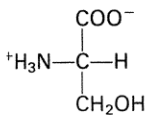
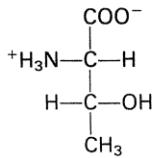


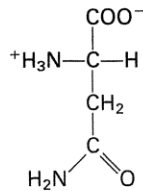
POLAR BUT UNCHARGED R GROUPS



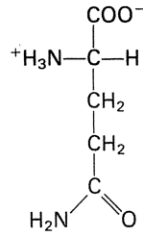
Serine
(Ser or S)



Threonine
(Thr or T)



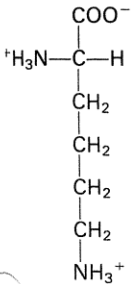
Asparagine
(Asn or N)



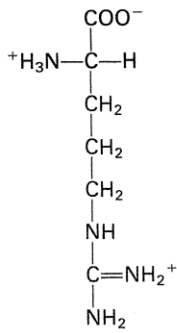
Glutamine
(Gln or Q)

Quelle:
Darnell, Lodish, Baltimore
Molecular Cell Biology
Scientific American Books
2. Auflage 1990

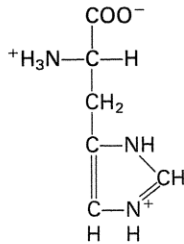
POSITIVELY CHARGED R GROUPS



Lysine
(Lys or K)

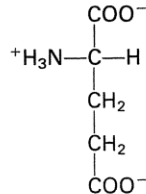


Arginine
(Arg or R)

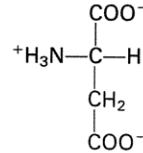


Histidine
(His or H)

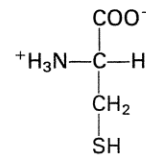
Protonierung von
His reversibel bei
physiologischem pH



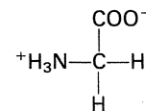
Glutamic acid
(Glu or E)



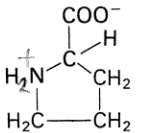
Aspartic acid
(Asp or D)



Cysteine
(Cys or C)

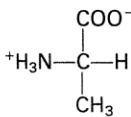


Glycine
(Gly or G)

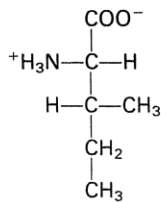


Proline
(Pro or P)

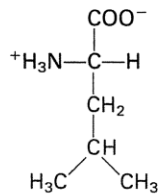
HYDROPHOBIC R GROUPS



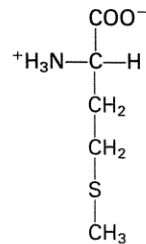
Alanine
(Ala or A)



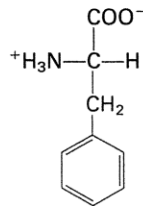
Isoleucine
(Ile or I)



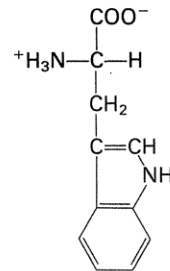
Leucine
(Leu or L)



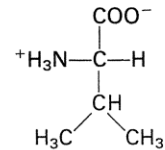
Methionine
(Met or M)



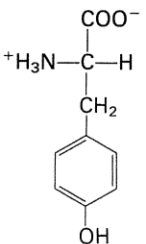
Phenylalanine
(Phe or F)



Tryptophan
(Trp or W)



Valine
(Val or V)



Tyrosine
(Tyr or Y)

The Genetic Code

	A	R	N	D	C	Q	E	G	H	I	L	K	M	F	P	S	T	W	Y	V
	Ala	Arg	Asn	Asp	Cys	Gln	Glu	Gly	His	Ile	Leu	Lys	Met	Phe	Pro	Ser	Thr	Trp	Tyr	Val
5'	GCA	CGA	AAC	GAC	UGC	CAA	GAA	GGA	CAC	AUA	CUA	AAA	AUG	UUC	CCA	UCA	ACA	UGG	UAC	GUA
	C	C	U	U	U	G	G	C	U	C	C	G	G	U	C	C	C	U	U	C
	G	G						G		U	G				G	G	G			G
	U	U						U			U				U	U	U			U
		U									U					U				
		AGA									UUA					AGC				
		G									G					U				

