

# 植物纤维素酶(CesA)文献综述

Xlc

2018 年 8 月 25 日

## 摘要

植物纤维素由纤维素合酶及其他一些酶类指导合成，其中纤维素合酶是一个庞大的蛋白质家族，再DNA 基因中由CesA 基因族合成。而不同的CesA 在不同的时期，不同的组织，表达量都不相同。

## 1 前言

纤维素在生产生活中用处广泛。生活中纤维素的主要来源是植物合成。短时间内，如果让植物生产大量的纤维素是难以实现的。尤其是对于木材，至少需要培育几年的时间来获取。随着人们对木材需求量的日益增长，植物纤维素的生產速度难以满足需求。所以人们需要研究批量快速合成优质纤维素，并将纤维素组成木材。而明晰纤维素合成的机制是解决问题的关键所在。

纤维素是组成植物细胞壁的主要成分，植物细胞壁由微纤丝组成，微纤丝是由葡萄糖甘多聚合物结晶而成，决定细胞的生长方向。纤维素是由D-葡萄糖通过 $\beta$ -1,4糖苷键连接而成的一种线性葡聚糖[田爱梅]。纤维素是由纤维素合酶基指导合成，而纤维素合成酶是一个基因族，合成纤维素是一个复杂的过程，纤维素合酶在不同的植物细胞中有不同的表达方式，合成的纤维素量也不相同。

## 2 纤维素研究历史

1996年，pear<sup>1</sup> 等从棉纤维中提取出了第一个纤维素合酶。而首个催化纤维素合酶的蛋白质是从木醋杆菌中鉴定出来的<sup>2</sup>。随着拟南芥基因序列被测出，已经发现了十几种纤维素合酶的基因成员。目前为止，随着植物基因序列被陆续测出，各植物的纤维素合酶基因也在陆续被发现。同时，由于生物信息学的发展，基因测序与基因序列比对技术的提升，部分基因的功能也可以被预测出，例如采用blast<sup>3</sup> 方法，聚类方法等<sup>4</sup>。

## 3 拟南芥CesA 基因及其表达

### 3.1 纤维素合酶基因的特点

首先来看纤维素合酶的基因族。通过对纤维素合酶基因的分析，王振怡<sup>5</sup>，朱煜<sup>6</sup>发现基因中的内含子的位置对蛋白质功能起到关键性作用，这一点对以后的基因功能分析，CesA 基因预测等有帮助。另外朱煜<sup>6</sup>提

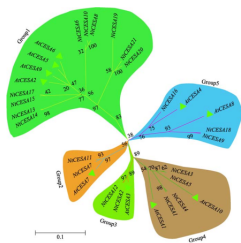


图 1: 基因系统进化图

到的基因克隆的意义不明白，与克隆羊的概念好像不一样。这一点有疑问。

3.2 纤维素合酶基因分析

纤维素合酶的基因族共同指导纤维素酶的合成。研究者<sup>7</sup>对纤维素合酶的基因族进行了基因生长树的分析，发现CesA 基因的同源度为53% . 因此可以采用聚类算法来预测纤维素合酶的基因序列<sup>8</sup>。采用基因生长树的方式还可以对基因的进化过程有一个直观的了解基因进化树图片<sup>3</sup>。参看图1.

同时对基因功能的预测还可以采用实验的方法，例如陶章生<sup>9</sup>采用将拟南芥基因移植到大肠杆菌中进行抗体检测(不太理解)，采用的方式SDS-PAGE。当然有一种称作生物芯片的方法，通过对植物进行特殊元素标记后，培养植物后检测标记元素来进行基因功能的推断。这种方式属于传统的推断方法，但应该称之为比较可靠的方法，缺点是推断的时间比较长。韩笑<sup>7</sup>通过还方法对拟南芥基因进行了详细的分析。可做参考。

4 纤维素合酶之间的关系

4.1 纤维素合酶合成与成分

植物纤维素合酶是一个由36个单体组成的玫瑰状复合体，其单体主要由植物CesA基因家族成员编码，纤维素合酶包含有8个跨膜结构域，分别处于CesA蛋白质序列的两端<sup>10</sup>。在高尔基体上由纤维素合酶单体装配

