

Kombinationsabbruch berechnet werden. Bewußt wird auf das experimentell schwierigere Zahlenmittel des Polymerisationsgrades sowie auf Fraktionierung verzichtet.

Anwendung des Verfahrens auf zahlreiche Polystyrolproben ergibt für dieses Polymere reinen Kombinationsabbruch.

Theorie und Praxis der Bestimmung der Teilchengrößenverteilung in der Ultrazentrifuge

H.-J. Cantow, Marl

Bestimmt man die Größenverteilung suspendierter Teilchen in der Ultrazentrifuge nach dem Lichtabsorptionsverfahren, so erhält man die Anteile der von jeder Größe vorhandenen Partikeln in „gewichtsoptischen“ Prozents. Diese Werte sind systematisch verfälscht, weil die Lichtabsorption keine einfache Funktion der Teilchenkonzentration ist. Da die Extinktion von bei der Meßwellenlänge nicht konsumptiv absorbierenden Partikeln durch deren Lichtstreuung (Mie-Effekt) bedingt ist, gehen Teilchengrößen und relativer Brechungsindex ein. Der Einfluß der Teilchengröße macht sich desto stärker bemerkbar, je breiter die Verteilungsfunktion ist. Es wird ein Eichverfahren zur Eliminierung dieser Einflüsse vorgeschlagen. Durch Messungen an vorgegebenen Mischungen aus Latices verschiedener Teilchengröße sowie Rechnung nach der Mie-Theorie wird die Brauchbarkeit der Methode am Beispiel der Polystyrollatices belegt.

Die Absorptionskurven werden direkt photoelektrisch registriert. Da eine Registrierung nur 2,7 sec dauert, kann rasch zentrifugiert werden, ohne daß die Aufnahme der Absorptionskurve mit dem Sedimentationsvorgang interferiert. Es wird sowohl die ungleichmäßige Bildausleuchtung automatisch korrigiert als auch die örtliche Teilchenlage auf const. Teilchengröße umgerechnet.

Zur Auswertung der Messungen, einschließlich der Berücksichtigung des Mie-Effektes, wird ein elektronisches Analogrechenggerät benutzt.

Über die Glastemperatur von Copolymeren

K. H. Illers, Ludwigshafen/Rh.

Aus der Temperaturabhängigkeit des Brechungsindex oder des mechanischen Verlustmoduls wird die Glastemperatur T_g von amorphen Copolymeren aus 10 Monomerenpaaren in Abhängigkeit von der Zusammensetzung der Copolymeren bestimmt, ferner die Abhängigkeit des kubischen Ausdehnungskoeffizienten von der Zusammensetzung. Diese Ergebnisse sowie Literaturdaten werden an Hand der Gordon-Taylor-Gleichung

$$(T_g - T_{g1}) c_1 + K(T_g - T_{g2}) c_2 = 0$$

diskutiert. T_{g1} und T_{g2} sind die Glastemperaturen der Homopolymeren. Die Konstante K ist der Quotient aus $\Delta\beta_2$ und $\Delta\beta_1$, wobei $\Delta\beta$ die Differenz der Ausdehnungskoeffizienten oberhalb und unterhalb T_g ist, wenn die Konzentrationen in Gewichtsbrüchen angegeben werden.

Zahlreiche Systeme lassen sich durch die Gordon-Taylor-Gleichung quantitativ beschreiben. Abweichungen ergeben sich vor allem dann, wenn bei der Copolymerisation intramolekulare oder spezifische zwischenmolekulare Wechselwirkungen (z.B. H-Brücken) stark geändert werden.

Falls die Glastemperatur eines Homopolymeren nicht direkt gemessen werden kann, läßt sich die Gordon-Taylor-Gleichung nach Überprüfung ihrer Voraussetzungen als Extrapolationsvorschrift verwenden, um aus den Glastemperaturen von Copolymeren diejenige des Homopolymeren zu gewinnen. Dies wird auf Copolymere des Äthylens angewendet, und man erhält für das 100% amorphe Polymethylen $T_g = -78^\circ\text{C}$. [VB 683]

Biochemische und klinische Problematik der Molekular-Genetik

Die Deutsche Akademie der Naturforscher LEOPOLDINA veranstaltete diese Vortragsstagung am
26. und 27. Januar 1963 in Halle/Saale

Am 1. Tag wurden Probleme der genetischen Information der Proteinsynthese in der Zelle abgehandelt, während die Vorträge des 2. Tages klinischen Problemen gewidmet waren. Sie zeigten, daß die fortschreitende Erkenntnis des molekularen Geschehens in der Zelle einen Einblick in die Pathogenese erblich bedingter Krankheiten ermöglicht und damit zu einer kausalen Therapie führt.

