

含有芳香族残基的一些寡肽的 CD 谱相似。每个 CCGCV 蛋白质亚基上含有 2 个色氨酸, 7 个酪氨酸, 5 个苯丙氨酸残基。这些残基是否和光照诱发的结构变化有关, 尚待进一步研究。

参 考 文 献

- [1] 谭佩幸、曹天钦: 《生理学报》, 1954 年, 19 期 223 页。
- [2] 张友尚、曹天钦: 《生物化学与生物物理学报》, 1962 年, 2 期, 120 页。
- [3] 鲁子贤: 《生物化学与生物物理学报》, 1963 年, 3 期, 154 页。
- [4] 李其梁、鲁子贤: 《生物化学与生物物理学报》, 1964 年, 4 期, 488 页。
- [5] Chien Yüan-jen et al.: *Scientia Sinica*, **14**, 998, 1965.
- [6] 鲁子贤: 《中国科学》, 1981 年, 9 期, 145 页。
- [7] 中国科学院上海生物化学研究所胰岛素组: 《中国科学》, 1976 年, 4 期, 429 页。

- [8] 王淳等: 《胰岛素类似物的内源荧光光谱》(待发表)。
- [9]—[10] 邹永水等: 《第四次中国生物化学学术会议论文摘要汇编》, 3 页, 南宁, 1981 年 11 月。
- [11] 施庆洛等: 《兔小肠蔗糖酶-异麦芽糖酶复合体的圆二色性》(待发表)。
- [12] Chen, Y. H. et al.: *Biochem.*, **13**, 3350, 1974.
- [13] 徐琴钰、鲁子贤: 《生物化学与生物物理学报》, 1981 年, 13 卷, 379 页。
- [14] 罗珊珊、鲁子贤: 《用圆二色性探测绿豆胰蛋白酶抑制剂的构象》(待发表)。
- [15] 施溥涛、鲁子贤: 《生物化学与生物物理学报》, 1980 年, 12 卷, 400 页。
- [16] 鲁子贤, 施溥涛: 《Asn-Ala-Gly-Ala 与 Asn-Ala-Gly-Ala-Asn 在溶液中的构象——远紫外圆二色性》(待发表)。
- [17] 施庆洛等: 《胰岛素原 C 肽中合成肽段的溶液构象》(待发表)。
- [18] Chou, P. Y. et al.: *J. Mol. Biol.*, **115**, 135, 1977.
- [19] 施庆洛等: 《大白菜病毒的圆二色性》(待发表)。
- [20] 鲁子贤等: 《紫外照射诱发的大白菜病毒圆二色性变化》(待发表)。

【本文于 1982 年 2 月 25 日收到】

环糊精的模拟酶作用

文 重 周 晴 中

(北京大学化学系)

环糊精 (cyclodextrin) 早在 1891 年就已发现。但长期以来, 由于化学反应被认为只是发生于分子间的碰撞, 所以具有包接复合作用的环糊精并没有引起人们的重视。

随着酶化学研究的不断深入, 人们认识到, 酶的高效快速催化作用, 在于酶分子在催化反应进行时, 首先能够通过疏水力相互作用, 使反应底物向酶分子定向靠近, 并将底物或底物的一部分立体特异地包接(复合)在酶分子具有疏水微环境的活性中心处。然后, 酶分子活性中心处的活性基团再向底物进攻, 形成反应中间体, 最后生成反应的最终产物。近些年来, 对环糊精性质的研究表明, 它正是一种能包接复合许多种有机和无机分子的简单的大分子化合物。利用其对其他分子的包接(复合)作用来影响和催化一些反应的进行, 也就是说环糊精可作为酶的模型, 正引起人们越来越大的兴趣, 有

关环糊精的化学也有了很大的进展^[1]。

一、环糊精的结构及性质

环糊精是由 6 个或更多的葡萄糖分子形成的环状低聚糖的总称。以 n 表示葡萄糖分子数, $n = 6$ 为 α -环糊精; $n = 7$ 为 β -环糊精; $n = 8$ 为 γ -环糊精。

环糊精分子的形状如轮胎, 它是由几个 D(+) 吡喃型葡萄糖残基, 通过 α -(1.4) 连接而形成的。每个葡萄糖残基均处于无扭变变形的椅式构象, 如图 1 所示。各葡萄糖残基的 C-2 和 C-3 原子上的二级羟基均位于环糊精圆环分子的一端, 而 C-6 上的一级羟基则位于另一端。一级羟基可以自由旋转, 甚至可以部分地将空穴的一端堵塞, 而二级羟基则有相当的刚性, 不能旋转。环糊精分子内部为一个稍呈“V”字形的空穴, 具有二级羟基的一端的直径比具

有一级羟基的另一端直径稍大一些。整个分子可示意为 (I)

