

netz, sondern deckt auch interdisziplinär und breitgefächert die folgenden Gebiete ab: Historische Entwicklung, Herstellung, Anwendungen, Eigenschaften (chemisch, physikalisch, physikochemisch), Analytik (einschließlich Isomere in biologischen Matrices), Abbau, Umwandlung, Rückstandssituation und Toxikologie. Dies gilt sowohl für das insecticid wirksame  $\gamma$ -Isomer (Lindan) als auch für die  $\alpha$ - und  $\beta$ -Isomere, die in den letzten Jahren besonderes Interesse gefunden haben.

Da das Ziel der Fachgespräche in der Bewertung der Stoffe für die menschliche Gesundheit bestand, wurde die Wirksamkeit der Hexachlorcyclohexan-Isomere auf die belebte und unbelebte Umwelt des Menschen nicht behandelt.

Besonders begrüßenswert ist jedoch, daß nicht nur der Wissensstand der aktuellen Schadstoffexposition (Real Time Monitoring, RTM) im Ökosystem (aquatischer, terrestrischer, urbaner Bereich und Übergangsformen) besprochen wird, sondern auch die neueren Erfahrungen der Umweltprobenbank-Programme (Environmental Specimen Bank Programme, ESBP), hier besonders der Umweltprobenbank für Humanproben, eingearbeitet sind.

Die breite fachliche Streuung der 39 Autoren (Pharmakologie, Toxikologie, Hygiene, Arbeitsmedizin, Pharmazie, Chemie, Lebensmittelchemie, Biochemie, Ökologische Chemie) sowie die Beteiligung von deutschen Bundesoberbehörden und Bundesforschungsanstalten, aber auch von Vertretern der chemischen Industrie und internationaler toxikologischer Charakterisierungs- und Bewertungsgremien sollte dazu führen, daß der vorliegende Forschungsbericht für einen sehr viel breiteren Fachkreis interessant ist als der Buchtitel vermuten läßt.

N.-P. Lüpke [NB 617]

Institut für Pharmakologie und Toxikologie  
der Universität Münster

**Protein Folding.** Von C. Ghélis und J. Yon. Academic Press, New York 1982. XIII, 562 S., geb. \$ 74.50.

Der heutige Stand der Forschung auf dem Gebiet der Eiweißstruktur ist gekennzeichnet durch die abgeschlossene Kristallstrukturanalyse von mehr als hundert Proteinen, die Aufklärung des Mechanismus von Transkription und Translation sowie die Möglichkeiten zur Sequenzbestimmung von Proteinen und neuerdings auch den sie „codierenden“ Nucleinsäuren. Das Ergebnis ist die Kenntnis der Topologie globulärer Eiweißmoleküle bis hin zu atomarer Auflösung und – daraus folgend – Einblicke in den katalytischen Mechanismus von Enzymen und in deren stammesgeschichtliche Verwandtschaft.

Grundsätzlich erweist sich die *in vivo* wie *in vitro* spontan gebildete dreidimensionale Struktur von Proteinen als (kinetisch zugänglicher) Zustand minimaler Energie. Sowohl diese Struktur selbst als auch ihr Zustandekommen werden als „Faltung“ bezeichnet. Sie ist der letzte Schritt der „Übersetzung“ der auf der Nucleinsäure gespeicherten genetischen Information in die kovalente Aminosäuresequenz und ist somit im Gesamtablauf der Protein-Biosynthese die letzte weitgehend ungelöste Frage. Abgesehen von der angeborenen allgemeinen Neugier des Biochemikers konzentriert sich das Interesse an dieser Frage aus zwei Gründen auf das Problem: Erstens ist es von theoretischer Bedeutung, weil aufgrund der Struktur-Funktions-Beziehung von Biomolekülen die Kenntnis des „Codes“ der Proteinfaltung die Möglichkeit eröffnen würde, ausgehend von gegebenen Nucleinsäuresequenzen Funktion und Mechanismus nicht näher charakterisierter Proteine (Enzyme) zu ermitteln; zweitens könnte mit dem erwähn-

ten „Code“ im Sinne eines „molecular designing“ technologisch an die Optimierung gewünschter katalytischer Funktionen gedacht werden.

