

# 耐热木聚糖酶研究进展<sup>\*</sup>

江正强<sup>1\*\*</sup> 李里特<sup>1</sup> 李颖<sup>2</sup>

(1 中国农业大学食品科学与营养工程学院 北京 100083 2 中国农业大学 生物学院 北京 100083)

**摘要** -1,4-内切木聚糖酶(EC: 3.2.1.8)能够以内切方式作用于木聚糖主链产生不同长度的木寡糖和少量的木糖,因此是木聚糖降解酶系中最关键的酶。木聚糖酶具有很大的工业应用潜力和价值,由于许多工业应用木聚糖酶的单元操作都是在高温下进行的,寻求耐热木聚糖酶作为催化剂是非常重要的。重点介绍了耐热木聚糖酶的特性、分泌表达和结构区域的研究进展。

**关键词** 耐热木聚糖酶 分泌表达 结构区域

木聚糖是植物半纤维素的主要组成部分,多为异聚多糖,结构变化范围很大,从仅由-1,4糖苷键相连接的多聚木糖线性分子到高度分枝的异质多糖。由于木聚糖结构的复杂性,它的完全降解需要多种水解酶如-木糖苷酶、-L-呋喃型阿拉伯糖苷酶、-葡萄糖醛酸酶等的共同参与。-1,4-内切木聚糖酶(EC: 3.2.1.8)能够以内切方式作用于木聚糖主链产生不同长度的木寡糖和少量的木糖,因此是木聚糖降解酶系中最关键的酶<sup>[1,2]</sup>。

木聚糖酶可广泛应用于生物转化、食品、饲料、医药、能源、造纸、纺织等行业<sup>[3]</sup>。在制浆造纸工业中,传统的化学漂白方法是采用多步骤的氯、二氧化氯漂白及碱提取来去掉木质素,在废水中含有大量的氯及有毒的、强烈致癌致畸物质,造成严重的环境污染。1986年芬兰科学家 Viikari 等发现用木聚糖酶处理纸浆,可降低漂白时氯的用量。目前这一研究,进展很快,并在许多国家实现了工业化应用。由于在利用木聚糖酶对纸浆进行预漂时,纸浆漂白的环境为温度较高的偏碱性环境,为了不使漂白工艺复杂化和有效地利用木聚糖酶,这就需要所用木聚糖酶具有耐热和耐碱的特性。另外,木聚糖酶可以分解第二大可再生资源半纤维素制备功能性低聚木糖。低聚木糖是指由2~7个木糖单元以-1,4-糖苷键连接而成,是目前所有低聚糖中效果最好的一种。

## 1 木聚糖酶的分类与特性

根据对催化区的保守氨基酸和疏水簇的分析,将糖苷键水解酶分为58个族。所有的木聚糖酶划入F/10和G/11两个族,同一族中的木聚糖酶催化区域具有较高的同源性。高分子量木聚糖酶(一般分子量大于30 kDa)多属于F/10族,水解速度快,水解产物为低分子量的寡糖;低分子量木聚糖酶属于G/11族,水解速度慢,水解产物为聚合度5~10 Dp(聚合度)左右的木寡糖。因此,F/10族的木聚糖酶比较适合工业应用<sup>[4]</sup>。一般来讲,F/10族的木聚糖酶在N末端附近具有T-EN-MK的保守序列,而G/11族的木聚糖酶具有YG-P-EYY的保守序列。

大多微生物产生的木聚糖酶都是单亚基蛋白,分子量Mr为8~145 kDa,等电点pI为3~10。绝大多数-1,4-内切型木聚糖酶的最适pH为4~7,pH稳定范围为3~10,最适反应温度在40~75℃。通常真菌木聚糖酶比细菌木聚糖酶的温度稳定性差,而且最适pH更偏酸性。不同来源的木聚糖酶其氨基酸组成主要是天冬氨酸(Asp)、谷氨酸(Glu)、甘氨酸(Gly)、丝氨酸(Ser)和苏氨酸(Thr)等。许多真核微生物产生的木聚糖酶都含有碳水化合物,即属于糖蛋白,一些原核微生物产生的木聚糖酶也属于糖蛋白。参与木聚糖酶糖基化的糖有多种如甘露糖、葡萄糖和果糖等。糖基化是导致微生物木聚糖酶多样性的主要因素之一,同时对木聚糖酶在极端环境中的稳定性起着重要作用<sup>[1~3]</sup>。

