



278376

# 現代生物化学的 某些問題

B. A. 恩格尔哈特著



科学出版社

# 現代生物化学的某些問題

B. A. 恩格尔哈特 著

劉鍾鉦 譯

商宗一 桜

科学出版社

1960

В. А. ЭНГЕЛЬГАРДТ  
НЕКОТОРЫЕ ПРОБЛЕМЫ  
СОВРЕМЕННОЙ БИОХИМИИ  
ИЗДАТЕЛЬСТВО АКАДЕМИИ НАУК СССР  
1959

### 內容簡介

本书首先在理論上探討了脫氧核糖核酸的复制历程和蛋白质分子的合成過程。对于生物学活性蛋白质、胰島素的分子结构、不同生物学活性物质也作了扼要的叙述。著者認為最近几年来蛋白质化学的成就已为化学生物学的研究揭开了新的一页，产生了在分子水平上研究比較解剖学的可能性。

著者总结了对某些在催化作用上属于不活泼类型的所謂酶原的活化作用机制問題的研究，認為决定酶分子催化作用活性，并不是全部化学结构以及分子构型总体，而是集中于分子中某些有限部分，即所謂“核心”或“活性中心”。

著者闡釋了生物化学与医学間日益密切的关系，并以镰刀型貧血病、先天性小儿黃疸病以及所謂威尔逊氏病为例，說明了研究分子病理學的重要意义。

最后，著者指出了具有高度生物学活性物质——5羟基色胺——的重要作用和性质，并展望了机能生物化学的研究远景。

### 現代生物化学的某些問題

B. A. 恩格爾哈特 著

刘鍾鈺 譯

科学出版社出版 (北京朝阳門大街 117 号)  
北京市书刊出版业营业許可證出字第 061 号

中国科学院印刷厂印刷 新华书店總經售

1960年10月第 一 版 书号：2294 字数：28,000  
1960年10月第一次印刷 开本：850×1168 1/32  
(京) 0001—7,600 印张：1 1/8

定价：0.20 元

在現代化学的所有各个部門中，生物化学乃是发展得极快而且特殊蓬勃的一个方面。可以与之相提并論的只有人工聚合物化学。按照化学方案所进行的研究之向生物学各領域內的深入和发展正在变得日益广闊和繁复。活体的一些最重要的机能和特点——遗传性、运动、感覺器官的活动、能力学、疾病的本質、免疫性現象，等等——生命活动的所有这些最根本的表現，已經在更大的程度上日益成为生物化学的研究对象。在現代生物化学面前所展現的活動范围真正是广闊无际的，因为所有最迫切的生物学問題，差不多也全部都是現代生物化学的問題。

虽然目前生物化学研究工作所面临的問題为数极多而且很复杂，可是，毕竟还是能清晰地显示出形成現代生物化学面貌及决定其在最近将来发展道路的某些主要研究方向。可以說，在集中了我們主要注意力的几个有决定意义的重要領域，所获得的成就是尤其巨大的，而且发展得也极为迅速。近几年来，在有机化学(部分也在无机化学)方面，合成聚合物的研究已占据了优越的地位。和这种情况相似，在今日的生物化学中主要注意力也已集中于以下两类天然高分子聚合物的研究——其一是蛋白质，另一則是核酸。当然，近代生物化学的这两个主要部分中各自也都还包括着許多繁复的方面，有的还正在向独立庞大的領域发展，例如，酶學問題、化学遗传学問題，等等。这篇报告就是要沿着上面所指出的两个方向試图对現代生物化学中的某些問題作一适当的闡述。这里对所探討的材料的这种限制之所以是适宜的，也是由于所提到的这两个較大的研究領域之間是緊密地交織在一起的，有时密切得很難划出它們之間的界綫。

核酸的作用，更正确地說，其中之一，即在許多世代中实现着遗传訊息的传递的、作为一种具体化学物质的脱氧核糖核酸(DНК)的作用，目前已为大家所熟知，而且得到了确証，这一点是

