

Fra enkelt protein til supraprotein

Rogert Bauer, Institut for Matematik og Fysik,

Den Kgl. Veterinær og Landbohøjskole, Thorvaldsensvej 40, DK-1871 Frederiksberg C

Blødt og hårdt materiale.

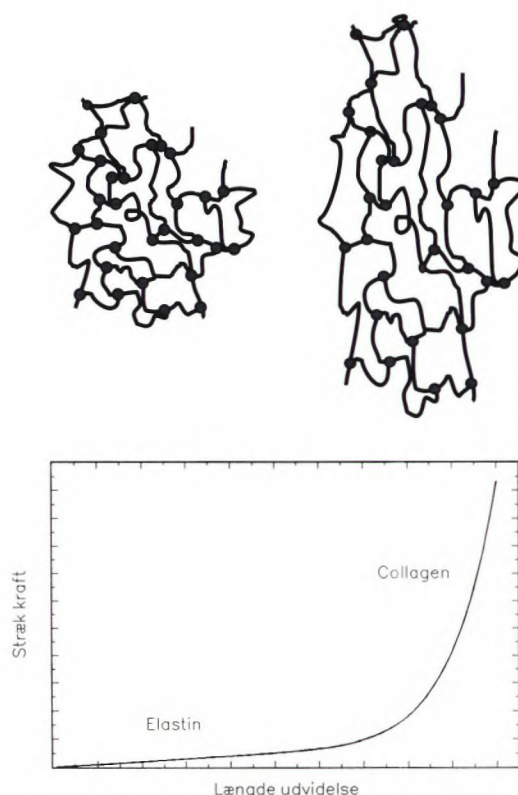
Dyr og planter består af både blødt og hårdt materiale. For dyr må knogler betragtes som hårdt materiale og hud som blødt materiale. I planter er veddet i træer hårdt materiale og blade blødt materiale. De bløde konstruktioner er en særlig klasse indenfor de faste stoffer. De består af makroskopiske proteinkomplekser, hvor byggeklodserne, de enkelte proteiner, er meget små (nogle få nm). En biologisk struktur, såsom hud eller en karvæg, er så sat sammen som en polymer af et eller flere proteiner. Ethvert protein er i sig selv en lille polymer af en eller flere peptid kæder (se Bohr og Lindgårds artikel i dette nummer af KVANT). Studiet af strukturen, dvs. sammensætningen af proteiner, i et såkaldt supraprotein-kompleks (kæmpeaggregat/netværksstruktur/polymer) ligger således indenfor området polymerfysik.

En meget stor forskel på bløde materialer og for eksempel en hård struktur som et metal er, at for førstnævntes vedkommende er der mange mulige strukturer, hvorimod et metal som regel er krystallinsk og derved eksisterer i kun en struktur.

Det er jo kendt, at ved opvarmning udvider stort set alle stoffer sig og modsat ved køling. Ikke desto mindre blev det observeret allerede i 1806, at gummi skrumper ved opvarmning. Årsagen ligger i gummis netværksstruktur, som det har til fælles med mange proteinkomplekser. De mange mulige tilfældige strukturer for netværket bliver delvist tabt ved udvidelse, hvorved entropien mindskes, i modsætning til en luftart hvor entropien (mulige tilstande) øges ved opvarmning.

Det klareste eksempel på en biologisk konstruktion, der har elastiske egenskaber, som gummi, er karvægge hos pattedyr. To centrale elementer i en karvæg er proteinerne elastin og collagen. På figur 1 er vist strukturen af elastin i normal og udstrakt tilstand. Antallet af mulige faconer af kæderne mellem knudepunkter reduceres drastisk fra den ustrakte til den strakte tilstand. Dette giver anledning til en svag elastisk kraft, der ligesom for gummi er af entropisk karakter. I modsætning hertil udviser collagen stor modstand mod udvidelse (figur 2). Elastin fremstår som et "blødt" elastisk stof, hvorimod collagen er "hårdt". Tænk på de egenskaber karvægge skal have. De skal både være let udvidelige i forbindelse med pulserende blod og modstandsdygtige overfor brud. Udvidelse af elastin foregår ligesom i et indkøbsnet: Indtil det er fuldt udstrakt, er der stort set ingen tiltrækkende kræfter, der skal overvindes. For elastin er det kun tab af entropi, der således giver elastisk modstand. I modsætning hertil er den treflattede struktur (triple helix) af collagen meget svær at strække ud hvilket gør karvæggen stærk overfor store udvidelser.

