀, 70 ℃ 水浴 10 min; 加入 250 μL 无水乙醇, 涡旋混匀; 将 gDNA Columns 吸附柱 置于收集管中; 将上步所得的混合液转移到吸附柱中, 10 000 r·min⁻¹ 离心 1 min; 弃滤液, 用 500 μL

Washing Buffer A 洗涤 1 次, 10 000 r·min⁻¹ 离心 1 min, 650 µL Washing Buffer B 洗涤 2 次, 弃滤液, 空管 离心 2 min; 将吸附柱置于新的 1.5 mL 离心管中, 加 50 µL 预热至 70 ℃ 的 Elution Buffer 至吸附柱的膜 中央, 室温放置 3 min, 10 000 r·min⁻¹ 离心 1 min; 弃掉吸附柱, 离心管中即为 DNA。

1.6 海洋动物组织 DNA 提取试剂盒法 组织处理如 1.3, 加入 200 μL GA 涡旋振荡 15 s; 加入 20 μL RNase (10 g·L⁻¹) 混匀, 放置 5 min。加入 20 μL PK, 涡旋混匀, 简短离心以去除管盖内壁的水珠; 56 ℃ 水浴 30 min, 待溶液变澄清透明后加入 200 μL 缓冲液 GB, 充分颠倒混匀, 会产生一些白色沉淀, 70 ℃ 放置 10 min, 溶液变清亮; 加入 200 μL 无水乙醇, 充分颠倒混匀, 此时可能出现絮状沉淀; 将吸附柱 CB3 放入收集管中, 将上步所得溶液和沉淀都加入吸附柱中, 12 000 r·min⁻¹离心 30 s, 弃废液, 将吸附柱放回 收集管中; 加入 500 μL 缓冲液 GD, 12 000 r·min⁻¹离心 30 s, 弃废液; 再用 600 μL 漂洗液 PW 漂洗 2 次, 12 000 r·min⁻¹离心 30 s, 弃废液, 将吸附柱放入收集管中, 空管离心 2 min; 将吸附柱置于室温数分钟, 彻底晾干吸附柱中残留的漂洗液; 将吸附柱放入新的 1.5 mL 的离心管中, 向吸附柱中央悬空滴加 50 μL 洗脱缓冲液 TE, 室温放置 5 min, 12 000 r·min⁻¹离心 2 min, 离心管中所得即为 DNA。

1.7 基因组 DNA 质量和浓度测定 取 DNA 溶液 1 μL, 通过 NanoDrop 2000 紫外分光光度计检测 DNA 的浓度和吸光度, 并根据组织用量, 计算 DNA 的产率。再取 9 μL DNA 溶液, 加 1 μL 的 10×Loading Buffer 用于凝胶电泳检测, TAE 缓冲液, 制 1% 的胶, 电压 90 V, 电泳时间 30 min, 用于观察样品的相对分子质量大小。

1.8 基因组 DNA 完整性检测 以芋螺核基因 DNA 上 α-芋螺毒素基因设计引物, F: 5'-GTGGTTCT GGGTCCAGCA-3', R: 5'-GTCGTGGTTCAGAGGGTC-3'; 正向引物根据内含子的保守序列设计, 反向引物则是根据 3'-UTR 设计(图 2), 4 种方法所提的 DNA 为模板, 判断所提 DNA 是否为核基因组 DNA, 该 PCR 反应体系为: 25 μL: 2×Taq PCR Master Mix 12.5 μL, 引物各 0.5 μL, DNA 模板 1 μL, 补加 ddH₂O 至 25 μL。反应条件: 预变性, 95 ℃, 5 min; 循环内: 变性, 95 ℃, 30 s; 退火, 56 ℃, 30 s; 延伸, 72 ℃, 1 min, 共 30 个循环; 再延伸 72 ℃, 10 min。将所得 PCR 产物进行 1% 琼脂糖凝胶电泳检测, 电压 90 V, 电泳时间 30 min。



图 2 α-芋螺毒素基因克隆引物设计示意图

最左边黑线:5'端非翻译区;黑色方框:信号肽区;白色方框:前肽区;阴影框:成熟肽区;中间的黑色线:内含子;最右边 黑线:3 右端非翻译区。



Leftmost black line: 5' untranslated region (5' UTR); black box: Signal peptide region; white box: Propeptide region; shaded box: Mature peptide region; middle black line: Intron region; rightmost black line: 3' untranslated region (3' UTR).

