

## 不产氧光合细菌色素蛋白复合体研究进展

杨素萍<sup>1,2</sup>, 岳慧英<sup>2</sup>, 崔小华<sup>2</sup>, 郭爽<sup>1</sup>, 赵丽<sup>1</sup>, 赵江艳<sup>1</sup>, 赵春贵<sup>1,2</sup>, 曲音波<sup>3</sup>

(<sup>1</sup> 华侨大学生物工程与技术系, 厦门 361021)

(<sup>2</sup> 山西大学生命科学与技术学院, 化学生物学与分子工程教育部重点实验室, 太原 030006)

(<sup>3</sup> 山东大学微生物技术国家重点实验室, 济南 250100)

**摘要** 色素蛋白复合体是光合生物进行光合作用维持生命活动最重要的结构基础。目前不产氧光合细菌色素蛋白复合体仍是最具前沿研究领域。本文概述了不产氧光合细菌各种属色素蛋白复合体研究现状, 着重对光反应中心色素蛋白复合体( reaction center ,RC)和捕光色素蛋白复合体( light-harvesting complex ,LH), 尤其是新型捕光色素蛋白复合体 LH3 和 LH4 的组成、精细结构、蛋白同源性和功能进行了述评, 并就研究中存在的问题和发展趋势进行了讨论。

**关键词** :不产氧光合细菌; 色素蛋白复合体; 组成; 结构; 同源性

中图分类号 :Q935 文献标识码 :A 文章编号 :0001-6209(2009)09-1146-06

色素蛋白复合体是不产氧光合细菌( anoxygenic phototrophic bacteria ,APB)转化和利用太阳能的最重要机构。自 Deisenhofer 等首次在 3 Å 水平上解析了绿色绿芽菌( *Blastochloris viridis* ,*Ble. viridis*; 原称绿色红假单胞菌 *Rhodospseudomonas viridis* ,*Rps. viridis*)光反应中心色素蛋白复合体 RC 晶体结构以来, 从不同种属 APB 中分离纯化色素蛋白复合体并对其进行结构解析、原初反应、合成调控和重构等研究便成为国际关注焦点和研究热点<sup>[1-11]</sup>。我国学者在 LH2 能量传递等方面取得了可喜成绩<sup>[12,13]</sup>。我们对固氮红细菌( *Rhodobacter azotoformans* , *Rba. azotoformans*)光氧调控下的色素以及蛋白复合体的分离纯化鉴定和功能也进行了初步研究<sup>[14]</sup>, 表明色素蛋白复合体具有多样性特点, 与文献报道不同。与国际相比, 我国在该领域的研究还比较薄弱, 因此, 很有必要将不产氧光合细菌色素蛋白复合体结

构与功能等新进展介绍给我国从事相关领域研究的同行, 以加快我国在该领域的研究进程。

### 1 色素蛋白复合体的定位及主要功能

色素蛋白复合体( pigment-protein complexes , PPC)由膜蛋白和色素分子(包括细菌叶绿素 BChl 和类胡萝卜素 Crt)构成, 是不产氧光合细菌光合作用机构和生命活动载体。紫细菌中, PPC 位于与细胞质膜相连, 呈管状、囊状、片层状的内膜系统上( intracytoplasmic membrane ,ICM); 而绿细菌则位于绿囊( chlorosome)上。通常情况下, 色素蛋白复合体包括中心捕光复合体( core light-harvesting complex , LH1)、外周捕光复合体( peripheral light-harvesting complex ,LH2)和反应中心( reaction center ,RC)3种组分。其中, LH1 和 LH2 主要进行光能的吸收和传递, RC 则主要完成光能转化为化学能。

基金项目 :国家科技基础条件平台建设项目( 2005DKA21209); 国家自然科学基金( 30470044); 国家留学基金( 24814010); 山西省回国留学人员科研资助项目( 200713); 太原市科技明星专项( 08121022)

作者简介 :杨素萍( 1966 - ), 女, 山西榆次人, 教授, 博士, 研究方向为资源与环境微生物。Tel :+ 86-592-6166178; E-mail : yangsuping@sxu.edu.cn , yangsuping@hqu.edu.cn