Ovenstående er to eksempler på supraprotein-komplekser, hvor elastin er en krydsbundet "tilfældig" struktur og collagen en opsnoet lineær struktur. En lineær proteinstruktur er også, af forståelige grunde, til stede i hår. Hud er også et supraprotein-kompleks, som har helt enestående elastiske egenskaber: Prøv selv at se hvor meget man kan trække hud ud og noter, hvor perfekt det falder tilbage. Denne egenskab har hud tilfælles med gummi, men ikke med mange bløde plastikstoffer. Prøv selv at strække en plasticpose.



Figur 1: Øverst til venstre ses en model af et elastin netværk bestående af tynde kæder med tilfældig struktur bundet sammen i knudepunkter. Til højre ses det samme netværk strakt. Nederst ses hvordan et netværk med både elastin og collagen reagerer overfor en strækkraft.

Funktion af α helices

Et særligt fremtrædende element i mange proteinstrukturer er α -helices. En lang række af lineære strukturer indeholder tre peptidkæder hver i en α -helix og yderligere snoede om hinanden (se collagen i figur 2). I collagen kan længden af disse snoede α -helices være op til flere μm . Selvom der er en sammenhæng mellem graden af α -helix og linearitet i proteiner og proteinkomplekser forefindes

der α helix i utroligt mange proteiner, som slet ikke er lineære. Det er sandsynligt at α -helices har betydning for mange strukturelle elementer i proteiner udover det ovenfor nævnte lineære aspekt. Det måske væsentligste er at undgå udfoldning af proteinstrukturen ved vores kropstemperatur. Overgangen fra den intakte foldede struktur af et protein til den ufoldede (ufunktionelle) sker ved at hæve temperaturen og ligner en faseovergang. Dette skyldes i høj grad α -helices i proteiner, idet der for at bryde en α helix kræves samtidig brydning af mange bindinger. Konsekvensen er, at udfoldningen af et protein sker over et meget snævert temperaturinterval således at bare vores kropstemperatur er et par grader under overgangstemperaturen er der stort set ikke noget denatureret protein. Derimod går det galt, når vi har høj feber.



Figur 2. Model for collagen (grundelement i sener), hvor tre peptid kæder i hver sin α helix, er yderligere snoet rundt om hinanden.

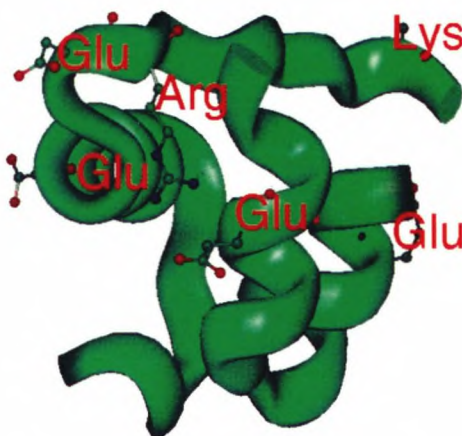
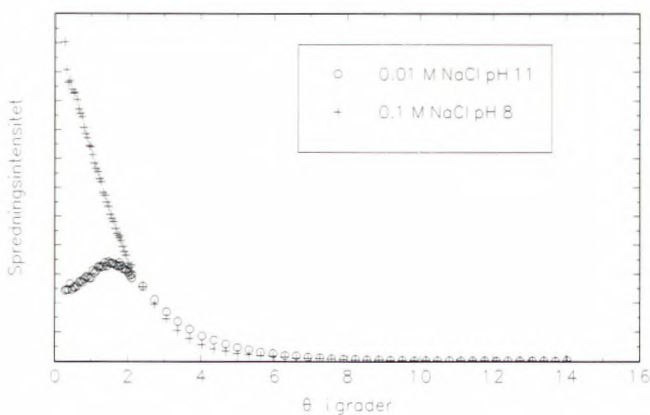
Betydning af elektrisk ladede aminosyrer