Termination Signals

UAA (Ochre)
UAG (Amber)
UGA (Opal)

Second Position

	U	C	A	G	
U	UUU] Phe UUC] UUA] Leu UUG]	UCU] Ser UCC] UCA] UCG]	UAU] Tyr UAC] UAA] Stop UAG] Stop	UGU] Cys UGC] UGA] Stop UGG] Trp	U C A G
C	CUU] Leu CUC] CUA] CUG]	CCU] Pro CCC] CCA] CCG]	CAU] His CAC] Gln CAA] CAG]	CGU] Arg CGC] CGA] CGG]	U C A G
A	AUU] Ile AUC] AUA] Met AUG]	ACU] Thr ACC] ACA] ACG]	AAU] Asn AAC] Lys AAA] AAG]	AGU] Ser AGC] Arg AGA] AGG]	U C A G
G	GUU] Val GUC] GUA] GUG]	GCU] Ala GCC] GCA] GCG]	GAU] Asp GAC] Glu GAA] GAG]	GGU] Gly GGC] GGA] GGG]	U C A G

Third Position (3' end)

Quelle:
New England Biolabs
Katalog

Klassifizierung der Aminosäuren (AS)

Saure AS:	Asparaginsäure	Anion: Aspartat (bei physiologischem pH negativ geladen)
	Glutaminsäure	Anion: Glutamat (bei physiologischem pH negativ geladen)
Amide der sauren AS:	Asparagin	(kann mit Zucker modifiziert werden = N-Glycosylierung)
	Glutamin	
Basische AS:	Lysin	(bei physiologischem pH positiv geladen)
	Arginin	(Guanidin-Gruppe) (bei physiologischem pH positiv geladen)
AS mit hydrophobem aliphatischen Rest:	Alanin	(Rest=Methylgruppe)
	Valin	
	Leucin	
	Isoleucin	
AS mit aromatischem Rest:	Phenylalanin	(Phenyl-Rest)
	Tyrosin	(p-Hydroxy-Phenyl-Rest)
	Tryptophan	(Indol-Rest)
	Histidin	(Imidazol-Rest; einzige AS, die bei phys. pH reversibel protonierbar ist, daher häufig im aktiven Zentrum von Enzymen)
AS mit aliphatischem Rest und einer OH-Gruppe	Serin	(kann mit Zucker modifiziert werden = O-Glycosylierung)
	Threonin	(kann mit Zucker modifiziert werden = O-Glycosylierung)
Schwefelhaltige AS:	Cystein	(zwei über eine Disulfidbrücke verbundene Cysteine heißen „Cystin“) (erste AS bei Translation)
	Methionin	
Spezielle AS:	Glycin	(Rest=H; nicht chiral ; oft in engen Biegungen der Polypeptidkette, weil klein)
	Prolin	(sec. Amin; Pyrrolidin-Ring; stabilisiert Knicke der Polypeptidkette)

Seleno-Cystein

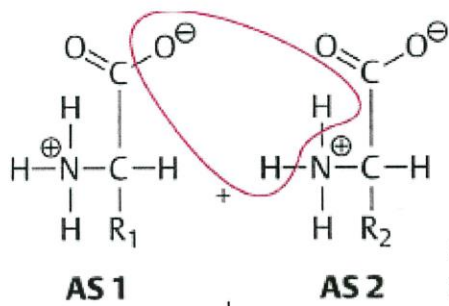
- kommt beim Menschen nur in der Glutathion-Peroxidase, Tetraiodthyronin-Deiodinase und Thioredoxinreduktase vor;
- wird aus Serin, das an eine spezielle tRNA gebunden ist und Selen [Spurenelement] gebildet;
- Stopp-Codon UGA wird als Codon für Seleno-Cystein erkannt, wenn mRNA eine spezielle Haarnadelstruktur ausbildet