收稿日期 :2009-01-15; 修回日期 :2009-03-04

## 2 不同种属中色素蛋白复合体研究现状

目前,APB 各类群中色素蛋白复合体研究水平不尽相同。紫色非硫细菌研究较为深入,报道有 9 个属;紫色硫细菌报道 4 个属;绿色非硫细菌报道 1 个属;好氧不产氧光合异养菌报道 5 个属。RC 报道较多,这可能受 Deisenhofer 研究影响,报道种类约占 APB 总数的 10%<sup>[15]</sup>。因 LH1 常与 RC 紧密相连,LH1 报道也较多,报道种类约占 APB 总数的 8%。LH2 报道较少,报道种类约占 APB 总数的 5%。近年,新报道了捕光色素蛋白复合体 LH3 和 LH4<sup>[8-10]</sup>,其中 LH3 主要来自嗜酸红芽菌(*Rhodoblastus acidophilus*, *Rbl. acidophilus*;原称嗜酸红假单胞菌 *Rhodopseudomonas acidiphila*, *Rps. acidiphila*)7050 和 7750, LH4 仅来自沼泽红假单胞菌(*Rhodopseudomonas palustris*, *Rps. palustris*)。LH1-RC 结构模型常以 *Blc. viridis* 和 *Rps. palustris* 为代表,LH2 常以 *Rbl. acidophilus* 和莫氏褐螺菌(*Phaeospirillum molischianum*, *Phs. molischianum*;原称莫氏红螺菌 *Rhodospirillum molischianum*, *Rsp. molischianum*,)为代表。球形红细菌(*Rhodobacter sphaeroide*, *Rba. sphaeroide*) $\beta$  种色素蛋白复合体结构数据都有报道。

## 3 RC 和 LH1 的组成、结构和同源性

1968 年,Reed 和 Clayton 首次分离获得 *Rba. sphaeroides* R-26 突变株的 RC。1983 年至 1985 年 Deisenhofer 首次在 3 Å(后来 2.3 Å)水平上解析了 *Blc. viridis* RC 的晶体结构,并由此成为 RC 结构模型代表<sup>[1,26]</sup>。该模型表明,RC 中的蛋白质部分除含有 L、M 和 H 3 个蛋白亚基外,还含有一个紧密结合的细胞色素 C,可表示为 LHMC;色素分子包括 4 个 BChl b、2 个脱镁叶绿素 Bphe b 和 2 个 CrI,还含有泛醌 A 和 B(无定论)和 1 个甲基萘醌等辅因子。但在 *Rba. sphaeroides* 等其它紫色非硫细菌中,RC 组成与 *Blc. viridis* 有明显不同:蛋白部分无 C 亚基;色素分子为 BChl a 或 Bphe a 而不是 BChl b 或 Bphe b,CrI 分子数目为 1(无定论);辅因子含 1 个非血红素铁,也无甲基萘醌。在紫色硫细菌酒色异着色菌(*Allochromatium vinosum*, *Alc. vinosum*)中,RC 蛋白部分与 *Blc. viridis* 类似,也为 LHMC 型,但色素分子组成则与 *Rba. sphaeroides* 类似,含有 4 个 BChla、2 个 Bphe a 和 1 个 CrI,辅因子含有 1 个泛醌、1 个甲基萘醌和 1 个非血红素铁。在绿色非硫细菌橙色绿屈挠菌(*Chloroflexus aurantiacus*, *Cfl. aurantiacus*)中,

RC 的蛋白部分无 H 亚基,为 LM(C)型;色素分子与紫细菌类似,但数目上有差异,包括 3 个 BChl a、3 个 Bphe a 和 1 个 CrI;辅因子有 2 个甲基萘醌,但无泛醌,且非血红素铁被锰所替代。绿硫细菌的 RC 典型特征是含有铁氧还蛋白 Fd,蛋白组成为  $2(\text{FMO})_2(\text{PscA})_2\text{PscB}(\text{PscC})_2\text{PscD}$ ;色素分子含有 16 个 BChl a 和 2 个 CrI<sup>[7]</sup>。

