

## 11 Die Lipide

In der Elektronendichteverteilung konnten eindeutig vier Lipidmoleküle identifiziert werden (cyan in Abbildung 10.5). Bei einem handelt es sich um Monogalactosyldiglycerol (MGDG) und bei den anderen dreien um Phosphatidylglycerol (PG). Beide Lipide konnten nach dem Auffinden in der Struktur auch chemisch in den verwendeten Präparationen nachgewiesen werden (Linke et al. in Vorbereitung). Bereits 1996 wurde gezeigt, daß ausschließlich MGDG und PG mit den sog. Core-Proteinen von PS I aus *Syn. el.* assoziiert sind (Makewicz et al., 1996).

Da die Fettsäureenden der Lipide sehr flexibel sind, war eine genaue Modellierung nur in wenigen Fällen möglich. Lediglich die Fettsäuren von Lipid I (PG) und Lipid II (MGDG) konnten vollständig als Stearinsäure modelliert werden. Die Fettsäuren der anderen Lipide waren zu ungeordnet, um sie vollständig modellieren zu können. Die Fettsäurereste wurden prinzipiell als Stearinsäure modelliert, wobei aufgrund der schlecht definierten Elektronendichteverteilung in Teilen wahrscheinlich auch die Modellierung durch Palmitinsäure möglich wäre. Dies stimmt überein mit Ergebnissen, die in *Anacystis nidulans* Fettsäuren mit einer Länge von 16 und 18 C-Atomen als Hauptkomponente bestimmen konnten (Doehler & Datz, 1989). Über die Position ungesättigter Bindungen innerhalb der Fettsäurekette konnte keine Aussage getroffen werden.

Alle identifizierten Lipide befinden sich an der stromalen Seite des Komplexes. Die nahezu parallel der Membrannormalen verlaufenden Fettsäureenden werden über hydrophobe Wechselwirkungen an den Komplex gebunden und sind in weit in den Komplex eingebettet. Die polaren bzw. geladenen Kopfgruppen befinden sich an der stromalen Seite der Membran. Lipid III, welches sich an der Grenze zwischen zwei verschiedenen Monomeren mit der Kopfgruppe unterhalb der Schlaufe A-**de(1)**-**de(2)** befindet, ist von allen Lipiden am besten vom Solvens abgeschirmt. Die Lipide I und II sowie III und IV stehen über die pseudozweizählige Achse miteinander in Beziehung. Daher treten die Lipide I und III mit PsaA und die Lipide II und IV mit PsaB in Wechselwirkung. Zusätzlich tritt Lipid IV mit PsaX in Wechselwirkung.

Neben den hydrophoben Wechselwirkungen an den Fettsäureenden bilden die polaren Kopfgruppen Wasserstoffbrückenbindungen mit dem Protein aus. Interessant ist die Position der Lipide I und II. Diese befinden sich mit den Kopfgruppen an den N-terminalen Enden der Helices A-**k** (I) und B-**k** (II). Damit liegen sie am Rande des zentralen „cores“ der transmembranen Helices A/B-**g** bis A/B-**k**. Dies legt die Vermutung nahe, daß zunächst die inneren Helices in die Membran eingebunden und anschließend durch die

beiden Lipide verankert werden. Die N-Termini von PsaA und PsaB werden dann so gefaltet, daß sie wieder in die Nähe der Kopfgruppen der beiden Lipide kommen. Das Phospholipid I bildet hier eine Wasserstoffbrücke über ein Wassermolekül mit Asparagin A50 aus. Gut stabilisiert wird die Position des Lipids auch durch die ionische Wechselwirkung mit Arginin A575 am Beginn des  $F_X$  Bindungsmotivs. Lipid II bildet ebenfalls über Wassermoleküle Wasserstoffbrücken aus, und zwar zu Aspartat B10 und Aspartat B29. Unterstützt wird das Zurückfalten des N-Terminus zum C-terminalen Bereich durch zwei zwischen PsaA und PsaB konservierte starke Salzbrücken (AspA57-ArgA418 und AspB29-ArgB399). Letztendlich lassen die gut definierten Bindungstaschen und Wechselwirkungen der beiden Lipide diese essentiell für die Assemblierung des Proteins erscheinen.