2 结果与分析

2.1 4 种方法提取基因组 DNA 纯度的比较 从表 1 可知, 磁珠法 DNA 抽提试剂盒所提取的毒腺、毒管、 腹足以及肝胰脏的 A₂₆₀/A₂₈₀ 分别为 1.69, 2.01, 1.73, 1.61, 其中, 毒管和肝胰脏组织提取的纯度较低; 改良 的 DNA 快速提取试剂盒法的 A₂₆₀/A₂₈₀ 分别为 1.89, 1.91, 1.84, 1.69, 提取效果比磁珠法好, 但肝胰脏有降 解和蛋白污染等的问题; FastPure Tissue DNA 提取试剂盒法的 A₂₆₀/A₂₈₀ 分别为 1.67, 1.94, 1.84, 1.87, 毒 腺的 A₂₆₀/A₂₈₀ 值偏低; 海洋动物组织 DNA 提取试剂盒法的 A₂₆₀/A₂₈₀ 分别为 1.80, 1.82, 1.74, 1.63, 肝胰脏 有明显的蛋白污染。比较 4 种方法的 A₂₆₀/A₂₈₀ 可以看出, 改良的 DNA 快速提取试剂盒提取的 DNA 纯

| 提取方法 | 样品名 | 质量/mg | | 浓度/(mg·L ⁻¹) | 产率/(mg·kg ⁻¹) |
|-------------------|--------|---------|-----------|--------------------------|---------------------------|
| Method | Sample | Quality | A260/A280 | Concentration | Yield |
| 磁珠法试剂盒 | 毒腺 | 19 | 1.69 | 16.3±1.7 | 42.9±4.5 |
| | 毒管 | 19 | 2.01 | 247.7±28.5 | 651.8±75 |
| | 腹足 | 24 | 1.73 | 58.1±1.5 | 121.0±3.1 |
| | 肝胰脏 | 11 | 1.61 | 350.2±9.3 | 1 590.9±42.3 |
| 改良DNA快速提取试剂盒 | 毒腺 | 25 | 1.89 | 68.9±10.2 | 137.8±20.4 |
| | 毒管 | 12 | 1.91 | 109.9±21.1 | 457.9±87.9 |
| | 腹足 | 20 | 1.84 | 80.3±9.8 | 200.8±24.5 |
| FastPure DNA提取试剂盒 | 肝胰脏 | 11 | 1.69 | 388.3±19.4 | 1 765±88.1 |
| | 毒腺 | 23 | 1.67 | 39.5±13.9 | 85.9±30.2 |
| | 毒管 | 21 | 1.94 | 179.2±30.8 | 426.7±73.3 |
| | 腹足 | 22 | 1.84 | 37.3±10.2 | 84.7±23.2 |
| 海洋动物组织DNA提取试剂盒 | 肝胰脏 | 12 | 1.87 | 357.7±20.7 | 1 490.4±86.3 |
| | 毒腺 | 20 | 1.80 | 27.3±5.3 | 68.3±13.3 |
| | 毒管 | 20 | 1.82 | 195.4±12.5 | 488.5±31.25 |
| | 腹足 | 25 | 1.74 | 71.2±9.4 | 142.4±18.8 |
| | 肝胰脏 | 10 | 1.63 | 162.1±28.9 | 810.5±144.5 |

表1 4种方法提取信号芋螺不同组织基因组 DNA 的纯度及其产率

Tab. 1 The purity and yield of genome DNA of Conus litteratus extracted from the tissues of different organs

注:质量和吸光度为均为3次测量的均值。

Note: Weight and A_{260}/A_{280} are a mean of three measured values.

度和海洋动物组织 DNA 提取试剂盒方法整体略优于其他 2 种方法, 而且不同芋螺组织中, 毒腺和腹足提取 DNA 的纯度更高。

2.2 4 种方法提取基因组 DNA 产率的比较 从表 1 可知, 改良的 DNA 快速提取试剂盒法整体优于其他 试剂盒法,其中, 毒管和肝胰脏组织的产率明显高于毒腺和腹足, 腹足则略高于毒腺, 结合 A₂₆₀/A₂₈₀ 数值, 4 种方法提取腹足的基因组 DNA 纯度最高, A₂₆₀/A₂₈₀ 数值均接近 1.80, 因此, 改良的 DNA 快速提取试剂 盒法提取腹足组织能够获得较高纯度且较高产率的 DNA(图 3)。





