

Tabelle 2. Versuche mit Cardiazol nach einmaliger Vorbehandlung mit Gemischen reiner Isomeren.

Nr.	HCH-Dosis in mg/kg Rapsöllösung (oral)	Cardiazol 80 mg/kg subcutan	Zeitlicher Abstand zwischen HCH- und Cardiazol-gabe in Tagen	Zahl der Versuchstiere	Zahl der Tiere mit Krämpfen
1	60 (γ) + 75 (α)	1. Inj.	5	8	7
		2. Inj.	10	8	6
		3. Inj.	14	8	7
2	60 (γ) + 100 (δ)	1. Inj.	5	8	7
		2. Inj.	10	8	6
		3. Inj.	14	8	5
		4. Inj.	19	6	5
3	60 (γ) + 50 (β)	1. Inj.	4	8	2
		2. Inj.	8	8	5
		3. Inj.	13	8	7
		4. Inj.	19	8	8
4	60 (γ) + 50 (β)	1. Inj.	4	8	5
		2. Inj.	11	8	5
		3. Inj.	17	8	4
		4. Inj.	21	8	8
5	60 (γ) + 50 (β)	1. Inj.	5	8	1
		2. Inj.	10	8	4
		3. Inj.	14	8	3
		4. Inj.	19	8	6
		5. Inj.	26	8	8
6	40 (γ) + 50 (β)	1. Inj.	3	8	3
		2. Inj.	7	8	2
		3. Inj.	12	7	3
		5. Inj.	24	5	5
7	40 (γ) + 50 (β)	1. Inj.	6	8	4
		3. Inj.	16	7	4
		4. Inj.	21	7	6
8	75 (α) + 50 (β)	1. Inj.	4	7	4
		2. Inj.	7	7	2
		3. Inj.	22	5	5

Falle gestört. Wahrscheinlich handelt es sich um eine allobiotische Wirkung⁴). Eine große Einzeldosis des γ -Isomeren hat nämlich eine stärkere Wirkung als verzettelte Dosen⁵), obwohl die Resorptionsbedingungen für häufiger applizierte kleine Mengen günstiger sind.

Berlin, Pharmakologisches Institut der Freien Universität.

H. HERKEN und I. KLEMPAU.

Eingegangen am 15. August 1950.

¹) HERKEN, H.: Ärztl. Wschr. 1950, 193.

²) HERKEN, H.: Klin. Wschr. 1950, 582.

³) McNAMARA, B. P., u. St. KROP: J. of Pharmacol 92, 140 (1948).

⁴) HEUBNER, W.: Kongr. Therapeut. Union Bern 1937.

⁵) HERKEN, H.: Arch. exper. Path. u. Pharmacol. 211, 143 (1950).

Manifestationswechsel beim Zusammenwirken chromosomaler und plasmatischer Erbfaktoren.

Aus Versuchen an reziprok verschiedenen *Epilobium*-Kreuzungen leitete MICHAELIS¹) den Schluß ab, daß der Endeffekt der Gene maßgeblich von dem gesamten, aus plasmatischen und nukleären Erbträgern zusammengesetzten genetischen System der Zelle²) bestimmt wird. Da in diesen Versuchen stets die Wechselwirkungen zwischen Plasmom und verschiedenen Sippengenomen untersucht wurden und komplizierte, polygene Spaltungen auftraten, war es wünschenswert, die Ergebnisse in Versuchen mit einzelnen Genunterschieden zu bestätigen.

Es wurden daher Röntgenbestrahlungsversuche zur Gewinnung von Faktormutationen an *Epilobium parviflorum*, Sippe Tübingen durchgeführt. Die als Keimpflanzen mit 6000 bis 9000 r bestrahlten Pflanzen wurden nicht nur in der üblichen Weise zur Herstellung von F_2 -Familien geselbstet, sondern ihr Kern durch eine *Epilobium hirsutum* Essen ♀ × *parviflorum* ♂-Kreuzung entweder sofort oder nach Auffindung der Mutanten in das kennzeichnende Plasma der *Epilobium hirsutum*-Sippe Essen eingelagert. Drei der aufgefundenen Mutanten beanspruchen besonderes Interesse.