在结构特征上,紫细菌 RC 的 L 和 M 亚基在膜上各形成 5 个跨膜  $\alpha$  螺旋,并呈两侧对称;H 亚基亲水性较强,仅有一个跨膜  $\alpha$  螺旋,其余部分形成一个球状结构域定位于胞质侧的脂膜表面,并与 L 和 M 亚基结合;色素分子和其他辅因子在 L 和 M 亚基中对称排列成近似 C2 对称的 2 条电子传递链,但只有一侧或 A 分枝具有光化学活性。而绿硫细菌 RC 中的电子则能在二聚体 PscA 中的任一亚基中进行传递,从而与紫细菌有明显不同。蛋白序列同源性分析表明,分类地位相近的菌株,其 RC 蛋白同源性较高。不同物种之间的 L 和 M 亚基序列同源性很高,L 亚基约 56%~58%,M 亚基约 50%,均明显高于 H 亚基(约 35%)。同一物种之间,L 和 M 亚基的同源性较低,约为 25%~30%,跨膜区约为 27%。

LH1 因与 RC 紧密相连,因此报道多为 RC-LH1。LH1 蛋白部分基本结构单元为  $\alpha\beta$  异二聚体,通常情况下,LH1 与 RC 有固定的化学计量比(stoichiometric ratio)(表 1),但包绕 RC 的 LH1 的  $\alpha\beta$  异二聚体的数目存在差异。大多数种类的  $\alpha$  和  $\beta$  链 N 末端都为 Met,少数种类为 Cys 和 Ala;跨膜区常含有 AXXXH 保守序列,可与 BChl 分子中的  $\text{Mg}^{2+}$  形成配位键;此外在保守 His 附近常含有一些芳香族氨基酸,认为有稳定维持构象作用。自 1995 年 Karrash 报道深红螺菌(*Rhodospirillum rubrum*, *Rsp. rubrum*)LH1 电子密度图谱以来,目前认为 LH1-RC 有 3 种结构类型:一种是以 *Blc. viridis* 和 *Rsp. rubrum* 为代表的 LH1-RC 单体<sup>[1,3]</sup>,一种是以 *Rps. palustris* 和韦氏红细菌(*Rhodobacter veldkampii*, *Rba. veldkampii*)为代表的 RC-LH1-PufX 或 W 单体<sup>[4,24]</sup>,还有一种是以 *Rba. sphaeroides* 和趋芽红细菌(*Rhodobacte blasticus*, *Rba. blasticus*)为代表的 RC-LH1-PufX 二聚体<sup>[5,25]</sup>。

这里要提及的是 PufX。对其功能,普遍认为 PufX 可阻止 LH1 在 RC 周围形成闭合环,以便于醌的交换,它也在 RC-LH1 二聚化过程中起重要作用,例如 *Rba. sphaeroides* 的 PufX。但对其结构,目前研究仍存在分歧。Tunncliffe 和 Wang 均利用 NMR 技术研究了 *Rba. sphaeroides* PufX 结构<sup>[17-18]</sup>,但研究

结果却不相同。前者表明 PufX 的  $\alpha$  螺旋结构中有弯曲,但后者则为线性螺旋,并且认为 PufX 的功能在弯曲状态下无法完成。关于 W 螺旋,目前尚未被

鉴定,但考虑到它靠近 RC  $Q_B$  分子的疏水尾部,所以认为 W 可能和 PufX 一样,也具有辅助醌交换功能。

表 1 不产氧光合细菌 LH 结构特征比较

Table 1 Comparison of different light-harvesting complexes from anoxygenic phototrophic bacteria

Characteristics	LH1	LH2	LH3	LH4
Structure formula	$\alpha_n\beta_n \cdot 2n\text{BChl} \cdot \text{Crt}$	$\alpha_n\beta_n \cdot 3n\text{BChl} \cdot 2n/n\text{Crt}$	$\alpha\beta \cdot 3n\text{BChl} \cdot 2n\text{Crt}$	$\alpha_n\beta_n \cdot 4n\text{BChl} \cdot n\text{Crt}$
n value*	12 to16	8 or 9	9	8
BChl type	B875 ,B890 ,B1015	B800-850	B800-820	B800-850
Relationship of BChl ring and membrane plane	perpendicular	B800 parallel B850 perpendicular	B800 parallel B820 perpendicular	B800 parallel B850 perpendicular
BChl arrangement	tangential	tangential	tangential	radial
Representative strain	<i>Rsp. rubrum</i>	<i>Rbl. acidophilus</i> 10050	<i>Rbl. acidophilus</i> 7050	<i>Rps. palustris</i>

\* n value 3the number of heterodimer in each LH.