而成，通过分泌泡转运结合在细胞膜上，是纤维素合成的重要场所<sup>11</sup>。纤维素合酶也是一个家族，同时还包括类纤维素合酶，两者之间的异同田爱梅<sup>10</sup>有详细的介绍。

## 4.2 纤维素合酶的作用与表达

纤维素合酶的首要作用是指导纤维素的合成。而关于纤维素合酶的具体功能目前还处于研究阶段，而跨膜的数量可能影响着蛋白质的功能<sup>3</sup>。郭涛<sup>11</sup>推断纤维素酶可能是植物细胞壁上的某种检测系统。在对拟南芥的纤维素合酶的分析后，AtCesA5 基因在非伸张型细胞中起作用<sup>8</sup>。在拟南芥中,CESA1、CESA3、CESA6 是初生壁纤维素合酶必需的·[10-13]·,而CESA4、CESA7和CESA8是次生壁纤维素合酶必需的·[9-13]·;CESA2、CESA5 在拟南芥的所有器官中都有表达陶章生<sup>9</sup>更详细<sup>11</sup>。纤维素合酶指导葡萄糖链cesa蛋白复合体将葡萄糖链合成纤维素微丝,然后聚合成纤维素<sup>3</sup>。更过资料<sup>10</sup>。疑问:徐宗昌<sup>3</sup>提到的一个概念是蛋白质保守,不明白。

## 5 纤维素合酶研究方法及其困难性

首先,纤维素合酶在提取上有困难<sup>11</sup>,所以纤维素的蛋白质模拟在研究中起到很大的作用,例如用gromacs 对蛋白质的运动进行模拟。分析模拟轨迹等数据,来对基因的功能进行预测,预测结果可以用SDS-PAGE 表达检测方法进行基因功能验证。目前研究人员对纤维素合酶基因指导纤维素合成的具体过程还不清楚。

## 参考文献

- [1] Takeda Y, Hatano S, Sentoku N, et al. Homologs of animal eyes absent (eya) genes are found in higher plants[J] Molecular and General Genetics Mgg, 1999, 262(1):131-138.
- [2] 刘长斌, 薛永常, 聂会忠. 高等植物纤维素合酶超家族[J]. 生命的化学, 2007, 27(6):533-535.

- [3] 徐宗昌, 孔英珍. 普通烟草CESA基因家族成员的鉴定、亚细胞定位及表达分析[J]. 遗传, 2017, 39(6):512-524.
- [4] 孟成生, 王志伟, 张俊红,等. 棉花与拟南芥纤维素合成酶基因家族的生物信息学比较[J]. 贵州农业科学, 2012, 40(7):39-41.
- [5] 王振怡, 王金朋, 潘玉欣,等. 拟南芥和水稻CesA基因家族的生物信息学分析[J]. 河南农业科学, 2015, 44(6):13-17.
- [6] 朱煜, 谭梦月, 邹爱兰,等. 拟南芥、水稻和毛果杨中CesA基因的进化和表达分析[J]. 南京林业大学学报(自然科学版), 2013, 37(3):11-16.
- [7] 韩笑, 郭凯, 李新新,等. 拟南芥纤维素合酶基因时空表达模式与功能预测[J]. 植物学报, 2014, 49(5):539-547.
- [8] 孟成生, 王志伟, 张俊红,等. 棉花与拟南芥纤维素合成酶基因家族的生物信息学比较[J]. 贵州农业科学, 2012, 40(7):39-41.
- [9] 陶章生, 徐雯, 张苗苗,等. 拟南芥纤维素合酶的抗体制备与检测[J]. 华中农业大学学报, 2012, 31(2):171-177.
- [10] 田爱梅, 许丽爱, 陶贵荣,等. 植物纤维素合酶[J]. 中国细胞生物学学报, 2017(3):356-363.
- [11] 郭涛, 杨青川, 晁跃辉,等. 植物纤维素合酶结构与基因表达研究进展[J]. 草地学报, 2016, 24(3):501-508.
- [12] 谭梦月. 拟南芥、水稻和杨树中纤维素合成酶基因(CesA)的进化和表达分析[D]. 南京大学, 2010.