根据底物的特异性,木聚糖酶可分为特异性和非特异性木聚糖酶。非特异性木聚糖酶具有交叉

收稿日期:2003-05-26 修回日期:2003-06-09

<sup>\*</sup>国家863计划资助项目(20001AA214171)

<sup>\*\*</sup>电子信箱:zhqjiang@cau.edu.cn

活性,主要是由于催化区的氨基酸有许多不同的活性位点。木聚糖酶除了裂解主链糖苷键外,根据其能否释放出支链的阿拉伯糖,可分为脱支酶和非脱支酶。许多真菌如黑曲霉(*Aspergillus niger*)等产生的木聚糖酶属于脱支酶,能够从阿拉伯木聚糖中释放出阿拉伯糖。木聚糖酶的催化机理与其它糖苷键水解酶相似,主要为双置换机理,也有极少数的木聚糖酶催化机理表现为单置换机理,如黑曲霉产生的一种旋转型木聚糖酶<sup>[1]</sup>。

2 嗜热菌耐热木聚糖酶

耐热酶应用于工业具有许多突出的优点,随着酶的不断被开发利用,对酶的耐热性要求也越来越高。嗜热菌能产生热稳定的酶,目前仍为解决工业酶失活的主要途径,所以关于嗜热菌的研究也一直成为热点之一。1898 年 Schillinger 首先提出了嗜热菌的定义,通常将这一类细菌按其生长温度分为耐热菌、嗜热菌和极端嗜热菌。现已发现的极端嗜热

菌中除栖热袍菌(*Thermotoga*)之外,已知的能在 75 以上生长的都是古细菌。嗜热性最高的真细菌是栖热袍菌属的海栖热袍菌(*T. maritima*)和新阿波罗栖热袍菌(*T. neapolitana*)<sup>[5~7]</sup>。

迄今为止,已发现能产耐热木聚糖酶的细菌有 20 余种和真菌不足 10 种,表 1 列举出了一些来自嗜热菌的木聚糖酶,可以看出嗜热真菌比嗜热细菌产生的木聚糖酶耐热性差,只有 *Gloeophyllum trabeum* 产生的木聚糖酶最适温度最高,达 80 。而嗜热细菌产生的木聚糖酶最适温度高,有的(栖热袍菌属)最适温度高达 100 以上<sup>[8~10]</sup>。值得注意的是现已发现的耐热木聚糖酶中只有 *Thermomonospora fussa* 的 XynA 属于 G/11 族,其它都属于 F/10。

野生型嗜热菌往往培养困难,还需要在高温厌氧条件下培养,产酶量低而且酶系复杂,很难实际应用。1996 年, Sunna 等<sup>[11]</sup>系统研究栖热袍菌属野生型菌株发酵生产半纤维素酶,结果表明产生的

