

**Zeitschrift:** Bulletin der Schweizerischen Akademie der Medizinischen  
Wissenschaften = Bulletin de l'Académie suisse des sciences  
médicales = Bollettino dell' Accademia svizzera delle scienze mediche

**Band:** 17 (1961)

## Titelseiten

### Nutzungsbedingungen

Die ETH-Bibliothek ist die Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Zeitschriften und ist nicht verantwortlich für deren Inhalte. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern beziehungsweise den externen Rechteinhabern. [Siehe Rechtliche Hinweise.](#)

### Conditions d'utilisation

L'ETH Library est le fournisseur des revues numérisées. Elle ne détient aucun droit d'auteur sur les revues et n'est pas responsable de leur contenu. En règle générale, les droits sont détenus par les éditeurs ou les détenteurs de droits externes. [Voir Informations légales.](#)

### Terms of use

The ETH Library is the provider of the digitised journals. It does not own any copyrights to the journals and is not responsible for their content. The rights usually lie with the publishers or the external rights holders. [See Legal notice.](#)

**Download PDF:** 31.10.2024

**ETH-Bibliothek Zürich, E-Periodica, <https://www.e-periodica.ch>**

## Aktuelle Probleme der Proteinchemie

Von R. Signer, Bern

In den letzten 30 Jahren hat sich auf dem Gebiet der chemischen Proteinforschung dank intensiver Arbeit auf verschiedenen Ebenen viel ereignet. Unter den gewonnenen Erkenntnissen sind mehrere in direkter Beziehung zu fundamentalen biologischen Vorgängen. Darum ist es für einen Vertreter der organischen Chemie eine dankbare Aufgabe, zu Beginn eines Symposiums über die menschlichen Bluteiweiße über aktuelle Probleme der allgemeinen Proteinchemie zu sprechen. Es werden im folgenden nur zwei Fragestellungen herausgegriffen. Diese heben sich aber über viele andere durch ihre allgemeine Bedeutung und die gerade in jüngster Zeit erzielten Fortschritte heraus. Zur Besprechung gelangen einmal die Bemühungen um die Bestimmung der Aminosäurereihenfolge in Eiweißmolekülketten und die Fortschritte in der Erschließung der Sekundär- und Tertiärstrukturen.

Die Bestimmung der Konstitution einer Verbindung ist heute noch, wie vor einem Jahrhundert, eines der wichtigsten Anliegen der organischen Chemie, und bei jeder neu entdeckten Verbindung wird sofort auch mit der Konstitutionsermittlung begonnen. Wesentlich anders lagen die Verhältnisse bei den Proteinen. Nachdem das Prinzip ihres Aufbaus, nämlich die peptidische Verknüpfung der Aminosäuren, bekannt war, nachdem ferner die Zahl der Bausteinarten auf rund zwanzig ermittelt wurde und endlich erste Molekulargewichtsbestimmungen Werte im Bereich von 30 000 bis zu einigen 100 000 ergaben, stand wohl jeder Chemiker unter dem Eindruck, daß angesichts der unvorstellbar großen Zahl von Anordnungsmöglichkeiten der Aminosäuren längs der Peptidketten eine genaue Konstitutionsermittlung unmöglich sei und daß sich das Problem der Bestimmung der Aminosäuresequenz auch in Zukunft nicht lösen lasse, es sei denn, daß ein gar nicht voraussehender Durchbruch in experimentelles Neuland gelinge.

Frägt man sich heute, nachdem *F. Sanger* in England die Konstitution der Insuline verschiedener Herkunft und *W. H. Stein*, *S. Moore* und *E. B. Anfinsen* in den USA diejenige der Ribonuclease ermittelt haben, welche experimentelle Methode diesen Durchbruch schuf, so erkennt