

5 Der PS I-Komplex — ein Überblick

Im nachfolgenden Teil der Arbeit wird das Strukturmodell des PS I Komplexes dargestellt. An dieser Stelle wird zunächst ein kurzer Überblick über den Proteinkomplex gegeben. Der trimere PS I Komplex ist in Abbildung 5.1 auf Seite 44 gezeigt. Aus Gründen der Übersichtlichkeit wurde auf die Darstellung der drei stromalen Untereinheiten PsaC, PsaD und PsaE in dieser Abbildung verzichtet. Die Position der stromalen Untereinheiten innerhalb des Komplexes ist in der Seitenansicht eines Monomers zu erkennen (Abbildung 5.2). Die beiden großen Untereinheiten PsaA (blau) und PsaB (rot) bilden den zentralen Teil (engl. „core“) des PS I-Monomers. Um diese Untereinheiten herum sind seitlich die kleineren membranständigen Untereinheiten angeordnet. PsaF, PsaJ und PsaX liegen an der distalen Seite des Komplexes. PsaL liegt im Zentrum des Trimers, die beiden Untereinheiten PsaI und PsaM im Raum zwischen zwei benachbarten Monomeren.

5.1 Hinweise zur Nomenklatur und den Abbildungen

Da zum ersten Mal ein nahezu vollständiges Strukturmodell von PS I erstellt werden konnte, mußte aus Gründen der Übersichtlichkeit eine neue Nomenklatur für die Sekundärstrukturelemente der Untereinheiten und für die Kofaktoren eingeführt werden.

Die Nomenklatur für die beiden großen Untereinheiten PsaA und PsaB wurde wie folgt festgelegt. Die transmembranen α -Helices werden entsprechend ihrer Position in der Aminosäuresequenz mit den Buchstaben **a-k** bezeichnet. Schlaufen, die transmembrane α -Helices verbinden, sowie in diesen Bereichen liegende Sekundärstrukturelemente – mit Ausnahme von β -Strängen (s. u.) – werden mit den sie einschließenden transmembranen Helices bezeichnet und entsprechend ihrer Position in der Sequenz nummeriert. β -Stränge werden in Reihenfolge ihrer Position innerhalb der Sequenz nummeriert. Besitzt eine Untereinheit verschiedene β -Faltblätter, so wird dem β -Strang ein Buchstabe angehängt, der ihn einem β -Faltblatt zuordnet (s. z. B. Untereinheit PsaD). Dem Namen einer Helix oder eines β -Strangs wird der Name der Untereinheit vorangestellt. So wird z. B. die erste zwischen den transmembranen α -Helices **a** und **b** von PsaB liegende Helix als **B-ab(1)** bezeichnet.

Die Helices, die in den letzten Publikationen (Klukas *et al.*, 1999b; Klukas *et al.*, 1999a; Schubert *et al.*, 1997) mit gestrichelten Buchstaben bezeichnet wurden, konnten jetzt eindeutig der Untereinheit PsaB zugeordnet werden.

