

EINLEITENDE WORTE

Die beiden Erwin-Baur-Gedächtnisvorlesungen, die wir in den vergangenen Jahren durchgeführt haben, waren den Problemen der Mutagenese gewidmet. Die Veranstaltung im Jahre 1959 behandelte die „Chemische Mutagenese“, die darauffolgende im Jahre 1961 die „Strahlen-induzierte Mutagenese“. Hauptgegenstand dieser beiden Gedächtnisvorlesungen waren die Vorgänge und Beziehungen zwischen der Einwirkung des mutagenen Agens und der erfolgten Mutation. Beim Studium dieser Beziehungen trat die Frage nach der Struktur des genetischen Materials immer mehr hervor.

An diesem Punkt knüpft nun unsere diesjährige Veranstaltung an. Wir wollen nicht nur wissen, wie ein bestimmtes Agens auf das genetische Material einwirkt und welche Veränderungen hierdurch eintreten. Uns beschäftigt in gleichem Maße die Frage, welche Struktur und Organisation das genetische Material hat, wie es seinen Informationsgehalt in den aufeinanderfolgenden Generationen erhält und, vor allem auch, wie es Stoffwechsel und Entwicklung kontrolliert und bestimmt.

Die Fortschritte unseres Wissens über die Struktur und die Organisation des genetischen Materials verdanken wir vor allem zwei Forschungsrichtungen.

Das eine Gebiet ist die Nukleinsäureforschung. Untersuchungen an Bakterien, Bakteriophagen und Viren haben uns im Verlaufe der letzten 20 Jahre den Beweis geliefert, daß die Nukleinsäuren das genetische Material darstellen; in den meisten Fällen spielt die DNS diese Rolle, in anderen Fällen die RNS (so bei zahlreichen Viren, z. B. dem Tabakmosaikvirus, und den RNS-Phagen). Die Aufstellung des WATSON-CRICK-Modells der DNS im Jahre 1953 markiert einen ersten Höhepunkt in der Entwicklung dieses Forschungszweiges. Seitdem hat sich dieses Gebiet in erstaunlicher Geschwindigkeit weiterentwickelt und uns viele neue Erkenntnisse gebracht. Darüber hinaus hat sich aber eine Fülle von Problemen aufgetan, die noch der Lösung harren. Bei der Klärung der offenen Fragen zeigt sich in besonderem Maße, wie unbedingt erforderlich die enge Zusammenarbeit zwischen Physikern, Chemikern, Biochemikern und Genetikern ist.

Der andere Forschungszweig, der uns wesentliche, neue Einsichten brachte, analysiert die Feinstruktur des Gens. Untersuchungen, die vor allem an Bakteriophagen, Bakterien und Pilzen durchgeführt wurden, haben uns gezeigt, daß Funktions-, Rekombinations- und Mutations-Einheit des Genotyps verschiedene Größen sind. Das hat uns veranlaßt, den Begriff neu zu durchdenken. Heute steht daher vor uns die Aufgabe, den Begriff des Gens unter Berücksichtigung auch solcher Erscheinungen wie der interallelen Komplementierung exakt zu fassen und genau zu definieren. Die Auswertung der Ergebnisse beider Forschungs-

zweige hat es schließlich erlaubt, die genetischen Werte (etwa kleinste Rekombinationswerte) mit bestimmten biophysikalischen Größen (etwa den Nukleotidabständen) in Parallele zu setzen. Nicht zuletzt haben uns die Arbeiten an Mikroorganismen mit ganz neuen Wegen der Übertragung und der Rekombination von Erbanlagen bekannt gemacht, deren Entdeckung die Bedeutung der Genetik für die allgemeine Biologie erneut unterstreicht.

Die Frage, wie die Gene in die Stoffwechsel- und Entwicklungsprozesse eingreifen, hat die Genetiker schon immer beschäftigt. Bereits in den zwanziger Jahren wurde, nicht zuletzt unter dem Einfluß der Arbeiten RICHARD GOLDSCHMIDTS, die Vorstellung entwickelt, daß die Gene als Enzyme oder über Enzyme auf die Stoffwechselprozesse einwirken. Aber es verging eine lange Zeit, bis diese allgemeine Formulierung genetisch-biochemisch präzisiert werden konnte. Die Bearbeitung geeigneter Augenfarbmutanten von *Ephestia* und *Drosophila* stimulierte die Weiterentwicklung dieses Forschungszweiges. Die entscheidenden Fortschritte brachte dann die Analyse der biochemischen Mangelmutanten von *Neurospora* und verschiedener Bakterien. Sie erlaubten BEADLE und TATUM die Formulierung der „Ein Gen – Ein Enzym“-Hypothese. Die letzten Jahre schließlich haben in ganz erstaunlicher Geschwindigkeit und in ganz überraschendem Ausmaß Einblicke in die Einzelheiten dieser Beziehungen gebracht, die wohl nur noch derjenige erfassen und verfolgen kann, der selbst aktiv im Bereich der Molekulargenetik tätig ist.

Es wurde klar, daß die DNS durch Vermittlung von RNS die Struktur der Enzyme und anderer Proteine festlegt. Die verschiedenen RNS-Formen (Messenger-, Transfer- und Ribosomen-RNS) konnten erfaßt werden. Damit und mit der Verwendung synthetischer Polynukleotide war ein wesentlicher Ansatzpunkt für die Arbeiten zur Aufklärung des genetischen Codes gegeben. Andererseits ergab sich nach der Konstitutionsaufklärung verschiedener Proteine die Möglichkeit, die als Folge von Mutationen auftretenden Aminosäure-Austausche exakt zu erfassen, und auf diesem Wege Aussagen über den genetischen Code zu machen.