Fig. 3 Yield of genomic DNA extracted from different organs with four different kits(*=P<0.01)

2.3 琼脂糖凝胶电泳检测基因组 DNA 的大小与完整性 将 4 种方法提取的不同组织的基因组 DNA 进行水平电泳检测(图 4),从电泳条带看,条带均比较清晰。其中,改良的 DNA 快速提取试剂盒法电泳图中,毒腺,腹足提取的 DNA 条带明亮且清晰,大小均超过 15 kb, DNA 完整性较好且不存在明显污染情况;而毒管和肝胰脏 DNA 则完整性较差,条带弥散,且肝胰脏泳道最下方有明亮的条带,应是 RNA 污染,此结果在提取肝胰脏中较为常见,毒管泳道最下方也有模糊条带,可见毒管也有 RNA 污染的问题,毒腺和腹足组织 DNA 无明显的污染条带,此结果和 NanoDrop 2000 检测结果相符。这可能是由于毒腺和腹足缩度较大,组织无法研磨充分,阻碍了蛋白质溶解,故而裂解过程比较困难,影响了 DNA 的产率。肝胰脏最易研磨,故而产率最高,但是由于其组织过于柔软,且富含 DNA 酶,在冷冻、解剖、以及提取过程中可能造成其 DNA 降解,故而电泳条带多呈现弥散状。



图 4 4 种方法提取信号芋螺不同组织基因组 DNA 的琼脂糖凝胶的电泳图

F1: 磁珠法动物基因组 DNA 抽提试剂盒法; F2: 改良的 DNA 快速提取试剂盒法; F3: FastPure Tissue DNA 提取试剂盒法; F4: 海洋动物组织 DNA 提取试剂盒法; M:DL15000 DNA Marker; 1: 毒腺; 2: 毒管; 3: 腹足; 4: 肝胰脏。

Fig. 4 Agarose gel electrophoresis of genomic DNA of *Conus litteratus* different tissues extracted with four different kits F1: Magnetic Bead Method Kit; F2: Improved DNA Rapid Extraction Kit; F3: FastPure DNA Isolation Kit; F4: TIANamp DNA Isolation Kit; M: DL15000 DNA Marker: 1: Venom gland; 2: Venom duct; 3: Muscular foot; 4: Hepatopancreas.

通过 4 种试剂盒的电泳图(图 4)可以发现, 毒管和肝胰脏的 DNA 的降解严重, 纯度低, 对比毒腺与 腹足的 DNA 产率, 腹足略优于毒腺, 况且毒腺组织材料相对少, 不适用于大量提取 DNA, 所以腹足是更 为合适的提取组织, 且从图中(图 3)可发现, 提取腹足 DNA 时, 改良的 DNA 快速试剂盒提取的 DNA 产 率最高, 因此, 改良的 DNA 快速提取盒法提取腹足的 DNA 产率高、完整性好、纯度高。提取信号芋螺的 腹足基因组 DNA 用该方法更合适。

2.4 基因组 DNA 的完整性检测 以芋螺核基因特有的 A 超家族的 α-芋螺毒素基因为引物,4 种不同的 方法提取的 DNA 为模板进行 PCR,电泳发现 1~16 泳道均有明亮的条带,大小在 100~250 bp 之间(图 5), 与芋螺毒素的前体基因相符,测序后确定目的条带为 α-芋螺毒素基因,大小为 167~170 bp。因此,所提 取的 DNA 可用于后续实验。



图 5 α-芋螺毒素前体基因 PCR 扩增产物的电泳图

M: DL5000 DNAMarker; 1~4: 磁珠法动物基因组 DNA 抽提试剂盒法 DNA; 5~8: 改良的 DNA 快速提取试剂盒 DNA; 9~12: FastPure Tissue DNA 提取试剂盒法 DNA; 13~16: 海洋动物组织 DNA 提取试剂盒法 DNA; 4 种不同方法中 从左到右依次为毒腺, 毒管, 腹足, 肝胰脏。

Fig. 5 Electrophoresis of PCR amplified products of a-conotoxin precursor genes

M: DL5000 DNA Marker; 1–4: DNA extracted by the magnetic bead method kits; 5–8: DNA extracted by the Improved DNA Rapid Extraction Kit; 9–12: DNA extracted by the FastPure DNA Isolation Kit; 13–16: DNA extracted by the TIANamp DNA Isolation Kit; From left to right are venom gland, venom duct, muscular foot, and hepatopancreas.