Da die kleineren membranständigen Untereinheiten nur über wenige transmembrane

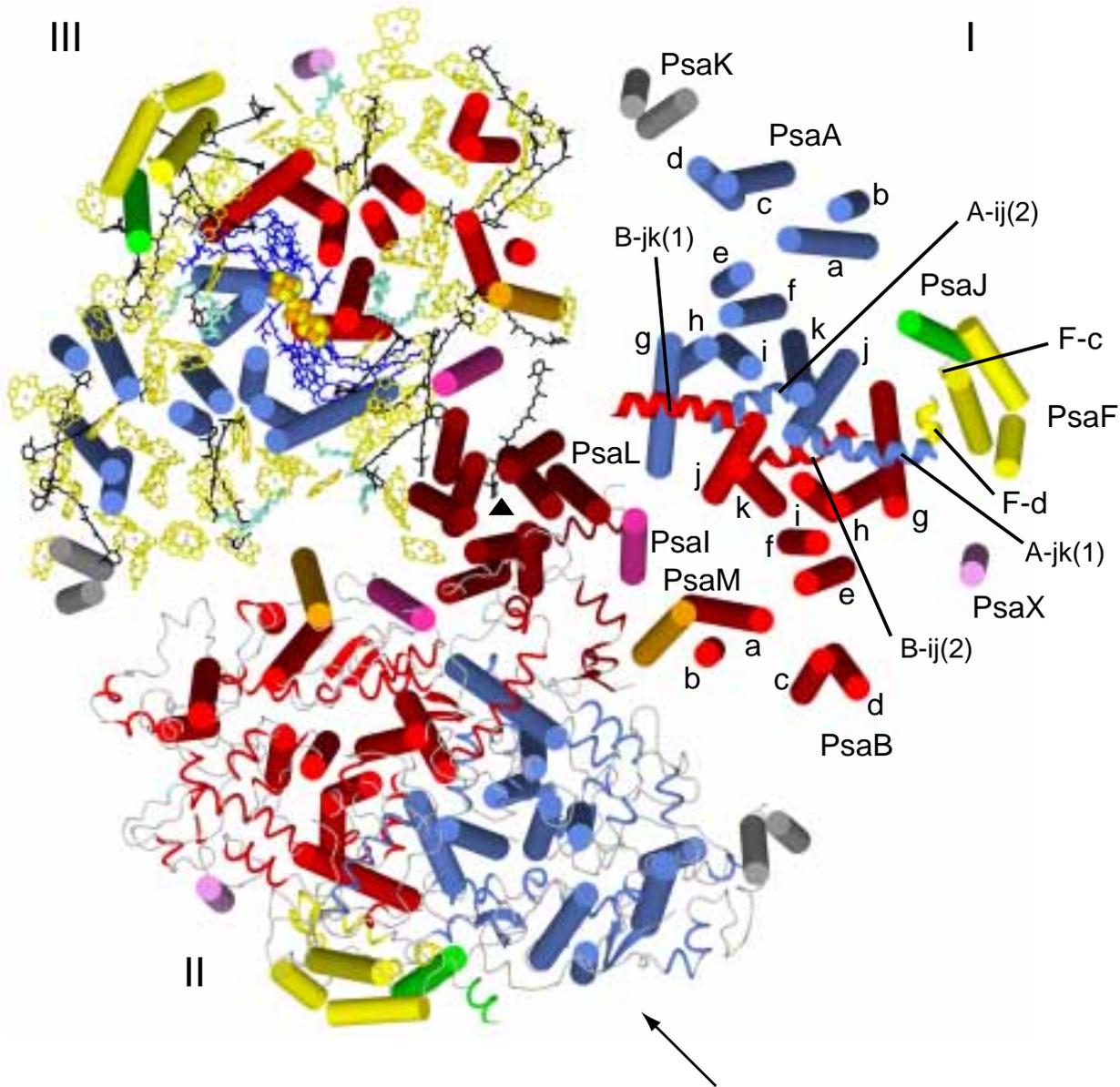


Abbildung 5.1: Blick entlang der Membrannormalen auf die stromale Seite des PS I-Trimers. Die dreizählige kristallographische Symmetrieachse wird durch ein schwarzes Dreieck symbolisiert. In der Abbildung sind nur die transmembranen Untereinheiten dargestellt. Diese sind durch unterschiedliche Farben gekennzeichnet: PsaA: blau, PsaB: rot, PsaF: gelb, PsaL: violett, PsaJ: grün, PsaK: grau, PsaL: braun, PsaM: okker und PsaX: hellviolett. In dieser Darstellung sind in jedem Monomer unterschiedliche Merkmale des Strukturmodells hervorgehoben. Monomer **I** zeigt nur die transmembranen Helices als Zylinder. Zusätzlich sind die nicht-transmembranen α -Helices A/B-jk(1), A/B-ij(2) und F-c/d als Spiralen eingezeichnet. Neben den Zylindern sind die Namen der entsprechenden Helices angegeben. Monomer **II** zeigt alle Sekundärstrukturelemente in der Farbe der entsprechenden Untereinheit. In Monomer **III** sind wiederum nur die transmembranen Helices als Zylinder zusammen mit den Chlorophyllen des Antennensystems (gelb), den Chlorophyllen und Phyllochinonen des ETS (blau), den Fe_4S_4 -Clustern (orange/gelb) und den Karotinen (schwarz) gezeigt. Der Pfeil gibt die Blickrichtung in Abbildung 5.2 an.