Das Begriffsschema der Molekulargenetik

M. Delbrück, Berkeley-Köln

Die Molekulargenetik versucht das Vererbungsgeschehen durch die zugrundeliegenden molekularen Umsetzungen zu erklären. Zum besseren Verständnis der Vorträge über spezielle Probleme der Bildung spezifischer Eiweißmoleküle wurden folgende Begriffe erläutert: Informationsspeicherung in der Desoxyribonucleinsäure (DNS) durch bestimmte Anordnung der Nucleotide (Dreier-Code); Bedeutung der Struktur der DNS als Doppelhelix, die durch Verzwinung zweier Polynucleotidketten gebildet und durch H-Bindungen zwischen den Purinen und Pyrimidinen der beiden Ketten stabilisiert wird, für die Replikation der DNS und die Weiter-

gabe der Information an die Messenger-Ribonucleinsäure (m-RNS): Zusammenlagerung der m-RNS, der Matrice für das zu bildende Eiweißmolekül, und den Transfer-RNS, welche die Aminosäuren an den Ort der Eiweißsynthese heranhelfen durch H-Bindungen zwischen den Basen. Dem Codon in der m-RNS muß ein Anti-Codon in den Transfer-RNS entsprechen.

In der Diskussion wurde darauf hingewiesen, daß bei einer Replikation der DNS die Doppelhelix nur teilweise entwirrt werden muß. Es ist noch nicht bekannt, wie die sehr langen Fäden der Nucleinsäure-Moleküle von der Zelle gehandhabt werden.

Die Rolle des Zellkerns in der Proteinsynthese und der Morphogenese

J. Brachet, Brüssel

In Amöben und Acetabularia wird sowohl die m-RNS als auch die Ribosomen-RNS in Abhängigkeit vom Kern gebildet, da ihre Synthese nach Entfernung des Kerns sofort gestoppt wird. Der Übertritt von Kern-RNS ins Cytoplasma ließ sich durch Markierungsversuche zeigen. Die Herkunft

der Transfer-RNS ist noch nicht geklärt, ebenfalls die Frage, ob sich die Chloroplasten-RNS autonom vermehrt.

Im Zusammenhang mit diesem Problem wurde die Frage diskutiert, ob in den Chloroplasten DNS enthalten ist. Im Institut von Professor *Mothes* wurde mikroautoradiographisch nachgewiesen, daß Thymidin in sich teilende Chloroplasten von jungen, wachsenden Blättern eingebaut wird, nicht jedoch in alte, ausgewachsene Blätter. Die Versuche zeigen, daß die Chloroplasten DNS enthalten, die einem Stoffwechsel unterliegt. Damit wäre eine DNS-abhängige, Kern-unabhängige RNS-Synthese in Chloroplasten denkbar.

Der Kern beeinflusst die Eiweißsynthese nur indirekt, da sich bei *Acetabularia* die produzierte Eiweißmenge erst drei Wochen nach Kernentfernung vermindert. Demnach scheint die m-RNS in *Acetabularia* eine bedeutend längere Lebensdauer zu haben als in Bakterien.

Die m-RNS scheint die Morphogenese zu beeinflussen, da sie in kernlosen Hälften von *Acetabularia* nach RNase-Behandlung unterbleibt und in kernhaltigen durch Actinomycin gehemmt wird. Es ist jedoch nicht geklärt, ob die morphogenetischen Substanzen mit der m-RNS oder mit einem spezifischen, RNS-kontrollierten Eiweiß identisch sind.

Die Versuche mit sich teilenden Amphibien-Eiern erweisen die Bedeutung eines RNS-Gradienten für die Differenzierung des Eies.

Zur Morphogenese von Phagen und deren genetische Determinanten

E. Kellenberger, Genf

Die Stufen der Phagensynthese können durch Hemmung mit spezifischen Inhibitoren oder durch Untersuchung von Mutanten ermittelt werden. Die Untersuchung von T₄-Mutanten ergab, daß mindestens 50 Gene für die Entwicklung des Phagen notwendig sind. Man unterscheidet

1. Gene für die Synthese der DNS und
2. Gene für die Synthese der Phagenproteine, deren Anordnung auf dem Chromosom ermittelt wurde.

Kleinere Gruppen innerhalb dieser Hauptgruppen umfassen die Gene, deren Funktion denselben Phagenbestandteil betrifft. Mutationen, die die Synthese der Phagen-DNS blockieren, verhindern die Funktion aller Gene der 2. Hauptgruppe. Elektronenmikroskopische Aufnahmen zeigten Phagenfragmente, die nach Blockierung von Teilreaktionen entstanden waren.