Säure-Base-Konzepte

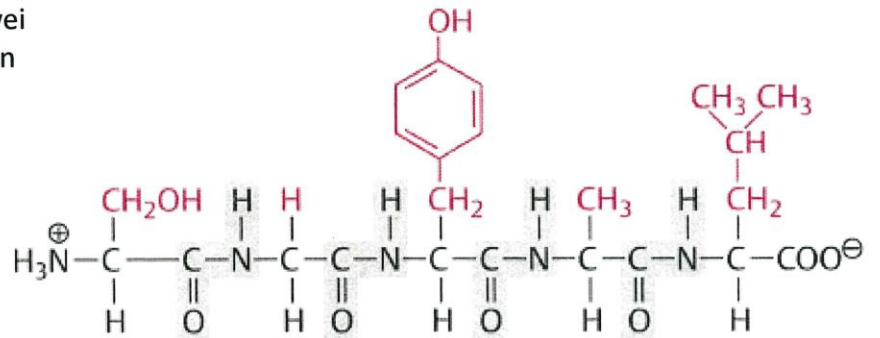
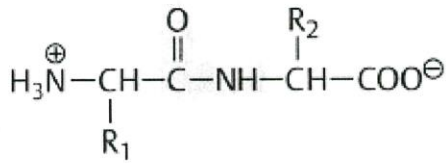
Def. nach	Säure	Base	Bedeutung
Arrhenius	Bildung von H^+ in H_2O	Bildung von OH^- in H_2O	nur in wässrigen Systemen anwendbar
Brønsted und Lowry	H^+ -Donator	H^+ -Akzeptor	kein H_2O nötig
Lewis	e^- -Paar-Akzeptor	e^- -Paar-Donator	keine freien H^+ nötig („aprotische“ Systeme)

$$pH = -\log [H^+]$$

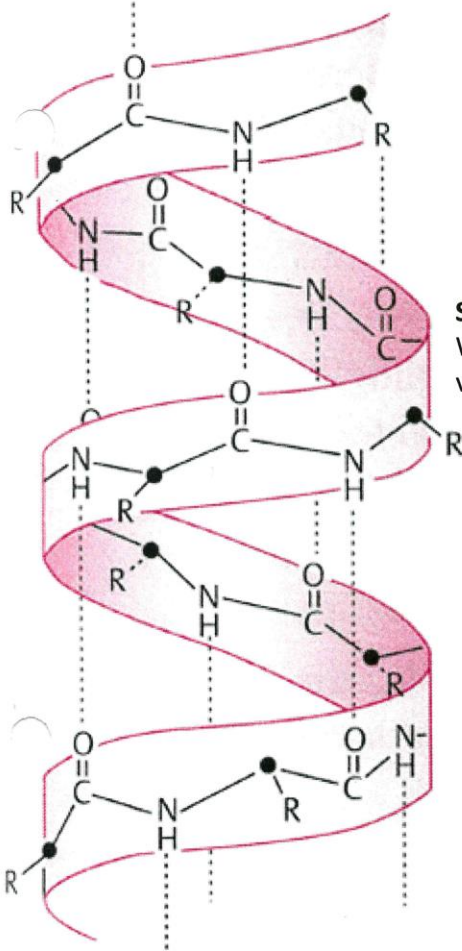
pH 0	→	$[H^+] = 10^{-0} \text{ M} = 1 \text{ M}$	$[OH^-] = 10^{-14} \text{ M}$
pH 1	→	$[H^+] = 10^{-1} \text{ M} = 0,1 \text{ M}$	$[OH^-] = 10^{-13} \text{ M}$
pH 7	→	$[H^+] = 10^{-7} \text{ M} = 0,0000006 \text{ M}$	$[OH^-] = 10^{-7} \text{ M}$
pH 12	→	$[H^+] = 10^{-12} \text{ M} = 0,000000000001 \text{ M}$	$[OH^-] = 10^{-2} \text{ M}$