Når vi vil se på vekselvirkninger mellem proteiner er overfladen af proteinet det væsentlige i strukturen. Et protein er en eller flere peptidkæder foldet op i en bestemt struktur. Det har vist sig overordentlig vanskeligt om ikke umuligt at forudsige et proteins struktur udfra sammensætningen af aminosyrer. Et strukturelt aspekt fremstår dog klart, nemlig at de ladede aminosyrer sidder på overfladen af proteinet. Det skyldes at ladede aminosyrer vekselvirker kraftigt med vand. Alene dette har store konsekvenser for proteiners vekselvirkning. Der er normalt ikke lige mange positivt og negativt ladede aminosyrer ved fysiologisk pH (ca 7.5) førende til, at proteinet er netto enten positivt eller negativt ladet. Dette vil alt andet lige forøge deres opløselighed, da de vil frastøde hinanden. Tilsvarende gælder, at når man ændrer pH til den værdi, hvor nettoladningen er nul, er tiltrækningen mellem proteinerne ofte så stærk så de aggregerer, førende, som regel, til et hvidt bundfald. Mælk ved neutralt pH er et godt eksempel, idet mælkenes proteiner normalt er i opløsning; men hvis mælken bliver sur, så klumper proteinerne sammen. Det skyldes at mælkeproteinernes isoelektriske pH (det pH hvor proteinet har nettoladning nul) er ca. 5.5

Hvordan "ser" vi proteinstrukturer?

Når et proteinkompleks er tilstrækkeligt stort, kan vi se det med vores øjne (hud og hår for eksempel). Huds

blødhed og hårs evne til ikke at knække kan vi selv konstatere. Men at indse, hvordan proteinstrukturen danner grundlag for en sådan funktionalitet, kræver derimod mere end vores normale sanser. Selv et lysmikroskop er kun til begrænset hjælp, da de fleste strukturelle detaljer i proteiner har dimensioner der er mindre end lysets bølgelængde. Røntgendiffraktion og elektronmikroskopi har derimod givet os stor indsigt i strukturen af små proteiner (røntgen diffraktion) og store proteinkomplekser op til celledørrelse (elektronmikroskopi).



Figur 3: Nederst insulins struktur med fremhævelse af de fire ladede aminosyrer ved fysiologisk pH. Øverst ses neutronspredning fra insulin i en koncentration på 20 g pr. liter.

Ligeegyldigt om det er lys, røntgen, elektroner eller neutroner vi "ser med", er den grundlæggende proces spredning af enten partikler eller stråling. Når øjet ser, skyldes det spredning af lys der følger geometrisk optik. Forudsætningen for geometrisk optik er, at det vi ser er meget større end den bølgelængde vi ser ved, altså for lys ca mellem 400 og 700 nm. I princippet gælder det samme for elektron-, røntgen- og neutronspredding. Det vil sige, at vil vi have normale "billeder" af et protein med et elektronmikroskop, må vi blot vælge en bølgelængde for elektronerne der er meget mindre end det studerede proteins størrelse. For proteiner har det i praksis vist sig meget vanskeligt at få detaljerede billeder af deres strukturer med elektronmikroskopi. Dette er derimod opnået ved hjælp af røntgendiffraktionsstudier på protein-krystaller.

I røntgendiffraktion er det spredning af elektromagnetisk stråling på elektronerne i et protein, der fører til at vi kan "se" hvordan et protein ser ud. Bølgelængden af røntgenstrålingen i typiske apparater er 0.1 nm hvilket er meget passende for at studere proteiner ned til atomare dimensioner. Spredningen på hver elektron kan betragtes som en forstyrrelse af strålingen, der kommer til som koncentriske bølger ligesom ringe på vandet. Hvis der er mere end en elektron, skal amplituden af disse koncentriske bølger adderes, hvorved der opstår interferens.

Først og fremmest er spredningen proportional med antallet af atomer i molekylet d.v.s. at lysspredningen er proportional med det spredende molekyle's masse. For meget små molekyler i forhold til bølgelængden bliver spredningen isotrop, hvorimod store molekyler spredt lyset fremad, i en meget lille vinkel tæt på lysstrålingens oprindelige retning.

Der er alt for lidt spredt stråling fra ét molekyle og normalt er der i en opløsning utroligt mange molekyler. Flere molekyler spredt hver for sig, men vil der ikke komme interferens mellem spredningen fra flere molekyler? Jo, men hvis de ligger i alle mulige afstande fra hinanden, som de gør ved lave koncentrationer, vil interferensen mellem dem midle ud. Interferens kommer derimod ind når koncentrationen øges, idet stigende koncentration tvinger molekylerne til at ordne sig. Denne orden giver anledning til toppe i fordelingen af det spredte lys. Lysintensiteten ved helt små vinkler falder, samtidig med at der kommer maxima i intensiteten ved lidt større vinkler. Ud fra topens placering, facon og højde kan man få oplysninger om den typiske afstand som molekylerne ordner sig i, og den grad af orden der hersker.