## 4 LH2 的组成、结构、同源性及其拓展结构

LH2 不直接与 RC 相连,它只能通过 LH1 传递能量给 RC。与 RC-LH1 不同,LH2 的数目不固定,具有较强的环境依赖性,我们对光氧调控下的色素蛋白复合体的研究也证实了这一点。截至 2008 年,已报道 3 种类型的 LH2 结构:九聚体 B800-850<sup>[11]</sup>、八聚体 B800-850<sup>[21]</sup>和 B800-820<sup>[8-9]</sup>,见表 1。

九聚体以 *Rbl. acidophilus* 10050 结构为代表,在其基本结构单元中,每个  $\alpha\beta$  异二聚体非共价地结合 1 个 B800 和 2 个 B850 以及 2 个 Crt。九聚体是由 9 个  $\alpha\beta$  异二聚体聚集而成双层空柱状。从整体上看, $\alpha$  链形成一个紧密结合内环,螺旋间彼此关联,其 N 端区相对较短,第一个氨基酸为 Met,紧接着是一个  $3_{10}$  螺旋;C 端区相对较长,包括 2 个  $\alpha$  螺旋和伸展结构。而  $\beta$  链则形成相对开放的外环,两两之间间距较大,螺旋间联系少;其 N 端为伸展结构,也多以 Met 开始,少数种类是 Ala,较  $\alpha$  链长;C 端相对较短。同 LH1 一样,LH2 的  $\alpha$  和  $\beta$  链跨膜区均存在 AXXXH 保守序列。此外,LH2 的  $\beta$  链中的 His( $\beta 22$ )和 C 端保守 Phe 之间还存在另 1 个保守序列 LIDGTRV,而在 LH1- $\beta$  中,此序列被其他氨基酸取代。 $\alpha$  和  $\beta$  无螺旋间联系,但在二者的 N 端有环状氨基酸存在,彼此以氢键来稳定结构,更多的是以蛋白和色素形式来稳定。关于 BChl,B800 中的 BChl 靠近胞质侧,位于  $\beta$  链间,形成的环平面与膜平行;而 B850 中 BChl 分子靠近周质空间侧,位于  $\alpha$  和  $\beta$  链之间,形成部分重叠的环状结构,垂直于膜平面(表 1)。八聚体常以 *Phs. molischianum* 结构为代表。目前研究结果显示,八聚体结构除了  $\alpha\beta$  异二聚

体数目为 8 外,其余特征同九聚体。蛋白序列同源性分析表明, $\alpha$  和  $\beta$  链之间的序列同源性很低,只有 7%~12%,但来自同一生物不同类型或来自不同生物同一类型 LH 中的  $\alpha$  链之间或  $\beta$  链之间则有相对较高的序列同源性。

### 4.1 LH2 结构的拓展 - LH3

某些菌株在环境胁迫下会产生一些组成和光谱学特征不同于 LH2 的新型色素蛋白复合体,LH3 就是其中一种,近年来,其报道逐渐增多。LH3 无典型的 B800-850,仅有 B800-820,例如 *Rbl. acidophilus* 7050<sup>[8]</sup>。它的 3.0 Å 晶体结构与 *Rbl. acidophilus* 10050 LH2 相似,也是九聚体,但却由 3 个不对称单元构成,每个不对称单元包括 3 个异二聚体,结构通式为  $3 \times \alpha\beta \cdot 3n\text{BChl} \cdot 2n\text{Crt}$ (图 1,表 1);此外 Crt 为醛基化玫红品糖苷(rhodopinal glucoside),而不是 10050 菌株中的玫红品糖苷(rhodopin glucoside),且与膜平面成 30°,直接接触 B820 平面和 B800 边缘。27 个 BChl 分子也分成 2 组排列,靠膜内侧的 B800 由 9 个



图 1 LH3 九聚体结构示意图

Fig.1 Schematic diagram of the LH3 nonamer from *Rhodoblastus acidophilus* 7050 with the crystallographic asymmetric units shown in 3 different grey levels<sup>[8]</sup>.