1949. 225. Weder die bestrahlte *parviflorum*-Pflanze (F_1) noch ihre F_2 - und F_3 -Nachkommen zeigten irgendwelche Abweichungen vom Typus. Im Bastard (*hirsutum* Essen) ♀ × (*parviflorum*, bestrahlte F_1 -Pflanze) ♂ hatten 11 von 30 Pflanzen die für diesen Bastard kennzeichnenden Entwicklungs-

störungen fast völlig verloren und waren fast 5mal so groß wie die verzweigten Polsterpflanzen der Kontrollen geworden. Es lag hier also eine *parviflorum*-Mutante vor, die sich in der Entstehungssippe weder im heterozygoten noch im homozygoten Zustand zu manifestieren vermag, dagegen heterozygot im *hirsutum* Essen-Bastard zu einer weitgehenden Beseitigung der durch das Plasmom ausgelösten Entwicklungsstörungen führt.

1949. 185. Unter 20 Selbstungsnachkommen der bestrahlten Pflanzen wurden 4 mit etwas verschmälerten Blättern gefunden (3,7 zu 4,5 cm statt 4,7 zu 2,1 cm). Im übrigen liegen keine wesentlichen Unterschiede gegenüber dem Typus vor. Im Bastard (*parviflorum*, in F_2 ausgesessene Mutante) ♀ × (*hirsutum* Essen) ♂ waren sämtliche Pflanzen gegenüber den Kontrollen nur knapp $\frac{1}{2}$ so hoch und schwach verzweigt. Sie kamen nicht zur Blüte. Eine deutliche Blattverschmälerung fehlte. In der reziproken Kreuzung mit störendem *hirsutum* Essen-Plasma manifestierte sich die Mutation in anderer Weise. Sie führte hier im Gegensatz zum reziproken Bastard zu einer schwachen Förderung des Gesamtwachstums. Die Blätter waren eher breiter als die der Kontrolle. Auch in diesem Falle ist die sonst rezessive Mutante im *hirsutum*-Bastard, also in heterozygotem Zustand, zu erkennen. An Stelle der Blattverschmälerung tritt eine Veränderung der Wuchsentensität, die sich im *parviflorum*-Plasma in einer starken Schwächung, in dem sonst störenden *hirsutum* Essen-Plasma aber in einer geringen Förderung auswirkt.

1949. 259. Mutante etwas kleiner (42 statt 51 cm) und bleicher grün, normal zur Blüte kommend. Der Bastard mit *parviflorum*-Plasma bildet nur 3 cm hohe Zwergpflanzen (Kontrolle 43 cm) von ausgesprochen gelbgrüner Farbe. In der reziproken Kreuzung mit *hirsutum* Essen-Plasma waren die Pflanzen normalgrün und gegenüber der Kontrolle wesentlich gefördert (Durchmesser der Pösterchen 6 statt 3 cm). Im Bastard erfolgt also ebenfalls ein Dominanzwechsel. Die in der Ausgangssippe geringe Veränderung der Blattfarbe ist im Bastard mit *parviflorum*-Plasma verstärkt, im *hirsutum* Essen-Plasma aber nicht sichtbar. Der extremen Schwächung im *parviflorum*-Plasma steht eine deutliche Förderung im *hirsutum*-Plasma gegenüber.

Die Befunde bestätigen die Ansicht, daß die Dominanzverhältnisse, Wirkungsgrad und Wirkungsart eines chromosomalen „Genes“ wesentlich vom gesamten genetischen System der Zelle bestimmt werden. Sie können daher auch durch das Plasmom erheblich abgeändert werden. Andererseits ist aber auch die Manifestation von Plasmomunterschieden durch Mutation eines einzelnen chromosomalen Erbfaktors wesentlich beeinflussbar.

Max-Planck-Institut für Züchtungsforschung, Voldagsen über Elze.

P. MICHAELIS und R. W. KAPLAN.

Eingegangen am 9. September 1950.

¹) MICHAELIS, P.: Z. Vererbungslehre 78, 187, 223, 295 (1940); 80, 373, 429, 454 (1942); 82, 343, 384 (1948).

²) MICHAELIS, P.: Naturwiss. 34, 18 (1947).

Zur Kenntnis des Actinomycins C.