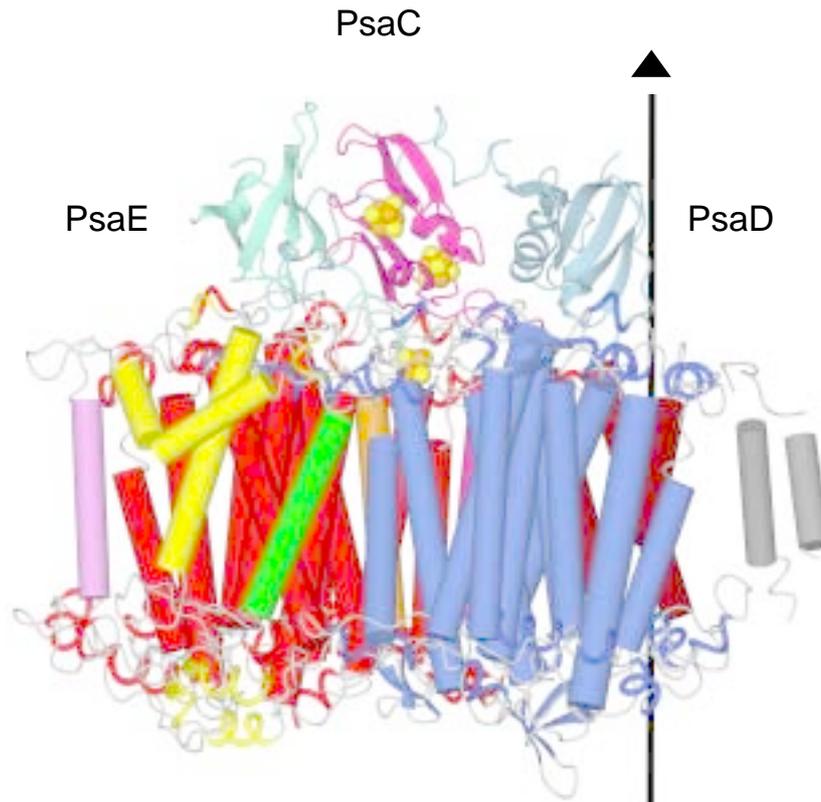


Abbildung 5.2: Blick auf ein Monomer. Die Blickrichtung ist durch einen Pfeil in Abbildung 5.1 gekennzeichnet. Die Farbcodierung der membranständigen Untereinheiten entspricht der in Abbildung 5.1. Die schwarze Linie gibt die Position der dreizähligen kristallographischen Symmetrieachse an.

Helices verfügen, wurden für diese die Sekundärstrukturelemente entsprechend ihres Typs und ihrer Abfolge in der Aminosäuresequenz vom N- zum C-Terminus alphabetisch bezeichnet. Es ist zu bemerken, daß 3_{10} -Helices mitgezählt werden. Diese werden in allen Topographiediagrammen mit roten Zeichen beschriftet.

In den in dieser Arbeit gezeigten Sequenzüberlagerungen sind transmembrane α -Helices als Zylinder, übrige α -Helices als schwarze Linien, 3_{10} -Helices als rote Linien und β -Stränge als Pfeile dargestellt. Zusätzlich sind in den Sequenzüberlagerungen die Funktionen einiger Aminosäuren durch Farben und Schriftart codiert. Aminosäuren die axial ein Antennenchlorophyll über ein Seitenkettenatom koordinieren, sind rot hinterlegt. Dunkelblau hinterlegt sind Aminosäuren, die über ein oder mehrere Wassermoleküle ein Antennenchlorophyll koordinieren. Aminosäuren, deren Hauptketten-Sauerstoffatom einen Liganden bindet, sind kursiv gedruckt. Konservierte Aminosäuren sind in den Sequenzüberlagerungen mit einem Stern, Aminosäuren mit ähnlichen physikochemischen Eigenschaften mit einem Punkt markiert.

Die Chlorophyll-Kofaktoren der ETK werden mit dem vorangestellten Kürzel „eC“, ge-

folgt vom Namen der koordinierenden Untereinheit und der Position innerhalb der ETK benannt.

Die Antennenchlorophylle werden mit dem vorangestellten Kürzel „aC“, dem Namen der koordinierenden Untereinheit und einer fortlaufenden Nummer benannt. Die Nummer ergibt sich aus der Position der koordinierenden Aminosäure in der Sequenz der Untereinheit, gezählt vom N-Terminus. So bedeutet aC-A8, daß dieses Chlorophyll das achte von Untereinheit PsaA koordinierte Chlorophyll ist. Wird ein Antennenchlorophyll axial von einem Wassermolekül koordiniert, so wird die Nummer auf die das Wassermolekül koordinierende Aminosäure bezogen.