

## 6

# Zusammenfassung

Die Bestimmung der 3-dimensionalen Struktur von Proteinen durch Röntgendiffraktion setzt Einkristalle voraus. Die Herstellung dieser Einkristalle stellt eines der größten Probleme der Proteinstrukturaufklärung dar. Der Kristallisationsübergang ist bei Proteinen durch Theorien nur ungenügend beschrieben und durch empirische Ergebnisse geringfügig ergänzt.

Die vorliegende Arbeit liefert einen Beitrag zum Verständnis der Proteinwechselwirkungen in Elektrolytlösungen, speziell beim Standardprotein Lysozym. Hierzu dienen die Photonen-Korrelations-Spektroskopie und die Laser-Doppler-Anemometrie. Die erste Methode führt über die Diffusionsmessung zur Angabe der Radien- und Teilchenzahlverteilungen in den Proteinlösungen und die zweite über Mobilitätsmessungen zum Zetapotential und zur Teilchenladung der untersuchten Proteine.

Beide Meßverfahren, u.a. teils an Tropfen von  $10\mu\text{l}$  durchgeführt, geben Einblicke in die Startphase der Aggregation sowie in die Aggregationskinetik, die teilweise direkt mit dem Erfolg der Kristallisation korreliert werden können. Die grundsätzliche Übereinstimmung der gemessenen Daten mit den Endzuständen der Proteine in Form von Kristallen oder amorphen Präzipitats ist bestätigt, aber eine sichere Aussage über den Ausgang einer Proteinkristallisation ist nur tendenziell möglich.

Dennoch kann die zusätzlich erhaltene Information mittels Lichtstreuung den Aufwand für eine erfolgreiche Kristallisation erheblich reduzieren. Daher liegen die Anwendungsmöglichkeiten in der besseren Voraussage der Kristallisationsbedingungen von Proteinen und in der effektiveren Verwendung innerhalb einer Automatisierung der Proteinkristallisation.