沒有談論的必要的。在這一方面，證明了在用一種類型的細菌所分離出來的脫氧核糖核酸製劑作用於另一種類型的微生物時可能引起向此脫氧核糖核酸製劑所由獲取的那種類型轉變的一些實驗，是有決定性的意義的。因為如是所引起的性質上的改變，在以後的許多世代中都可以遺傳和保持下來，所以，脫氧核糖核酸在這裡所起的顯然是遺傳訊息的載體的作用。談到這裡，目前尚很少為人所知的、Straub 在布達佩斯所進行的一些絕妙的實驗是值得一提的。這些實驗所涉及到的是微生物因脫氧核糖核酸製劑的影響而引起的敏感性或對抗菌素的抵抗力的遺傳。我們早已知道，在培養對青霉素敏感的菌株時，在這種抗菌素的含量起初很少而以後逐漸增多的培養基上可以獲得對青霉素有抵抗力的菌株。產生抵抗力的原因在於這些微生物能製造出一種特殊的、能分解青霉素的酶，即青霉素酶。Straub 發現，從所獲得的有抵抗力的菌株可以分離出脫氧核糖核酸製劑，而且如果用以影響對青霉素敏感的菌株，就會使其轉變為對青霉素有抵抗力的菌株（其實，這些細菌一般說來也總會有一個時候同青霉素相接觸）。可見，脫氧核糖核酸在這裡所起的也是一種能決定象對殺菌劑有抵抗力這樣重要性質的、遺傳訊息的載體的作用。不難設想，由於對此類現象的觀察，會發展成多么重要的、既有理論意義又有實際意義的問題。

Watson 和 Crick 的脫氧核糖核酸的結構模型是根據物理學方面的研究而建立起來的，他們預見脫氧核糖核酸是由兩條方向相反的多核苷酸鏈組成的雙重螺旋線，兩鏈中的鹼基都有一定的相對位置，因而，一鏈中的腺嘌呤總是與另一鏈中的胸腺嘧啶對應，而鳥嘌呤則總是與胞嘧啶對應。兩鏈之間有氫鍵連結，這些氫鍵在細胞分裂時斷開，而且此時在所形成的每一個別的脫氧核糖核酸鏈上，和在樣板上一樣，能建成第二個、成分與前者相同的補體鏈。這個過程如圖 1 所示。

抽象地擬定的、細胞分裂時脫氧核糖核酸的這種自生繁殖作用（Авторепродукция）歷程，已然發現是可以用普通顯微鏡看到的。所研究的材料應事先以用氯示踪的胸腺嘧啶處理。這樣就會

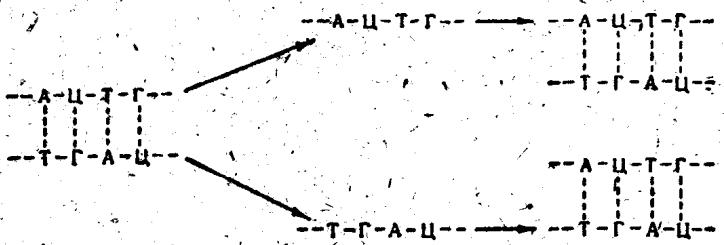


图 1 脱氧核糖核酸的复制

“A”——腺嘌呤；“T”——胸腺嘧啶；“Г”——鸟嘌呤；“Ц”——胞嘧啶。

发生胸腺嘧啶向脱氧核糖核酸组成成分中的侵入。胸腺嘧啶很快即渗入到脱氧核糖核酸的组成成分之内，而且在两条链中渗入的程度是相同的。当细胞分裂时，这两条母链分别形成一个子染色体。借助于放射自显影可以证实，原来的两条母链中到处都是含有标记的，然而在第一次分裂的染色体中（即第1代中）只是在两条链之一有标记。在以后的第二次分裂时则又发现一半染色体含有

