

## 清华大学揭示来自红藻的藻胆体结构

Tsinghua University Has Revealed the Structure of Phycobilisome from the Red Alga *Griffithsia pacifica*



隋森芳教授

【Nature 系列】2017 年 11 月 2 日，清华大学生命科学学院隋森芳教授研究组在 *Nature* 杂志上发表了题为《海洋红藻藻胆体的结构》的研究论文，首次报道了世界上第一个完整藻胆体的近原子分辨率的冷冻电镜三维结构，为揭示藻胆体的组装机制和光能传递途径奠定了重要基础。

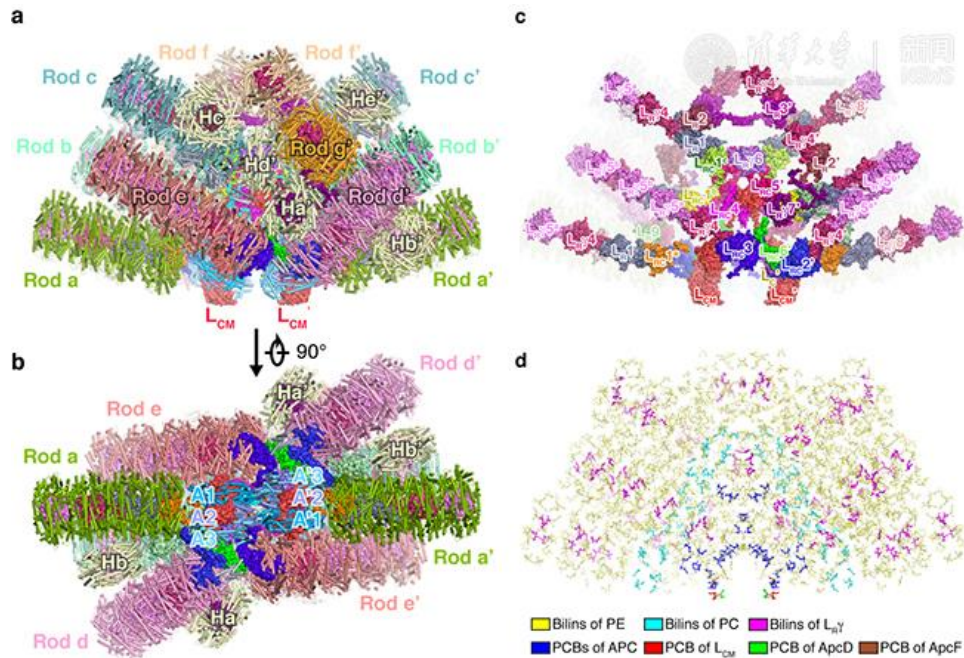
光合作用是地球上的生物赖以生存的基础。为了获取更多的光能，生物体发展出了多种捕光蛋白系统。其中存在于蓝藻和红藻中的藻胆体是迄今已知的最大的捕光蛋白复合物，它位于膜表面，并与位于膜中的光和反应中心结合，能将吸收的太阳光以极高的效率传递给光合反应中心以便进一步转化为有机物并释放氧气。这个巨大的超分子复合体的组装机制和光能在其中的传递机制一直是光合作用研究领域的前沿热点问题。

隋森芳教授研究组长期致力于利用冷冻电镜技术研究生物膜相关的重要蛋白质复合物的结构与功能。此前曾于 2005 年在 *FEBS Letter* 杂志报道了来源于蓝藻发菜的完整藻胆体的电镜结构，分辨率约为 30 Å。随后又于 2015 年在 *Cell Research* 杂志报道了来源于蓝藻鱼腥藻的完整藻胆体的负染电镜结构，分辨率约为 20 Å。

在此次发表的《自然》论文中，隋森芳教授研究组攻克了藻胆体在冷冻制样时盐浓度高、稳定性差、具有优势取向等难题，获得了近原子分辨率的冷冻电镜结构，其中整体结构分辨率为 3.5 Å，核心区域分辨率达到 3.2 Å。这是第一个完整藻胆体的近原子分辨率的三维结构，也是迄今为止报道过的分辨率高于 4 Å 的最大的蛋白复合体结构，该复合体理论分子量为 16.8MDa，包含 862 个蛋白亚基。

这个工作第一次解析出了所有连接蛋白在功能组装状态下的结构，包括 4 个核内连接蛋白、

16 个核杆连接蛋白、52 个杆连接蛋白的结构：并第一次观察到这些连接蛋白有序地形成了超分子复合体的结构骨架，为色素蛋白的精密组装及高效率的能量传递提供了结构基础。此外，值得一提的是，该工作第一次确定了藻胆体中全部 2048 个色素的整体排布，并推测出了多条新的能量传递途径，为进一步理解藻胆体内的能量传递机制提供了坚实的基础。



Structure of phycobilisome from the red alga *Griffithsia pacifica*  
海洋红藻藻胆体的结构

清华大学 隋森芳/孙珊

2017 年 11 月 2 日

DOI:10.1038/nature24278

Life on Earth depends on photosynthesis for its conversion of solar energy to chemical energy. Photosynthetic organisms have developed a variety of light-harvesting systems to capture sunlight. The largest light-harvesting complex is the phycobilisome (PBS), the main light-harvesting antenna in cyanobacteria and red algae. It is composed of phycobiliproteins and linker proteins but the assembly mechanisms and energy transfer pathways of the PBS are not well understood. Here we report the structure of a 16.8-megadalton PBS from a red alga at 3.5 Å resolution obtained by single-particle cryo-electron microscopy. We modelled 862 protein subunits, including 4 linkers in the core, 16 rod-core linkers and 52 rod linkers, and located a total of 2,048 chromophores. This structure reveals the mechanisms underlying specific interactions between linkers and phycobiliproteins, and the formation of linker skeletons. These results provide a firm structural basis for our understanding of complex assembly and the mechanisms of energy transfer within the PBS.