En perfekt orden eksisterer i en krystal, og her forsvinder spredningen helt undtagen for flere skarpe toppe ved vinkler, der er reciprokke til gentagne afstande i krystallen. Intensiteten i disse kan bruges til at bestemme strukturen af krystallens byggesten. Dette er i meget stort omfang blevet brugt til at bestemme den tredimensionelle struktur af proteiner. Det er derimod nærmest umuligt at forestille sig store proteinkomplekser ordne sig i en krystal struktur. Det vil også være umuligt med røntgenkrystallografi at studere selve dannelsen af disse komplekser. De er normalt så små at vi heller ikke kan se dem i lysmikroskop.

Suprakomplekser opløst i en væske er tilfældigt orienteret i forhold til hinanden, og selvom de hver især spredt i et distinkt mønster, får vi totalt et spredningsmønster, som er midlet over alle orienteringer. Det vil sige, at mange forskelligt formede molekyllstrukturer kan give den samme spredningsprofil. For spredning på molekyler i opløsning får man altså ikke fuldstændig information om molekylet. Til gengæld kan man studere dem i mere naturlige omgivelser end ved røntgendiffraktion.

Eksempler på supraprotein komplekser

I det følgende skal vi i tre eksempler se, hvordan proteiner kan samle sig i aggregater og netværk. Og hvordan vi kan studere denne dannelse ved hjælp af neutron- og

lysspredning og ved elektronmikroskopi.

Aggregering af insulin

Insulin er et hormon, som regulerer blodsukkeret. Det er et meget lille protein bestående af kun 51 aminosyrer. Det er sammensat af to peptidkæder, som er knyttet sammen med svovlbroer. Strukturen ses på figur 3. Her er også vist de grupper der er ladede ved fysiologisk pH. Det er fire negativt ladede glutaminsyrer og to positivt ladede, henholdsvis en lysin og en arginin, hvilket giver en netto ladning på minus 2. Det isoelektriske pH for insulin er 6.5. Det er kendt, at insulin ved fysiologisk pH (ca 7.5) i stor koncentration og ved den høje saltkoncentration, der er i blodet, har en tendens til at aggregere. Derfor er insulins aggregering ved forskellige pH og saltkoncentrationer blevet undersøgt ved hjælp af neutronspreddning. Her er neutronspreddning at foretrække fremfor lysspredning fordi bølgelængden af neutroner (ca. 0.3 nm) passer langt bedre til de små insulin molekyler end bølgelængden for lys (ca. 500 nm). Når man øger pH bliver flere aminosyrer ioniseret og den negative nettoladning af insulin stiger fra 2 ved pH 8 til 6 ved pH 11. Betydningen af saltkoncentrationen kan forstås ved at de positive natrium ioner reducerer den elektriske frastødning mellem insulin molekylerne. Spredningskurverne ved pH 11, 10 mM NaCl og pH 8, 100 mM NaCl for koncentreret insulin opløsninger er vist på figur 3. Der skulle således være kraftig frastødning mellem insulin molekylerne ved pH 11 når saltkoncentrationen er så lav som 10 mM.

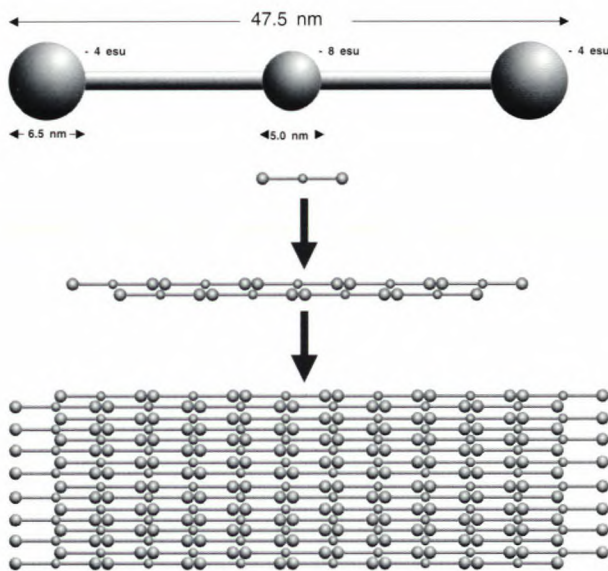
Minimaet i kurven for høj pH og lav salt koncentration kommer fra ordningen af insulin på grund af ladningsfrastødning. Rent elektrostatisk koster det for meget energi at bringe nogle af insulin molekylerne tæt på hinanden. Et kompromis er så, at der er næsten samme afstand mellem molekylerne altså øgning af ordenen. Interferens fra store afstande i opløsningen, hvilket vil sige interferens fra det ene molekyle til det andet, giver bidrag til spredning ved små spredningsvinkler, hvorimod ved store spredningsvinkler bidrager kun de indre afstande i insulin. Det er så klart, at når insulin er kraftigt ladet, observeres der enkeltmolekyler, som holder hinanden i skak på store afstande hvorimod, når insulin har en mindre ladning, så begynder molekylerne at klumpe sammen til store aggregater. Dette sidste, som ses på kurven for pH 8 100 mM NaCl, må betyde, at der mellem insulin molekyler også eksisterer tiltrækkende kræfter, som så blot bliver udkonkurreret når insulin er kraftigt ladet.