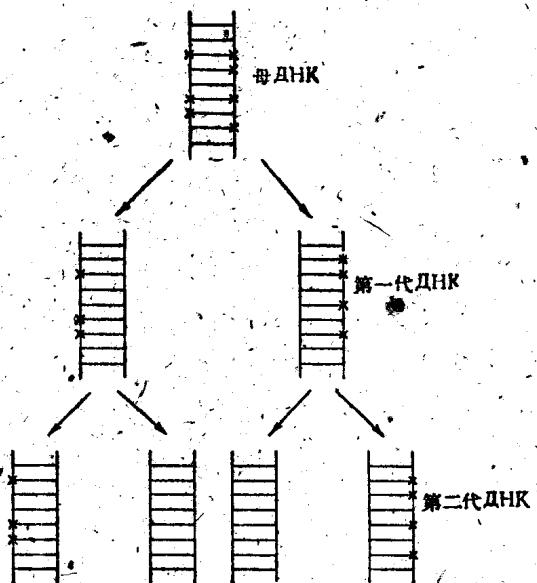


图 2 同位素标记在脱氧核糖核酸(DNA)之双重键中的分布(“×”表示同位素标记,即氚)。

标记，而另一半就沒有。这个过程可以用以上图式来說明(图2)。

这样看来，所抽象地假定的、脱氧核糖核酸分子的复制历程已然成了明显的现实。

遗传訊息問題可具体为以4个字母所編組的化学暗碼中所記录下来的問題。这种暗碼的作用在于，它可以确定細胞分裂以后所应合成的那些蛋白質(即建立和組成子細胞質体的蛋白質)的特殊结构。可以推測，每一个别的氨基酸都与一定的組合，即与脱氧核糖核酸鍵中三对核苷酸殘基的組成成分及相互位置相对应。这是我們在上面所曾經提到的、核酸的生物化学与蛋白質的生物化学間有最密切地相互深入的一个实例，不过，这种結合类型在实际上是要复杂一些的。脱氧核糖核酸可以用作为样板，或一級的暗碼。根据現代的概念，新的細胞蛋白質的合成并不是直接在样板上进行的。脱氧核糖核酸作为样板，在其上合成核糖核酸(RHK)的分子，其嘌呤碱和嘧啶碱当然是有严格一定的排列順序的，它們的位置取决于原始的样板，即取决于脱氧核糖核酸分子中的核苷酸的排列。在細胞核中作为样板的脱氧核糖核酸上所合成的、并且有如自压模所得的印痕一样自其承受“化学暗碼”的全部细节的核糖核酸，则将繼而完成二級样板的作用。它也将直接作为模子以参与在細胞核外的一定部分进行的蛋白質合成，并参与細胞質的形成。稍后我将轉到有关核糖核酸参与此一最重要的过程即蛋白質的生物学合成的形式問題。在此以前，首先还要談几句有关脱氧核糖核酸的化学及其最后轉变問題。

A. Н. Белозерский 的卓越研究所已然證明的是，不仅脱氧核糖核酸結構的微妙的細节(目前，这些細节还是我們所无法琢磨的，因此我們只是根据間接的理由来推測它們的存在)，就連組成脱氧核糖核酸的所有各組分的总的數量比例，在近緣类型的微生物以及人工获得的、它們的变体上也都可以显示出特殊的差异。而核糖核酸的組成成分則与此不同，看来实际上总是一样的，显然它能以本身組分的排列来保証細胞的全部合成作用的需要。

脱氧核糖核酸的生物学問題乃是在世代交替中能否保持恆定

的問題。脫氧核糖核酸結構中的任何变化都将引起后代的某些改变，导致所謂的突变。因此，当然應該尽可能使脫氧核糖核酸保持本身结构的不变性。这一要求可以由未分裂的細胞中的脫氧核糖核酸显示出异常的稳定性、极度的代謝惰性这种状况来满足。同位素法証明了，在两次分裂的間隔时期之内，脫氧核糖核酸在細胞中实际上完全不致遭到“循环”或“更新”。在这方面，它与細胞中周轉迅速的所有其余組分——蛋白質、类脂化合物、甚至核糖核酸——都是有显著区别的。因此可以得出这样一个結論，即突变基本上是由于脫氧核糖核酸分子在細胞分裂过程中的自生繁殖作用过程或复制过程不完全所引起的。

我們知道，如果說脫氧核糖核酸的稳定性、不变性乃是遗传保守的一个必不可少的条件，那么，突变則是变异性基础，并且从而也是进化的基础。它們通过自然选择和人工选择以使机体有可能获得改善。这样看来，我們可以說，脫氧核糖核酸的自生繁殖作用的不完全正是有机体改善的基础。

从物理学及化学角度来看，对現代生物学，也就是說，对現在一般所說的在分子水平上的“分子生物学”而言，是没有比闡明突变的机制、揭露其化学本质、并从而发现控制突变的方法这样一些問題更为重要和迫切的了。

在这一方面，現在已然获得了一項重大的成就：我們已經可以从数量方面控制突变——利用辐射作用或化学物质即所謂变异剂的影响以增大突变的頻度。应当指出，这两种从数量上影响突变过程的方法的发现是應該归功于苏联学者的：Г. А. Надсон发现了伦琴射線对酵母菌的变异剂作用，И. А. Раппопорт 揭露了一些化学物质的变异剂作用，并发现了某些有特殊強力作用的化合物。

