

Strukturelle und photochemische Heterogenität in Photorezeptorproteinen

Photorezeptorproteine erlauben die Detektion von Licht und sind damit z. B. für den Sehvorgang und die Nutzung von Licht als Informationsquelle verantwortlich. S Lim et al. (Proc Natl Acad Sci USA (2018) 115:4387–4392) untersuchten strukturell heterogene Subpopulationen in einem cyanobakteriellen Photorezeptorprotein und konnten diese mit heterogenem Verhalten bezüglich der Photochemie in Verbindung bringen.

Die Autoren nutzten hierfür Flüssig-NMR-Studien des Dunkelzustandes, sowie des Photoproduktes des Proteins NpR6012 und leiteten daraus die entsprechenden Proteinstrukturen mit atomarer Auflösung her. Dabei beobachteten sie multiple Konformationen der Aminosäurereste Tryptophan 655 und Asparat 657 im Dunkelzustand. So zeigt Trp 655 ne-

ben der überwiegend vorliegenden Orientierung zum D-Ring des Phycocyanobilin-Kofaktors (PCB) teilweise auch eine Orientierung weg vom D-Ring auf. Mit Bezug auf vorherige Mutationsstudien wurde ein Zusammenhang dieser Orientierung mit Absorption im orangefarbenen Bereich des Spektrums vermutet, welcher dann mittels Fluoreszenzanregungsspektroskopie bestätigt werden konnte. Zeitaufgelöste Studien der rot-absorbierenden Hauptpopulation und der orange-absorbierenden Unterpopulation zeigten, dass letztere keinen vollständige Photokonversion durchläuft.

Sie konnten ebenfalls beobachten, dass Rotation des Trp655 vom *in*- in den *out*-Zustand eine Reorientierung des Asp 657 aus einer vertikalen in eine horizontale Konformation (bezüglich des PCB) induziert. Dies hat wiederum einen Einfluss auf das Wasserstoff-

brückennetzwerk um den Kofaktor. Durch den Wegfall von Gegenionen verändert sich das elektrochemische Potenzial des kationischen Bilin- π -Systems. Diese Veränderung der chemischen Umgebung des PCB könnte somit den spektralen Blau-Shift im Dunkelzustand erklären.

→ Lim et al. liefern mit ihrem Artikel strukturelle Einblicke in das Auftreten spektraler Multiplizität von Cyanobacteriochromen und beschreiben erstmals den Zusammenhang zwischen struktureller und spektraler Heterogenität von Photorezeptoren. Diese Arbeit bildet somit die Grundlage für zukünftige Bemühungen, die photochemischen Eigenschaften von Phytochromen zu beeinflussen.

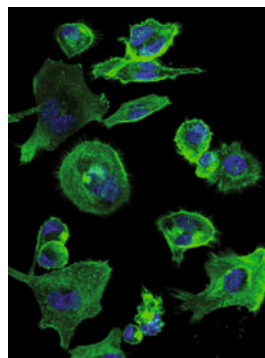
Susanne Altmayer ■

Lactobacillus beeinflusst unser Immunsystem

Milchsäurebakterien gelten als wichtig für unsere Gesundheit, insbesondere Lactobacillus spec., die Mikrobe des Jahres 2018. Zu der Frage, wie Lactobacillus im Organismus wirkt, trägt nun eine Studie der Universität Leipzig bei. Sie belegt, dass Stoffwechselprodukte der Milchsäurebakterien direkt mit HCA3-Rezeptoren auf humanen Immunzellen interagieren und das Immunsystem aktivieren.

G-Protein-gekoppelte Rezeptoren für Hydroxycarboxylsäuren (HCA) sind Regulatoren für das Immunsystem und finden sich auf vielen Säugerzellen. HCA3 ist evolutionär der jüngste Rezeptor und nur bei Menschen und anderen Hominiden vorhanden. A. Peters et al. (PLOS Genet (2019) 15:e1008145) zeigen, dass

Metaboliten wie Phenyl-Milchsäure (D-PLA) effizient HCA3 aktivieren. D-PLA ist seit langem als anti-mikrobieller Wirkstoff bekannt, den speziell Lactobacillen bei der Fermentierung von Lebensmitteln wie Sauerkraut, Joghurt oder Kefir bilden. Die Leipziger Forscher belegen nun, dass bei oraler Aufnahme von D-PLA, wie sie in Joghurt oder Sauerkraut enthalten ist, deren Konzentration im Blut steigt und dadurch der HCA3-Rezeptor stimuliert wird. Dies wiederum aktiviert das Immunsystem über den HCA3-Re-



Diese Immunzellen exprimieren den HCA3-Rezeptor. Kern und Cytoskelett sind gefärbt. Bild: Claudia Stäubert.

zeptor (Makrophagen, Neutrophile, Monocyten). Damit ist zum ersten Mal eine direkte molekulare Interaktion von Lactobacillen (über ihre Metabolite) in unserem Immunsystem belegt.

→ Die Studie ist ein wichtiger Baustein zur Erforschung der positiven Eigenschaften von Bakterien der humanen Mikrobiota. Sie liefert einen direkten Hinweis, warum und wie fermentierte Lebensmittel seit Jahrtausenden traditionell die „gesunde Ernährung“ darstellen.

Christine Lang ■

Dr. Harald Engelhardt, Max-Planck-Institut für Biochemie, Am Klopferspitz 18, D-82152 Martinsried, engelhar@biochem.mpg.de

Dr. Johannes Sander, Falkenstraße 87, D-58553 Halver, jtsander@gmx.de

Dr. Oliver Lenz, TU Berlin, Institut für Chemie, Straße des 17. Juni 135, D-10623 Berlin, oliver.lenz@tu-berlin.de

Prof. Dr. Volkmar Braun, Max-Planck-Institut für Entwicklungsbiologie, Spemannstraße 35, D-72076 Tübingen, volkmar.braun@tuebingen.mpg.de

Prof. Dr. Dietrich H. Nies, Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät I, Institut für Biologie, Kurt-Mothes-Straße 3, D-06120 Halle, d.nies@mikrobiologie.uni-halle.de

Dr. Andreas Seiffert-Störko, Sanofi GmbH, Industriepark Höchst, D-65926 Frankfurt a. M., Andreas.Seiffert-Stoeriko@sanofi.com

Prof. Dr. Christine Lang, ORGANOBALANCE GmbH, Gustav-Meyer-Allee 25, D-13355 Berlin, lang@organobalance.de

■ Autorinnen und Autoren aus der jGBM



Johannes Morstein, New York University, Department of Chemistry, 31 Washington Place, New York, N.Y. 10003, USA, johannes.morstein@gmail.com

Jannis Anstatt, Ruhr-Universität Bochum, Universitätsstraße 150, D-44780 Bochum, Jannis.Anstatt@rub.de

Gregor Leonhardt, TU Dortmund, Emil-Figge-Straße 50, D-44227 Dortmund, Leonhardt@ifado.de

Daniela Kruck, Universität Duisburg-Essen, Fakultät Chemie, Universitätsstraße 5, D-45141 Essen, danikruck@googlemail.com

Susanne Altmayer, Universität Leipzig, Institut für Analytische Chemie, Linnéstraße 3, D-04103 Leipzig, susanne.altmayer@uni-leipzig.de