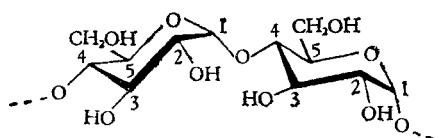
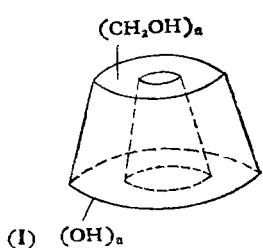


图 1



环糊精空穴内部除了 C-H 基团外，只有一圈糖甙键上的氧原子，因此基本上是疏水性的；极性比水要差的多，但又不完全是非极性的。环糊精内部各相邻的葡萄糖残基的二级羟基还通过氢键相互连结，这些氢键即使在 DMF 中也仍然存在。这些氢键大大影响了二级羟基的反应性。如图 2 所示。

环糊精对于酸性物质十分敏感，例如 β -环糊精在 pH 为 0.133、40°C 时，水解速度常数为 1.0×10^{-5} 分 $^{-1}$ ；100°C 时为 4.8×10^{-2} 分 $^{-1}$ ，与它们相应的半衰期为 48 天和 14 分。

二、包接复合物的形成

形成包接复合物是环糊精的最重要性质之

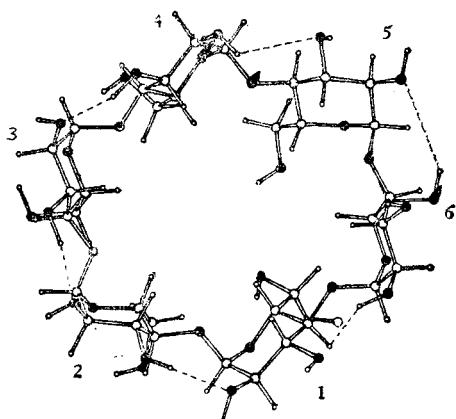


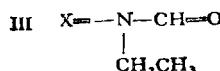
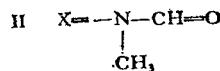
图 2 α -环糊精

一。所谓“包接”(inclusion, 包含)，是指某分子 A(主体)“包含”了异类分子 B(客体)的现象。在溶液中，若共同溶解有 A 和 B，当 A 以结晶析出时，B 也“混杂”于其中，而且 A 与 B 之间又总以一定比例相混。这样得到的结晶，经过 X 射线衍射剖析，常可发现，B 非常规则地存在于 A 的晶格中。这时，B 与 A 的关系就不是一般的不纯物，而是 B 为 A 的包接物。

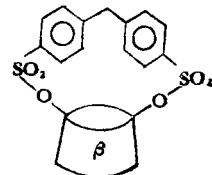
环糊精(主体分子)对某些苯衍生物(客体分子)的包接是 1:1 分子间的包接，此种包接不仅发生于结晶中，而且也发生在溶液中。环糊精轮胎状分子的外侧边框(rim)是亲水性的，而内部空穴(cavity)是疏水性的。当一个与空穴大小相适应的疏水分子遇到它时，则进入环糊精分子的空穴中，形成 1:1 特异包接物。

可被环糊精包接的分子种类繁多，从极性分子如酸、胺、 ClO_4^- 、 SCN^- 和卤族负离子等离子，到非极性分子脂肪族和芳香族碳氢化合物，甚至稀有气体。

环糊精空穴中有醚氧基，所以空穴内部不完全是非极性的。空穴两端对溶剂体系都是敞开的，使底物不易真正固定在空穴中。环糊精分子空穴的直径和深度与许多底物所需要的几



(II) (III)



(IV)

何形状不一定适应。若将环糊精分子的可旋转的一级羟基置换掉，接上一些可以从空穴(底部)一端插入并聚集形成“地板”的疏水基团，则一方面可以增加空穴的非极性，使两端敞开的空穴变成一端“封闭”的疏水口袋，另一方面还可以改变空穴的几何形状，使其与要被束缚的底物的大小形状更相匹配，从而可大大增强对底物的束缚和增加复合的速度。如已制备的化合物(II)和(III)^[2,3]，使空穴的非极性区深度从 β -环糊精的7 Å减为3.7 Å和2.5 Å。

另外，在环糊精的一级羟基处接上疏水基团，也可以提高它对疏水底物的束缚能力。如在环糊精化学中占有重要地位的化合物(IV)，用它束缚1-苯胺基-8-萘磺酸钠比 β -环糊精本身要强24倍。

三、在环糊精包接作用下 进行有机反应的特征

在环糊精包接作用下，反应的特点是：参与反应的“底物”分子先被环糊精分子“包接”，再与作用物发生反应。这与酶促反应颇为相似。所以，利用环糊精包接作用进行有机反应时，具有的酶反应的特征如下：