BChl 组成环状,其  $Mg^{2+}$  与 N 端 Met 非共价结合,卟啉环平面与膜平面接近平行,而不是 LH2 中的完全平行,靠膜外侧的 B820 由 18 个 BChl 组成紧密环状结构,BChl 分子被紧密地结合在  $\alpha$  和  $\beta$  亚基之间,两两之间距离极短,并通过其  $Mg^{2+}$  与邻近的 His( $\alpha 31$  和  $\beta 30$ ) 配位,卟啉环平面与膜平面垂直。

LH2 和 LH3 的整体结构几乎完全一样,是什么原因导致 LH2 中 BChl 的  $Q_y$  带蓝移至 LH3 的 820 nm,这一现象引起了人们很大兴趣。比较 *Rbl. acidophilus* 10050 LH2 和 7050 菌株 LH3 一级结构<sup>[8,11]</sup>,发现 LH2 中有 18 个氢键连接 BChl 和周围蛋白,而在 LH3 中只有 9 个。LH2 中  $\alpha 44$  和  $\alpha 45$  位为 Tyr 和 Trp,而在 LH3 则为 Phe 和 Leu。前者可通过氢键与 2 个 B850 的 C3-乙酰基连接,而后者则不行,因此 LH3 中只有  $\alpha 41$ Tyr 和 C3-乙酰基之间的 1 个强的氢键。氢键数目的减少有可能使 LH3 中 BChl a 的 C3-乙酰基旋转自由度增加,从而使 C3-乙酰基链显著倾斜于 BChl 环平面,而在 LH2 中则几乎平行。因此,人们认为 C3-乙酰基链旋转方向的改变是引起蓝移的主要原因。荷兰学者的研究也证实了这一点<sup>[20]</sup>。也有报道认为色素位点能量的改变也是导致光谱学变化的原因。

#### 4.2 LH2 结构的拓展 - LH4

有人认为 LH4 很可能是 LH2、LH3 和 LH4 的混合物。LH4 典型特征是 850 nm 光吸收降低甚至完全消失。目前仅发现于 *Rps. palustris*, 还未有晶体结构的报道。电子云密度图(图 2)、吸收光谱、NIR 和 CD 光谱分析,推断出 LH4 和 LH2 整体结构一样。所不同的是,LH2 和 LH3 是九聚物,而 LH4 是精确旋转对称的八聚物,即 LH4 由 8 个  $\alpha\beta_d$  异源多肽组成,每个  $\alpha\beta$  亚基包含 4 个 BChl 分子,比 LH2 明显多

出一个 BChl a (B800-2),位置约在  $\alpha\beta_d$  环与 B800-1 环中间,结果 LH4 中 BChl a 数目达到 32。B850 中 BChl 分子(B- $\alpha$ /B- $\beta$ )可能径向排列,不像在 LH2 中是切线排列(表 1),结果导致 LH4 吸收光谱不同于 LH2。此外,LH2 中的  $\alpha$ Tyr44 和  $\alpha$ Trp45 氨基酸在 LH4 中被 Phe 和 Met 取代,与 LH3 相同,这也是导致吸收光谱不同的原因之一。

