

本文引用:朱娟,陈丽华,余鹏飞,谭芮辰,王妍乐,伍勇.表皮葡萄球菌临床菌株icaA、icaR基因与生物被膜形成关系的研究[J].湖南中医药大学学报,2018,38(6):619-623.

表皮葡萄球菌临床菌株icaA、icaR基因与生物被膜形成关系的研究

朱娟,陈丽华,余鹏飞,谭芮辰,王妍乐,伍勇*

(中南大学湘雅三医院,湖南长沙410013)

[摘要] 目的 研究表皮葡萄球菌icaA和icaR基因与生物被膜形成的相关性。方法 收集湘雅三医院机械通气患者分离表皮葡萄球菌26株,按生物被膜成膜能力分成生物被膜阳性菌组和生物被膜阴性菌组各13株。采用RT-PCR分别对2组细菌icaA和icaR基因灰度比进行检测;采用real-time PCR分别检测2组细菌icaA和icaR基因的表达,并通过 $2^{-\Delta\Delta C_t}$ 方法进行相对定量。结果 RT-PCR结果显示icaA基因在生物被膜阳性组中的灰度比为0.96~1.38,在生物被膜阴性组中为0.89~1.56,表达差异无统计学意义($T=10.65$, $P=0.057$);同理,icaR基因在生物被膜阳性组中的灰度比为0.79~1.24,在生物被膜阴性组中则为0.80~1.36,表达差异亦无统计学意义($T=14.62$, $P=0.479$)。但icaA基因在生物被膜阳性组中的平均秩(16.35)明显高于生物被膜阴性菌组(10.65),而icaR基因生物被膜阳性组的平均秩(12.38)明显小于生物被膜阴性菌组(14.62)。real-time PCR检测发现表皮葡萄球菌生物被膜阳性组icaA基因的表达量($\Delta CT=4.86$)是生物被膜阴性组($\Delta CT=13.57$)的418.8倍($t=61.890$, $P<0.01$),而icaR基因的表达量($\Delta CT=19.03$)仅为生物被膜阴性组($\Delta CT=11.85$)的1/145($t=21.330$, $P<0.01$)。结论 icaA基因与表皮葡萄球菌生物被膜的形成呈正相关,而icaR基因与表皮葡萄球菌生物被膜的形成呈负相关。

[关键词] 表皮葡萄球菌;icaA;icaR;生物被膜

[中图分类号] R393;R378.1

[文献标志码] A

[文章编号] doi:10.3969/j.issn.1674-070X.2018.06.003

Research on the Correlations Between icaA and icaR Genes with Biofilm Formation of *Staphylococcus epidermidis*

ZHU Juan, CHEN Lihua, SHE Pengfei, TAN Ruichen, WANG Yanle, WU Yong*

(Department of Laboratory Medicine, the Third Xiangya Hospital of Central South University, Changsha, Hunan 410013, China)

[Abstract] Objective To study the correlations between icaA and icaR genes with biofilm formation of *Staphylococcus epidermidis* (*S. epidermidis*). Methods 26 strains of *S. epidermidis* isolated from tracheal catheter of patients with mechanical ventilation in ICU of the Third Xiangya Hospital were collected and divided into biofilm positive group (13 strains) and biofilm negative group (13 strains) according to biofilm formation ability. The gray scale ratios of icaA and icaR genes in two groups were determined by reverse transcription PCR. The expressions of icaA and icaR genes in two groups were detected by real time PCR, the relative quantification was measured by using $2^{-\Delta\Delta C_t}$ method. Results The RT-PCR showed that the gray scale ratios of icaA in positive group and negative group of biofilm-forming were 0.96~1.38 and 0.89~1.56, respectively, the difference