Proteinnetværk

Når insulin aggregerer er det svært at se noget biologisk formål med det, idet insulin som hormon fungerer ved koncentrationer langt under dem, som forårsager aggregering. Derimod findes der talrige eksempler på protein-aggregering, som er funktionelt betinget. To proteiner er i den forbindelse særligt vigtige actin og tubulin (mere om tubulin i Henrik Flyvbjergs artikel i dette nummer).

Netværksdannelse ved blodkoagulering

Her er formålet med netværket at forstærke størkningen af blod ved blødning. Det foregår ved hjælp af et protein kaldet fibrinogen, som vi har ret meget af i vores blod (ca 2g/l blod). I forbindelse med netværksdannelse er strukturen af fibrinogen ret så interessant. Fibrinogen består af seks peptidkæder som tilsammen består af ca. 3000 aminosyrer. En detaljeret tredimensional struktur kendes endnu ikke, men den generelle consensus om fibrinogens struktur er skitseret på figur 4.

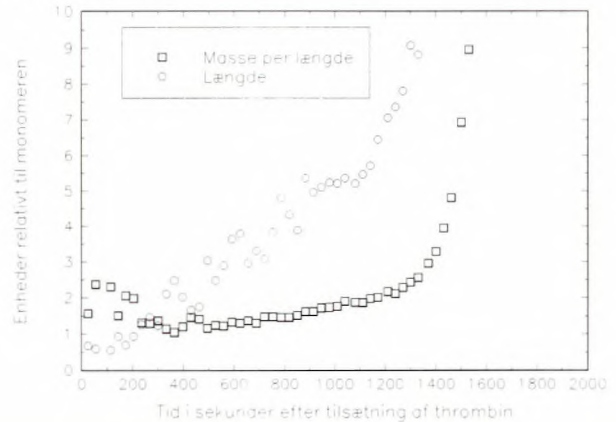


Figur 4: Øverst en skematisk model af fibrinogen. Derunder en model af fibrin, der ved overgangen har fået ændret ladningen på midterområdet fra negativ til positiv. Først danner fibrin lange tynde fibre med en masse pr. længde på to gange værdien for fibrinogen, hvorefter tykke fibre dannes.

De to tynde områder består af tre peptid kæder snoet op i en triple helix ligesom for collagen. De tre kompakte områder er ved fysiologisk pH negativt ladede, hvilket forklarer fibrinogens store opløselighed. Dette er rimeligt heldigt, da vi nødtigt ser, at al vores blod størkner. Det er således ikke fibrinogen i sin oprindelige form, der danner et netværk ved blødning, men derimod fibrinogen med nogle af dets aminosyrer fraspaltet. Ved blødning starter en lang kaskade af reaktioner, som ender med, at et lille protein, prothrombin, får fraspaltet en del af sin peptidkæde, som har beskyttet mod dette proteins evne til at fraspalte dele af fibrinogen molekylet. Det er ikke meget af fibrinogen molekylet, der bliver fraspaltet, og alt tyder på at dets facon stort set er uændret. Ladningen er dog ændret. Det tykke midterdomæne hvor thrombin har klippet er blevet positivt ladet. Fibrinogen spaltet med enzymet thrombin kaldes fibrin. Tidsforløbet af aggregeringen af fibrin har været studeret ved hjælp af lysspredningsforsøg med en opløsning af fibrinogen tilsat thrombin¹

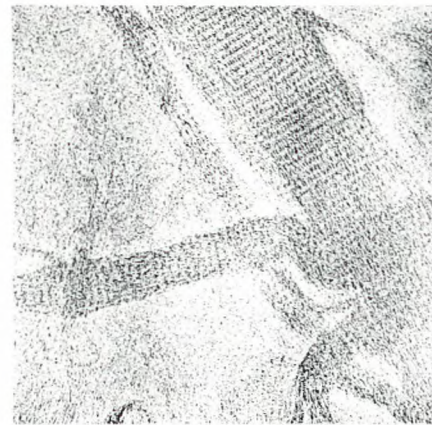
I lysspredningsforsøg kan vi få oplysning om længden af fibrene ved at måle de tidlige fluktuationer af lysspredningen. Vi kigger derved på størrelsen af de Brownske

bevægelser, der er afhængig af fibreens størrelse. Massen per længde dukker også ud af disse forsøg. Fibrene bliver meget længere end lysbølgelængden, så den gennemsnitlige størrelse af lysspredningen afhænger hovedsageligt af deres tykkelse dvs af deres masse per længdeenhed.