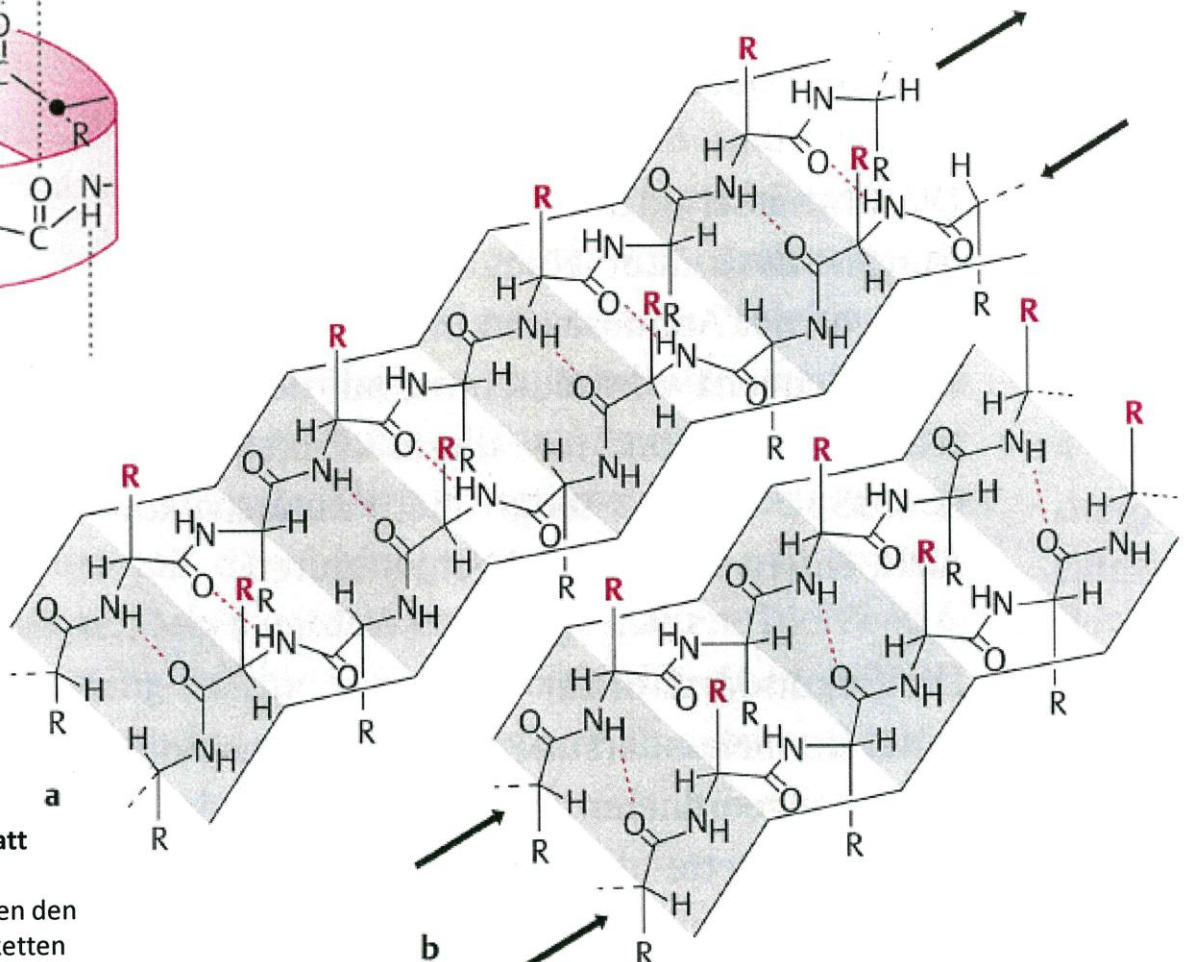
Knüpfung einer
Peptidbindung
zwischen zwei
Aminosäuren



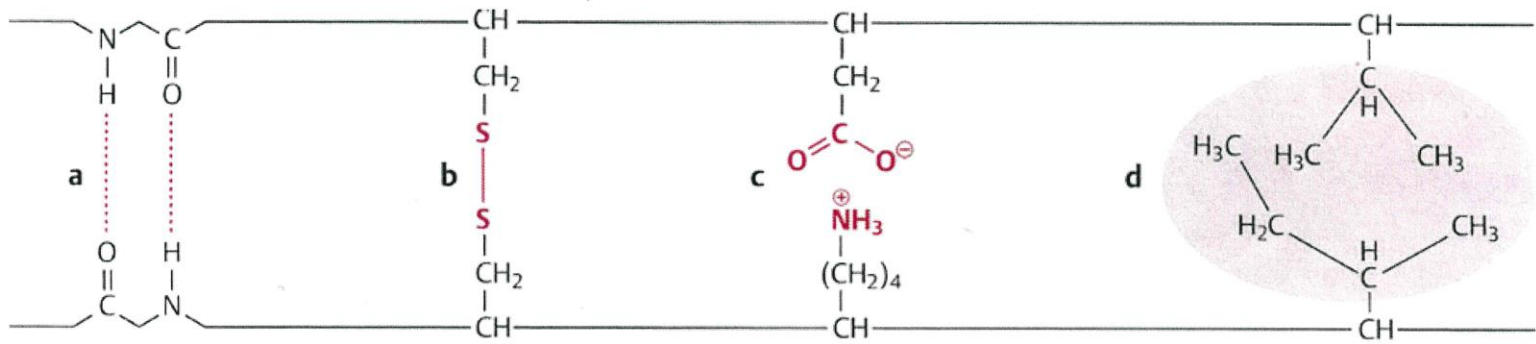
Primärstruktur = Abfolge der einzelnen Aminosäuren