1. “底物”结构的特异性：例如，结构不同的乙酸苯酯，在环糊精存在下，间位取代者，其水解速度较无取代基者快3—6倍；较对位取代者快30—200倍^[4]。显然与有机反应的一般规律不同。

2. 反应位置的特异性：例如，苯甲醚的氯化反应，在环糊精存在下，几乎是专一地发生于对位^[5]。

3. 反应的不对称特异性：例如，在环糊精存在下，HCN与O-取代，或P-取代的氯代苯甲酸发生加成反应时，最后产物扁桃酸是具有光学活性的^[6]。

4. 反应本身的特异性：例如，OH⁻对 ω -溴乙基- α -萘进行反应时，得 α -萘乙醇(亲核取代反应)。但当有环糊精存在时，反应为消除反应，得 α -萘乙烯^[7]。

四、作为模拟酶模型的环糊精

酶的高效催化性能是通过与底物形成复合物而获得的。自从发现了糜蛋白酶与底物的结合方式是一种环状包接复合物以后，人们就一直在寻找这样的模型化合物。已为人们熟悉的冠醚是环状化合物，环糊精也是环状化合物。环糊精的疏水端处于空穴内侧，亲水端处于环状分子的外侧，这一点与冠醚恰恰相反，而与酶所具有的微环境更相似。因此，环糊精常常表现出卓越的模拟酶的性质。

环糊精的催化作用，可以是共价催化，也可以是非共价催化。环糊精共价催化过程的第一步，是它和底物之间形成包接复合物，第二步是环糊精上的羟基或预先接在环糊精分子上的其他(修饰)基团对底物进行亲核进攻，生成一个共价中间体(过渡状态)，然后共价中间体水解，得到最终产物。环糊精又重新释出。环糊精的非共价催化，则是它的空穴内侧为底物提供了一个低介电常数的微环境，表现出微观溶剂效应，和由于与空穴几何形状匹配的需要，表现出的对底物的构象效应。在环糊精非共价催化过程中不形成过渡状态的共价中间体。

1. 糜蛋白酶催化水解和环糊精催化水解

糜蛋白酶催化水解作用是目前了解得最清楚的酶反应之一。为了说明如何利用环糊精作为模拟酶的模型化合物，先简单回顾糜蛋白酶的作用机制^[8]。

糜蛋白酶对蛋白水解的作用点，是与芳香氨基酸残基相邻的酰胺键。糜蛋白酶有一个疏水性的“口袋”，可特异地包接底物中的芳香核，而在“口袋”顶端一侧，有一个“活性中心”，它是由Ser(195)、His(57)、Asp(102)三个催化基团所组成。这三个氨基酸残基排列成一条直线，如图3所示，其中，Asp(102)为羧基负离子-COO⁻的形式，Ser(195)是未解离的-CH₂OH；当它在溶液中被His(57)及某些非极性的侧链所屏蔽时，Asp(102)经过His(57)自Ser(195)取得质子，可取(图3)(B)的形态。图3(A)与(B)的组合称为“电荷传递网络”(Charge relay

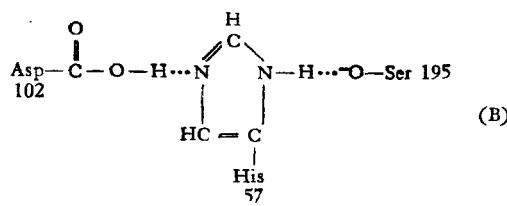
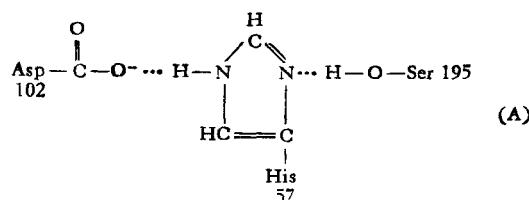