[收稿日期] 2017-12-20

[基金项目] 湖南省自然科学基金(2015JJ2188,2015JJ3165)。

[作者简介] 朱娟,女,硕士,主要从事微生物学研究。

[通讯作者]* 伍勇,男,教授,E-mail:wuyong_xy@126.com。

was not statistically significant ($T=10.65, P=0.057$). The gray scale ratios of icaR genes in positive group and negative group of biofilm-forming were 0.79~1.24 and 0.80~1.36, respectively, the expression between the two groups were not statistically significant ($T=14.62, P=0.479$). The mean rank and sum of ranks of icaA gene in biofilm positive bacteria group (16.35) were significantly higher than those in biofilm negative group (10.65), but the mean rank and sum of ranks of icaR gene in biofilm positive bacteria group (12.38) were significantly lower than those in biofilm negative bacteria group (14.62). Real-time PCR showed that the expression of icaA gene in *S. epidermidis* in biofilm positive group ($\Delta CT=4.86$) was 418.8 times of that in biofilm negative bacteria group ($\Delta CT=13.57$) ($t=61.890, P<0.01$), while the expression of icaR gene in biofilm positive group ($\Delta CT=19.03$) was only 1/145 of that in negative group ($\Delta CT=11.85$) ($t=21.330, P<0.01$). **Conclusion** icaA gene is positively related to the formation of biofilm in *S. epidermidis*, while icaR gene is negatively related to the formation of biofilm in *S. epidermidis*.

[Keywords] *Staphylococcus epidermidis*; icaA; icaR; biofilm

表皮葡萄球菌(*staphylococcus epidermidis*)是人体皮肤和黏膜正常菌群之一。近年来,随着各种体内置入设施,如气管插管、中心静脉置管和人工心脏瓣膜等的广泛使用,表皮葡萄球菌已成为医院内感染重要病原菌^[1]。且随着抗生素的不合理使用,表皮葡萄球菌的耐药率有所增加^[2]。此外,表皮葡萄球菌容易形成生物被膜,进而增强菌株耐药性并能使其逃避宿主免疫系统的监控,造成慢性、持续性和反复性感染特点^[3]。研究发现表皮葡萄球菌生物被膜胞外基质的主要成分是胞间多糖粘附素(polysaccharide intercellular adhesion, PIA)^[4]。PIA 是 ica 操纵子编码产物,ica 操纵子全长 3.4 kb,包括 icaR(调节基因)及串联存在的 icaA、icaD、icaB 和 icaC 基因^[5]。icaR 基因位于 ica 操纵子的上游,编码合成的 icaR 可与 icaA 基因的起始密码子相结合调控 ica 操纵子的表达^[6]。本文通过分析表皮葡萄球菌临床菌株 icaA、icaR 基因与生物被膜形成的关系,进一步了解表皮葡萄球菌生物被膜形成的遗传学基础。

1 材料与方法

1.1 菌株来源

收集湘雅三医院 ICU 病房机械通气患者气管内导管和痰液标本中分离出的表皮葡萄球菌单个菌落,于血琼脂平板上纯培养后筛选出的生物被膜阳性和生物被膜阴性表皮葡萄球菌各 13 株。菌株经 Vitek 2 Compact 全自动微生物鉴定仪鉴定。生物被膜鉴定参照 Freeman 等的方法[7]进行,将收集的吸痰标本和装有气管导管的生理盐水旋涡振荡后,分别接种于刚果红平板(LB 琼脂培养基中加入刚果红,浓度为 0.8 g/L),37 °C 培养 48 h 后观察结

果,菌落变为黑色为生物被膜阳性菌株,菌落红色为生物被膜阴性菌株,表皮葡萄球菌标准菌株 ATCC RP62A 和 ATCC12228 分别为成膜能力阳性和阴性质控菌株。

1.2 主要试剂及仪器

UNIQ-10 柱式 Trizol 总 RNA 抽提试剂盒(上海生工公司);cDNA 逆转录试剂盒(Fermentas 公司);2×Tap PCR Master Mix、Marker I DNA Ladder、Trans Start Green qPCR SuperMix UDG 和 Passive Reference DyeI/PCR Enhancer (北京全式金生物公司);9700 GeneAmp PCR System (美国 PE 公司);Gene Genius 全自动凝胶成像系统(美国 Syngene 公司);引物由上海生工公司合成。

1.3 细菌总 RNA 的提取

取 0.5 麦氏单位新鲜菌悬液 2 μL 至 3 mL LB 液体培养基中,37 °C 振荡培养 16 h。总 RNA 的提取参照 UNIQ-10 柱式 Trizol 总 RNA 抽提试剂盒的说明书进行。即在上述菌液中加入 1 μL 70% 乙醇和 100 μL 溶菌酶,37 °C 45 min, 再加入 1 mL Trizol 充分吹打混匀, 置冰上 15 min。加入氯仿萃取, 收集上层水相至干净的 EP 管中, 加入 1/2 倍体积无水乙醇沉淀, 再经 RPE 溶液离心洗涤后, 在吸附柱中央加入 30 μL DEPC 水收集 RNA, 并置-70 °C 保存^[8]。