Sekundärstruktur: α -Helix
Wasserstoffbrücken zur jeweils
viertnächsten Aminosäure

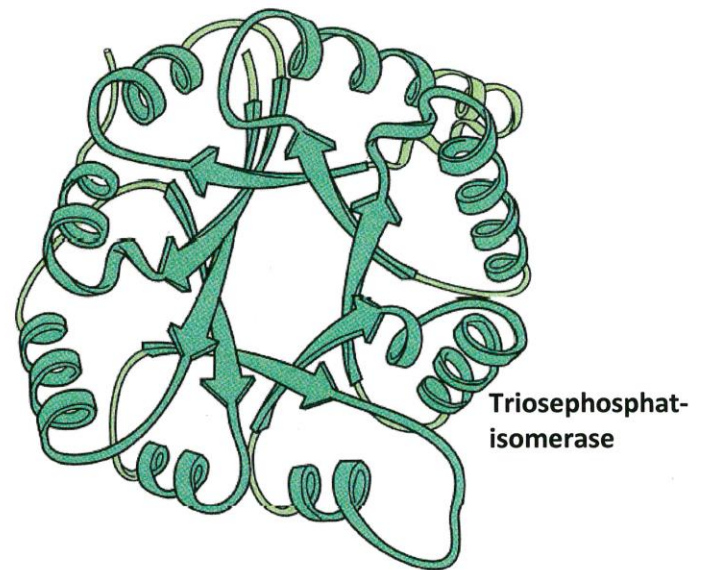
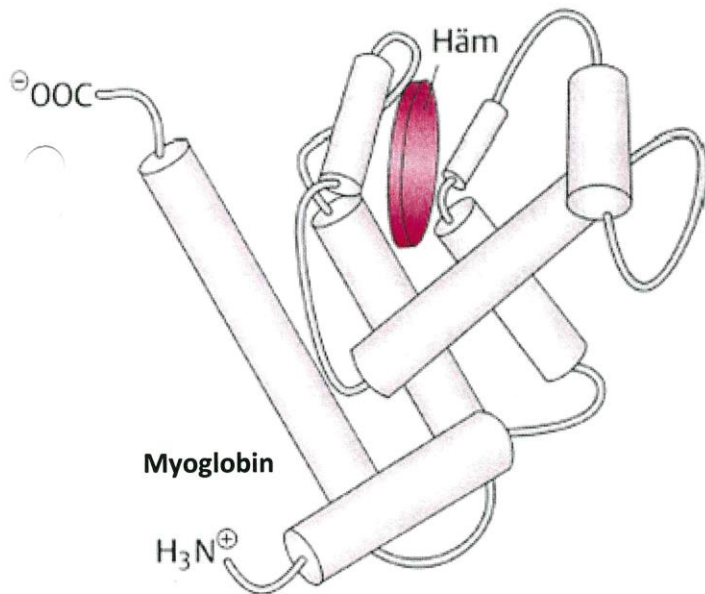


Sekundärstruktur: β -Faltblatt
(a) antiparallel (b) parallel
Wasserstoffbrücken zwischen den
benachbarten Aminosäureketten