表 1 来源于嗜热菌的木聚糖酶

Source Xylanase	Optimum conditions				Reference	
	Growth		Activity			
	pH	Temp. ( °C )	pH	Temp. ( °C )		
Thermophilic bacteria						
1. <i>Bacillus acidocaldarius</i>		3.5 ~ 4.0	65	4.0	80	Uchino F, 1983
2. <i>Clostridium stercorarium</i> HX-1	D	6.0 ~ 7.0	60	6.5	75	Sakka K, 1991
3. <i>Clostridium stercorarium</i> F-9	A	6.0 ~ 7.0	65	6.5	75	Berenger J , 1985
4. <i>Clostridium thermolacticum</i> (TC 21)		6.0 ~ 7.0	65	6.5	80	Deberie M, 1992
5. <i>Dictyoglomus thermophilum</i> strain B1		7.0	68	7.0	80	Mathrani I M, 1992
6. <i>Thermophilic bacteria</i> Strain XE		7.0	55	6.0	75	Gosselin M D, 1992
7. <i>Thermophilic bacteria</i> sp.		7.0	65	6.5 ~ 7.0	78	Gruninger H, 1986
8. <i>Thermophilic bacteria</i> ITI 283 , ITI236		7.5	65	8.0	80	Perttula M, 1993
9. <i>Thermoanaerob bacterium</i> sp.JW/SL- YS485		6.0	60	6.2	80	Shao W, 1995
10. <i>Thermotoga</i> sp. (Fjss3-B.1)	A	6.8 ~ 7.0	80	5.3	105 ~ 110	Simpson H D,1991
11. <i>Thermotoga themarum</i>	1	6.0 ~ 7.0	77	6.0	80	Sunna A , 1966
<i>Thermotoga themarum</i>	2		77	7.0	90 ~ 100	
12. <i>Thermomonospora curvata</i>	1	6.0 ~ 7.0	55	7.8	75	Stutzenberger F J ,
<i>Thermomonospora curvata</i>	2			7.2	75	1992
<i>Thermomonospora curvata</i>	3			6.8	75	
13. <i>Thermomonospora chromogena</i> MI814		8.0	50	5.0 ~ 8.0	75	McCarthy A J , 1985
Thermophilic fungi						
1. <i>Gloeophyllum trabeum</i>		-	-	4.0	80	Ritschkoff A C, 1995
2. <i>Talaromyces byssochlamydoideis</i> YH-50		6.2	50	5.0	70	Yoshida H, 1981
3. <i>Thermoascus aurantiacus</i>		6.0	45	5.0	75	Yu E K C, 1987
4. <i>Talaromyces emersonii</i> CBS814.7		4.5	45	4.2	78	Tuohy M G,1992
<i>Talaromyces emersonii</i> CBS814.7		4.5	45	3.5	67	

酶大部分位于细胞周质,分泌至培养液中的能力很差,细胞浓度达  $1.3 \times 10^9$  cells/ml,木聚糖酶活力仅 0.2 U/ml。海栖热袍菌产生的酶系也比较复杂,属于纤维素和半纤维素降解酶系的有 8 种,酶活都低于 1 U/ml 左右。这些研究表明野生型嗜热菌发酵产酶存在 3 个普遍性问题:(1)野生型栖热袍菌产酶所要求的培养条件苛刻(高温厌氧条件);(2)野生型菌株产酶水平非常低(是普通细菌和真菌的千分之一以下,用 mU/ml 或 U/L 表示酶活)且酶系复杂(相关酶 8 种以上);(3)野生型菌株所产的酶属于诱导酶,但分泌能力很差(低于 10%)<sup>[11~12]</sup>。普通木聚糖酶的生产可以通过筛选高产菌株、诱变等传统方法解决,但目前看来,嗜热菌的这些问题只有通过分子生物学的手段来解决,才能使应用耐热木聚糖酶变为现实。

3 产耐热木聚糖酶基因的克隆和表达

到目前为止,国外已有近 300 种不同来源的木聚糖酶基因的报道,其中 100 多种基因被克隆和表达在合适的宿主中,研究较多的是细菌的木聚糖酶基因,对真菌的研究较少<sup>[11,21]</sup>。许多嗜热菌产耐热木聚糖酶基因都被克隆和表达在大肠杆菌中,如表 2 所示基因重组酶表现出很高的热稳定性。新阿