图 3

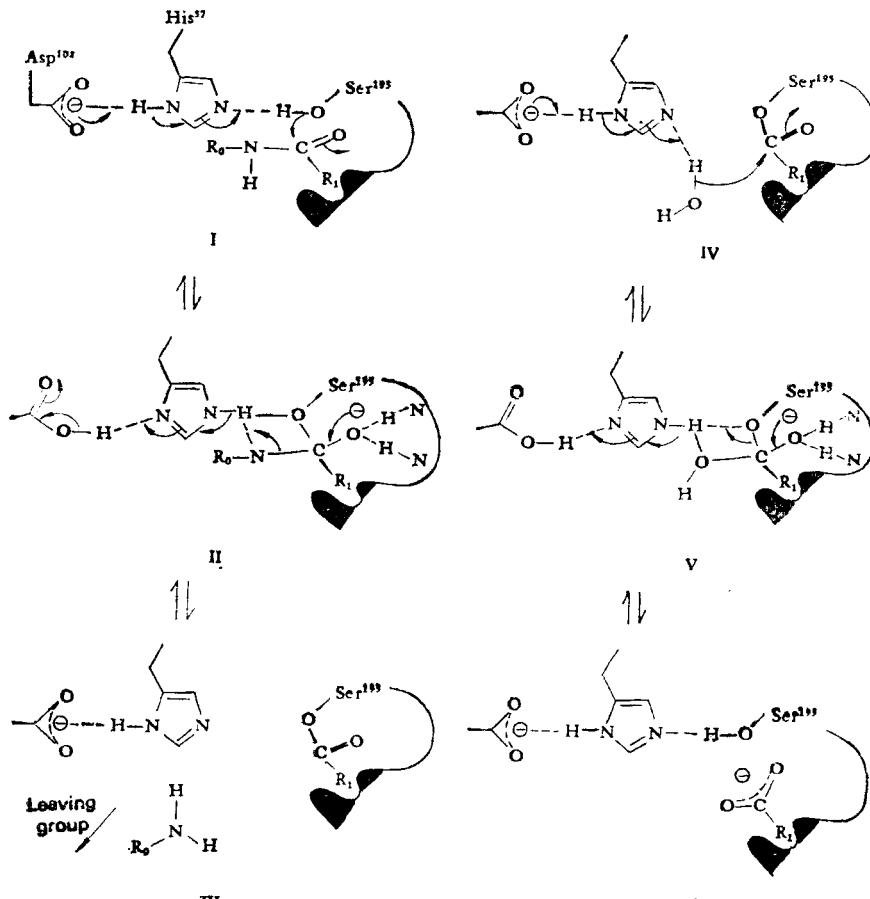
network)。

糜蛋白酶的催化水解作用开始于活性中心

的电荷传递，使 Ser(195) 具有更强的亲核性。它向底物的羧基碳进攻，形成一个过渡的四面体中间体。此时，His(57) 上的质子、与底物氨基上的 N 成键，酰胺键断裂，丝氨酸成酯，即完成了反应的“酰基化”阶段。然后是反应的“脱酰基化”作用阶段，这时水分子与“酰基一酶”中间体作用，糜蛋白重新释出，完成了水解。全部过程如图 4 所示。

环糊精分子与糜蛋白酶有许多共同之处。即：1. 都有一个疏水性空穴可以包接底物；2. 都有一个脂肪羟基作为活性中心；3. 都生成“酰基一酶”或“酰基一环糊精”共价中间体。因此，环糊精对苯酯的水解，可以认为是一种模拟酶的反应。

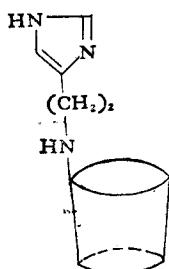
但是二者的水解也有一些重要区别。糜蛋



I. 酶+底物；II. 四面体过渡状态；III. 酰基一酶中间体。以上三者为反应的“酰基化”阶段。IV. 酰基一酶中间体；V. 四面体过渡状态；VI. 酶和底物的水解产物；以上三者为反应的“脱酰基化”阶段。

白酶的反应速度常数在 pH 等于 8 时为最大值，而环糊精催化的苯酯水解反应却是在 pH 等于 13 时为最大值。糜蛋白酶的水解反应速度与非酶促反应速度相比，提高 10^5 — 10^{10} 倍，而 β -环糊精催化苯酯的开裂，反应速度仅比非催化反应速度提高 250—300 倍。但若在反应体系中加入胺，如 1,4-二氮杂双环(2,2,2)辛烷、三乙胺、喹宁、哌啶(pyridine)等亲核试剂，可以大大加速酰基—环糊精中间体的水解，从而使环糊精具有模拟糜蛋白酶的功能。

还可以仿照糜蛋白酶的活性中心部位，在环糊精分子上引入一个咪唑基(它在酰基化作用和脱酰基化作用中都起作用)，与环糊精分子上具有催化作用的一级羟基共同发挥作用，从而使环糊精成为更好的酶的模型。例如：将组胺基接在环糊精分子上，制成化合物(V)，用(V)来催化水解乙酸对硝基苯酯，比使用 α -环糊精快 80 倍，而且可以在大约中性的条件下加速水解反应^[3]。



(V)

另一个改善的办法是在环糊精分子上引进一些非催化基团，使环糊精的空穴几何形状或其他性能与被催化的底物更相匹配，从而可以使反应中被束缚的反应底物经过过渡态到被束缚的四面中间体，再一直到反应产物，全过程始终保持良好的束缚状态(图 5)。这样就可以减少和避免经过过渡态时所需要的脱离束缚作用，降低反应经过过渡态所需要的活化能，如(图 6)所示，从而可以大大加快反应速度^[2]。