Vor kurzem haben wir ein aus einem *Streptomyces*-Stamm isoliertes gelbes Antibiotikum beschrieben¹), das dem Actinomycin A von WAKSMAN²) sowie dem Actinomycin B von DALGLIESH und TODD³) sehr ähnlich ist. Es wurde von uns vorläufig als Actinomycin C bezeichnet. Die Actinomycine verkörpern nach den Untersuchungen von TODD und uns ein bisher bei Naturstoffen nicht angetroffenes, bemerkenswertes Bauprinzip, nämlich die Verknüpfung einer farbigen, wahrscheinlich chinoiden Komponente mit verschiedenen Aminosäuren, die offenbar peptidartig verbunden sind. Danach wären sie als Chromopeptide den Chromoproteiden an die Seite zu stellen. Die Abwesenheit von freien Carboxyl- und Aminogruppen macht eine ringförmige Peptidstruktur wahrscheinlich.

Von den Aminosäuren, die bei energischer Säurehydrolyse des Actinomycins C freigesetzt werden, haben wir L-Threonin, L-Prolin und N-Methyl-L-valin mit Hilfe der klassischen Fraktionierungsmethoden sowie durch eine präparative Ausführungsmethode der Papierchromatographie in Substanz isoliert und durch R_F -Werte, Analyse, spezifische Drehung und Derivate identifiziert. Bei einer weiteren Aminosäure war noch die Entscheidung zwischen D-Isoleucin und D-Allo-Isoleucin zu treffen. Von dieser Aminosäure hat W. KASS in unserem Institut inzwischen ein Kupplungsprodukt mit Phenylisocyanat

(Schmelzpunkt 157°) und Naphtylisocyanat (Schmelzpunkt 178°), sowie ein Formylderivat vom Schmelzpunkt 125° uk. hergestellt. Mit großer Wahrscheinlichkeit kann daher auf das Vorliegen von D-Allo-isoleucin geschlossen werden, das bisher noch nicht als Baustein eines Naturstoffes nachgewiesen ist.

Wie schon in unserer ersten Mitteilung erwähnt¹⁾, hatten wir aus dem Hydrolysat unseres Actinomycins eine Fraktion vom Schmelzpunkt 160° uk. und dem R_F -Wert des Valins abgetrennt, in der wir eine N-Methylaminosäure vermuteten. W. KASS konnte dieses Produkt nunmehr als ein Gemisch aus Sarkosin und D-Valin identifizieren.

Im Werk Elberfeld der Farbenfabriken Bayer wurde von Herrn Dr. AUHAGEN mit dem aus Actinomycin C in einer Ausbeute von etwa 60% erhaltenen Aminosäuregemisch eine mikrobiologische Aminosäurebestimmung durchgeführt und dabei ein Gehalt von 20% L-Prolin und 4,3% L-Threonin sowie die Abwesenheit der L-Formen folgender Aminosäuren festgestellt: Alanin, Arginin, Asparaginsäure, Cystin, Glutaminsäure, Glykokoll, Histidin, Leucin, Lysin, Methionin, Phenylalanin, Serin, Tryptophan, Tyrosin, Valin. Die Erfassungsgrenze betrug etwa 0,1%. In einem mit Bariumhydroxyd racemisierten Actinomycin-Hydrolysat wurde 0,5% L-Valin gefunden, woraus folgt, daß vor der Racemisierung etwa 1% D-Valin vorhanden war.

Bevor wir in unserem Actinomycin das Vorhandensein von Sarkosin und D-Valin feststellen konnten, hatte TODD diese Aminosäuren bereits aus dem Hydrolysat seines Actinomycins B isoliert⁴⁾. Ferner hatte er daraus L-Prolin, L-Threonin und N-Methylvalin in Substanz abgetrennt³⁾.

Unser Actinomycin C enthält also die gleichen Aminosäuren wie das Actinomycin B von TODD und außerdem die von uns als D-Allo-isoleucin angesprochene Aminosäure der Leucingruppe. Prof. TODD hat uns freundlicherweise eine Probe seines Actinomycins B zur Verfügung gestellt und unser Präparat mit seinem verglichen. Der Vergleich hat ergeben, daß die beiden Antibiotica sehr ähnlich sind und sich wahrscheinlich nur durch den Bau der Peptidkomponente unterscheiden. Gewisse Unterschiede fanden sich im Infrarotspektrum zwischen 1500 bis 700 cm^{-1} (TODD), in den Analysenwerten und im Schmelzpunkt. Ferner zeigte der papierchromatographische Vergleich der Hydrolysate beider Präparate, daß beim Actinomycin B der bei unserem Präparat vorhandene Fleck der Leucingruppe fehlt.

