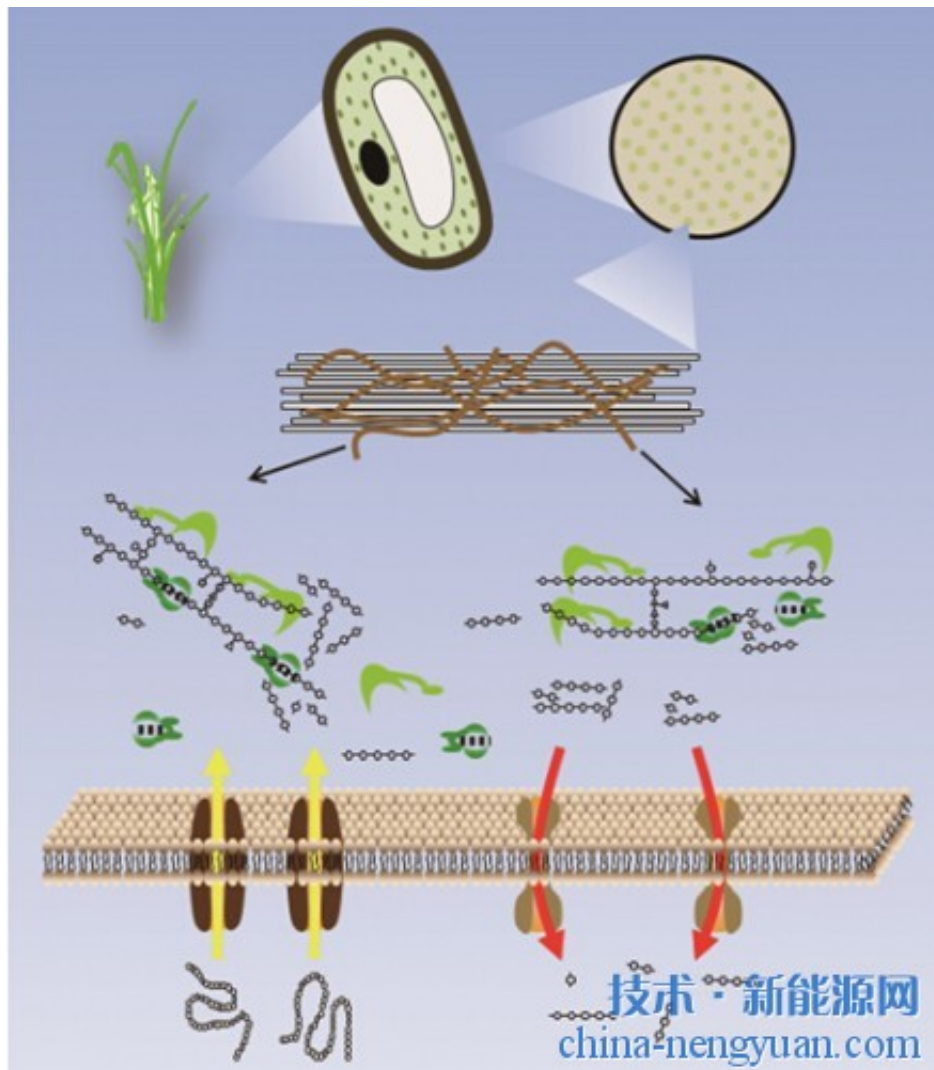


青岛能源所等揭示糖苷水解酶热适应性进化机制



通常认为，CBMs (carbohydrate-binding modules, 碳水化合物结合模块) 与多糖底物结合，能通过定向效应与邻近效应提高酶的催化能力。研究人员已对CBMs开展了大量研究，但是其对糖苷水解酶催化特性和热稳定性的影响，仍未有明确结论。

近日，中国科学院青岛生物能源与过程研究所微生物资源团队研究员李福利团队与山东大学教授王禄山团队合作，以来源于极端嗜热厌氧菌 *Caldicellulosiruptor* sp. F32 的糖苷水解酶 (glycoside hydrolase, GH) 11 家族木聚糖酶和 GH10 家族木聚糖酶作为研究对象，系统分析了 CBMs 对木质纤维素酶热稳定性的影响，提出并丰富了多模块纤维素酶热适应性进化机制。相关成果于近日在线发表于 *Appl Environ Microbiol* (Meng, et al, *Appl Environ Microbiol*, 2015, 81(6): 2006-2014)。

研究发现，CBMs 对木聚糖酶热稳定性具有决定性作用。GH11 家族木聚糖酶 CBMs 缺失，导致蛋白质热稳定性提高，而 GH10 家族木聚糖酶 CBMs 缺失则降低酶的热稳定性。通过同源建模及等温滴定量热实验发现，木聚糖酶的耐热性不仅取决于单个模块的性质，还取决于蛋白质内的模块间相互作用；进一步通过化学交联法实验验证该推断，证明模块间是否存在相互作用决定了 CBMs 对木聚糖酶热稳定性的影响。

通过分析多个 GH10 和 GH11 家族木聚糖酶的 Linker 序列，发现 GH11 家族木聚糖酶 linker 具有高丝氨酸和苏氨酸含量，或脯氨酸含量。因此，linker 具有强刚性，导致蛋白采取伸展构象，从而决定了 GH11 家族木聚糖酶不具有模块间相互作用。多模块糖苷水解酶热稳定性是氨基酸序列及模块间非共价相互作用共同进化的结果，蛋白质整体结构上的刚性和催化中心柔性之间的平衡，共同决定了酶的热稳定性。

上述研究获得了科技部“973”计划、国家自然科学基金等的支持。

原文地址：<http://www.china-nengyuan.com/tech/73942.html>