1.4 cDNA 的合成及 RT-PCR

根据 Fermentas 公司试剂盒说明书进行 cDNA 合成。cDNA 合成反应体系为 20 μL: Anchored Oligo (dT)18(0.5 μg/μL) 1 μL, 2×ES Reaction Mix 10 μL, Easy Script RT/RI Enzyme Mix 1 μL, RNase-free Water 7 μL, RNA 模板 1 μL。反应条件为:42 °C 30 min,

85 °C 5 min, 4 °C 30 min。RT-PCR 反应体系为(共 20 μL):16S rRNA 上、下游引物(20 μmol/L)各 0.4 μL, 模版 1.6 μL, Taq Mixture 8 μL, ddH₂O 9.6 μL。反应条件为:94 °C 3 min; 94 °C 40 s, 55 °C 40 s, 72 °C 40 s, 30 个循环; 72 °C 10 min^[9]。逆转录 icaA、icaR 和 16S rDNA 的特异性引物序列通过软件 Primer Premier 6.0 设计, 如表 1。

其中, 16S-rRNA 为内参基因。扩增产物经 20 g/L 琼脂糖凝胶电泳并成像, 并用灰度比来进行对比分析, 即: 各目的基因灰度与 16S-rRNA 灰度的比值, 由 image J 软件进行计算, 实验重复 3 次。

表 1 RT-PCR 扩增基因所用引物

基因名	引物	序列(5'→3')	产物大小(bp)
icaA	正向	TCAATGAGGGAAATCAAACAAG	149
	反向	ACGAATACTGGATTACCTGT	
icaR	正向	CTCTTTATCCAAAGCGATGT	119
	反向	CTAGTGCTCCAGAACGACTG	
16S rRNA	正向	GGAGGAAGGTGGGGATGACG	241
	反向	ATGGTGTGACGGCGGTGTC	

1.5 icaA 和 icaR 基因表达量检测

real-time PCR 反应体系为 25 μL:2×Trans Start Green qPCR SuperMix UDG 12.5 μL, Passive Reference Dye/PCR Enhancer 0.5 μL, 上、下游引物各 0.5 μL, cDNA 模板 2.0 μL, MgCl₂ 0.5 μL, ddH₂O 8.5 μL。反应条件为:50 °C 2 min; 95 °C 10 min; 95 °C 5 s, 55 °C 15 s, 72 °C 10 s, 45 个循环。最后, 设置溶解曲线程序:95 °C 1 min, 55 °C 30 s, 95 °C 30 s, 实验重复 3 次^[10]。采用 $2^{-\Delta\Delta Ct}$ 方法进行 icaA 和 icaR 基因相对表达量的计算。其中, $\Delta\Delta Ct = \text{实验组(目的基因 Ct - 内参基因 Ct)} - \text{对照组(目的基因 Ct - 内参基因 Ct)}$ ^[11]。

1.6 统计学分析

偏态分布资料采用秩和检验, 统计量为平均秩 T。正态分布资料组间采用 SPSS 19.0 软件进行独立样本的 t 检验。以 P<0.05 为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 RT-PCR 检测 icaA 和 icaR 基因的表达差异

icaA 基因在生物被膜阳性组中的灰度比为 1.17±0.28, 在生物被膜阴性组中则为 1.23±0.19, 表

达差异无统计学意义 ($T=10.65, P=0.057$) ; 同理, icaR 基因在生物被膜阳性组中的灰度比为 (1.02±0.16), 在生物被膜阴性组中则为 (1.08±0.20), 表达差异亦无统计学意义 ($T=14.62, P=0.479$)。但 icaA 基因生物被膜阳性菌组平均秩 (16.35) 及秩和 (212.5) 明显高于阴性菌组平均秩 (10.65) 及秩和 (138.5); 而 icaR 基因生物被膜阳性菌组平均秩 (12.38) 及秩和 (161.0) 明显低于阴性菌组平均秩 (14.62) 及秩和 (190.0), 见图 1。