有人認為，作为能引起突变的一种因素的辐射作用无论多么强大，它毕竟还有一个非常重大的缺点：根据理論上的解释，必須考慮到所发生的突变的特点完全是偶然的，是不能指望有任何选择性的。我們的見解則与此相反，我們認為可以期待的恰好是因

变异剂这种因素而产生的某种程度的选择性，故而應該把此类变异剂看成为具有特殊意义的因素。目前已然有了一些實驗性的証据，可以表明化学物质的变异剂作用是有选择性的。

在比較几种变异剂（5-溴尿嘧啶 [5-бromoурацил]、普魯黃素及 2-氨基嘌呤）(图 3)的作用时，发现其中每一种变异剂都能在同一基因的綫型結構的不同部位引起所謂活跃部分 (Горячий участок)即特別容易发生突变的部分的出現。这在目前虽然还是一个很完善的結論，然而重要的是，它却可以証明利用某种变异剂产生选择的、局部的作用在原則上的可能性。

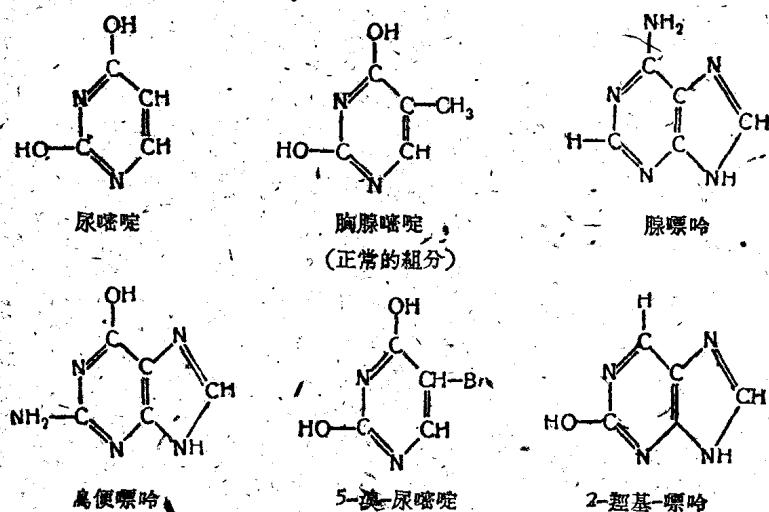


图 3

在所援引的例子中，應該特別強調指出的是这样一种情况，即所应用的这几种变异剂都带有在很久以前就意味着是“抗代谢物”的那一类因素的特点。这是一些与核酸的正常組分有类似结构特点的化合物，不过也不完全相同，而是有一定的区别的。應該考慮到，它們之所以有变异剂的作用，乃是由于在基因的自生繁殖作用过程中它們似乎能“偷換”某些正常的組分，从而好象能引起脱氧核糖核酸的从新合成的核苷酸鏈中的某种化学“重伤 (Увечье)”。

可見，這是我們在遺傳實驗水平上應用抗代謝物原理的一個非常有趣的实例。這無疑可以使我們預見到極其誘人的前景。

發生突變的化學機制問題與兩種核酸的多核苷酸鏈的合成方法問題是有密切關係的。最近幾年來，這一方面的研究已經有了飛速的進展。在多核苷酸的酶促合成方法上所獲得的卓越成就是最近五年來生物化學最輝煌的成就之一，這些成就一方面應歸功於 Ochoa 和 Grunberg-Manago 以及其他許多工作人員，另一方面也是 Kornberg 和他的集體的功績。發現了許多基本事實，例如某些“誘導物（Затравка）”即預先形成的核酸的存在的必需性。獲得了實現此一合成的、高度純化的酶系統。查明了合成的進行，在某些情況下是通過正磷酸酯的分離，而在另一些情況下則是通過焦磷酸自相應的磷酸化類型的核苷酸的分離。證明了從兩個不同的末端——自戊糖第三碳原子的羥基方面或自末端的聚磷酸酯基方面——增長多核苷酸鏈的可能性（如圖 4 所示）。