Wie schon früher mitgeteilt¹⁾, hat die mit physikalischen Methoden durchgeführte Molekulargewichtsbestimmung des Actinomycins keine befriedigenden Ergebnisse geliefert. Zuverlässiger erscheint uns eine Bestimmung auf chemischem Wege und zwar durch katalytische Hydrierung. Nimmt man an, daß eine chromophore Gruppe in der Molekel vorhanden ist, die bei der Hydrierung 1 Mol Wasserstoff aufnimmt, so errechnet sich aus der Wasserstoffaufnahme unseres Actinomycins ein Molekulargewicht von 1200 ± 25 . Mit diesem Wert ist der geringe Threoningehalt unseres Hydrolysates, aus dem sich allein für den Peptidteil ein Molekulargewicht von etwa 3000 ergeben würde, und erst recht der geringe Valingehalt nicht zu vereinbaren. Dieser Widerspruch und die Beobachtung, daß die Actinomycinpräparate, die wir zur Zeit in Händen haben, eine andere Löslichkeit zeigen (in absolutem Alkohol 13,5 g in 100 cm^3 bei 20° gegenüber 7,5 in 100 cm^3 bei unseren früheren Präparaten) und andere Analysenwerte geben als die früher verarbeiteten (alte Präparate: C 59,08, H 7,07, N 12,06; jetzige Präparate C 59,65, H 6,90, N 12,76), haben uns zu der Vermutung geführt, daß unsere jetzigen Präparate Gemische sehr ähnlicher Actinomycine sind. Tatsächlich ergab eine Gegenstromverteilung zwischen Äther und 5,6%iger Salzsäure in der von N. GRUBHOFFER⁵⁾ beschriebenen Verteilungsapparatur eine Verteilungskurve, die das Vorliegen mehrerer Komponenten anzeigt (Fig. 1 A). Offenbar unterscheiden sich diese in der Peptidkomponente, denn bei einer Fraktion lieferte das Hydrolysat im Papierchromatogramm keinen Threoninfleck. Leider stehen uns Proben des zu Beginn unserer Untersuchungen erhaltenen Actinomycins nicht mehr zur Verfügung. Wir haben jedoch aus einer *Streptomyces*-Kultur, die seit einem Jahr nicht mehr überimpft worden ist, ein Actinomycin erhalten, das bei der Gegenstromverteilung zwischen Äther und 5,6%iger Salzsäure ein anderes Diagramm gibt (Fig. 1 B) als das aus dem laufend überimpften Stamm gewonnene Actinomycin. Wahrscheinlich sind im Laufe der Zeit aus der ursprünglich einheitlichen Kultur Mutanten entstanden, die ähnliche, nur im Polypeptidteil verschiedene Actinomycine bilden. Unser morphologisch einheitlicher

Stamm wäre dann eine Population verschiedener Mutanten. Wir haben mit Versuchen begonnen, solche Mutanten aus Einspor-Kulturen zu isolieren, um zu prüfen, ob sie einheitliche Actinomycine liefern. Ferner soll versucht werden, durch Bestrahlung Mutanten des Stammes zu gewinnen.

Bei der milden Säurehydrolyse des Actinomycins C wurden, wie schon früher erwähnt¹⁾, zwei gelbrote Basen erhalten. H. KALBE konnte sie inzwischen chromatographisch und durch Gegenstromverteilung in mehrere Komponenten zerlegen. Es bleibt zu klären, ob diese Uneinheitlichkeit der Basen durch die Uneinheitlichkeit des Ausgangsmaterials bedingt ist. H. KALBE konnte ferner zeigen, daß bei der milden Hydrolyse ein Mol Ammoniak frei wird, das möglicherweise einer Säureamidbindung entstammt. Die von DALGLIESH und TODD beim Actinomycin B gefundene Guanidinogruppe konnten wir im Actinomycin C nicht nachweisen. Die Sakaguchi-Reaktion und ebenso die Ninhydrin-Reaktion war bei allen Abbaubasen negativ. Sehr charakteristisch für alle bei milder Hydrolyse