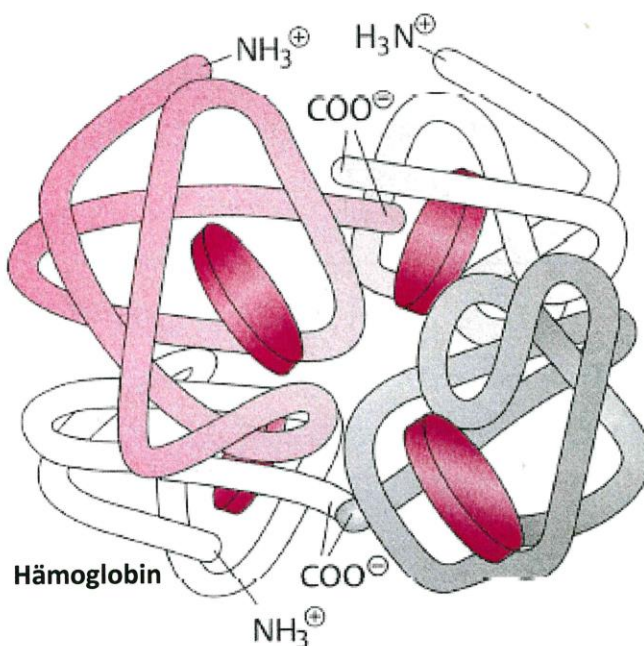


Bindungstypen zwischen benachbarten Aminosäureketten

- (a) Wasserstoffbrücken
- (b) Disulfidbrücken
- (c) elektrostatische Wechselwirkungen = ionische Wechselwirkungen = Salzbrücken
- (d) hydrophobe Wechselwirkungen



Tertiärstruktur α -Helices sind als Zylinder bzw. Helices dargestellt, β -Faltblätter als Pfeile.



Quartärstruktur Protein aus mehreren Untereinheiten (beim Hämoglobins zwei α -Ketten und zwei β -Ketten)

Sekundärstrukturelemente der Proteine

α -Helix

- Polypeptidkette als rechtsgängige Helix aufgewickelt
- 3,6 Aminosäuren pro Windung
- H-Brücke zwischen CO-Gruppe jeder Aminosäure und der NH-Gruppe der jeweils viertnächsten Aminosäure
- Seitenketten weisen nach außen

β -Faltblatt

- flächige Struktur durch Aneinanderreihung gestreckter Polypeptidketten (β -Stränge)
- Polypeptidketten können parallel oder antiparallel verlaufen
- H-Brücken zwischen den CO- und NH-Gruppen benachbarter Stränge
- Seitenketten liegen abwechselnd über und unter der Fläche

(β -)Kehre oder Haarnadelkehre

- abrupte Richtungsänderung der Polypeptidkette
- häufig durch eine H-Brücke stabilisiert

(Ω -)Schleife

- größerer Abschnitt der Polypeptidkette nimmt im Bereich einer Richtungsänderung keine regelmäßige periodische Struktur an

(β -)Kehre und (Ω -)Schleife liegen immer an der Oberfläche eines Proteins und sind häufig für Interaktionen mit anderen Molekülen verantwortlich.