有關“誘導”作用的本質以及與其相連的有關控制核苷酸按照一定的、較早提出的方式在鏈中的順序排列問題，都是有重大意義的問題。

“誘導物”作為樣板，是否只是對鏈的增長實現核苷酸殘基的受體的作用，還是按其它方式參與這個過程，目前還不清楚。然而不管怎樣，由於對這一問題所進行的研究，我們有理由期待控制著核酸結構中鏈節排列機制的本質的揭露，從而將開辟出一條途徑，使我們得以認識原有序列的破壞可能是以怎樣的方式發生的，即認識突變是怎樣發生的。毫無疑問，這也是現代化学生物學中最重要的問題之一。

設若我們要對以上所談到的有關核酸研究中的近代方向問題作一總結，並且把研究者們在這個領域內所面臨的一些主要問題標識出來，那末，其中首要的無疑將是核酸的化學結構的確定問題。Watson-Crick 圖示可以提供一個总的、有關核酸結構的概念，尤其是它的物理學方面的概念。其次則輪到解釋各核苷酸鏈節在巨大的核酸鏈中排列的順序性問題。這是一個相當困難的問題，

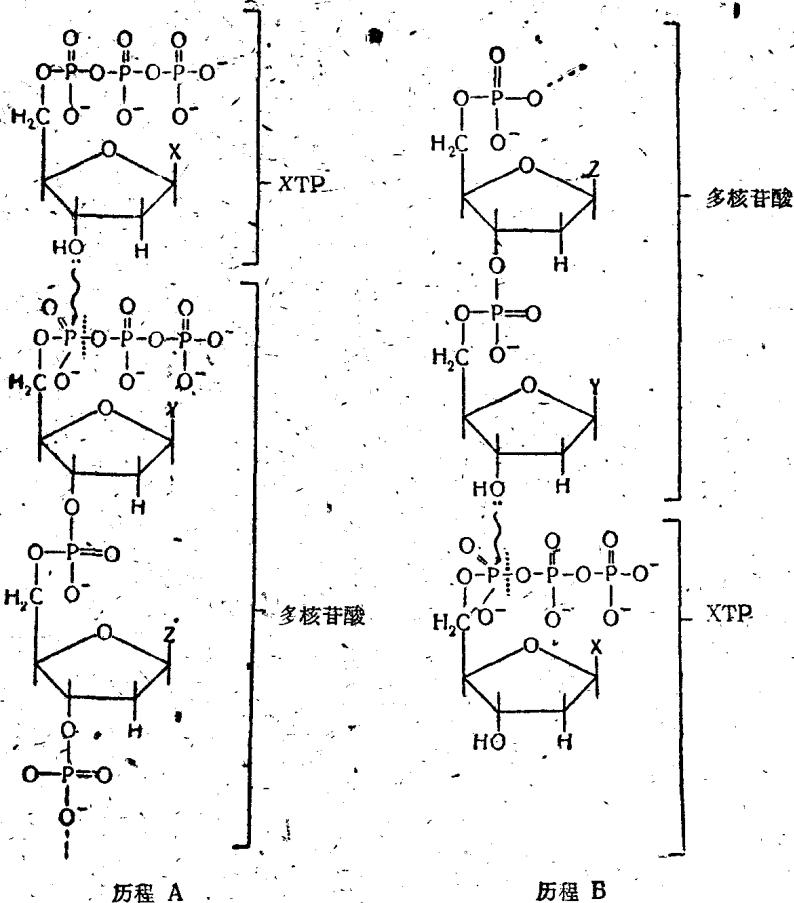


图 4

困难的主要原因說起來也許是非常令人奇怪的；因为問題之所以复杂正是由于核酸的組成成分比較起来过于简单。从已然完成的、頗有成就地闡明了蛋白質結構的實驗看來，很顯然，解釋各个鏈節在長綫型聚合物中排列順序的方法是將長鏈碎裂為許多較短的、化學分析可及的片斷的斷裂法。通過精細地分類，即有如將其中複雜的部分分成許多小塊，將“難題”積累起來，然後對所獲得的碎塊的組成成分進行比較；最終我們就將得以確定各个鏈節在原始鏈中排列的順序性。在分析蛋白質時，這個困難的問題是會容