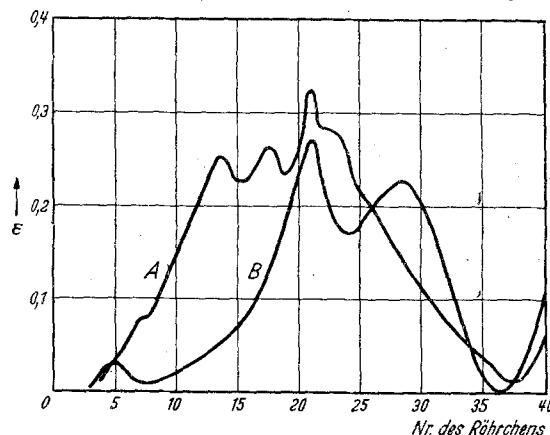


Fig. 1. Verteilungsdiagramme von Actinomycin C (A) und einem alten Actinomycin-Präparat (B).

gebildeten Spaltprodukte ist die leuchtend grüne Farbe, die auftritt, wenn ihre Lösung in Wasser oder organischen Solventen mit Zinn-II-chlorid versetzt wird.

Bei der energischen Säurehydrolyse des Actinomycins C, die unter Entwicklung von 2 Mol NH_3 und 1 Mol CO_2 verläuft¹⁾, wird der chromophore Teil der Molekel in eine melanartige, für die weitere Untersuchung wenig geeignete Masse verwandelt, deren Menge etwa 25% des Ausgangsmaterials beträgt. Um die farbige Komponente des Actinomycins vom Peptidteil unzersetzt abzuspalten, muß die Säurehydrolyse in einem reduzierenden Milieu erfolgen. Durch Erhitzen mit einem Gemisch aus Schwefelsäure und schwelliger Säure im geschlossenen Rohr oder mit Salzsäure unter Zusatz von Zinn-II-chlorid lassen sich, wie G. SCHMIDT-KASTNER fand, aminosäurefreie Produkte erhalten. Die Spaltung des Actinomycins C mit Jodwasserstoff-Eisessig unter Zusatz von überschüssigem Phosphoniumjodid lieferte eine farblose, kristallisierte Verbindung vom Schmelzpunkt 115° uk.

Durch wäßriges oder alkoholisches Alkalihydroxyd wird das chromophore System des Actinomycins C schnell zersetzt. Beim Kochen mit Barytlauge entstehen dagegen Abbauprodukte, aus denen wir eine rote, kristallisierte Verbindung abtrennen konnten, die bei weiterer Hydrolyse keine Aminosäure mehr abspaltet. Diese Verbindung ist entweder die im Antibioticum enthaltene Farbstoffkomponente selbst oder ein Umwandlungs- bzw. Abbauprodukt derselben. Wir schlagen vor, die farbigen aminosäurefreien Abbauprodukte der Actinomycine als Despeptido-actinomycine zu bezeichnen.

Unser Despeptidoactinomycin C kristallisiert aus Nitrobenzol in tiefroten Nadeln, zersetzt sich oberhalb 300°, ohne zu schmelzen, und läßt sich im Hochvakuum unzersetzt sublimieren. Die Analysenwerte passen auf die Formel $\text{C}_{16}\text{H}_{13}\text{O}_5\text{N}$, mit der das ebullioskopisch in Eisessig bestimmte Molekulargewicht 285 in Einklang steht.

Die bei der Chromsäureoxydation nach KUHN-ROTH entstandene Menge Essigsäure (1,7 Mol) zeigt die Anwesenheit von zwei seitenständigen Methylgruppen. Die ZEREWITNOFF-Bestimmung ergab den Wert 4,4. Bei der Alkalischmelze entstand nahezu 1 Mol NH_3 .

Despeptido-actinomycin C zeigt sowohl basische wie saure Eigenschaften. Es läßt sich aus Äther mit 5%iger Salzsäure

und mit Natriumhydrocarbonat (Lösungsfarbe braun) ausschütteln. Die Lösungsfarbe in Natronlauge ist weinrot. Bei der Gegenstromverteilung zwischen Phosphatpuffer pH 8-Butanol erweist es sich als einheitlich (vgl. Fig. 2).