Spezielle Sekundärstrukturelemente bei fibrillären Proteinen

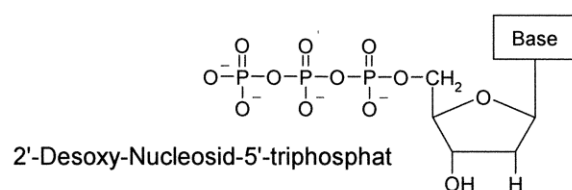
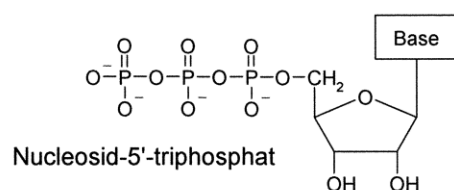
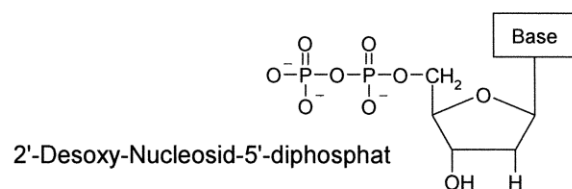
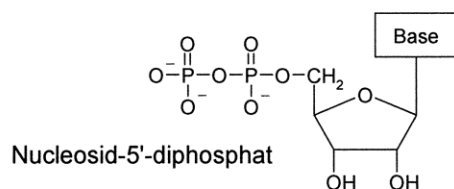
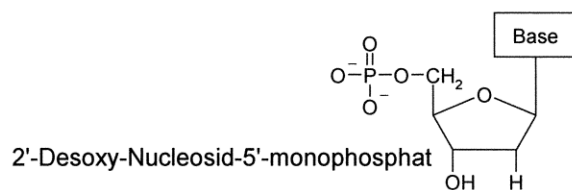
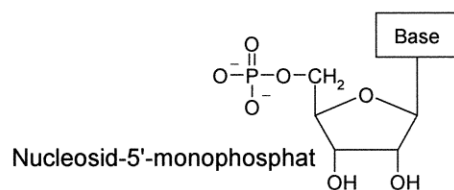
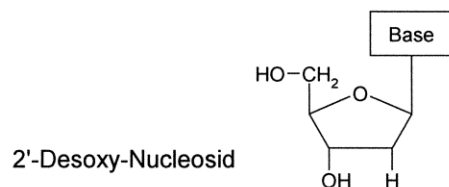
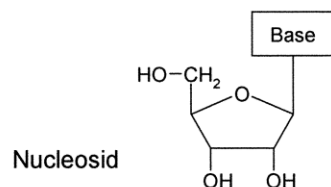
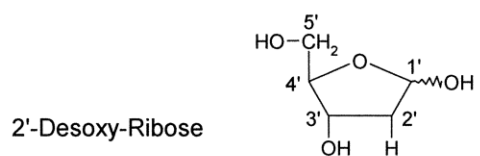
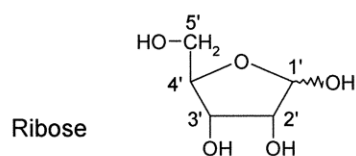
Superspiralisierte α -Helix = coiled coil

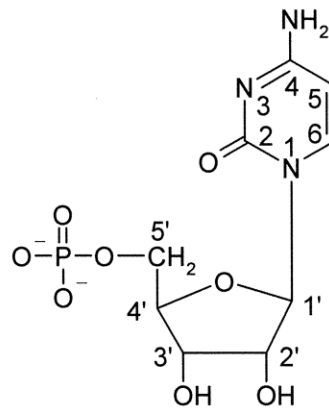
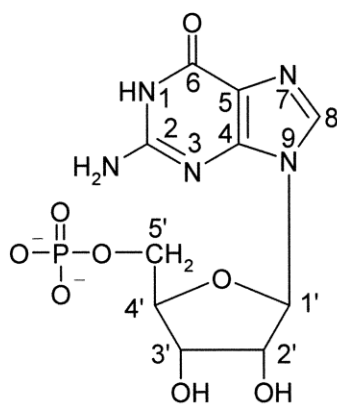
- Vorkommen: α -Keratin (Hauptbestandteil der Haare und Hornsubstanz), Intermediärfilamente des Zytoskeletts, Myosin, Tropomyosin, Fibrin
- zwei rechtsgängige α -Helices sind so umeinander gewunden, dass sich eine linksgängige Superhelix bildet
- durch Superhelix-Bildung ergeben sich 3,5 statt 3,6 Aminosäuren pro Windung der einzelnen α -Helices
- periodische Wiederholung von Sequenzmotiven aus 7 Aminosäuren (Heptad-Wiederholungen) → Heptad-Wiederholung erstreckt sich über exakt 2 Windungen der α -Helix in der Superhelix → definierte Wechselwirkungen zwischen den α -Helices ohne räumliche Verdrehung → charakteristische physikalische Eigenschaften der jeweiligen Faserproteine
- nicht-kovalente Wechselwirkungen ermöglichen Dehnbarkeit, Disulfid-Brücken ermöglichen Rückkehr zur ursprünglichen Länge

Kollagen-Tripelhelix

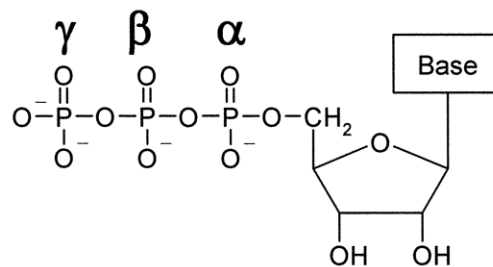
- 3 Polypeptidketten zu einer steilen Tripelhelix verwunden
- jeder 3. Rest ist Glycin → besonders enge Verwindung
- viele Prolin-Reste → stabilisieren durch ihre Ringstruktur den Verlauf der Polypeptidkette in der Tripelhelix
- keine H-Brücken innerhalb einzelner Polypeptidketten
- H-Brücken zwischen den 3 Polypeptidketten