易一些的，因为其中有各种各样的原始鏈节——20种不同的氨基酸。由于不同的酶所能破裂的只是一定的、相邻的氨基酸間的鍵，因而我們可以打破不同部位的多肽鏈，获得不同組成成分的片断。从另一方面來說，氨基酸的多样性及多重性使我們可以在复原“难题”时，即在确定氨基酸的原始排列順序时，获得相当多的控制点，由于可以从可能的組合中一个个地除去，因此可以探求出可能的組合。核酸中我們总计有4个基本組分，即4种类型的碱基。目前我們还没有那种只能破坏一定类型的鍵的、专一的酶制剂，而且連期待这样的专一性在目前几乎也还是不可能的，因为鍵的断裂并不是在核昔酸的特殊組分之間，不是在其嘌呤碱和嘧啶碱之間，而是在全部鏈节中相同的戊糖殘基之間进行的。看来，还必須等待某些原則上新的分析方法的发明才能解决核酸化学方面这一首要問題。

我曾經长期从事于与脱氧核糖核酸化学有关的問題的研究以及由此而产生的遗传学問題在物理学及化学方面的研究远景的探索。我認為，这无论是在理論上还是在实际上都的确是现代生物化学全部領域內头等重要的問題。

現在，我要轉到直接有关的方面，即有关蛋白質合成的机制問題。如前面所指出，蛋白質的合成乃是在核糖核酸(PHK)的控制下及密切参与下进行的。

如今，蛋白質分子的合成过程已可能划分为一系列单独的、有明显界限的阶段。初步可以分成三个阶段：第一阶段——借助于肽鏈的形成，彼此应相互联結的氨基酸的活化；第二阶段——已活化的氨基酸的依序結合及通过肽鏈的閉合按一定次序的排列；第三阶段——綫型多肽鏈分子获得該种蛋白質在三度空間中的一定的、特殊的位置，获得空間結構。

在这三个阶段中，我們目前还只是在第一阶段——氨基酸的活化——方面拥有具体的化学概念。至于其余两个阶段，在本质上是尤为重要的，因为能决定蛋白質的全部特征，即如一般所說，能决定每一种个别蛋白質所独具的化学外貌；然而闡明由这两个

阶段所控制的机制及规律性問題，則尚有待于未来的研究。

氨基酸的羧基和氨基是没有足够的反应能力以相互直接发生反应及形成肽键的。Fischer 在有关第一个肽的合成方面所进行的经典实验中，曾经以酰基氯的形式、利用氨基酸酐以代替氨基酸，因而提高了羧基的化学活性。这位伟大的化学家在作这样处理的时候，自己并没有料到恰好是跟踪了自然的足迹。在生物学合成过程中，氨基酸的活化恰就是通过这种方式即利用氨基酸酐来实现的。只是这位化学家为此目的而应用了氯、这却是不很适宜的，因为很难想象，氨基酸在细胞中的活化会象这位化学家所作的那样，通过与五氯化磷的相互作用来完成。大自然所选择的是在化学方面原则上类似，不过要温和得多的、尤其是由于酶的参与而极为有效的途径。进入于酐键的不是氯而是一种核苷酸——腺苷酸。

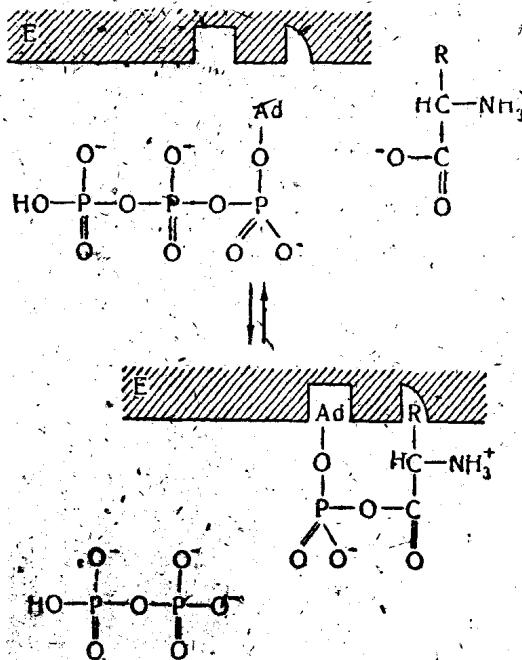


图 5 氨基酸的活化  
E—酶的分子； Ad—腺苷； R—氨基酸的侧链

在化学方面，活化作用过程乃是焦磷酸基自三磷酸腺苷的分离、氨基酰取代了它的位置的结果；也就是说，这个反应可以看成为所谓焦磷酸解作用的移换（图5）。

所形成的是氨基酸的腺苷酰酐。它也是氨基酸的一种“活化类型”。这种活化作用反应是在特种酶的影响下，在细胞质的液态及无结构部分中进行的。现在我们已经可以十分肯定地说，每一种个别的氨基酸的活化都各自需要一种特殊的酶。其中有许多已经可以以单独的形式被分离出来。和大多数的酐一样，氨基酰基腺苷酸酯（Аминоациладенилат）中的键拥有很高的能量贮藏——这是一种富含能量的键，或如我所给它起的名字，是一种“高能键”。