2.2 real-time PCR 结果

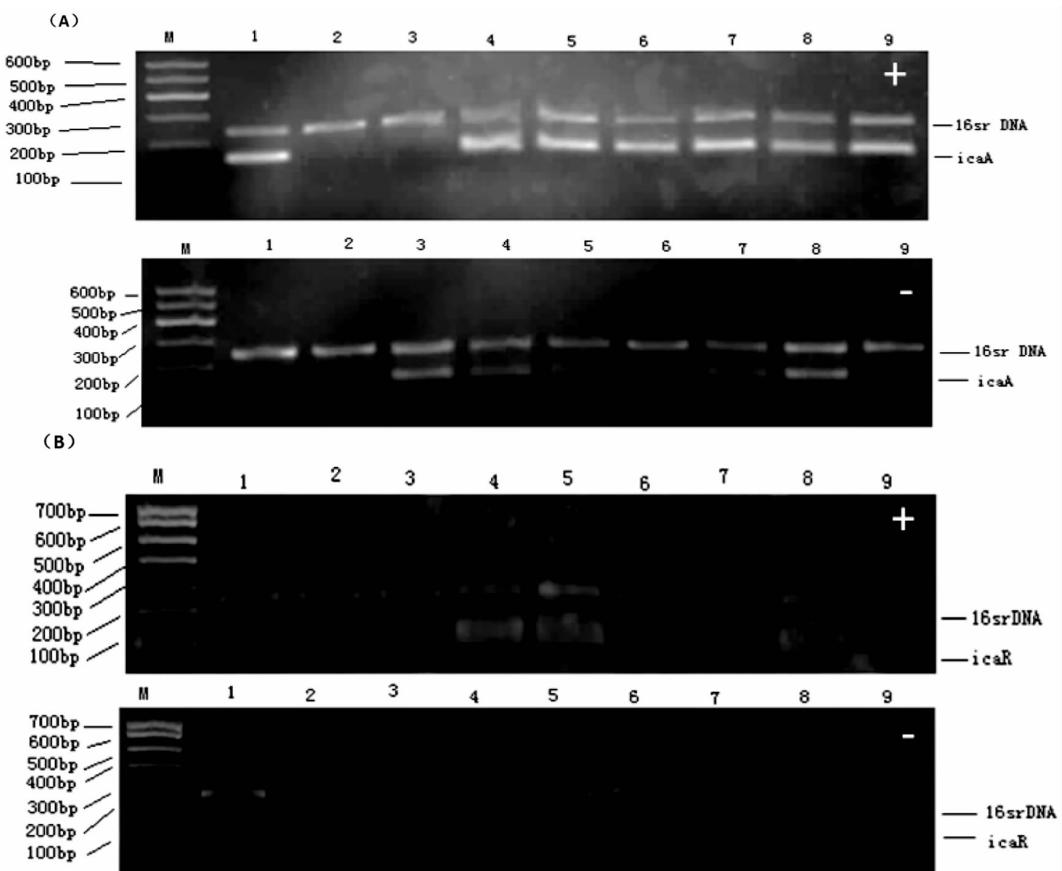
icaA 和 icaR 与 16S rDNA 基因的熔解曲线的熔点峰窄且尖, 表明 PCR 产物较纯, 没有非特异性产物和引物二聚体, 各目的基因引物特异性好, 见图 2。生物被膜阳性表皮葡萄球菌 icaA 基因转录水平 ($\Delta Ct=4.86$) 显著超过了生物被膜阴性组 ($\Delta Ct=13.57$), 是阴性菌组的 (418.8±21.34) 倍 ($t=61.890, P<0.01$), 而 icaR 基因在表皮葡萄球菌生物被膜阴性菌组 ($\Delta Ct=11.85$) 中的转录水平是阳性菌组 ($\Delta Ct=19.03$) 的 (145.0±10.21) 倍 ($t=21.330, P<0.01$)。