波罗栖热袍菌的 *xynA* 和 *xynB* 基因都分别被克隆和表达在大肠杆菌中,表达出的 *XynA* 和 *XynB* 最适温度分别为 102 和 90 。笔者等<sup>[13]</sup>将极端嗜热菌海栖热袍菌的第二个木聚糖酶基因即 *xynB* 基因克隆和在大肠杆菌中表达,所得到的重组木聚糖酶 *XynB* 属于 F/10 族,含有单一功能区。其最适 pH 为 6.14 左右,最适温度为 90 。该酶具有很高的 pH 和热稳定性,100 下,pH 6.5~8.5 内都很稳定。嗜热菌产耐热木聚糖酶基因在常温菌中的克隆和表达为耐热木聚糖酶的开发利用提供了更广阔的前景。由于宿主菌产生的其它蛋白质相对不稳定,用热变性的方法可迅速而简便地初步纯化在常温菌中表达的耐热木聚糖酶。但大多数基因工程菌株产酶量低,且表达产物存在于细胞质内,商业价值不大。进一步的研究认为表达水平低的主要原因是大肠杆菌中缺少修饰作用和基因重组酶在胞内的蓄积。Chen 等<sup>[9]</sup>发现海栖热袍菌产生的耐热木聚糖酶从纸浆中除去木质素比现有的商业酶制剂(HC)更为有效,这表明极端嗜热菌海栖热袍菌产生的耐热木聚糖酶作为生物助漂剂在制浆造纸行业中具有很大的应用价值,但酶的产量是决定性因素。

从20世纪80年代后期对木聚糖酶的研究也

表 2 嗜热菌木聚糖酶基因的克隆和表达

Parent strain	Vector	Host	Optima		Reference
			pH	Temp. ( )	
<i>Thermotoga</i> sp. (Fjss3-B.1) A	pJLA602	<i>E. coli</i> DH5	6.3	85	David J S, 1995
<i>Thermotoga</i> sp. (Fjss3-B.1) B	pJLA602	<i>E. coli</i> DH5	6.5	87	Rosalind A R, 2000
<i>Thermotoga</i> sp. (Fjss3-B.1) C	pJLA602	<i>E. coli</i> DH5	6.5	90	Rosalind A R, 2000
<i>Thermotoga maritima</i> (MSB8) A	pSU1	<i>E. coli</i> M5219	6.2	90	Winterhalter C, 1995
<i>Thermotoga maritima</i> (MSB8) B	pET28	<i>E. coli</i> BL21	6.2	90	Jiang Z Q, 2001
<i>Thermotoga neapolitana</i> A	PTT17	<i>E. coli</i> DH5	5.5	102	Zverlow V, 1996
<i>Thermotoga neapolitana</i> B	pTT32	<i>E. coli</i> TGI	5.5	90	Veikodvorskaya, 1997
<i>Dictyoglomus thermophilum</i> Rt46B.1 A	pJLA602	<i>E. coli</i> C600	6.5	85	Mreland D G, 1995
<i>Clostridium stercorarium</i> B	pMF6	<i>E. coli</i> JMI09	7.0	80	Masayuki F, 1995

进入了分子生物学阶段,尽管已有许多木聚糖酶基因被克隆和表达在大肠杆菌中,并且其中一些也能胞外分泌,但表达量很低。近年来,通过构建合适的表达载体及采用适宜的宿主等手段成功地使某些木聚糖酶基因得到高效表达,并将表达产物分泌到胞外。迄今,对木聚糖酶基因的高效表达且胞外分泌的研究仍处于基础研究阶段。酿酒酵母作为基因工程最常用的外源基因表达系统之一,但这一

表达系统在工业化生产中存在许多不足,如菌株不稳定、分泌效率低等。一些木聚糖酶基因虽然在酿酒酵母中表达并且胞外分泌,但产量也都很低。非常规酵母是最近十年逐渐发展起来表达外源基因的理想系统,具有高表达、高稳定和高分泌等特点。木聚糖酶基因在非常规酵母中的分泌表达只见到几篇报道。巴斯德毕赤酵母(*Pichia pastoris*)是常用的外源基因的高效表达系统,但表达木聚糖酶基