也还可以提一下，曾经有人指出，维生素B<sub>12</sub>也以某种形式参与氨基酸的活化作用过程。

氨基酸活化以后的次一阶段是很有趣的。在这一阶段中，参与过程的进行的是核糖核酸，而且是核糖核酸的一个确定的、特殊的部分。这就是细胞质的所谓“可溶性的”核糖核酸，也就是说，不是细胞质的次细胞结构成分——微粒体、线粒体等等——那一部分核糖核酸。这种可溶性核糖核酸实现已活化的氨基酸自活化酶向实际形成肽键部位转移的特殊机能。这一过程是以这样的方式进行的，即已活化的氨基酸残基从本身带有腺苷酸的键向有核糖核酸分子的键转移。这种转移可以称之为反式-氨基酰基化（Транс-аминоацирирование），一般认为是由于与实现氨基酰酐（Ангирид аминоацила）的最初形成（即氨基酸的活化）同样的活化酶的作用的结果。“可溶性核糖核酸”的特点是分子量比较低，量级为10000—40000，也就是说，含有20—80个核苷酸残基。为了能使氨基酸与核糖核酸相结合，在其末端部分必需存在有完全确定的核苷酸残基组合，即必需存在有腺嘌呤核苷酸与胞嘧啶核苷酸的一定的顺序性。此基之各组分所占据的是否就是氨基酸所转入的那个位置，还是氨基酸所被固定的、多核苷酸链之另一部分的某处，而端基只是在作为酶的结合点时才属必需，这一点在目前还没有弄清。有人指出，氨基酸的结合是沿戊糖第2或第3碳位的羟

基上进行的。

所謂可溶性核糖核酸的作用可以确定是一种“接受者(Адаптер)”的作用：它的任务是把已活化的氨基酸连同其所固有的化学能量带给细胞质中的各种结构成分、微粒体及线粒体，这些部位实际上是按照一定的次序上实现氨基酸的排列以及进行肽键合成(即建造蛋白质分子)的所在。

在开始阶段，氨基酸的活化只需要聚磷酸化的核苷酸——三磷酸腺苷(ATP)——的参与。而在完成阶段，另一种嘌呤单核苷酸[鸟便嘌呤单核苷酸(GTP)]的参与则是必需的，这种单核苷酸也是以三磷酸酯的形式，即以三磷酸鸟便嘌呤核苷的形式参与。既使說三磷酸腺苷参与的化学意义已然弄清，目前关于三磷酸鸟便嘌呤核苷的参与形式問題也还不能給以任何肯定的回答。一般說来。我們愈是接近蛋白質合成的最終阶段；我們的有关所参与的具体的化学历程的知识就愈显得寥寥。所以这里仍然不得不限于总结以上所述的一般图式的引証(图 6)。

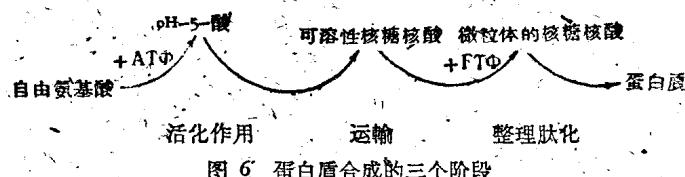


图 6 蛋白質合成的三个阶段

在以上所探討的領域——蛋白質的生物學合成問題——中，研究人員所面临的个别問題为数之多是没有必要加以強調的。来源于此一中心問題的全部枝节的多重性、多样性及头等重要性，既使已全部弄清，在这里历数一遍也是多余的。我們不談这些，由于前面的叙述已經把我們引导到蛋白質的产生上去了，因而直接轉入于探討这种生成物的研究的某些方面，即轉入与蛋白質化学结构的研究有关的問題是适当的。

目前在这一方面，主要注意力正集中于生物学活性蛋白質的研究，主要包括两类蛋白質——酶及蛋白質激素或多肽激素——以及(更多的是在物理学方面的)生物学活性蛋白質色素、色素蛋

