

琉球大学学術リポジトリ

イエシロアリのキシラン消化機構の解明

メタデータ	言語: 出版者: 琉球大学21世紀COEプログラム 公開日: 2008-03-07 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: 荒川, 岳, 徳田, 岳 メールアドレス: 所属:
URL	http://hdl.handle.net/20.500.12000/4926

荒川岳¹・徳田岳² (Gaku Arakawa and Gaku Tokuda)

1:琉球大・院・理工, 2:琉球大・遺伝子実験センター

下等シロアリは内源性酵素による消化系および後腸共生原生生物由来のセルロースからなる二系統のセルロース消化機構を持つ。シロアリの高効率のリグノセルロース消化を説明するためには、セルロース消化系に加えセルラーゼ阻害物質であるリグニンおよびキシランの処理を明らかにする必要がある。下等シロアリは十分なリグニン分解活性を持たないのに対して高効率のキシラン消化機構を持つことが知られている。キシランはキシロースの重合体を主鎖とした多糖類である。キシラナーゼはキシランのキシロース単位をつなぐ β -1,4結合を切断する酵素で、シロアリの共生原生生物由来のキシラナーゼがキシラン消化の中心的な役割を担っていると考えられている。しかし、シロアリの腸内共生原生生物が難培養性であるためその消化機構の詳細は明らかになっていない。本研究ではイエシロアリよりキシラナーゼを単離精製し、分子生物学的な側面からシロアリのキシラン消化機構を解析した。

沖縄本島に棲息するイエシロアリのキシラナーゼ活性を測定したところ、高密度に原生生物が存在する後腸から他の部位と比べ有意に高いキシラナーゼ活性を検出した。イオン交換クロマトグラフィーとゲル濾過クロマトグラフィーを用いてキシラナーゼ活性を持つタンパク質を精製しN末端アミノ酸配列解析を行ったところ、キシラナーゼのみで構成される糖質加水分解酵素ファミリーII(GHFII)に属する2種類のタンパク質が得られた。イエシロアリの後腸cDNAよりこれらのキシラナーゼ遺伝子をRACE法にて増幅したところ、3'端にpolyA tailを含む断片が得られた。得られたDNA配列の相同性は82%であり、アミノ酸配列を基にした系統解析ではシロアリのキシラナーゼは近隣に位置した。今回、イエシロアリの消化管内で実際に機能していると考えられるGHFIIのキシラナーゼのアミノ酸配列およびDNA配列を得られた。分子配列の相同性が高いことから今回得られたキシラナーゼは同じ原生生物種より精製された可能性がある。細胞という閉鎖系の中で、複数のキシラナーゼが基質に作用しキシランを効率的に分解しているものと考えられる。