将 β -环糊精的七个一级羟基全部对甲苯磺酰化，生成七一对甲苯磺酸酯，再与一甲胺或一乙胺反应，再进一步 N-甲酰化就生成前面

提到的化合物(II)、(III)，用(II)和(III)催化水解乙酸间硝基苯酯和乙酸间叔丁基苯酯的裂解，比用 β -环糊精催化的效力大数十倍^[3]。

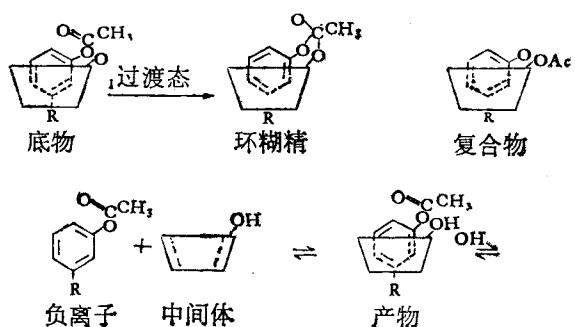


图 5

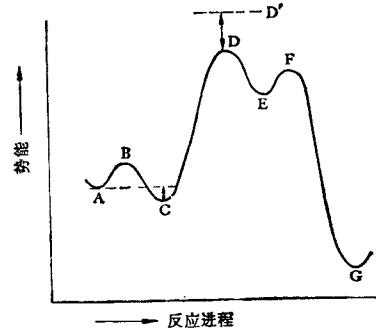
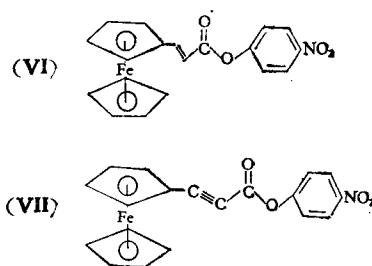


图 6

未包接复合的底物加环糊精 A，越过能障 B 与复合物 C 迅速取得平衡，然后再通过过渡态 D 而得到四面中间体 E，再通过较低的能障 F 而成为产物 G。 $[A-C]$ 底物包接束缚能， $D-D'$ 为需经脱离包接束缚过渡态所需的活化能。 $[D-D']$ 为改进束缚状态后，经过渡态时反应活化能的减少。

若选择可与 β -环糊精形成强束缚的二茂铁类衍生物为底物，可使环糊精催化加速达到酶促反应加速的数量级水平。如用二茂铁-2-丙烯酸和二茂铁-2-丙炔酸的对硝基苯酯(VI)和(VII)为反应底物，使用 β -环糊精催化开裂，速度可增加 7.5×10^5 ^[2]。



2. 核糖核酸酶的模拟

RNase 对 RNA 的水解作用是特异的, 即酶的种类不同; 水解断键的位置也不同。以得自牛胰脏的胰核糖核酸酶 (RNaseA) 为例, 它特异地水解 RNA, 断键位置在持有胞嘧啶 (C) 或尿嘧啶 (U) 碱基的核苷之 5'-位。

其原因是 RNaseA (124 个氨基酸组成) 的活性中心含有一个可与嘧啶基复合的活性部位和两个组氨酸的残基: His(12) 和 His(119)^[10]。酶水解反应的第一步是 RNaseA 的活性中心与底物 RNA 的嘧啶碱基进行氢键复合。以碱基为尿嘧啶 (U) 者为例, 如图 7 所示。

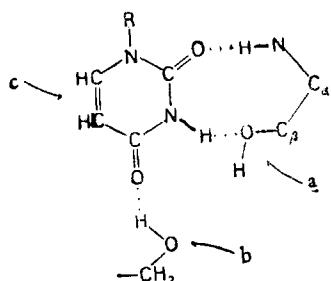


图 7

a—酶的苏氨酸侧链 b—酶的丝氨酸侧链
c—底物的尿嘧啶环

RNA 长链进入 RNaseA 的活性中心部位的是持有 U (或 C) 碱基的核苷; 这个核苷的核糖与 RNaseA 的活性中心处的两个 His 残基靠近, 如图 8:

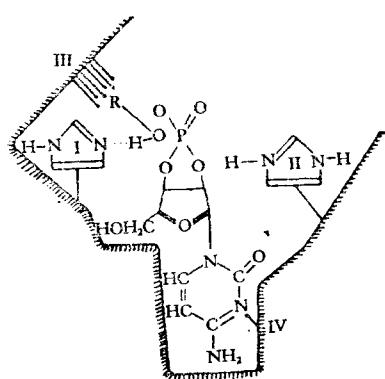


图 8 核苷酸酶对底物的包接

RNaseA 咪唑基 His(12) 和 His(119) 具有酸式或碱式的结构, 所以它可以对底物发生酸-

碱催化作用。反应的第一步是形成 2', 3'-环形磷酸酯。第二步是 2', 3'-磷酸酯的开环, 得到 2'-OH, 3'-磷酸酯(图 9)。

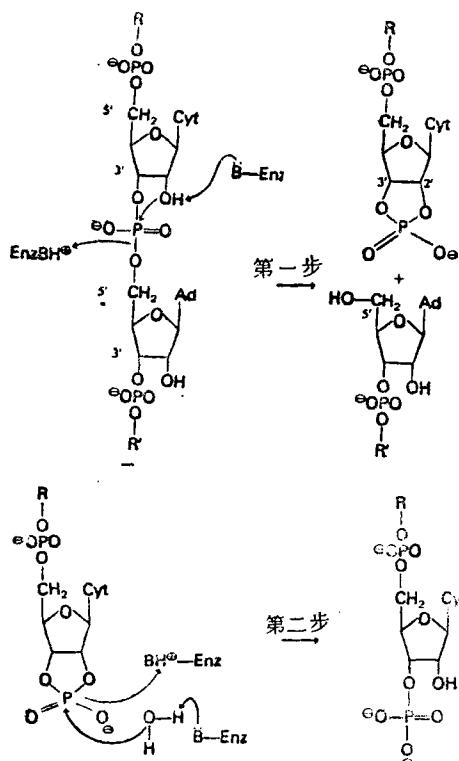


图 9

Enz—酶; B—咪唑碱式结构;
BH³⁺—咪唑酸式结构

1978 年, R. Breslow 等人^[11]在环糊精分子上连接了两个咪唑基, 制备了化合物 (VIII)。这个化合物具有 RNase 模型的性质。它有一个空穴, 可以包接某些分子, 在其活性部位, 有两个咪唑基, 与 RNase 很相象。当他们用 4-叔丁基邻苯二酚的环磷酸酯 (IX) 为底物时, 叔丁苯基可被环糊精空穴包接, 环状磷酸基则接近环糊精上的两个咪唑环, 一个咪唑环用于碱催化, 传递水分子给底物的磷原子; 另一个咪唑环被 N-质子化, 成为咪唑正离子, 进行酸催化, 将一个质子传递给环状磷酸酯上的氧原子, 水解一个 P—O 键, 整个催化过程如图 10 所示, 为一线性机制。

化合物 (IX) 在没有催化剂时, 在溶液中水解时, 得等量的 (X) 和 (XI) 的混合物(图 11)。

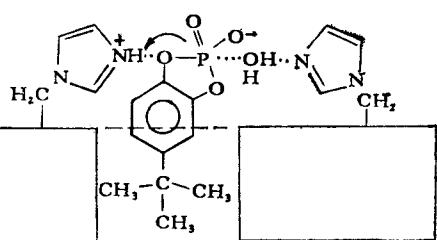
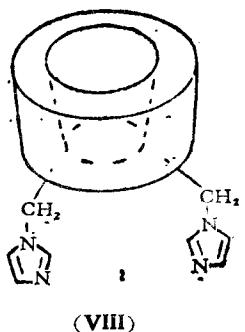


图 10 线性水解机制

令人感兴趣的是,当用化合物 (VIII) 模拟 RNase 水解 (IX) 时,具有很好的选择性,产物将只是 (X),而不是 (XI),符合上面所描述的线性机制。

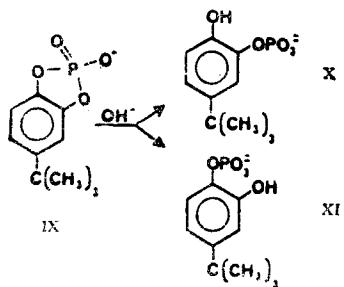
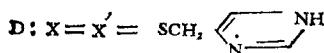
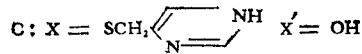
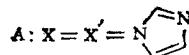
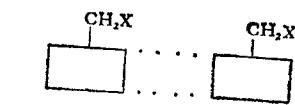


图 11 4-叔丁基邻苯二酚的环磷酸酯的水解

进一步研究发现,当使用几何形状不同的核糖核酸酶模型时,可以使底物 (IX) 在完全相反的方向催化开裂,只得 (XI),而没有 (X)。当用化合物 (XII)A、(XII)B 时,产物为 (X);当用化合物 (XII)C、(XII)D 时,则产物为 (XI)^[12]。

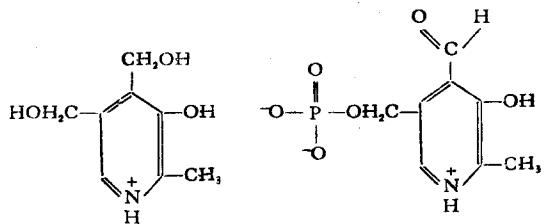
3. 转氨酶的模拟

磷酸吡哆醛 (pyridoxal phosphate, PLP) 是各种转氨酶的辅基,它是由吡哆醇 (维生素 B₆) 衍生而来的。在氨基转移作用中, 磷酸吡哆醛



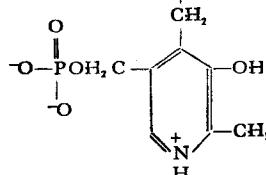
(XII)