白(其中包括血紅蛋白和肌紅蛋白[肌肉色素])。这是不足为怪的，因为在这种情况下，純化学問題的研究与最重要的一些問題(即有关生物学活性与化学結構的某些細节的結合問題)的解决，是密切相关的。

由于 Sanger 揭露了胰島素全部氨基酸支架的結構，蛋白质結構化学的新紀元的基础因而得以奠立。

在这一經典研究的过程中詳細拟定了一种以当代蛋白质结构化学为基础的綜合方法。我們无須在这里列举及援引这些方法，只叙述一下所应用的两个主要的原理就够了：以各种蛋白质分解酶(胰蛋白酶、糜蛋白酶、枯草菌溶素等)对許多比較大的碎片的作用使原始蛋白质断裂以及借助于端基即所謂 N-末端和 C-末端的建立(也就是說，带有氨基或羧基的端基的建立)以确定这些碎片的結構。在化学研究中一般采用化学方法(对 N-端基而言，用 Edman 氏异硫氰酸苯酯法有乙内酰脲形成；对 C-端基而言，依照 Акабори 的方法則发生肼解[Гидразинолиз])，或借助于氨基肽酶或羧基肽酶的作用的酶促方法以使末端殘基分离，从而引起小鏈的逐步縮短。在确定了氨基酸在每一个别的片断中的排列次序以后，比較如是所获得的个别的片断的結構式，經過一番細致和繁重的工作，將使我們得以确定氨基酸殘基在整个原始蛋白质分子中排列的順序性。

如果说，蛋白质“难题”的解决，即蛋白质分子中氨基酸排列順序的确定，在目前仍旧是一个很棘手的問題，那末，在不久以前还需要长期艰巨的劳动才能获得結果的、某种蛋白质的一般氨基酸組成成分的确定，在現在則已是一种简单的技术操作了。現已制成一种机构并不很复杂的自动装置，大約只占普通化学實驗用桌的一半，其中可以放入蛋白质水解液及仪器部分，无須實驗人員着手，24 小时就可以完成全部分析，并且可以由紙帶上記錄下來的曲線的形式得出数量結果。然后根据这一数据就可以很容易地求出个别氨基酸的絕對数目。

图 7 給出的是胰島素的分子結構。胰島素的分子是由两个多

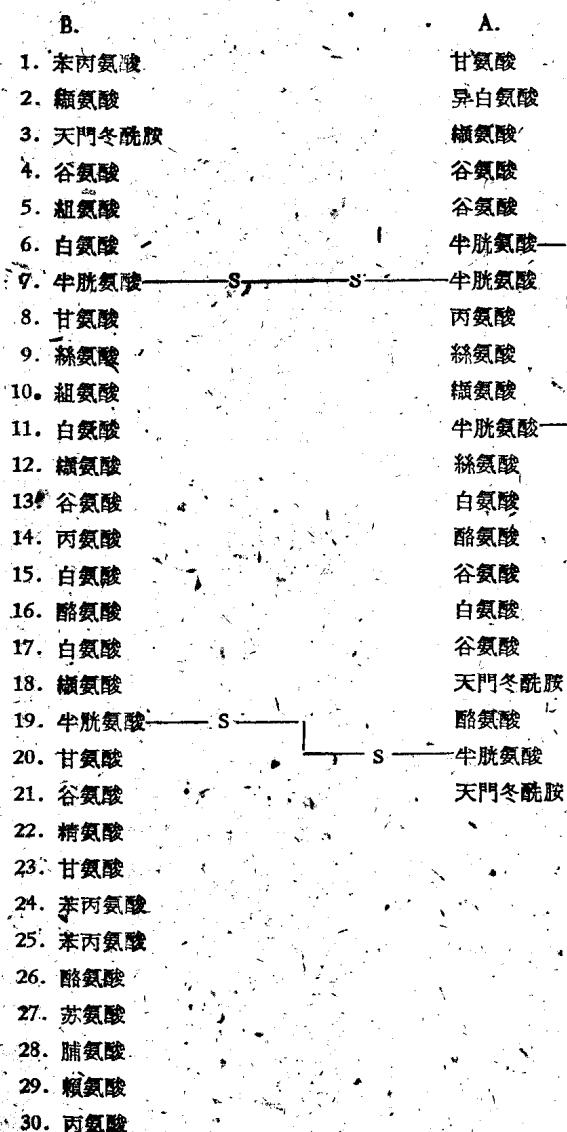


图 7 胰岛素