因的报道很少且效果不太理想。2000年 Berrin 等<sup>[14]</sup>首次将黑曲霉的 *xynA* 基因在巴斯德毕赤酵母中表达,分泌量仅为 60  $\mu\text{g/ml}$ 。Walsh 等<sup>[15]</sup>研究在乳酸克鲁维酵母 (*Kluyveromyces lactis*) 中高效分泌表达木聚糖酶基因。1997年首次将嗜热网球菌 (*Dictyoglomus thermophilum*) Rt46B.1 的 *xynA* 基因在乳酸克鲁维酵母中高效表达,能够分泌到胞外,产量 130  $\mu\text{g/ml}$  是大肠杆菌表达系统的 300 倍,为所见报道的最高值。1998年又将栖热袍菌中 strain FjSS3B.1 的 *xynA* 基因在乳酸克鲁维酵母中高效表达,产物能够分泌到胞外,但产量为 60  $\mu\text{g/ml}$ <sup>[16]</sup>。笔者将海栖热袍菌 (MSB8) 的 *xynB* 基因在巴斯德毕赤酵母中表达,拷贝数超过 40 的重组子分泌量虽然超过 80  $\mu\text{g/ml}$ ,但仍有相当的酶存在于细胞内 (结果待发表)。有些学者研究在枯草芽孢杆菌、链霉菌、里氏木霉等分泌表达产耐热木聚糖酶基因,也进行了简并密码子的优化、信号肽的选择等表达策略研究,但尚未见到比较成功的报道<sup>[14~17]</sup>。可见,对产耐热木聚糖酶基因的高效表达且胞外分泌的机制仍然不十分清楚。

#### 4 耐热木聚糖酶的分子结构

从分子角度看,木聚糖酶蛋白质包括功能区/非功能区和连接区域。功能区可进一步分为催化区和底物结合区等。木聚糖酶的分子结构同纤维素酶一样,分为单一区域和多区域。F/10 族的木聚糖酶多为多区域酶,而 G/11 族的木聚糖酶多为单一区域酶。多区域木聚糖酶的分子结构区域主要包括催化区 (catalytic domain, CD)、纤维素结合区 (cellulose-binding domain, CBD)、木聚糖结合区 (xylan-binding domain, XBD)、热稳定区 (thermostabilizing domain, TSD)、纤维小体联合区 (cellulosome-docking domain)、连接序列 (linker sequence)、重复序列 (repeated sequence)、其它未知功能区等。研究较多的是木聚糖酶的 CD、CBD、XBD 和 TSD<sup>[1,2]</sup>。对耐热木聚糖酶分子结构区域的研究也多集中于这些功能区域上。

尽管木聚糖酶的氨基酸组成在数量上变化很大,但催化区的大小都趋向一致。绝大多数木聚糖酶都含有一个催化区,有些则有两个独立的催化区。生黄瘤胃球菌 (*Ruminococcus flavifaciens*) 的 *XynA* 在 N-末端含有属于 G/11 族的催化区,而在 C-末端含有属于 F/10 族的催化区。纤维素结合区

(CBD) 不仅在纤维素酶分子中广泛存在,也存在于许多木聚糖酶分子中,而且两者在功能和氨基酸组成上相似。进一步研究发现木聚糖酶分子中的 CBD 仅影响木聚糖酶与纤维素的结合能力,对底物特异性、酶活性中心、米氏常数和可溶性木聚糖的水解能力无明显影响。CBD 对纤维素的水解起着很重要的作用,由于 CBD 广泛存在于许多木聚糖酶分子中,木聚糖酶对它的非特异性底物纤维素表现出亲和力,这是许多木聚糖酶具有不可忽略纤维素酶活性的主要原因。海栖热袍菌 MSB8 的 *XynA* 为多区域酶,共有 5 个功能区 A1-A2-B-C1-C2,其中 C1 和 C2 为 CBD。由于 C1 和 C2 与当时已知序列的 CBD 不具有同源性,归入新型的 CBD。最近的研究 (Kirsten Meissne, 2000) 又发现 N 末端的 A1-A2 区,负责与木聚糖的结合,从功能的角度讲建议为木聚糖结合区 (XBD)。