Beide Ziele können letztlich nur deshalb anvisiert werden, weil Proteine in ihrer dreidimensionalen Struktur streng durch die Auseinanderfolge der Aminosäuren in der Polypeptidkette determiniert sind. Dieser von Crick bereits vor 25 Jahren aufgestellten These liegt die Beobachtung zugrunde, daß Eiweißmoleküle nach einer Störung ihrer Struktur (Denaturierung) spontan ihre „native“ Konformation und ihren biologisch aktiven Assoziationszustand wiederherzustellen vermögen.

Die vorliegende Monographie ist dem umrissten Fragenkomplex gewidmet. Sie gibt – nach einem durch Übersichtsbeiträge erweiterten Symposiumsband gleichen Titels (Elsevier-North Holland, 1980) – die erste zusammenfassende Darstellung und ist mit einem Verzeichnis von rund 1500 Literaturzitaten eine Fundgrube für Neuankömmlinge.

Die Autoren haben den Versuch unternommen, das Gebiet in seiner ganzen Breite und historischen Tiefe zu beschreiben, indem sie „Faltung“ sowohl systematisch-de skriptiv als auch energetisch und kinetisch verstehen. Darin liegt freilich eine Schwäche des Buches begründet, nämlich einerseits seine Länge (und damit sein Preis) und andererseits eine gewisse „Kritiklosigkeit“, die alte und neue Fakten nebeneinanderstellt, ohne sie kritisch zu sichten und zu gewichten.

Einleitend werden die intrazelluläre Umgebung und die Signifikanz der Faltung behandelt (30 S.). Es folgen auf nahezu 200 Seiten Betrachtungen zum Problem der Proteininfaltung anhand der Charakterisierung globulärer Proteine. Experimentelle Ansätze nehmen anschließend etwa 275 Seiten ein. Den Abschluß bilden 22 Seiten zusammenfassende Kommentare.

Die angegebene Gliederung und ihre Proportion geben einen Eindruck vom enzyklopädischen Ausmaß der Darstellung. Diese ist grundsätzlich auf einen detaillierten Überblick ausgerichtet und nicht auf eine Vertiefung einzelner exemplarischer Ansätze. Daraus folgt für den interessierten Leser, daß überall dort, wo „klassische“ Übersichtsbeiträge bestimmte Teilgebiete abhandeln, die Informationen aus erster Hand (etwa die Darstellungen von J. Richardson, Anfinsen und Scheraga, Baldwin, Creighton, Tanford) mehr in die Tiefe gehen. Der qualitative Charakter der Darstellung ist insbesonders bei den Themenbereichen bedauerlich, die mehr und mehr einer soliden physikalisch-chemischen Behandlung zugänglich werden, z. B. intermolekulare Wechselwirkungen (merkwürdigerweise generell als intramolekular bezeichnet), Wasserstruktur, Thermodynamik und Kinetik von Entfaltung und Faltung. Hier dürfte, wie bei den besonders in Fluß befindlichen Problemen (z. B. Peptid-Sezernierung, topogene (nicht topogenetische) Sequenzen, strukturelle Flexibilität) die von den Autoren selbst einleitend erwähnte Problematik des „progressing on shifting sand“ eine Rolle spielen: Die gute Ausstattung und die dadurch bedingte Dauer bis zum Erscheinen des Bandes fordern besonders bei aktuellen Fragen ihren Preis.

Insgesamt sind die außerordentliche Fülle des Materials und die Dokumentation auch der weiter zurückliegenden Literatur eine Hilfe für den, der sich mühelos einen Einblick in Teilgebiete verschaffen möchte. Wie bereits ange deutet, könnte die kritische Sichtung des Materials und die Straffung im Hinblick auf die offenen Fragen dem Leser einige obsolete Lektüre ersparen. Daß dies nicht immer einfach ist, liegt an dem Manko, daß Englisch schreibende „non-natives“ meist ein etwas unorthodoxes Idiom verwenden, das gelegentlich erst bei der Rückübersetzung völ-

lig verständlich wird. Diese kritische Anmerkung richtet sich eher an den Verlag als an die Autoren. Anders ist es mit dem Sachregister, das dem enzyklopädischen Charakter des Buches nur sehr bedingt gerecht wird.

