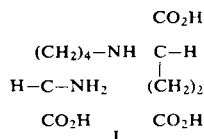


Proteine und Aminosäuren

Saccharopin, eine neue Aminosäure aus Hefe

P. O. Larsen und A. Kjaer, Aarhus (Dänemark)

Aus wäßrigen Extrakten von Bäcker- und Brauereihefe (Heißextraktion) ließ sich eine neue Aminosäure isolieren, welche die Zusammensetzung $C_{11}H_{20}O_6N_2$ (drei Carboxylgruppen) hat. Die Struktur (I) konnte durch Synthese aus 2-Ketoglutarinsäure und N^2 -(p-Toluolsulfonyl)-L-lysin bewiesen werden. Sowohl im Lysin- als auch im Glutaminsäureteil hat die neue Aminosäure L-Konfiguration. Sie wird daher als L-Saccharopin bezeichnet. Das bei der Synthese neben (I) entstehende Diastereomer hat im Glutaminsäureteil D-Konfiguration und heißt daher D-allo-Saccharopin.



Chemie des Botulinus-Toxins

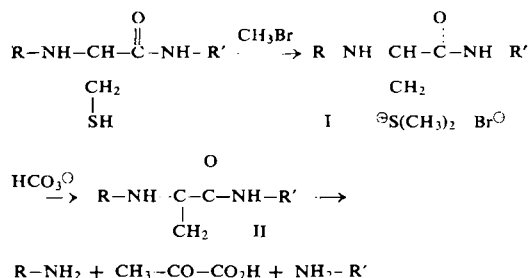
D. A. Boroff und R. J. Suhadolnik, Ridgefield, Conn. (USA)

Das Toxin von *Clostridium botulinum* fluoresziert im ultravioletten Licht. Verfahren und Reagentien, welche die Fluoreszenz löschen, beeinflussen auch die Toxizität. *Cl. botulinum* benötigt wesentlich mehr Tryptophan, um das Toxin zu synthetisieren als um zu wachsen. N-Bromsuccinimid, das mit dem im Toxin enthaltenen Tryptophan reagiert, löscht die Fluoreszenz und hebt die Giftigkeit des Toxins auf. Eine 6 M Harnstofflösung entgiftet das Toxin gleichfalls, jedoch ohne die Fluoreszenz zu löschen. Offenbar ändert die Harnstofflösung die räumliche Beziehung zwischen den für die Fluoreszenz verantwortlichen Tryptophanresten und dem Rest des Moleküls. Die Giftigkeit des Toxins geht auch verloren, wenn man es zu einem monomolekularen Film ausbreitet. Es scheint also, daß sowohl Tryptophan als auch eine bestimmte räumliche Struktur des Eiweißmoleküls für seine Toxizität erforderlich sind. In vivo wird das Toxin durch Tryptophan und dessen Derivate (z. B. Serotonin) entgiftet.

Chemische Spaltung von Peptiden an Cysteinresten

A. Patchornik, M. Sokolovsky und T. Sadeh, Rehovot (Israel)

Die selektive Spaltung von Peptidketten an Cysteinresten gelingt durch Umwandlung der Cystein- in Dehydroalanin-Reste und anschließende Hydrolyse mit verdünnter Säure oder Base. Durch erschöpfende Alkylierung der SH-Gruppe mit CH_3Br erhält man das Sulfoniumsalz (I), das bei mildem Erwärmen mit verdünnter Hydrogencarbonat-Lösung in das Olefin (II) übergeht. II isomerisiert sich offenbar zu einer Schiffbase, die dann hydrolytisch gespalten wird.



Statt die SH-Gruppe zu methylieren, kann man sie dinitrophenylieren. S-Dinitrophenyl-glutathion liefert bei Raumtemperatur mit 0,2 N NaOH in 30 min mit 80 % Ausbeute das Dehydroalanin-Derivat, das zu Glutaminsäure, Pyruvat und

Glycin hydrolysiert wird. Möglicherweise lassen sich ähnliche Reaktionen zur selektiven Spaltung von Peptiden an Serinresten verwenden.

