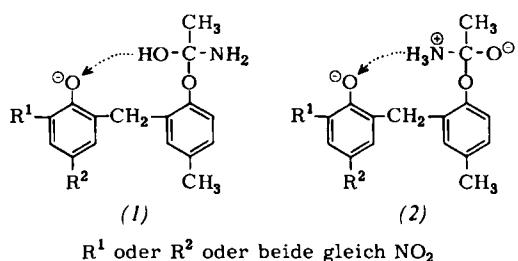


mit Röntgen- und Elektronenbeugungsergebnissen für die Polyäthylen-Schmelze. Für Polyäthylenterephthalat werden Umwandlungsdaten mitgeteilt und im Bündelmodell diskutiert.

Der Einfluß benachbarter Grundbausteine auf die Ammonolyse von Essigsäureestern phenolischer Mehrkernverbindungen

Von V. Böhmer (Vortr.), K. Wörsdörfer und H. Kämmerer^[1]

Mit Essigsäure veresterte phenolische Zweikernverbindungen, die einen Nitrophenolbaustein enthalten, zeigen an der Esterbindung dieses Bausteins eine ähnliche Reaktivität wie einkernige Nitrophenylester. Die Esterbindung wird z. B. durch Ammoniak leicht gespalten. Bei 2,2'-Dihydroxy-diphenylmethan-Derivaten wird jedoch durch Ammoniak auch die Esterbindung in dem Baustein gespalten, der keine Nitrogruppe trägt, obwohl unter sonst gleichen Bedingungen Esterbindungen in Zweikernverbindungen, die gar keine Nitrogruppe besitzen, nicht angegriffen werden.



Die zweite Acetylgruppe wird jedoch bei 2,4'- und 4,4'-Dihydroxy-diphenylmethan-Derivaten praktisch nicht und bei 4,2'-Dihydroxy-diphenylmethan-Derivaten nur äußerst langsam abgespalten. Die Nitrogruppe befindet sich jeweils im ersten, hier mit „nicht gestrichenen“ Ziffern bezeichneten Kern. Diese Ergebnisse lassen sich erklären, wenn man annimmt, daß bei der Ammonolyse der zweiten Acetylgruppe im Grundbaustein ohne Nitrogruppe die Abspaltung eines Protons aus der Zwischenverbindung (1) oder (2) der geschwindigkeitsbestimmende Schritt ist.

Diese Abspaltung erfolgt intramolekular unter Einwirkung der Phenolatgruppe des benachbarten und schon verseiften Bausteins. Eine hierfür günstige räumliche Anordnung ist nur bei 2,2'-Dihydroxy-diphenylmethan-Derivaten möglich. Jedoch wirkt sich der Einfluß der ersten Phenolatgruppe, vermutlich über intramolekulare Wasserstoffbrücken, auch auf einen dritten Phenolbaustein aus, wenn er ebenfalls über eine Methylenbrücke in *ortho*-Stellung zur phenolischen OH-Gruppe verknüpft ist.

[*] Dr. V. Böhmer, K. Wörsdörfer und Prof. Dr. H. Kämmerer
Organisch-Chemisches Institut der Universität
65 Mainz, Johann-Joachim-Becher-Weg 18-20

Bildung, Struktur und Funktion der Bakteriengeißeln (Flagella)

Von W. Bode^[•]

Die meisten Bakterien benutzen für ihre aktive Bewegung dünne, oft sehr lange, schraubenartige Filamente. Diese

[*] Dr. W. Bode
Max-Planck-Institut für Eiweiß- und Lederforschung
8 München 2, Schillerstraße 46

Flagella erscheinen bei elektronenmikroskopischer Be- trachtung als sinusförmige Wellen mit konstanter und typi- scher „Wellenlänge“. Neben beweglichen Bakterien mit „normalen“ Flagella sind auch unbewegliche Mutanten mit engschaubigen oder auch völlig geraden Flagella be- obachtet worden. Das helicale Hauptfilament ist durch nichtkovalente Bindungen aus identischen Untereinhei- ten, dem Protein Flagellin, aufgebaut, dessen Molekulargewicht etwa 40000 beträgt. Das isolierte, gelöste Flagellin verhält sich hydrodynamisch und aufgrund seiner Röntgen- Kleinwinkelstreuung wie ein sehr gestrecktes Teilchen.

Unter geeigneten Bedingungen kann das Flagellin *in vitro* in einem kooperativen self-assembly-Prozeß zu Filamenten aggregieren, die elektronenmikroskopisch und röntgenographisch nicht von intakten Flagella zu unterscheiden sind. Über das Wachstum der Flagella *in vivo* liegen widersprüchliche Untersuchungsergebnisse vor.

Es sind mehrere Flagellamodelle entwickelt worden, bei denen das Flagellin die morphologische Untereinheit bildet. Danach sind in den Flagella die Flagellinmoleküle in mehreren longitudinalen Strängen angeordnet, die wiederum einen mehr oder weniger hohlen Zylinder bilden. Wie einfache Symmetrievergleichungen zeigen, können die einzelnen Flagellinprotomeren wegen der überhelicalen Struktur der Bakterienflagella nicht völlig identische Positionen im Flagellum einnehmen. Nach *Klug* könnten zwei verschiedene, miteinander konkurrierende Arten von Bindungen zwischen den Protomeren geknüpft werden, wodurch der an sich gerade Flagellumtubus zu einer gespannten Helix deformiert würde. Nach *Asakura* könnten die Protomeren innerhalb eines Flagellums in zwei verschieden langen Konformationszuständen vorliegen und dadurch dem Flagellum je nach Besetzungsverhältnis verschieden enge Schraubenformen aufzwingen. Damit können auch *in vivo* und *in vitro* beobachtete Übergänge zwischen verschiedenen steilen Helices gedeutet werden.

Bei genügend hoher Kooperativität zwischen den Protomeren innerhalb der longitudinalen Reihen könnte von der Basalmembran aus ein umlaufender Austausch des Bindungs- und Konformationsmusters induziert werden, was zu einer Rotations- oder auch Federbewegung führen würde.

Mischungen von Polymeren verschiedener Taktizität mit Schmelzpunktsmaximum

Von W. Borchard (Vortr.), G. Rehage und E.-P. Uerpmann^[1]

Ausgehend von früheren Untersuchungen, in denen die Assoziation von Polymethylmethacrylatgemischen verschiedener Taktizitäten in Lösungen als Kristallisation ge deutet wurde, konnte das isobare Schmelzdiagramm von isotaktischem und syndiotaktischem Polymethylmethacrylat (PMMA), deren Mischungen aus Lösungen erhalten wurden, gemessen werden. Die aufgrund von kalorimetrischen und mikroskopischen Messungen ermittelte Liquiduskurve weist ein Schmelzpunktsmaximum auf, das ca. 30°C über dem Schmelzpunkt der syndiotaktischen Komponente liegt. Die Lage der „Soliduskurve“ ist stark von den Kristallisierungsbedingungen abhängig.

Die Besonderheiten des Schmelzdiagramms aus hochmolekularen Komponenten werden im Vergleich zu dem eines

[*] Dr. W. Borchard, Prof. Dr. G. Rehage und E.-P. Uerpmann
Physikalisch-Chemisches Institut
der Technischen Universität Clausthal
3392 Clausthal-Zellerfeld, Adolf-Römer-Straße 2 A