3 讨论

结果显示, icaA 基因在生物被膜阳性菌组中转录水平显著高于阴性菌组, 是阴性菌组的 418.8 倍; 而 icaR 在生物被膜阳性菌组中表达量却远远低于阴性菌组, 仅为阴性菌组的 1/145。表明表皮葡萄球菌 icaA 基因与其生物被膜的形成呈正相关, 而 icaR 基因与表皮葡萄球菌生物被膜的形成呈负相关。

于树云等^[12]发现, 某些表皮葡萄球菌临床株具有形成生物被膜的能力, 而且与 icaA 基因的存在及正常表达有关。而王勇翔等^[13]对 19 例表皮葡萄球菌临床分离株通过半定量粘附实验、扫描电子显微镜法和光学显微镜等方法检测发现, 表皮葡萄球菌 ica 操纵子的转录水平与生物被膜形成密切相关。与本文研究结论一致。

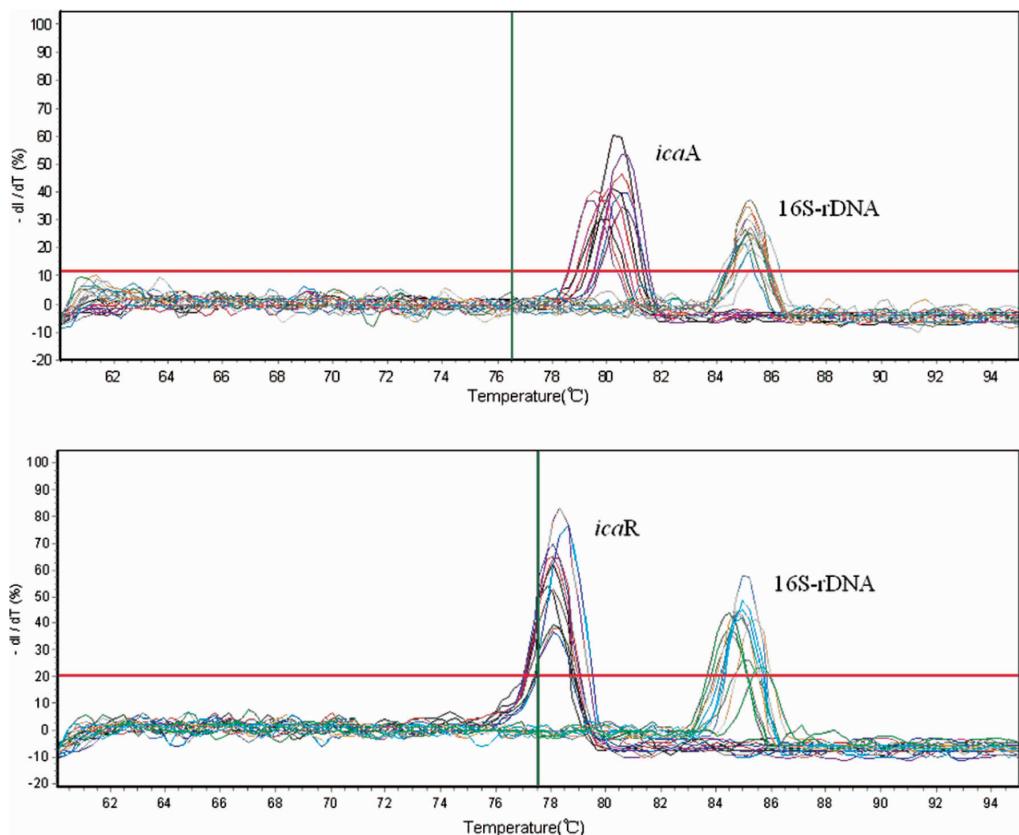
RT-PCR 受干扰的因素颇多, 对于相对定量还存在一定的不足, RNA 的降解等原因对结果的影响较大^[14], 但 real-time PCR 可以为测定基因转录水平研究提供准确可靠的信息^[15]。本研究通过 RT-PCR 检测结果显示 icaA 和 icaR 两种基因的灰度比值差异不显著, 但随后本研究采用了 real-time PCR 进