Die weitere Aufklärung des genetischen Codes und der Mechanismen seiner Realisierung sowie die genaue Analyse von Struktur und Funktion der verschiedenen RNS-Formen sind wesentliche Aufgaben der gegenwärtigen Forschung.

Bei Bakterien enthüllte die Analyse von Induktions- und Repressions-Erscheinungen innerzellige Regulationsmechanismen, deren Aufdeckung notwendige Vergleiche mit den Regulationssystemen mehrzelliger Organismen anregte. Bei Mehrzellen spielen ja Regulationssysteme eine außerordentlich wichtige Rolle. Die cytologische, genetische und biochemische Bearbeitung solcher geeigneten Systeme wie z. B. der Riesenchromosomen der Dipteren mit ihren Strukturmodifikationen hat schon wesentliche Ergebnisse zu diesem Problem beigesteuert und verspricht für die Zukunft zweifellos weitere wichtige Einsichten.

Diese hier nur angedeuteten Probleme, die alle zum Thema „Struktur und Funktion des genetischen Materials“ gehören, werden im Verlaufe unserer Tagung ausführlich und dem neuesten Stand der Forschung entsprechend behandelt werden.

Wir Gaterslebener sind glücklich darüber, eine so große Zahl von Gästen bei uns begrüßen zu können. Wir freuen uns, daß viele ausländische Wissenschaftler unserer Einladung gefolgt sind und daß wir auch zahlreiche Kollegen aus der Bundesrepublik begrüßen können. Sie alle sind uns herzlich willkommen!

Manche von Ihnen haben das Opfer einer langen und beschwerlichen Reise nicht gescheut, um zu uns zu kommen. Die meisten von Ihnen sind zum erstenmal in diesem kleinen und entlegenen Ort, in dem wir 1945 mit dem Aufbau dieses Instituts begonnen haben. Ihnen allen wünschen wir, daß Sie sich in diesen Tagen bei uns wohl fühlen, daß feste menschliche und wissenschaftliche Brücken geschlagen werden und daß Sie bereichert am Ende der Tagung von uns scheiden.

Leider ist es uns nicht vergönnt, zwei Kollegen hier bei uns zu haben, deren Besuch wir erwartet hatten: FRANCIS RYAN und BERNARD NEBEL. Der Tod hat sie uns überraschend, vorzeitig und unerbittlich entrissen. Hier ist nicht der Ort, Leben und Werk beider Persönlichkeiten umfassend zu würdigen. Ich will nur sagen, daß uns allen der plötzliche Tod von FRANCIS RYAN ganz unfaßbar ist. Ich hatte leider nur einmal Gelegenheit, ihn persönlich zu treffen. Seine kraftvolle und naturnahe Persönlichkeit strömte unerschütterliche Gesundheit, Güte und Menschlichkeit aus. FRANCIS RYAN hat sich durch seine Arbeiten, die er mit seinem Team vom Zoologischen Institut der Columbia University durchführte, große Verdienste um die Aufklärung der molekularen Grundlagen des Mutationsprozesses erworben. Er hat gemeinsam mit RUTH SAGER das Buch „Cell Heredity“ verfaßt, das zu den besten Lehrbüchern der Genetik gehört. Die Herausgeber der „Zeitschrift für Vererbungslehre“ trauern um einen sehr aktiven Mitarbeiter bei der Gestaltung dieser alten genetischen Zeitschrift.

BERNARD NEBEL war von uns eingeladen worden, um seine Vorstellungen über Struktur und Feinbau der Chromosomen näher kennenzulernen. Er schrieb mir aus dem Krankenhaus, daß er wohl nicht kommen werde, weil er sich nur langsam von einer Nierenentzündung erholen könne. Ich kannte ihn und MABEL RUTTLE NEBEL seit 1928, als wir zusammen an das neugegründete Kaiser-Wilhelm-Institut für Züchtungsforschung in Münschberg kamen. Ein Jahr lang war er uns Anfängern ein Vorbild in der Strenge seiner Arbeitsdisziplin und der Weite und Unabhängigkeit seines Denkens. Er hat nach seiner endgültigen Übersiedlung in die USA viele Arbeiten über Chromosomenstruktur, über Bestrahlungswirkungen, über die polyploidisierende Wirkung von Colchicin und manche anderen Fragen veröffentlicht. Er war ein vielseitig interessanter und gebildeter Mann, der auf dem Umweg über die Medizin wieder zu seinem Hauptgebiet, der Cytologie, zurückkehrte. Kurz vor seinem Tode formulierte er neue Vorstellungen über die Struktur der Chromosomen, wie sie ihm das elektronenoptische Bild zeigte.

Es liegt nicht im Sinne dieser beiden ausgezeichneten Menschen und Forscher über den großen Verlust zu klagen, den ihr früher Tod uns allen brachte. Wir wollen uns glücklich schätzen, daß sie als gute Menschen unter uns waren und ihnen danken für ihr wissenschaftliches Werk, das sie uns hinterlassen haben und das lange bestehen bleiben wird.

Wir werden jetzt mit den Vorträgen unserer Tagung beginnen. Möge die Veranstaltung, die uns hier zu wissenschaftlichem Gedankenaustausch zusammenführt, recht fruchtbar sein. Möge sie den wissenschaftlichen und persönlichen Kontakt zwischen den Teilnehmern dieser Tagung über alle Grenzen der Länder und Kontinente hinweg fördern.

Im Namen des Herrn Präsidenten der Deutschen Akademie der Wissenschaften zu Berlin und im Namen des Herrn Vorsitzenden der Forschungsgemeinschaft der Akademie heiße ich Sie alle herzlich willkommen und eröffne hiermit die dritten Erwin-Baur-Gedächtnisvorlesungen.

H. STUBBE