转化为磷酸吡哆胺 (pyridoxamine phosphate, PMP)。



维生素 B₆

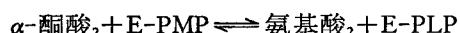
磷酸吡哆醛(PLP)



磷酸吡哆胺 (PMP)

反应过程为转氨酶(酶-PLP)先与其底物形成醛亚胺型共价的 Schiff 碱中间体, 双键再进行转移, 成为酮亚胺型 (Ketimine), 酮亚胺型进行水解, 生成 α -酮酸和 PMP (图 12)。

上述转氨反应全过程可写为:



根据转氨酶的反应机制, 研究非酶条件下, PLP 与氨基酸, PMP 与 α -酮酸的作用, 发现反应速度虽然较慢, 但可以发生氨基的转移。使

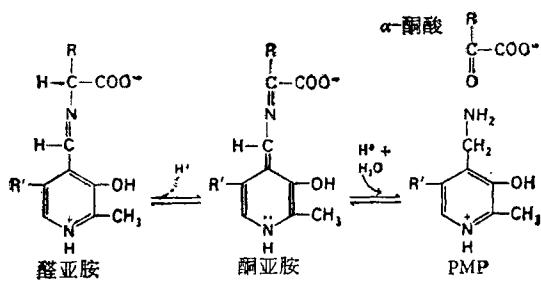
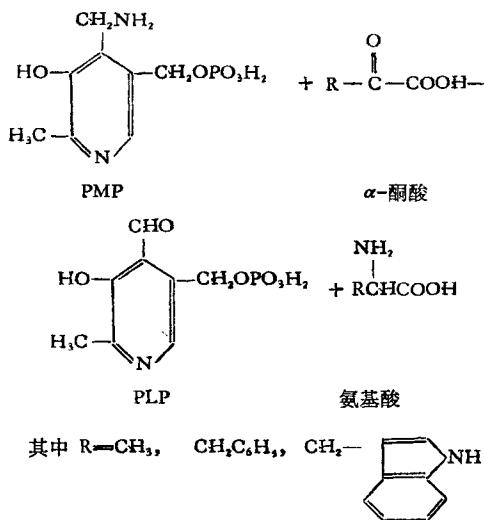
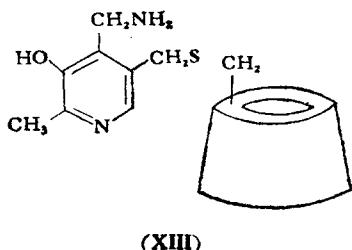


图 12

用不同的 α -酮酸与磷酸吡哆胺反应，发现吡哆胺对三个不同的酮酸的反应性是相等的。



如果在反应液中加入 β -环糊精，结果仍不变，用三种 α -酮酸得到的三种氨基酸的收率相等。当把吡哆胺分子接到 β -环糊精上制成环糊精衍生物(XIII)时，与 α -酮酸反应，发现对三种不同的酮酸有不同的反应性^[13]。由于环糊精空穴可以包接芳香环，化合物(XIII)与苯丙酮酸，



吲哚丙酮酸反应生成相应的苯丙氨酸和色氨酸的速度比用吡哆胺与这两个酮酸反应的速度加快二百倍以上，而(XIII)与丙酮酸反应生成丙

氨酸的速度不变。因此当溶液中有等分子量的吲哚丙酮酸和丙酮酸同时存在时，用环糊精衍生物(XIII)进行氨基转移，在适宜的条件下，几乎只生成色氨酸。当用等分子量的苯丙酮酸和丙酮酸与它反应时，产物在反应达到平衡以前，几乎 98% 都是苯丙氨酸。反应可用反应中间体的结构加以说明。如图 13 所示：

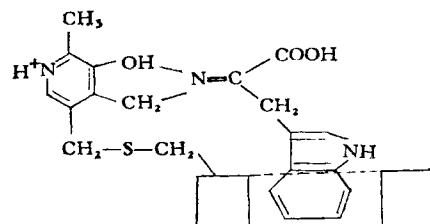


图 13

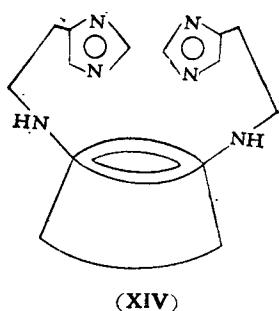
β -环糊精是具有光学活性的物质，因此可以预料，所得的氨基酸产物，也应当具有光学活性。例如，所得到的二硝基苯基色氨酸约有 12% 过量的 L-异构体，二硝基苯基苯丙氨酸可以有高达 52 ± 5% 过量的 L-异构体。这些光学异构体的旋光方向与环糊精催化剂的旋光方向相反。