Erste Schritte bei der thermischen Denaturierung von Serumalbumin

P. Poszwiński, Warschau

In Gegenwart von Caprylat-Ionen oder Anionen anderer Fettsäuren ist gelöstes Serumalbumin verhältnismäßig hitzebeständig. 6 bis 10 Mol Caprylat/Mol Protein genügen, um die thermische Denaturierung des Albumins zu verhindern, obwohl das Proteinmolekül mehr als 100 positiv geladene Gruppen enthält, welche die Fettsäureanionen binden können. Enthält die Albumin/Caprylat-Lösung zusätzlich basische Aminosäuren, so vermindert dies den stabilisierenden Effekt des Caprylates. Am wirksamsten ist Arginin. Einfache Amine, vor allem Hydroxylamin und Hydrazin, heben die stabilisierende Wirkung des Caprylates gleichfalls auf. Elektrophoretische und viscosimetrische Untersuchungen zeigen, daß der erste Schritt bei der Hitzedenaturierung des Albumins in einer Dimerisierung besteht. Offenbar werden dabei positiv geladene Gruppen in den Proteinmolekülen von Argininresten anderer Proteinketten gebunden.

Ein neues proteolytisches Enzym aus *Streptomyces griseus*

M. Nomoto und Y. Narahashi, Tokio

Aus dem Kulturmedium des zur Streptomycin-Produktion verwendeten *Streptomyces griseus* wurde chromatographisch ein neues proteolytisches Enzym isoliert (Molgewicht: 20000; Aktivitätsoptimum bei pH 7-8). Ca^{2+} -Ionen stabilisieren das Enzym, dessen Substratspezifität sehr gering ist. Proteine werden zu 70 bis 90 % (verglichen mit Säurehydrolyse) hydrolysiert. Synthetische Substrate (Di- und Tripeptide, Amide, Ester) werden gleichfalls gespalten. Im Gegensatz zu Trypsin. Chymotrypsin und Esterasen wird das Enzym durch Diisopropylfluorophosphat nicht gehemmt. Sein aktives Zentrum scheint also anders gebaut zu sein als das vergleichbarer Enzyme.

Molgewicht und Aminosäuregehalt des erythrogenen Scharlachtoxins

I. V. Kuschko, Moskau

Ein Verfahren zur Reinigung des erythrogenen Scharlachtoxins besteht im wesentlichen aus folgenden Schritten: Fällung mit 62 % gesättigter Ammoniumsulfat-Lösung, isoelektrische Fällung bei pH 4,0 und fünfmalige Fällung mit zwei Volumenteilen Äthanol in Gegenwart von 1,4 % Ammoniumsulfat. Man erreicht so eine 100- bis 200-fache Anreicherung. Die Präparate enthielten $2 \cdot 10^8$ bis $3 \cdot 10^8$ Hauteinheiten Toxin/ml oder $1,2 \cdot 10^8$ bis $1,8 \cdot 10^8$ Hauteinheiten/mg Stickstoff. Farbige Verunreinigungen konnten durch Chromatographie an Al_2O_3 entfernt werden, das Toxin wurde mit 20-proz. Ammoniumsulfat-Lösung eluiert. Optimale Bedingungen für die Kristallisation des Toxins sind: hohe Toxinkonzentration (10 mg Protein/ml oder mehr), Anwesenheit von Ammoniumsulfat (1 bis 20 %, je nach Proteinkonzentration), Temperatur zwischen 2 und 6 °C, pH 6,6 bis 7,0. Bei der Elektrophorese und in der Ultrazentrifuge erweist sich das kristalline Toxin als einheitlich. Sedimentations- und Diffusionskonstante: $S = 2,76 \cdot 10^{-13}$ sec, $D = 8,6 \cdot 10^{-7}$ cm²/sec. Aus diesen Werten ergibt sich ein Molgewicht von 29000. Quantitative Chromatographie ergab, daß das Toxin aus 16 Aminosäure-Arten besteht (in Klammern Zahl der Aminosäurereste/Toxin-Molekül): Asparaginsäure (44), Glycin (30), Leucin und Isoleucin (22), Glutaminsäure (20), Alanin (18), Serin (16), Tyrosin (15), Prolin (14), Valin (11), Cystin (10), Histidin (7), Phenylalanin (7), Lysin (5), Arginin (5), Tryptophan (3).