注:M.Marker I DNA Ladder;+生物膜成膜能力阳性菌株;-生物膜成膜能力阴性菌株。

A:为生物被膜阳性组(上)和阴性组(下)icaA 基因电泳图;B:为生物被膜阳性组(上)和阴性组(下)icaR 基因电泳图

图 1 RT-PCR 方法检测 icaA、icaR 基因电泳图



注:横坐标为温度,纵坐标为荧光强度随温度的改变量,一种颜色的曲线代表一株临床菌株。

上图为 icaA 基因与 16S-rDNA 的溶解曲线;下图为 icaR 基因与 16S-rDNA 的溶解曲线

图 2 icaA、icaR 与 16S-rDNA 的溶解曲线

一步核实,real-time PCR 结果表明,生物被膜阳性表皮葡萄球菌的 icaR 表达水平低,而 icaA 表达水平高;生物被膜阴性表皮葡萄球菌的 icaR 表达水平相对较高,而 icaA 表达水平低。本文菌株数量偏少,需增大菌株量对 icaA 和 icaR 基因调节表皮葡萄球菌生物被膜的形成进一步研究,以便为治疗表皮葡萄球菌生物膜药物的研究提供有力的理论基础。

参考文献:

- [1] 汪复,朱德妹,胡付品,等.2007年中国 CHINET 细菌耐药性检测[J].中国感染与化疗杂志,2008,8(5):325-333.
- [2] 吴红艳,秦春华,余志清.医院抗菌药物临床应用分析[J].湖南中医药大学学报,2013,33(10):84-85.
- [3] ROHDE H, FRANKENBERGER S, ZÄHRINGER U, et al. Structure, function and contribution of polysaccharide intercellular adhesin (PIA) to *Staphylococcus epidermidis* biofilm formation and pathogenesis of biomaterial-associated infections[J]. Eur J Cell Biol, 2010,89(1):103-111.
- [4] BÜTTNER H, MACK D, ROHDE H. Structural basis of *Staphylococcus epidermidis* biofilm formation: mechanisms and molecular interactions[J]. Front Cell Infect Microbiol, 2015, 17(1):5-14.
- [5] FIGUEIREDO A M S, FERREIRA F A, BELTRAME C O, et al. The role of biofilms in persistent infections and factors involved in ica-independent biofilm development and gene regulation in *Staphylococcus aureus*[J]. 2017, 43(5):602-620.
- [6] O'GARA J P. ica and beyond: biofilm mechanisms and regulation in *Staphylococcus epidermidis* and *Staphylococcus aureus*[J]. FEMS Microbiol Lett, 2007,270(2):179-188.
- [7] FREEMAN K, WOODS E, WELSBY S, et al. Biofilm evidence and the microbial diversity of horse wounds[J]. Can J Microbiol, 2009, 55(2):197-202.
- [8] FRANCA A, MELO L D, CERCA N. Comparison of RNA extraction methods from biofilm samples of *Staphylococcus epidermidis*[J]. BMC Res Notes, 2011,4:572.
- [9] CHOE H, INABA Y, KOBAYASHI N, et al. Evaluation of the time period for which real-time polymerase chain reaction detects dead bacteria[J]. Pol J Microbiol, 2014, 63(4):393-398.
- [10] CASTELANI L, PILON LE, MARTINS T, et al. Investigation of biofilm production and icaA and icaD genes in *Staphylococcus aureus* isolated from heifers and cows with mastitis[J]. 2015, 86(3):340-344.
- [11] LIVAK K J, SCHMITTGEN T D. Analysis of relative gene expression data using real-time quantitative PCR and the $2^{-\Delta\Delta CT}$ method[J]. Methods, 2001, 25(4):402-408.
- [12] 于树云,宋诗铎.表皮葡萄球菌临床株生物被膜形成及其 icaA 基因的分析[J].中华微生物学和免疫学杂志,2009,29(4):302-306.
- [13] 王勇翔,李华林,李平洋,等.表皮葡萄球菌生物膜形成与 ica 操纵子的相关性研究[J].中华微生物学和免疫学杂志,2003,23(6):428-431.
- [14] XU M Y, LIU S Q, DENG C L, et al. Detection of Zika virus by SYBR green one-step real-time RT-PCR[J]. J Virol Methods, 2016, 236:93-97.
- [15] CHOE H, INABA Y, KOBAYASHI N, et al. Evaluation of the time period for which real-time polymerase chain reaction detects dead bacteria[J]. Pol J Microbiol, 2014,63(4):393-398.

(本文编辑 杨瑛)