3 讨 论

DNA 提取试剂盒种类繁多,应用方法多样,其中,包括吸附材料结合法(材料包括磁珠、硅质材料和 阴离子交换树脂等)、浓盐法、阴离子去污剂法以及苯酚抽提法等。试剂盒提取 DNA 的操作过程大多比 较简单,一般用时约1h,组织用量为1~100 mg,其主要步骤包括匀浆,裂解细胞释放 DNA,去除蛋白和 其它杂质,纯化和 DNA 洗脱^[21]。不同组织处理方式和提取的效果也不同,其中,芋螺的毒腺,腹足因富含 胶原蛋白需要用液氮研磨,肝胰脏则因为富含 DNA 酶也需要用液氮充分研磨至粉末,并且尽量减少暴露 在空气中的时间以减少降解。组织的裂解情况会直接影响到 DNA 的提取质量,这4种试剂盒在加入裂 解液后,水浴 30~60 min,此时研磨的粉末都应完全裂解,溶液清澈透明,但在实验过程中,磁珠法试剂盒 和 DNA 快速提取试剂盒在水解 1 h 后仍然有颗粒状悬浮物。笔者在多次尝试后发现,减少组织用量(毒 腺、腹足和肌肉的用量低于 20 mg, 肝胰脏用量低于 10 mg 时), 裂解情况明显改善; 另外, 在 DNA 快速提 取试剂盒的裂解液中加入 20 μL 蛋白酶 K, 其裂解情况明显改善, 最后所提的 DNA 产率和纯度都有明显 的增加;延长裂解时间也有利于组织的裂解,但时间过长(>3 h),会导致 DNA 产率及纯度的下降。裂解 之后的操作原理主要是利用在特定的环境里,核酸能与相应的介质结合,洗涤后将杂质去除,通过更改溶 液环境,确保 DNA 在 TE Buffer 中溶解^[21]。如磁珠法顾名思义是用磁珠吸附 DNA, 然后用 70% 乙醇洗 涤,此法不涉及有毒性试剂,也不用离心,较适用于自动化操作中;FastPure Tissue DNA 提取试剂盒法和 海洋动物组织 DNA 提取试剂盒法均是用滤膜离心柱法, 使 DNA 吸附于硅胶柱上, 离心去除杂质, 此法 主要是离心操作,比较简便;DNA 快速提取法是利用 DNA 在异丙醇中溶解度低的原理,用异丙醇沉淀 DNA, 操作简单。溶解 DNA 时用加热至 70 ℃TE Buffer, 能更好地获取 DNA。

迄今为止,已有很多提取芋螺 DNA 优化方法,如丁青等^[22]比较了 CTAB 法、磁珠法和离心柱法提取 菖蒲芋螺(*Conus vexillum*)3种不同组织器官的 DNA 的的效果,结果发现,CTAB 法在提取大片段 DNA 时更有效,更适于构建大片段 DNA 文库,但此法操作比较复杂,且需要使用氯仿等有毒试剂;罗素 兰等^[23] 采用苯酚-蛋白酶 k 法、缠绕法、快速分离法和改良苯酚-SDS 法从 6 种不同芋螺中提取总 DNA, 建立了较优化的芋螺 DNA 提取方法,但这些方法提取腹足组织时很难得到 DNA,且不能有效去除蛋白 质,因而不适合用来提取腹足 DNA。笔者对 DNA 快速试剂盒进行改良(减少组织用量,裂解时加入蛋白 酶 K,沉淀 DNA 时在-20 ℃ 冰箱中放置 20 min),发现用腹足的部位提取的 DNA 纯度高,产率大,并且 因为腹足组织多且易获得,因此,可以用来提取芋螺 DNA。

参考文献:

- JIN A H, MUTTENTHALER M, DUTERTRE S, et al. Conotoxins: Chemistry and Biology [J]. Chemical Reviews, 2019, 119(21): 11510 – 11549.
- [2] PRASHANTH J R, DUTERTRE S, JIN A H, et al. The role of defensive ecological interactions in the evolution of conotoxins [J]. Molecular Ecology, 2016, 25(2): 598 – 615.
- [3] ENDEAN R, DUCHEMIN C. The venom apparatus of *Conus magus* [J]. Toxicon: Official Journal of the International Society on Toxinology, 1967, 4(4): 275 284.
- [4] DUTERTRE S, JIN A H, VETTER I, et al. Evolution of separate predation- and defence-evoked venoms in carnivorous cone snails [J]. Nature Communications, 2014, 5(1): 1 – 9.
- [5] MARSHALL J, KELLEY W P, RUBAKHIN S S, et al. Anatomical correlates of venom production in *Conus californicus* [J]. The Biological Bulletin, 2002, 203(1): 27 – 41.
- [6] SALISBURY S M, MARTIN G G, KIER W M, et al. Venom kinematics during prey capture in *Conus*: the biomechanics of a rapid injection system [J]. The Journal of Experimental Biology, 2010, 213(5): 673 682.
- [7] LAVERGNE V, HARLIWONG I, JONES A, et al. Optimized deep-targeted proteotranscriptomic profiling reveals unexplored *Conus* toxin diversity and novel cysteine frameworks [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2015, 112(29): 3782 3791.
- [8] JONES R M, BULAJ G. Conotoxins new vistas for peptide therapeutics [J]. Curr. Pharm. Des., 2000, 6(12): 1249 1285.
- [9] OLIVERA B M. E.E Just Lecture, 1996. Conus venom peptides, receptor and ion channel targets, and drug design: 50 million years of neuropharmacology [J]. Molecular Biology of the Cell, 1997, 8(11): 2101 – 2109.
- [10] CRUZ L J, GRAY W R, OLIVERA B M. Purification and properties of a myotoxin from *Conus geographus* venom [J]. Archives of Biochemistry and Biophysics, 1978, 190(2): 539 – 548.
- [11] SHON K J, GRILLEY M M, MARSH M, et al. Purification, characterization, synthesis, and cloning of the lockjaw peptide from *Conus purpurascens* venom [J]. Biochemistry, 1995, 34(15): 4913 – 4918.
- [12] PENG C, YAO G, GAO B M, et al. High-throughput identification of novel conotoxins from the Chinese tubular cone snail (*Conus betulinus*) by multi-transcriptome sequencing [J]. GigaScience, 2016, 5(1): 1 – 14.
- [13] HIMAYA S W A, LEWIS R J. Venomics-Accelerated Cone Snail Venom Peptide Discovery [J]. International Journal of Molecular Sciences, 2018, 19(3): 788.
- [14] UTKIN Y N. Modern trends in animal venom research-omics and nanomaterials [J]. World Journal of Biological Chemistry, 2017, 8(1): 4 – 12.
- [15] UTKIN Y N. Animal venom studies: Current benefits and future developments [J]. World Journal of Biological Chemistry, 2015, 6(2): 28 – 33.
- [16] SANTOS A D, MCINTOSH J M, HILLYARD D R, et al. The A-superfamily of conotoxins: structural and functional divergence [J]. The Journal of Biological Chemistry, 2004, 279(17): 17596 – 17606.
- [17] LU A, YANG L, XU S, et al. Various conotoxin diversifications revealed by a venomic study of *Conus flavidus* [J]. Molecular & Cellular Proteomics, 2014, 13(1): 105 – 118.
- [18] MCINTOSH J M, PLAZAS P V, WATKINS M, et al. A novel alpha-conotoxin, PeIA, cloned from *Conus pergrandis*, discriminates between rat alpha 9 alpha 10 and alpha 7 nicotinic cholinergic receptors [J]. 2005, 280(34): 30107 – 30112.
- [19] YUAN D D, HAN Y H, WANG C G, et al. From the identification of gene organization of alpha conotoxins to the cloning of novel toxins [J]. Toxicon: official journal of the International Society on Toxinology, 2007, 49(8): 1135 – 1149.
- [20] WANG Q, JIANG H, HAN Y H, et al. Two different groups of signal sequence in M-superfamily conotoxins [J]. Toxicon: official journal of the International Society on Toxinology, 2008, 51(5): 813 – 822.
- [21] 李雁达, 张永吉. DNA 提取试剂盒的综述[J]. 全科口腔医学电子杂志, 2019(28): 14.
- [22] 丁青, 刘月鹏, 朱晓鹏, 等. 菖蒲芋螺不同大小基因组 DNA 片段的分离制备[J]. 热带生物学报, 2017, 8(3): 267-276.
- [23] 罗素兰, 张本, 长孙东亭. 芋螺基因组 DNA 提取方法的优化[J]. 中国海洋药物, 2004(1): 21-25.

(下转第250页)