Figur 5: Resultater fra lysspredning på thrombin aktiveret aggregering af fibrinogen.

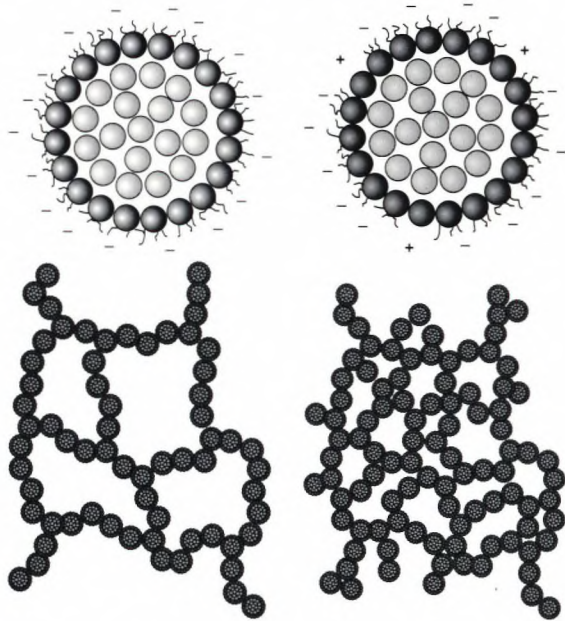
Resultater fra lysspredningsforsøgene er vist på figur 5. Aggregeringen er helt tydeligt delt ind i to faser. Indtil 1400 sekunder stiger længde og tykkelse langsomt, ja tykkelsen stiger faktisk kun til det dobbelte mens længden ved slutningen af denne periode er ca 10 gange fibrins længde. Denne fase passer med at fibrin lægger sig i en tostrengt fiber.



Figur 6. Elektronmikroskopi billede af de tykke fibrin fibre. Afstanden mellem båndene er 23 nm.

Efter den første fase med kun svag stigning for massen per længde, sker der en meget hurtig forøgelse af tykkelsen af fibrene (figur 5). Forklaringen på hvordan dette kan ske så hurtigt kendes ikke, men et forslag ville være at det er en slags faseovergang ligesom en spontan krystallisering. Hvis man kigger på det elektron mikroskopiske billede af de dannede tykke fibre (figur 6), så ser man faktisk også et gentagende mønster mindende om den periodiske struktur i en krystal. Striberne har en afstand på 23 nm, præcist det halve af fibrin molekylets længde. Det vil passe fint med den halvt overlappende model vist i figur 4

og striberne repræsenterer så de tykke domæner i fibrin. Forslaget om en overgang magen til den, der sker ved krystallisation, kan retfærdiggøres ved ladningsvekselvirkning. De dannede lange fibre vil ligesom legoklodser have mange kontaktpunkter. To lange legokonstruktioner kan jo i een operation sættes sammen og fordoble tykkelsen.



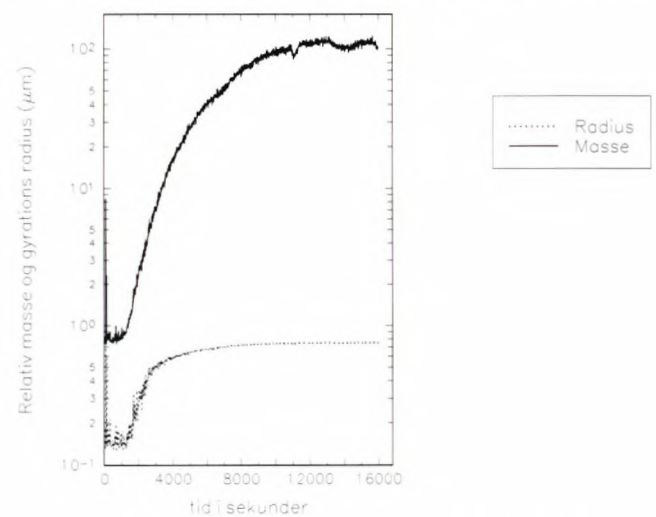
Figur 7. Til venstre model af en kasein micelle hvor de lyse kugler forestiller α og β kasein og de mørke kugler κ kasein. De lange tynde tråde med tilfældig struktur sidder på κ kasein og er negativt ladet. Til højre er nogle af de tynde tråde klippet af chymosin hvorved ladningen lokalt kan blive positiv. Dette kan føre til dannelse af et løst netværk. Når flere tråde er klippet af ender kasein micellerne med at have netto ca nul ladning hvorved det løse netværk kan fyldes ud.