Bei der Acetylierung entsteht ein orangefarbenes, kristallisiertes Triacetat vom Schmelzpunkt 164° uk. Es wandelt sich beim Lösen in Methanol in eine rote, kristallisierte Verbindung vom Schmelzpunkt 210° (Zersetzung) um, die beim Kochen in Toluol oder besser in Acetanhydrid wieder in das Ausgangsmaterial übergeht. Die reduzierende Acetylierung des Despeptido-actinomycins lieferte ein gelbes, kristallisiertes Pentaacetat vom Schmelzpunkt 269 bis 271° (Absorptionsspektren vgl. Fig. 3). Bei der Zinkstaubdestillation entstand eine farblose, grün fluoreszierende Verbindung vom Schmelzpunkt 80° uk.

Mit Zinn-II-chlorid gibt Despeptido-actinomycin C im Gegensatz zu den Abbauprodukten der milden Säurehydrolyse keine Grünfärbung. Dagegen tritt eine tiefgrüne Farbe auf, wenn seine stark salzsaure Lösung mit TiCl_3 versetzt wird; eine Reaktion, die auch das Actinomycin selbst zeigt. Bemerkenswert ist, daß aus den Spaltprodukten der milden Säurehydrolyse beim Kochen mit Barytlauge kein Despeptido-actinomycin erhalten werden konnte.

Als Stammverbindung unseres Abbauproduktes kommt Anthracen, Azanthracen und Phenoxazin in Frage. Phenazin, das wir wegen der grünen Farbreaktion mit Zinn-II-chlorid zunächst in Erwägung gezogen hatten, scheidet aus, weil

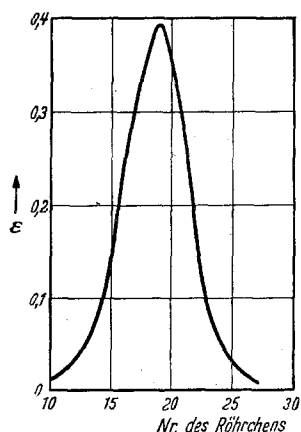


Fig. 2. Verteilungsdiagramm von Despeptido-actinomycin C.

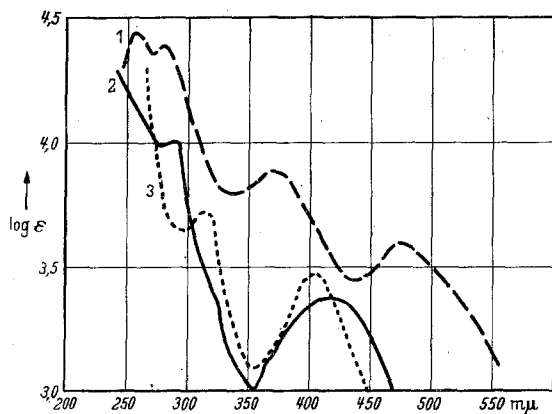


Fig. 3. Absorptionsspektrum von Despeptido-actinomycin C (Methanol) (1), Acetat (Aether) (2), Leucoacetat (Methanol) (3).

Despeptido-actinomycin nur 1 N-Atom, enthält. Daß unser Abbauprodukt bei der reduzierenden Acetylierung leicht ein Pentaacetat liefert, spricht gegen seine Formulierung als Oxy-azanthracinon oder Phenoxazin. Weiter kann gegen die Phenoxazinstruktur das Fehlen der Fluoreszenz und gegen das Vorliegen eines Oxy-azanthracinons die negative Reaktion unseres Produktes mit Zinn-II-chlorid geltend gemacht werden. Mit Oxy-azanthracinonen gibt dieses Reagenz nämlich farbige semichinoide Reduktionsprodukte.

Am besten sind unsere bisherigen Befunde durch die mit allem Vorbehalt ausgesprochene Annahme zu deuten, daß Despeptido-actinomycin C ein Dimethyl-trioxy-aminoanthrachinon ist. Als Hinweis dafür kann man auch die Beobachtung ansehen, daß eine grüne Reduktionsstufe wie bei unserem Abbauprodukt auch beim 3-Amino-1,2-dioxy-anthrachinon und weniger ausgeprägt beim 2-Amino-1,3-dioxy-anthrachinon zu beobachten ist. Die schwächer basischen α -Amino-oxyanthrachinone dagegen zeigen die Reaktion nicht. Despeptido-actinomycin C ist in seiner Basizität den β -Amino-oxyanthrachinonen ähnlich.

