

光合作用研究中国有突破

奇 云

关于植物进行光合作用的机理研究，几百年来一直是科学的一个重大课题。最近，我国科学家率先独立完成了这一课题的核心问题研究。国际权威科技期刊《自然》以封面和评论文章的形式发表了我国科学家的研究成果。

中国科学家破解菠菜主要捕光复合物 II 的晶体结构

光合作用也许是地球上最伟大的化学反应，因为利用太阳能，绿色植物通过光合作用将水和二氧化碳转变为有机化合物并放出氧气，因此构成了地球上生命繁荣的基础。

2004年3月18日，世界权威科学杂志《自然》以主导文章方式，发表了中国科学院生物物理研究所常文瑞研究员主持的研究小组完成的研究论文：“菠菜主要捕光复合物（LHC-II）的晶体结构”（Crystal Structure of Spinach Major Light-harvesting Complex at 2.72 Å Resolution），并将菠菜主要捕光复合物-II晶体结构图选作该期杂志的封面。迷宫一样的蛋白质三维结构图，标志着我国科学家在光合作用研究领域取得了世界级的研究成果。3月19日，中国科学院、科技部、国家自然基金会联合举行专题新闻发布会宣布，中国科学家经过6年努力，成功测定一个重要的光合膜蛋白晶体结构——菠菜主要捕光复合物-II的晶体结构。从而率先破解了这一国际公认的、具有高度挑战性的科技前沿难题。

光合作用机理一直是国际上长盛不衰的研究热点，LHC-II是绿色植物中含量最丰富的主要捕光复合物。这一复合物是由蛋白质分子、叶绿素分子、类胡萝卜素分子和脂类分子所组成的复杂分子体系。它们被镶嵌在生物膜中，很难分离和结晶。测定这样的膜蛋白复合体的晶体结构是国际公认的重大难题，也一直是科学界长盛不衰的研究热点。研究小组发现了这种复合物是一个具有典型正二十面体对称特征的空心球体。这种结构同时首次揭示了色素分子在复合物中的排布规律，解释了LHC-II能够高效进行光能吸收和传递的原因。同时还发现了膜蛋白结晶的一种全新方式。

国际同行评价：这是光合作用研究领域的一大突破

1994年，豌豆植物主要捕光复合物-II的一个3.4埃分辨率的电子晶体学模型的发表，让生物学家看到了绿色植物这一主要太阳能收集体系的许多结构特征。从此以后，研究人员一直在急切等待一种高分辨率结构，以便将关于光合作用中所涉及的光收集和能量转移过程的知识提升到全面的原子数据水平。

生物物理所梁栋材院士、植物所已故的汤佩松院士前瞻性地提出了这项研究课题。在中国科学院知识创新工程、科技部“973”计划、国家自然科学基金委项目和国家“863”项目的支持下，中国科学院生物物理研究所常文瑞研究员主持的研究小组选取菠菜作为研究对象，经过6年的艰苦努力，终于通过X射线晶体学方法完成了这一重要复合物的三维结构测定，在2.73埃分辨率水平上提供了包括蛋白质分子、色素分子、脂分子在内的近3万个原子的三维坐标，首次完整地建立了复合体内能量传递的网络，并对高等植物在高光照条件下的光保护机理进行了有益的探索。这是国际上第一个用X射线晶体学方法解析的绿色植物捕光复合物高分辨率空间结构，推动了我国光合作用机理与膜蛋白三维结构研究进入国际领先水平。国际同行评价，“这是光合作用研究领域的一大突破，对于理解植物光合作用中所发生的捕光和能量传递过程必不可少。”

中国科学院植物研究所匡廷云院士主持的研究小组，经过多年的艰苦努力，分离、纯化了这一重要的光合膜蛋白（LHC-II），为晶体和空间结构的解析打下了物质基础，这是生物化学、结晶学及结构生物学的有机结合所取得的重大成果，使我国在高等植物LHC-II三维结构测定方面成功地超越了德国和日本等发达国家的多家实验室，率先完成了这一具有高度挑战性的国际前沿课题。

新成果包括的主要内容有4个方面

捕光蛋白复合物的三维结构是植物高效利用光能的结构基础。LHC-II是绿色植物中含量最丰富的主要捕光复合物，它结合了参与植物光合作用的天然叶绿素总量的一半。这一复合物是由蛋白质分子、叶绿

素分子、类胡萝卜素分子和脂类分子所组成的一个复杂分子体系，它们被镶嵌在生物膜中，具有很强的疏水性，难以分离和结晶。主持中科院生物物理研究小组的常文瑞介绍说，由中国大陆科学家在国内独立完成、率先测定光合膜蛋白晶体结构这一成果的主要内容包括以下 4 个方面：