Zur Chemie und Biochemie der löslichen Ribonucleinsäure

H. G. Zachau, Köln

Die Transfer-RNS hat die Funktion, die aktivierten Aminosäuren so an die m-RNS heranzuführen, daß die Aminosäuren geordnet an die wachsende Peptidkette angelagert werden. Es wird angenommen, daß m-RNS (Matrize) und Transfer-RNS (Adaptor) durch H-Bindungen zwischen Nucleotiden (Dreier-Code) spezifisch aneinandergelagert werden. Um den für die Anlagerung verantwortlichen Molekülbereich der Transfer-RNS (Anti-Codon) analysieren zu können, ist es notwendig, die für jede Aminosäure spezifische Transfer-RNS aus dem Gemisch der löslichen RNS zu isolieren, z. B. durch Gegenstromverteilung des Tri-n-butyl-ammoniumsalzes der RNS. Nach fermentativer Spaltung der gereinigten RNS können die Spaltprodukte chromatographisch getrennt und ihre Nucleotidzusammensetzung bestimmt werden. Das Zusammenfügen der Bruchstücke ist jedoch noch nicht gelungen; somit ist die Struktur des Anti-Codon noch nicht bekannt. Auch die Enzym-Erkennungsstruktur, die in der Transfer-RNS enthalten sein muß, ist unbekannt. Weitere ungelöste Fragen sind:

Gibt es 20 oder mehr Transfer-RNS?

Woher bezieht die Transfer-RNS ihre Spezifität?

Ribosomen und der molekulare Mechanismus der Proteinsynthese

A. Gierer, Tübingen (vorgetr. von H. G. Zachau)

Die optimalen Bedingungen für eine Eiweißsynthese sind nur dann gegeben, wenn mehrere S₇₀-Ribosomen durch die m-RNS miteinander verbunden sind zu Partikeln von ca. S = 150 (S = Sedimentationskonstante). Diese Aggregate zeigen auch nach Zugabe von synthetischer m-RNS keinen erhöhten Aminosäure-Einbau.

In der Diskussion wurde nach der Funktion der Ribosomen-RNS gefragt. Es ist nicht anzunehmen, daß sie nur Trägerfunktion besitzt und im übrigen inert ist, da es offenbar eine Zuordnung von m-RNS zu bestimmten Ribosomen gibt.

Zur experimentellen Analyse des Aminosäure-Codes

J. H. Matthaei, Tübingen

Die Reihenfolge von je drei Nucleotiden in der m-RNS liefert den Code für die Aminosäure-Sequenz in den Polypeptiden. Das beweisen Untersuchungen von Mutanten. Die Matrizenfunktion ist nachweisbar in einem zellfreien System, dem in vitro eine neue m-RNS (Virus-RNS oder Polyuridylsäure) hinzugefügt wird. So konnten mit synthetischen Polynucleotiden als m-RNS Aussagen über den Code für die Aminosäuren gewonnen werden. Es ist noch nicht bekannt, von welchem Ende der Polynucleotidkette her der Code abzulesen ist. Zur Klärung dieser Frage wären Experimente erwünscht, bei denen Trinucleotide in die m-RNS eingebaut werden oder Trinucleotide nach *Schramm* durch Polyphosphate polymerisiert werden.

Es ist damit zu rechnen, daß nicht alle Codons nebeneinander vorkommen können. Es besteht sicher eine Beeinflussung der Nachbarbasen.

Prof. *Wacker* (Frankfurt/M.) wies in der Diskussion darauf hin, daß eine m-RNS, die statt Uracil Brom-Uracil enthält, nicht wirksam ist. Ein Code, der nur aus Purinen besteht, ist gegenüber UV-Bestrahlung resistent, während ein Pyrimidin-Code verändert wird.

Untersuchungen über die Biosynthese des Tabakmosaik-Virus

G. Schramm, Tübingen

Die Virusbiosynthese erfordert 30 h. Dabei folgen nacheinander die Teilprozesse:

1. 5–10 h: Freisetzung der RNS,
2. 10–15 h: Wachstum der RNS,
3. 3–5 h: Wachstum des Proteins,
4. 5–8 h: Produktion des hochmolekularen Proteins.

Es ist noch ungeklärt, ob die RNS-Synthese die Anwesenheit von DNS als Primer erfordert oder ob die RNS selbst als Primer wirken kann. Die Isolierung einer RNS-Polymerase aus Tabakblättern ermöglicht eine experimentelle Prüfung. Ein Gemisch der Purin- und Pyrimidintriphosphate (ATP, GTP, UTP, CTP) wird durch Polymerase vorwiegend in Oligonucleotide mit einer Sedimentationskonstanten S = 1 bis 1,5 überführt. Nur ca. 0,2% des Reaktionsproduktes haben ein höheres Molekulargewicht und befinden sich in der gleichen Fraktion wie TMV-RNS. Der Gehalt an Polymerase ist in gesunden und TMV-infizierten Blättern gleich. Dem Ansatz hinzugefügte TMV-RNS wird von Polymerase aus gesunden Blättern infolge des Gehaltes an RNase zerstört. Wird TMV-RNS jedoch mit Polymerase aus infizierten Blättern versetzt, so wird sie nicht abgebaut, sondern die Virus-RNS-Aktivität nimmt zu. Auf diesen Ergebnissen aufbauend kann versucht werden, eine informative RNS in vitro herzustellen.