与 CBD 相比,XBD 在木聚糖酶分子中较少发现。这可能由于木聚糖分子带有许多类型的取代基,使能够结合所有木聚糖的蛋白区域进化很困难。在 *Thermomonospora fussa* 所产生的耐热木聚糖酶 *XynA* 中首次发现存在 XBD,但它对纤维素也表现出很大的亲和性。通过对 *Caldibacillus cellulosovorans* 的 *XynA* 分子结构进一步研究,2000年 Anwar Sunna 等建议应将 N-末端热稳定区归入新型的 XBD,因为它能选择性地与可溶性木聚糖结合。与一般木聚糖酶不同,多功能区域的耐热木聚糖酶具有 TSD,但关于 TSD 的研究仍不够深入。现已发现有 22 种木聚糖酶含有 TSD,其中 16 种的 TSD 在 N-末端 (3 种单一区,12 种一前一后和 1 种含有 3 个区),5 种含有单一 C-末端热稳定区,只有 1 种含有中间和 N-末端 TSD。值得注意的是含有 N-末端 TSD 的 16 种木聚糖酶都属于 F/10 族,而其中的 4 种含有单一 C-末端 TSD 的木聚糖酶为 G/11 族中温木聚糖酶<sup>[1~2, 18~19]</sup>。

#### 5 结束语

木聚糖酶特别是耐热木聚糖酶具有很大的应用价值和广阔地应用前景,如何利用分子生物学手段提高耐热木聚糖酶的产量和降低生产成本是研究开发耐热木聚糖酶的关键。另外,我国对木聚糖酶的研究已经经历了 20 余年,但在木聚糖酶的分子生物学和耐热木聚糖酶方面的研究刚刚起步,一方面根据我国微生物资源丰富的特点,进行产耐热

木聚糖酶的嗜热菌筛选、分离。另一方面也可通过基因工程或者蛋白质工程,对那些尚未被分离培养,但确实存在而又有价值的微生物木聚糖酶基因进行直接筛选和克隆。总之,加强耐热木聚糖酶的研究将使木聚糖酶的应用开发更为有效和进一步推动相关产业的发展。