(1) 发现了膜蛋白结晶的第三种方式，膜蛋白 LHC - II 在晶体中先组装形成一个二十面体形状的空心球体，再以此为基本单位在晶体中周期排列。这种堆积方式完全不同于以往所报道的 I 型和 II 型的膜蛋白晶体，是迄今为止所发现的膜蛋白结晶的一种全新方式。这一发现是膜蛋白结构生物学研究领域的一个创新点。

(2) 首次报道了二十面体状的膜蛋白 - 脂复合体的空心球体结构，由 60 个 LHC - II 单体组成一个具有典型正二十面体对称特征的空心球体，其球壳结构提供了一个包括膜蛋白，色素分子和脂分子在内的一个类似光合膜的完整结构模型。对于在分子水平上研究光合膜内蛋白，色素分子以及蛋白与脂分子之间的相互作用具有重要的学术意义。

(3) 首次揭示了色素分子在复合物中的排布规律，准确地确认了每一个复合物单体中的 14 个叶绿素分子和 4 个类胡萝卜素分子的具体归属，每个色素分子在三维空间的取向和位置得到了精确的测定。在此基础上发现了独特的色素排布特征，解释了 LHC - II 能够高效进行光能吸收和传递的原因。

(4) 在 0.27 纳米分辨率上提供了包括蛋白质分子、色素分子、脂分子和水分子在内的近 3 万个独立原子的高精度三维坐标数据，这套数据目前已存入国际蛋白质数据银行(PDB)。根据这一结构数据，首次完整地建立了该复合体内的能量传递网络，提出了基于结构的光保护分子机理模型，阐述了植物在高光强条件下通过 LHC - II 的调节作用对多余的光能进行耗散以实现自我保护的机理。对培育高光效和强抗逆性作物具有潜在的指导意义。

值得说明的是，在现有的蛋白质数据银行中属于膜蛋白的结构数据仅占所有存入的数据的 0.6%，而在细胞中膜蛋白却占了所有蛋白总数的约 30%。膜蛋白在各种各样重要生物学的基本过程中起着关键的作用，如光合作用、呼吸作用、神经信号传导、免疫反应和营养物质的吸收等。对于膜蛋白

所承担的重要生物学功能的深入理解还有赖于高分辨率膜蛋白三维结构的解析。

破解 LHC - II 蛋白复合物的 晶体结构之谜意义重大

光合作用是生物体将光能转化为化学能的过程。绿色植物，藻类和蓝细菌通过光合作用利用太阳能，将水和二氧化碳转变为有机化合物并放出氧气。光合作用是自然界最重要的化学反应，是包括人类在内的生命体赖以生存和繁衍的基础。全球绿色植物等生物体每年通过光合作用能将太阳能转化为 2200 亿吨生物能源，相当于全球每年能耗的 10 倍。绿色植物的光合作用需要捕光系统和光反应中心共同完成，植物捕光系统中的捕光蛋白复合物，就像一块块太阳能板，负责接受太阳能并将其传给光反应中心，而 LHC - II 则是绿色植物中含量最丰富的捕光复合物，是“捕捉”太阳能的主力军。因此，搞清它的晶体结构，对于认识捕光蛋白复合物，进而彻底揭开光合作用之谜，至关重要。科学家相信，破解 LHC - II 蛋白复合物的晶体结构之谜，对于人类彻底认识并进而尝试控制光合作用奠定了基础，可能会对人类生活产生深远影响。虽然研究成果离实际的应用还有一段距离，但给研究农作物如何提高光的利用效率提供了理论依据，同时也是研究新一代生物芯片和电子元件的基础和有效途径。如果真的能够大规模仿生利用太阳能，那么困扰人类的食品和能源问题将会有全新的解决方案。

(安徽省淮南职业医学专科学校 232001)

科苑快讯

物理学家证实质子 既像球又像花生

质子结构已成为美国能源部杰弗逊实验室研究人员的焦点，一系列质子结构实验得出令人意想不到的结论，原来发现质子可以具有绝不是物理学家习惯想像的那样简单的球形。做出这样结论的基础是对质子中电荷和磁化强度分布的测量。

核物理学家的主要目的在于，研究参与强相互作用物质的结构和性质，这强相互作用是组成质子的粒子(夸克和胶子)产生的。破译质子和中子的内部结构是达到这一目的重要一步，这也是杰弗逊实验室提出和需要解决的主要任务之一。

(周道其译自俄《乌克兰新闻时报》2003/12/12)