Einzelne Punkte kritisch anzumerken erscheint an dieser Stelle nicht sinnvoll; es gäbe deren viele. Symptomatisch sei nur auf die gelegentlichen ästhetischen oder teleologischen Argumente, auf nicht immer konzise Definitionen sowie auf die an einzelnen Stellen unklare Trennung thermodynamischer und kinetischer Gesichtspunkte hingewiesen. Sie setzen zur Vermeidung von Irrtümern beim Leser kritisches Mitleben voraus.

Das Buch kann als Nachschlagewerk – sowohl im Hinblick auf Teilprobleme als auch auf spezielle Systeme – gute Dienste leisten. Es wäre zu wünschen, daß es Biochemiker und Biophysiker zur Intensivierung der Forschung auf einem der interessantesten Gebiete der heutigen Physikalischen Biochemie anregte.

Rainer Jaenicke [NB 619]

Institut für Biophysik und Physikalische Biochemie  
der Universität Regensburg

**Molecular Biology of the Cell.** Von B. Alberts, D. Bray, J. Lewis, M. Raff, K. Roberts und J. D. Watson. Garland Publishing, New York 1983. XXXIX, 1142 S., geb. £ 33.95.

Das vorliegende Lehrbuch, von einer Autorengemeinschaft verfaßt, gibt die übliche Fachbezogenheit auf und behandelt aus unterschiedlicher Sicht nur ein Objekt, nämlich die Zelle. Im Mittelpunkt steht die Zelle als Grundelement allen Lebens. Sie ist Wirt für subzelluläres Leben wie Viren und Virusähnliche Strukturen, sie kann sich aber auch zu einem suprazellulären Verband unter partieller Aufgabe ihrer Autonomie organisieren. Eine Zelle bildet kein zeitliches oder strukturelles Kontinuum, sondern zeichnet sich durch Struktur- und Funktionsvielfalt sowie durch die Fähigkeit aus, sich ihrer Umgebung anzupassen. Die Differenzierung kann genetisch programmiert sein; sie kann aber auch als Folge von Umwelteinflüssen auftreten.

Im ersten Kapitel des Buches werden die Grundlagen der Cytologie dargestellt, wobei der Leser von einfachen Biomolekülen bis zu multizellulären Organismen geführt wird. Der folgende Abschnitt erläutert die Arbeitsmethoden, mit denen Zellstruktur und Zelfunktion zur Zeit untersucht werden. Selbst komplizierte Techniken wie Zellfusionen, die Produktion monoklonaler Antikörper, DNA-Klonierung und Zellsorter werden zwar vereinfacht, aber dafür sehr anschaulich beschrieben. Die folgenden Kapitel behandeln die Kompartimente von Zellen, Zellwachstum und Zellteilung und die zelluläre Kommunikation. Das letzte Kapitel ist sogar noch aktueller als seine Vorgänger. Hier werden die Themen Keimbahn und Befruchtung, Zelldifferenzierung mit den Beispielen Immun- und Nervensystem und zum Schluß die molekulare Biologie der Pflanzen behandelt.

Die einzelnen Beiträge sind von Spezialisten geschrieben, die den Wissensstand auf ihrem Arbeitsgebiet bis etwa Ende 1982 referieren. Hervorzuheben sind dabei die didaktisch geschickte Darstellung und der Mut zur Vereinfachung. Alle Texte wurden von einem zweiten Experten auf sachlich richtige Darstellung und Verständlichkeit überprüft. Jeder Abschnitt endet mit einer Zusammenfassung sowie einer kurzen Literaturübersicht.