## 5 存在的问题与发展趋势

近来,不产氧光合细菌色素蛋白复合体结构和功能的研究呈现出一些新的特点,分辨率在不断提高;除 X-射线衍射技术外,多种电镜技术也被广泛应用于该领域,研究报道逐年上升。但随之也产生出许多问题:例如结晶色素蛋白复合体的结构与功能是否与活体生命活动规律相符合? LH2 中 B800 到 B850 的能量传递时间的实验测量值和理论值之间为什么存在较大差异<sup>[21]</sup>,这究竟是结晶过程导致,还是实验测量技术或者说有别的能量传递机制所致? LH4 的合成是细菌光敏素调控基因 Bph 光致异构化调控还是去磷酸化调控<sup>[22,23]</sup>? RC 具有左右对称的结构,但为什么原初光化学反应的电子只在 RC 的一侧传递? RC-LH1 中的 PufX 和 W 亚基有利于电子从泛醌传递至细胞色素  $bc_1$ ,而对于没有 PufX 和 W 亚基的种类,泛醌是如何将电子穿过 LH1 环的? LH1 封闭 RC 时是否需要细胞色素  $bc_1$  复合体的辅助? LH2 的大小是否影响它的功能? LH2 结合的 BChl 分子和 Crt 分子的确切比例? 是否所有不产氧光合细菌都具有合成 LH3 或 LH4 的功能,结构上是否存在差异? 等等这些问题都有待深入研究和探讨。此外,尽管目前色素蛋白复合体的研究种类已有所扩展,但仍局限于一些模式菌株,很有必要开展其他种属研究。相信新技术、新思维的引入,这些问题将会逐步得到解决,光合作用机理的阐明将会取得更大发展。

## 参考文献

- [1] Deisenhofer J, Epp O, Miki K, et al. Structure of the protein subunits in the photosynthetic reaction centre of *Rhodospseudomonas viridis* at 3 Å resolution. *Nature*, 1985, 318: 618 - 624.
- [2] Koepke J, Hu XC, Muenke C, et al. The crystal structure of the light-harvesting complex II (B800-850) from *Rhodospirillum molischianum*. *Structure*, 1996, 4: 581 - 597.

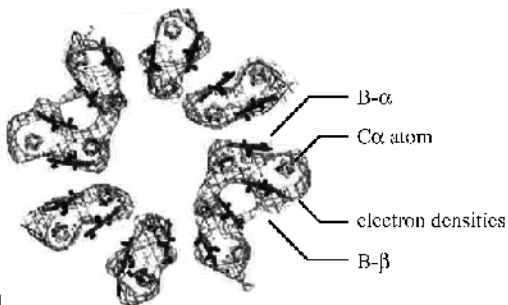


图 2 7.5 Å LH4 电子云密度图

Fig.2 The electron densities of LH4 from *Rhodospseudomonas palustris*. The schema is looking down the octameric axis with the B- $\alpha$  and B- $\beta$  pigment (dark grey), the helices linking Ca atoms are shown in circles<sup>[9]</sup>.