Dem Werk Elberfeld der *Farbenfabriken Bayer*, insbesondere den Herren Dr. AUHAGEN, Dr. BOHNE, Dr. FRIEDRICH und Dr. SCHMID,

sowie der Notgemeinschaft der Deutschen Wissenschaft danken wir für wesentliche Unterstützung unserer Arbeit.

Organisch-chemisches Institut der Universität Göttingen.

HANS BROCKMANN und NIKOLAUS GRUBHOFFER.

Eingegangen am 4. August 1950.

- ¹⁾ BROCKMANN, H., u. N. GRUBHOFFER: *Naturwiss.* **36**, 376 (1949).
- ²⁾ WAKSMAN, S. A., u. M. TISHLER: *J. of biol. Chem.* **142** 519 (1942).
- ³⁾ DALGLIESH, C. A., u. A. R. TODD: *Nature (Lond.)* **164**, 830 (1949).
- ⁴⁾ Briefliche Mitteilung vom 31. Mai 1950.
- ⁵⁾ GRUBHOFFER, N.: *Chemie-Ingenieur-Technik* **22**, 209 (1950).

Ein einfaches Verfahren zur Analyse der Serumproteine und anderer Proteingemische.

Die Analyse der Proteinfractionen des Blutserums, die zunehmende klinische Bedeutung erlangt¹⁾, ist auf elektrophoretischem Wege erstmals durch TISELIUS²⁾ durchgeführt worden. Sein Verfahren entspricht im Prinzip der schon von

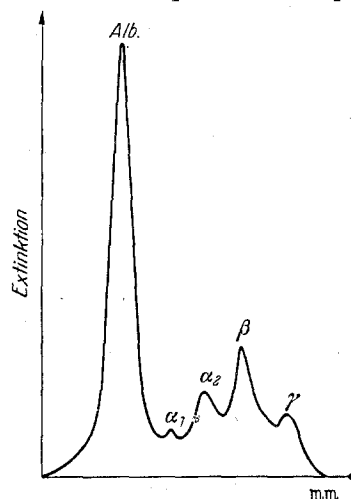


Fig. 1. Normalserum.

NERNST angegebenen U-Rohranordnung; die Wanderung der einzelnen Fractionen wird dabei mittels optischer Verfahren, die im wesentlichen auf der Schlierenmethode von TÖPLER aufbauen, verfolgt. Da die hierfür benötigten Apparaturen

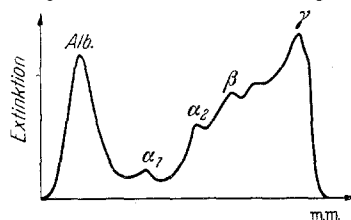


Fig. 2. Serum bei Lebercirrhose.

außerordentlich kostspielig sind, besteht nicht nur für die Serumanalyse, sondern auch für die Analysen verschiedener anderer Proteingemische ein Bedürfnis nach anderen Anordnungen. Wie TH. WIELAND³⁾ an Aminosäuregemischen und TURBA⁴⁾ an Proteingemischen gezeigt haben, kann eine einfache elektrophoretische Trennung derart vorgenommen werden, daß man die Wanderung in Filtrierpapierstreifen vornimmt, die mit Pufferlösung durchtränkt sind und nach Beendigung des Versuches die einzelnen Fractionen durch Anfärbeverfahren, wie sie in der Papierchromatographie üblich sind, sichtbar macht. Zur Sichtbarmachung der Eiweißfractionen bevorzugen wir an Stelle von Azokarmin⁴⁾ oder Bromphenolblau (CREMER und TISELIUS⁵⁾) den Farbstoff Amidoschwarz 10 B, der eine weit intensivere und nach unseren bisherigen Erfahrungen der Eiweißmenge weitgehend proportionale Anfärbung ergibt. Während man zur quantitativen Auswertung nach TURBA die den einzelnen Fractionen entsprechenden Bereiche der Streifen auseinanderschneidet, den fixierten Farbstoff eluiert und kolorimetriert, zerlegen TISELIUS und CREMER⁵⁾, die das Verfahren methodisch noch verbessert haben, den gesamten Streifen in eine große Zahl von Querstreifen, deren Elution und kolorimetrische Auswertung zu Kurven führt, die mit den in der Elektrophorese-Apparatur