In der Qualität wird der Text durch die Abbildungen noch übertroffen. Beispielsweise werden einfachen sche-

matisierten Zeichnungen fast immer elektronenmikroskopische Aufnahmen gegenübergestellt. Die Bilder sind nicht nach dem Prinzip maximaler Raumausnutzung in den Text eingekettet, sondern jede einzelne Seite ist, auch in bezug auf Über- und Unterschrift, graphisch ansprechend gestaltet.

Für welchen Leserkreis ist das Buch geeignet? Es ist für alle Naturwissenschaftler aus den Bereichen Unterricht, Biologie, Chemie und Medizin zu empfehlen, die ihre Kenntnisse der zellulären Biologie auffrischen und aktualisieren wollen.

Für Studenten der Fachrichtung Biologie oder Chemie ist es erst nach dem Vordiplom geeignet, da es biologische Tatbestände durch Bild und Text etwas schematisiert. Unter Vernachlässigung einer quantitativen chemisch-mechanistischen Betrachtung führt es, gerade durch die Dominanz der Bilder, zu einer Überbetonung von statischen Strukturen.

Insgesamt ein hervorragendes Lehrbuch, das in Inhalt und Gestaltung zur Zeit unübertroffen ist!

Hans Günter Gassen [NB 627]

Institut für Organische Chemie und Biochemie  
der Technischen Hochschule Darmstadt

**Elementary Statistical Thermodynamics. A Problems Approach.** Von N. O. Smith. Plenum Press, New York 1982. XIV, 216 S., geb. \$ 25.00.

Viele der Aussagen über Eigenschaften von Molekülen und deren Verhalten beruhen auf der Anwendung von Beziehungen der statistischen Thermodynamik. Ihr sollte daher in der Ausbildung von Chemikern ein nicht geringer Stellenwert zukommen. Wenn das noch nicht überall der Fall ist, dann dürfte eine Ursache sein, daß der Zugang zu diesem Gebiet nicht ganz einfach ist: Es ist für den Studenten nicht unmittelbar einzusehen, was die Chancen eines Spielers im Fußballtoto mit der spezifischen Wärme eines Alkohols oder der Lebensdauer eines aktivierten Komplexes zu tun haben. Es ist ebenso wenig verwunderlich, daß sich besonders amerikanische Autoren bemühen, dem Studenten einen möglichst einfachen Zugang zur statistischen Thermodynamik zu schaffen. Das vorliegende Büchlein ist ein Beispiel für dieses Bemühen auf einer mittleren Linie: Vorausgesetzt werden einige Kenntnisse in chemischer Thermodynamik, über einfache Funktionen, über Differenzieren und Integrieren, über die Behandlung von Summen und etwas Kombinatorik. Auch der Hinweis, daß  $0! = 1$  ist, fehlt nicht. Der Autor bedient sich der IUPAC-Nomenklatur und verwendet SI-Einheiten.

Die einzelnen Kapitel des Büchleins bewegen sich im üblichen Rahmen: Statistische Mechanik unterscheidbarer Teilchen; die statistische Grundlage der Entropie; thermodynamische Funktionen für Systeme lokalisierter unterscheidbarer Teilchen (mit dem Einsteinschen und dann Debyeschen Kristallmodell); Systeme nicht lokalisierter, nicht unterscheidbarer Teilchen; thermodynamische Funktionen idealer Gase: Hier werden Translations-, Rotations-, Schwingungs- und Elektronenzustandssumme, der Beitrag der Atomkerne, Ortho-Para-Wasserstoff und der Einfluß der inneren Rotation sorgfältig erklärt. Die Berechnung chemischer Gleichgewichte mit statistisch-thermodynamischen Methoden schließt sich an.

Jedes Kapitel wird von geschickt ausgewählten Übungsaufgaben begleitet, die nicht nur das grundsätzliche Verständnis für den Stoff verbessern, sondern auch ein Gefühl für die hier interessierenden Größenordnungen von thermodynamischen Wahrscheinlichkeiten, Zustandssum-