

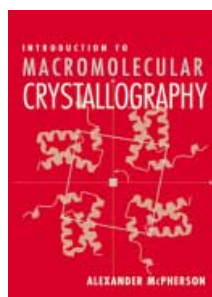
anorganischer Polymere oder das Prägen von Übergangszustands-Analoga, um neue Polymerkatalysatoren herzustellen.

Ohne die wenigen erwähnten Kritikpunkte zum Inhalt der Kapitel 1 und 7 zu vergessen, kann man behaupten, dass alle wichtigen Punkte zum Thema „molekulares Prägen“ angesprochen werden. Dieses kurze Lehrbuch ist allen interessierten Studierenden zu empfehlen, sei es als Einzellektüre oder als Kurs-begleitendes Buch. Neulinge, die in dieses Forschungsgebiet einsteigen wollen, werden es als Einführung zu schätzen wissen, bevor sie sich mit der Literatur über ein spezielles Gebiet beschäftigen.

Ivan Huc

Institut Européen de Chimie et Biologie (IECB)  
CNRS-Université Bordeaux I  
Pessac (Frankreich)

## Introduction to Macromolecular Crystallography



Von Alexander McPherson. John Wiley & Sons, New York 2003. 237 S., Broschur, 49.95 £. —ISBN 0-471-25122-4

Die Strukturanalyse von Biomakromolekülen durch Röntgenkristallographie (und zunehmend auch NMR-Spektroskopie) leistet als etablierte Disziplin in den Biowissenschaften (im weitesten Sinne) und der industriellen Wirkstoff-Forschung („rational drug design“) wichtige Beiträge für das Verständnis dieser hochkomplexen Moleküle auf atomarer Ebene. Längst steht nicht mehr allein die physikalische Beschrei-

bung der Struktur und Faltung des Makromoleküls im Vordergrund, sondern die Frage, wie die Struktur des Moleküls seine Funktion, vor allem in einem erweiterten biologischen Kontext, bestimmt. Konsequenterweise ist die moderne Strukturbio-logie nicht mehr ausschließlich eine Domäne der Physik und Chemie. Aufgrund der immensen technischen Fortschritte der vergangenen zehn Jahre ist sie als Methode zunehmend den Biowissenschaften zuzuordnen. Doch die fortschreitende Automatisierung der einzelnen Schritte birgt die Gefahr, dass die anspruchsvollen mathematischen und physikalischen Grundlagen der Strukturanalyse mehr und mehr vernachlässigt werden.

Diesem Trend möchte das Lehrbuch von Alexander McPherson, das aus verschiedenen Vorlesungen zur Proteinkristallographie entstanden ist, entgegenwirken. Ziel ist es, auch dem mathematisch und physikalisch weniger versierten (bzw. interessierten) Forscher und Anwender die erforderlichen Grundlagen für das Verständnis der Methodik zu vermitteln. Das vorliegende Buch wird diesem Anspruch weitestgehend gerecht und stellt eine überaus anschauliche Einführung in das Gebiet der makromolekularen Kristallographie dar. Dem interessierten Leser werden wesentliche Prinzipien und Methoden nicht zuletzt dank der vielen hilfreichen Kommentare „zwischen den Zeilen“ und der meist ansprechenden Illustrationen auf gut lesbare und unterhaltsame Weise nahe gebracht.

Während Kapitel 1 einen groben Überblick über die Struktur von Molekülen und die methodischen Schritte zu deren Aufklärung gibt, bauen die folgenden Kapitel logisch aufeinander auf. Die Ausführungen in Kapitel 2 sind essenziell für das Verständnis von Kristallen und deren Symmetrie. Die Kapitel 3 und 4 befassen sich mit der geometrischen Herleitung der Röntgenbeugung. Gerade Kapitel 4 fordert vom Leser mathematische und physikalische Kenntnisse und bildet daher vermutlich für eher phänomenologisch interessierte Studierende die größte Hürde. Hier

wäre es nützlich gewesen, die wichtigsten Formeln wie das Braggsche Gesetz und die Elektronendichteformel am Ende des Kapitels nochmals zusammenfassend aufzuführen. In Kapitel 5 wird anhand zahlreicher Präzisionsaufnahmen gezeigt, welche Informationen über die Symmetrie und Raumgruppe eines Kristalles daraus extrahiert werden können. In der Praxis wird diese Aufgabe längst von Datenprozessierungsprogrammen übernommen, wobei man gerade bei „problematischen“ Kristallen auf die in Kapitel 5 beschriebenen Kenntnisse nicht verzichten darf. Das zentrale Problem der Kristallstrukturanalyse, das „Phasenproblem“, ist das Thema der Kapitel 6 und 7. Vor allem die Schweratommethode wird in beiden Kapiteln sehr anschaulich dargestellt, während die nicht minder wichtigen Methoden des molekularen Ersatzes und der anomalen Dispersion etwas vernachlässigt werden. Kapitel 8 befasst sich schließlich mit den Elektronendichtekarten und deren Interpretation. Einige der Abbildungen sind leider veraltet: So gehören beispielsweise die „Minimaps“ längst der Vergangenheit an. Warum an dieser Stelle nicht näher auf die verschiedenen Strukturverfeinerungsmethoden eingegangen worden ist, ist unverständlich.

McPhersons Buch ist ein Lehrbuch und versteht sich keinesfalls als „Kochbuch“. Es eignet sich daher sehr gut als begleitendes Buch zu einer Vorlesung zum Thema „Strukturbio-logie“ und gibt dem angehenden Strukturforscher den erforderlichen theoretischen Hintergrund, um sich in der Welt der Kristalle, Elementarzellen und Elektronendichtekarten gut zurechtzufinden. Dem Kristallexperten McPherson ist ein ausgezeichnetes Buch gelungen.

Dirk Heinz

Abteilung Strukturbio-logie  
Gesellschaft für Biotechnologische Forschung (GBF)  
Braunschweig

DOI: 10.1002/ange.200385994