Mælkekoagulering

Hvis man ser på en mælkekarton er der ca 34 gram protein per liter, heraf er de 24 gram forskellige varianter af et protein kaldet kasein. Det er kasein, der er årsag til den kraftige spredning af lys fra skummetmælk og hermed den hvide farve. 24 gram kasein, hver med en størrelse på ca. 4 nm, opløst i en liter vand giver dog ikke nogen synlig lysspredning. Forklaringen på den kraftige lysspredning fra mælk, er at kasein ikke eksisterer som enkelt molekyle i opløsning, men derimod i store aggregater med mange tusinder kasein molekyler. Disse protein ansamlinger kaldes kasein miceller og har en diameter på ca 200 nm. Så store molekyler vil ikke alene sprede lyset meget kraftigt, men også kraftigt fremadrettet. I mælk spreder disse store miceller imidlertid lyset så voldsomt, at den samme foton bliver spredt mange gange, hvilket får lysspredning fra mælk til at se ud som isotrop spredning. Det er derimod muligt at se lyset blive spredt fremadrettet, hvis man sender lys ind i en stærk fortyndet mælkeopløsning.

Fordelingen af de forskellige varianter af kasein i micellen er interessant. Kun κ kasein har en nævneværdig

nettoladning som er negativt α og β casein sidder inde i midten af micellen og κ casein sidder på overfladen med den konsekvens, at kasein miceller er stærkt negativt ladede på overfladen (figur 7). De frastøder derfor hinanden og sikrer at mælk kan have så høj en protein koncentration i opløsning. Nu kunne man hurtigt finde på en måde at få micellerne til at aggregere og dermed lave tykmælk. Man kunne nemlig gøre mælken sur, således at nettoladningen bliver nul (isoelektrisk pH). Hvis man får bakterier til at gøre arbejdet bliver mælken til yoghurt. En anden metode er at klippe en del af det negativt ladede κ casein af, så vi på den måde hæver det isoelektriske pH. Det ligner lidt det, der foregår ved blodkoagulering. Kalve producerer et enzym der hedder chymosin eller på dansk, osteløbe. Ved tilsætning af dette enzym til mælk får vi dannet ost. Kalven benytter dette enzym til at få mælken til at blive en gel således at mælken opholder sig lang nok tid i dens mave til at blive fordøjet. På figur 7 er en tegning af kasein miceller før og efter behandling med chymosin og to stadier af aggregeringsprocessen efter kasein micellerne er blevet klippet af chymosin.



Figur 8: Resultater fra lysspredning på fortyndet skummetmælk. Gyrations radius er et mål for størrelsen af aggregaterne, og er for kugler 0.8 gange radius.

At udføre lysspredningsforsøg på mælk er ikke særlig nemt. Forestil dig at lyset skal passere 1 cm mælk, hvori lyset skal spredes. Der kommer simpelthen ikke noget igennem. Det er derfor nødvendigt at benytte en beholder hvor lysvejen er fra 0.05 til 0.1 mm. Problemerne stopper ikke her. Der er nemlig en fundamental forskel på lysspredning, som vi her omtaler det, og så den måde vores øjne ser lys spredt på omgivende materiale. Små molekyler spreder lyset isotropt. Dette gælder når størrelsen af molekylerne er meget mindre end lysets bølgelængde. Når vi spreder lyset på større og større molekyler bliver lyset mere og mere fremadrettet spredt grænsende til at lyset går lige igennem (molekylerne bliver gennemsigtige). Når de bliver endnu større så følger de geometrisk optik og en del passerer lige igennem en vinkelret flade og en del bliver tilbagespredt. Diffus spredning (gælder for proteiner op til en diameter på ca. 0.5 μm) og geometrisk

optik (gælder for genstande ned til ca 10 μm) er "simpel" at udregne. Overgangsområdet (mellem 0.5 og 10 μm) kræver derimod bidrag fra højere ordens led hvilket gør beregningerne noget mere komplicerede.