### 参考文献

- [ 1 ] Kulkarni N, Shendye A, Rao M. Molecular and biotechnological aspects of xylanase. *FEMS Microbiol Rev*, 1999, 23: 411 ~ 456
- [ 2 ] Subramaniyan S, Prena P. Biotechnology of microbial xylanases: enzymology, molecular biology, and application. *Crit Rev Biotechnol*, 2002, 22 (1): 33 ~ 64
- [ 3 ] Beg Q K, Kapoor M, Mahajan L, et al. Microbial xylanases and their industrial applications: a review. *Appl Microbiol Biotechnol*, 2001, 56: 326 ~ 338
- [ 4 ] Henrissat A B. Classification of glycosyl hydrolases based on amino acid sequence similarities. *Biochem J*, 1991, 280: 309 ~ 316
- [ 5 ] Bergquist P L, Gibbs M D, Morris D D, et al. Hyperthermophilic xylanases. *Methods Enzymol*, 2001, 330: 301 ~ 315
- [ 6 ] Huber R, Langworthy T A, König H, et al. *Thermotoga maritima* sp. nov. represents a new genus of unique extremely thermophilic eubacteria growing up to 90 °C. *Arch Microbiol*, 1986, 144: 324 ~ 333
- [ 7 ] Nelson K E, Clayton R A, Gill S R, et al. Evidence for lateral gene transfer between Archaea and Bacteria from genome sequence of *Thermotoga maritima*. *Nature*, 1999, 399: 323 ~ 329
- [ 8 ] Dahlberg L, Holst O, Kristjansson J K. Thermostable xylanolytic enzymes from *Rhodothermus marinus* grown on xylan. *Appl Microbiol Biotechnol*, 1993, 40: 63 ~ 68
- [ 9 ] Chen C C, Adolphson R, Dean J F D, et al. Release of lignin from kraft pulp by a hyperthermophilic xylanase from *Thermotoga maritima*. *Enzyme Microb Technol*, 1997, 20: 39 ~ 45
- [ 10 ] Wassenberg D, Schurig H, Liebl W, et al. Xylanase XynA from the Hyperthermophile *Thermotoga maritima*: structure and stability of the recombinant enzyme and its isolated cellulose-binding domain. *Protein Science*, 1997, 6: 1718 ~ 1726
- [ 11 ] Sunna A, Antranikian G. Growth and production of xylanolytic enzymes by the extreme thermophilic anaerobic bacterium *Thermotoga themarum*. *Appl. Microbiol Biotechnol*, 1996, 45: 671 ~ 676
- [ 12 ] Bronnenmeier K, Kern A, Liebl W, et al. Purification of *Thermotoga maritima* enzymes for the degradation of cellulosic materials. *Appl Environ Microbiol*, 1995, 61 (4): 1399 ~ 1407
- [ 13 ] Jiang Z Q, Kobayashi A, Ahsan M M, et al. Characterization of a thermostable family 10 endo-xylanase (xynB) from *Thermotoga maritima* that cleaves p-nitrophenyl-beta-D-xyloside. *J Biosci Bioeng*, 2001, 92 (5): 423 ~ 428
- [ 14 ] Berrin J G, Williamson G, Puigserver A, et al. High-level production of recombinant fungal endo-beta-1,4-xylanase in the methylotrophic yeast *Pichia pastoris*. *Protein Expr Purif*, 2000, 19 (1): 179 ~ 187
- [ 15 ] Walsh D J, Bergquist P L. Expression and secretion of a thermostable bacterial xylanase in *Kluyveromyces lactis*. *Appl Environ Microbiol*, 1997, 63: 3297 ~ 3300
- [ 16 ] Walsh D J, Gibbs M D, Bergquist P L. Expression and secretion of a xylanase from the extreme thermophile, *Thermotoga* strain FjSS3B.1, in *Kluyveromyces lactis*. *Extremophiles*, 1998, 2: 9 ~ 14
- [ 17 ] Chen C C, Westpheling J. Partial characterization of the *Streptomyces lividans* xlnB promoter and its use for expression of a thermostable xylanase from *Thermotoga maritima*. *Appl Environ Microbiol*, 1998, 64 (11): 4217 ~ 4225
- [ 18 ] Black G W, Hazlewood G P, Millward-sadler S J, et al. A modular xylanase containing a novel non-catalytic xylan-specific binding domain. *Biochem J*, 1995, 307: 191 ~ 195
- [ 19 ] Sunna A, Gibbs M D, Bergquist P L. The thermostabilizing domain, XynA, of *Caldibacillus cellulosovorans* xylanase is a xylan binding domain. *Biochem J*, 2000, 346: 583 ~ 586

## Research Progress in the Thermostable Xylanases

Jiang Zhengqiang<sup>1</sup> Li Lite<sup>2</sup> Li Ying<sup>2</sup>

(1 College of Food Science and Nutritional Engineering China Agricultural University Beijing 100083

2 College of Biological Science China Agricultural University Beijing 100083)

**Abstract** Xylanase (EC. 3. 2. 1. 8, 1,4- $\beta$ -D-xylanase, xylanohydrolase) can hydrolyze  $\beta$ -1,4-glycosidic linkages of the xylan backbone to produce short chain xylo-oligosaccharides of various length, thus it is the key enzyme in degrading completely xylan. Because the xylanases are potentially important in various industrial applications, and many kinds of processes in a multitude of possible applications of xylanases are optimally performed at high temperatures, thus it is highly desirable to search for thermostable xylanases as catalysts. In the present report, the thermostable xylanases including their properties, secretory expression and structure domain are introduced in detail.

**Key words** Thermostable xylanases Secretory expression Structure domain