- [ 3 ] Jamieson SJ ,Wang PY ,Qian P ,et al. Projection structure of the photosynthetic reaction centre-antenna complex of *Rhodospirillum rubrum* at 8.5 angstrom resolution. *The European Molecular Biology Organization Journal* 2002 21 : 3927 – 3935 .
- [ 4 ] Roszak AW ,Howard TD ,Southall J ,et al. Crystal structure of the RC-LHI core complex from *Rhodospseudomonas palustris* . *Science* 2003 302 :1969 – 1972 .
- [ 5 ] Walz T ,Jamieson SJ ,Bowers CM ,et al. Projection structures of three photosynthetic complexes from *Rhodobacter sphaeroides* :LH2 at 6 Å ,LH1 and RC-LHI at 25 Å . *Journal of Molecular Biology* ,1998 282 ( 4 ) 833 – 845 .
- [ 6 ] Scheuring S ,Francia F ,Busselez J ,et al. Structural role of PufX in the dimerization of the photosynthetic core complex of *Rhodobacter sphaeroides* . *The Journal of Biological Chemistry* 2004 279( 5 ) 3620 – 3626 .
- [ 7 ] Hauska G ,Schoedl T ,Remigy H ,et al. The reaction center of green sulfur bacteria. *Biochimica et Biophysica Acta* , 2001 ,1507 ( 1 – 3 ) 260 – 277 .
- [ 8 ] McLuskey K ,Prince SM ,Cogdell RJ ,Isaacs NW. The crystallographic structure of the B800-820 LH3 light-harvesting complex from the purple bacteria *Rhodospseudomonas acidiphila* strain 7050. *Biochemistry* , 2001 40 ( 30 ) 8783 – 8789 .
- [ 9 ] Hartigan N ,Tharia HA ,Sweeney F ,et al. The 7.5 Å Electron density and spectroscopic properties of a novel low-light B800 LH2 from *Rhodospseudomonas palustris* . *Biophysical Journal* 2002 82( 2 ) 963 – 977 .
- [ 10 ] Harada J ,Mizoguchi T ,Yoshida S ,et al. Composition and localization of bacteriochlorophyll a intermediates in the purple photosynthetic bacterium *Rhodospseudomonas* sp. Rits. *Photosynthesis Research* 2008 95 ( 2 – 3 ) 213 – 221 .
- [ 11 ] McDermott G ,Prince SM ,Freer AA ,et al. Crystal structure of an integral membrane light-harvesting complex from photosynthetic bacteria. *Nature* ,1995 374 517 – 521 .
- [ 12 ] 刘源 ,高金鹏 ,徐春和 . 紫细菌捕光色素蛋白复合体及光化学反应中心的研究进展. *植物生理与分子生物学学报* ( *Plant Physiology and Molecular Biology* ) 2005 , 31 ( 6 ) 567 – 574 .
- [ 13 ] 冯娟 ,王千 ,张旭加 . 光合细菌 *Rhodospseudomonas palustris* 捕光天线 LH2 中类胡萝卜素分子间三重态能量传递的光谱学证据. *中国科学( B 辑 )* *Science in China Series B* ) 2003 33 ( 5 ) 385 – 396 .
- [ 14 ] 岳慧英 ,黄潇 ,杨素萍 ,等 . 不产氧光合细菌光合色素的光氧调控机制. *微生物学报* ( *Acta Microbiologica Sinica* ) 2009 49 ( 3 ) 4 – 8 .
- [ 15 ] 杨素萍 ,林志华 ,崔小华 ,等 . 不产氧光合细菌分类学研究进展. *微生物学报* ( *Acta Microbiologica Sinica* ) , 2008 48 ( 11 ) :1562 – 1566 .
- [ 16 ] Gonçalves RP ,Bernadac A ,Sturgis JN ,et al. Architecture of the native photosynthetic apparatus of *Phaeospirillum molischianum* . *Journal of Structure Biology* 2005a ,152 221 – 228 .
- [ 17 ] Tunnicliffe RB ,Ratcliffe EC ,Hunter CN ,et al. The solution structure of the PufX polypeptide from *Rhodobacter sphaeroides* . *FEBS Letter* 2006 580 ( 30 ) 6967 – 6971 .
- [ 18 ] Wang ZY ,Suzuki H ,Kobayashi M ,et al. Solution structure of the *Rhodobacter sphaeroides* PufX membrane protein : implications for the quinone exchange and protein-protein interactions. *Biochemistry* 2007 46 ( 12 ) 3635 – 3642 .
- [ 19 ] Savage H ,Cyrklaff M ,Montoya G ,et al. Two-dimensional structure of light harvesting complex II ( LH II ) from the purple bacterium *Rhodovulum sulfidophilum* and comparison with LHII from *Rhodospseudomonas acidiphila* . *Structure* , 1996 4 243 – 252 .
- [ 20 ] Ketelaars M ,Segura JM ,Oellerich S ,et al. Probing the electronic structure and conformational flexibility of individual light-harvesting 3 complexes by optical single-molecule spectroscopy. *The Journal of Physical Chemistry* , 2006 110( 37 ) :18710 – 18717 .
- [ 21 ] Borisov AY. Discrepancy between experimental and theoretical excitation transfer rates in LH2 bacteriochlorophyll-protein complexes of purple bacteria. *European Biophysics Journal* 2008 37( 2 ) :143 – 151 .
- [ 22 ] Evans K ,Fordham-Skelton AP ,Mistry H , et al. A bacteriophytochrome regulates the synthesis of LH4 complexes in *Rhodospseudomonas palustris* . *Photosynthesis Research* 2005 85( 2 ) :169 – 180 .
- [ 23 ] Giraud E ,Zappa S ,Vuillet L , et al. A new type of bacteriophytochrome acts in tandem with a classical bacteriophytochrome to control the antennae synthesis in *Rhodospseudomonas palustris* . *Journal of Biological Chemistry* ,2005 280 ( 37 ) 32389 – 32397 .
- [ 24 ] Gubellini F ,Francia F ,Busselez J ,et al. Functional and structural analysis of the photosynthetic apparatus of *Rhodobacter veldkampii* . *Biochemistry* ,2006 ,45 :10512 – 10520 .
- [ 25 ] Scheuring S ,Busselez J ,Levy D. Structure of the dimeric PufX-containing core complex of *Rhodobacter blasticus* by in situ atomic force microscopy. *The Journal of Biological Chemistry* ,2005 280 :1426 – 1431 .
- [ 26 ] Reed W ,Clayton RK. Isolation of a reaction center fraction from *Rhodospseudomonas sphaeroides* . *Biochemical Biophysical Research Communication* ,1968 30 471 – 475 .