Ved at fortynde mælken kan man rimeligt nemt få noget at vide om hvordan strukturen af aggregaterne før gel dannelsen er. Geldannelsen må man derimod afstå fra at få oplysninger om idet mælk fortyndet mere end 10 gange ikke danner nogen gel.

Hvis vi kigger på figur 8 ser vi, at der det første stykke i tid ingen ændring sker, hverken i radius eller masse (i modsætning til fibrin aggregering hvor fiberlængden øges lige fra starten men stort set ikke tykkelsen af fibre). Efter denne stille periode ændrer både massen og radius sig voldsomt. Kigger man på kurverne, følges de pænt ad, hvilket udtrykker, at en åben struktur er under dannelsen (en kompakt struktur såsom en kugle, der vokser i størrelse får massen til at vokse med tredje potens af radien. Længere henne i forløbet (efter ca. 4000 sekunder) ændrer radien sig meget lidt i modsætning til massen som stadig stiger meget. Når massen stiger men ikke størrelsen må det fortolkes som det åbne netværk der langsomt fyldes ud med flere og flere barberede kasein miceller og bliver mere og mere kompakt (figur 8).

Hvis overfladen af kasein micellen efter tilsætning af chymosin langsomt barberes, så kan man forestille sig at kasein micellerne først kan aggregere når, der er mere end

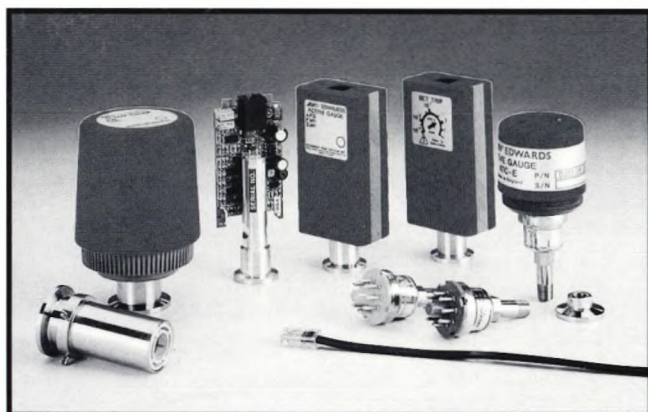
50 procent af overfladen der er klippet. Når aggregeringen så starter, endnu før micellerne er helt klippet, kan der kun bindes to eller højst tre klippede miceller til hinanden, hvilket vil føre til et meget "luftigt" netværk som skitseret nederst til højre. på figur 7. Senere når micellerne er helt klippet kan mange miceller binde til hinanden og således kan det løse netværk blive fyldt ud og derved blive mere kompakt som vist øverst til højre på figur 7.

Referencer:

- 1) Rogert Bauer, *Laserlys og størkning af blod*, Naturens Verden no. 7 side 256 til 266, 1992.



Rogert Bauer, dr. scient.
Professor i fysik ved Den Kgl. Veterinær og Landbohøjskole. Arbejder med eksperimentel molekylær biofysik. Interesserer sig især for aggregering af proteiner, membran-protein vekselvirkning og samspil mellem metalioner og proteiner.



Active gauges er et nyt koncept til vakuummåling. Målehovedet indeholder hele elektronikken til måleudstyret og kræver derfor kun en standard DC strømforsyning. Udgangssignalet er 0 - 10V DC. Udlæsningen kan foregå på et almindeligt måleinstrument, PLC eller på en computer. Derved er der bedre mulighed for dokumentation ved f.eks. produktionskontrol. Fordelen ved denne konstruktion er bl.a., at man ikke behøver at have målehoved og måleudstyr i nærheden af hinanden. Kabler kan leveres i længder på op til 100 meter.

Pris pr. målehoved fra kr. **2.540,-** ex. moms

EDWARDS

Rotationsvakuumpumpe type RV er en ny oliepumpe, som både er en et- og to-trins pumpe, da der er mulighed for med en drejeknap at øge luftgennemstrømningen. Denne mulighed er der ingen andre vakuumpumper på markedet der har. Pumpen leveres i 4 størrelser 3,7 - 5,8 - 9,7 - 14,2 m³/h.

Edwards RV pumper er velegnet som kemipumpe til f.eks. geltørring, centrifugering og frysetørring. Er også velegnet til rene systemer, hvor der kræves lavt sluttryk. I laboratoriet vil man også påskønne det meget lave støjniveau på kun 48 dBA.



Buch & Holm A/S

Marielundvej 36 - 2730 Herlev ☎ 42 91 75 11 Fax 44 92 31 00