4. 碳酐酶的模拟

现已知道，碳酐酶的活性中心处有一个被三个咪唑基环绕的二价锌离子，依靠疏水相互作用， CO_2 被束缚在碳酐酶的活性中心处，并紧密靠近二价锌离子。被二价锌离子活化的水分子进攻 CO_2 而生成碳酸，其中还涉及一个咪唑基的碱性催化。但到目前为止，碳酐酶的详细作用机制还不清楚。因此还没有做出适当的碳酐酶的模型。

现用化合物(XIV)束缚二价锌离子来模拟碳酐酶。当用环糊精的二碘化合物与过量的组胺反应则生成化合物(XIV)^[14]。其中环糊精部分提供了一个疏水口袋，咪唑基可束缚二价锌离子，并靠近在口袋的边上。再加上适当的碱，就提供了一个碳酐酶的模型。

当把此化合物的热溶液与 CO_2 热溶液混合即可在指示剂对硝基酚的帮助下，在分光光度计上观察到碳酸的生成。虽然催化活性尚比



碳酐酶低的多，但是却观察到了碳酐酶的活性是由环糊精的疏水环境和束缚到咪唑上的二价锌离子所提供的。若再引入另外的碱，则可提高催化反应活性。

五、结 束 语

酶催化的化学模拟，一直是一个重要研究课题，但至今尚未取得显著进展，其主要困难在于生物催化的选择性和活性主要和酶的蛋白质部分有关，不能简单地用一个低分子的辅酶或具有催化活性的化合物来模拟，而应当从酶分子对底物的包接和催化两个方面联系起来进行模拟。因此，有关包接作用对有机反应的影响，广义地说都可以看成是酶的模拟研究。

在具有包接复合作用的化合物中，环糊精结构简单，更接近于酶分子的微环境，因此受到人们的重视。通过向环糊精分子中引入不同的

基团，改变环糊精的性能，正在为一些生物体内的反应在实验室中重现提供一条重要的途径。环糊精不但可以包接许多有机和无机分子，还可以包接体内近六分之一的酶，利用它有可能实现人工肝或人工肾的代谢机能；如果在环糊精分子上引入合适的官能团，提高它对某些酶的特异捕获能力，很可能使它在人造血液的工作中发挥作用。总之，随着环糊精化学的进展，必将在关于酶的理论和实践的研究中有更多的发现。

参 考 文 献

- [1] Bender, M. L., Komiyama M.: *Cyclodextrin Chemistry*, 1978.
- [2] Breslow, R., et al.: *J. Amer. chem. Soc.*, **102**, 762, 1980.
- [3] Emert, J., Breslow, R.: *ibid.*, **97**, 670, 1975.
- [4] Beuder, M. L. et al.: *ibid.*, **88**, 2318, 1966.
- [5] Breslow, R., Campbell, P.: *ibid.*, **91**, 3085, 1969.
- [6] Cramer, F. Dietche, W.: *Chem. Ber.*, **92**, 1739, 1959.
- [7] 田伏, 下川, 篠田: 日化第36年会 (1977), II, p.820
- [8] Walch, C.: *Enzymatic Reaction Mechanisms*, 1979.
- [9] Iwakura, Y. et al.: *J. Amer. Chem. Soc.*, **97**, 4432, 1975.
- [10] Findlay, et al.: *Biochem. J.*, **85**, 152, 1962.
- [11] Breslow, R., et al.: *J. Amer. Chem. Soc.*, **100**, 3227, 1978.
- [12] Breslow, R., et al.: *ibid.*, **102**, 2112, 1980.
- [13] Breslow, R., et al.: *ibid.*, **102**, 421, 1980.
- [14] Tabushi, I., et al.: *ibid.*, **102**, 1152, 1980.

[本文于1981年10月7日收到]

细菌光合作用的原初过程

梅 镇 安

(北京大学生物系)

开展光合作用原初过程研究的一、二十年里，以光合细菌方面进展较快，其主要原因是成功地提纯了作用中心。

光合作用原初过程的二个主要组成部分是光物理过程与光化学过程。虽然现在已有了微微秒光谱技术，但是光物理过程方面的知识比

较贫乏。从叶绿素吸收光能后，到电荷分离，从电荷分离再形成跨膜电位，这方面的情况依然很模糊，即使在光合细菌方面也是如此。近几年的工作主要在光化学反应。这是一系列的氧化还原反应。对这些反应，人们的兴趣是探讨供体与受体的物理化学本质。现将近几年来光