# Progress on pigment-protein complexes from anoxygenic phototrophic bacteria

## A review

Suping Yang<sup>1,2\*</sup>, Xiaohua Cui<sup>2</sup>, Huiying Yue<sup>2</sup>, Shuang Guo<sup>1</sup>, Li Zhao<sup>1</sup>, Jiangyan Zhao<sup>1</sup>, Chungui Zhao<sup>1,2</sup>, Yinbo Qu<sup>3</sup>

(<sup>1</sup> Department of Bioengineering and Biotechnology, Huaqiao University, Xiamen 361021, China)

(<sup>2</sup> School of Life Science and Technology, Key Laboratory of Chemical Biology and Molecular Engineering of Ministry of Education, Shanxi University, Taiyuan 030006, China)

(<sup>3</sup> State Key Laboratory of Microbial Technology, Shandong University, Jinan 250100, China)

**Abstract**: Anoxygenic phototrophic bacteria have evolved highly efficient systems-membrane-located pigment-protein complexes which can convert sunlight into chemical energy that they can use and also benefit other organisms. More and more attentions have been paid to pigment-protein complexes of anoxygenic phototrophic bacteria in recent years. We summarized the current opinions in the pigment-protein complexes from anoxygenic phototrophic bacteria, including their chemical compositions, crystal structures and functions, homology of protein sequence. In particular, we depicted the novel light-harvesting complexes namely LH3 and LH4. The problems and prospects about the pigment-protein complexes have also been addressed in this review.

**Keywords**: anoxygenic phototrophic bacteria; pigment-protein complex; composition; structure; homology

(本文责编: 张晓丽, 谷志静)

Supported by the National Infrastructure of Natural Resources for Science and Technology (2005DKA21209), the National Natural Science Foundation of China (30470044), the China Scholarship Council (24814010) and the Returning-back Scholarship of Shanxi Province (200713), Star Special Project of Bureau of Science and Technology of Taiyuan (08121022)

\* Corresponding author. Tel: +86-592-6166178; E-mail: yangsuping@hqu.edu.cn, yangsuping@sxu.edu.cn

Received: 15 January 2009 / Revised: 4 March 2009

## 本刊声明

经核实,发表在《微生物学报》2009年49卷3期357—362页的论文“免疫共刺激分子OX40L对乙型肝炎核酸疫苗的免疫佐剂作用”的内容是第一作者在中国农业大学读博士期间进行的,毕业后在通讯作者不知情的情况下投稿,并提供了通讯作者的错误email,致使编辑部无法准确联系到通讯作者;而且文章的大部分结果已经发表在2007年的Journal of Gene Medicine上。

为了加强我国科技界精神文明建设、提高科技工作者职业道德水平、保护我国科学研究成果的知识产权、维护《微生物学报》的声誉,参照中国科协对我国科技工作者职业道德公约(中国科协网页 <http://www.cast.org.cn/> 出版管理/出版政策法规),《微生物学报》编委会决定撤消发表在本刊2009年49卷3期357—362页的论文。

《微生物学报》在此重申反对重复发表、一稿多投及一切伪造、欺骗和抄袭行为!同时向维护《微生物学报》声誉的读者和作者表示衷心感谢,希望广大读者和作者继续监督。

《微生物学报》编委会

2009年7月