Purinbasen	Purinnucleoside	Purinnucleotide		
Adenin	Adenosin	Adenosinmonophosphat Adenosindiphosphat Adenosintriphosphat	(Adenylat)	AMP ADP ATP
Guanin	Guanosin	Guanosinmonophosphat Guanosindiphosphat Guanosintriphosphat	(Guanylat)	GMP GDP GTP
Pyrimidinbasen	Pyrimidinnucleoside	Pyrimidinnucleotide		
Uracil	Uridin	Uridinmonophosphat Uridindiphosphat Uridintriphosphat	(Uridylat)	UMP UDP UTP
Thymin	Thymidin	Thyminmonophosphat Thymidindiphosphat Thymidintriphosphat	(Thymidylat)	TMP TDP TTP
Cytosin	Cytidin	Cytidinmonophosphat Cytidindiphosphat Cytidintriphosphat	(Cytidylat)	CMP CDP CTP

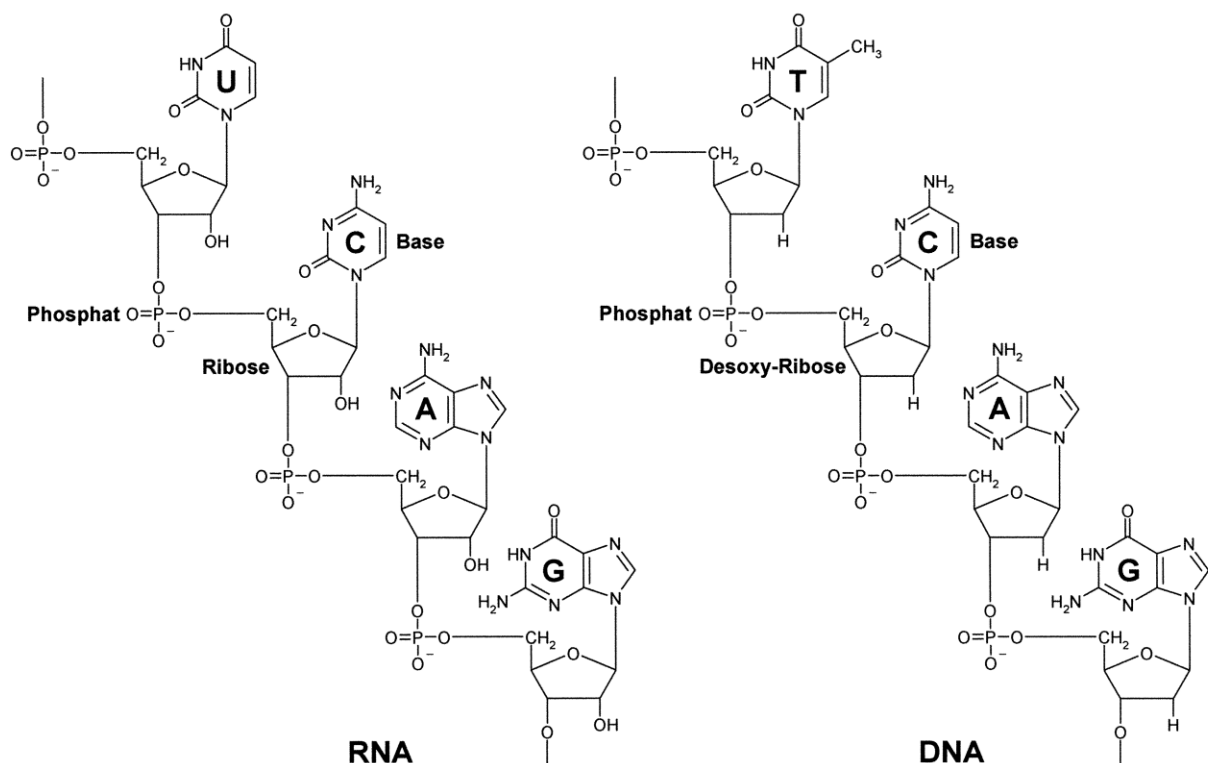




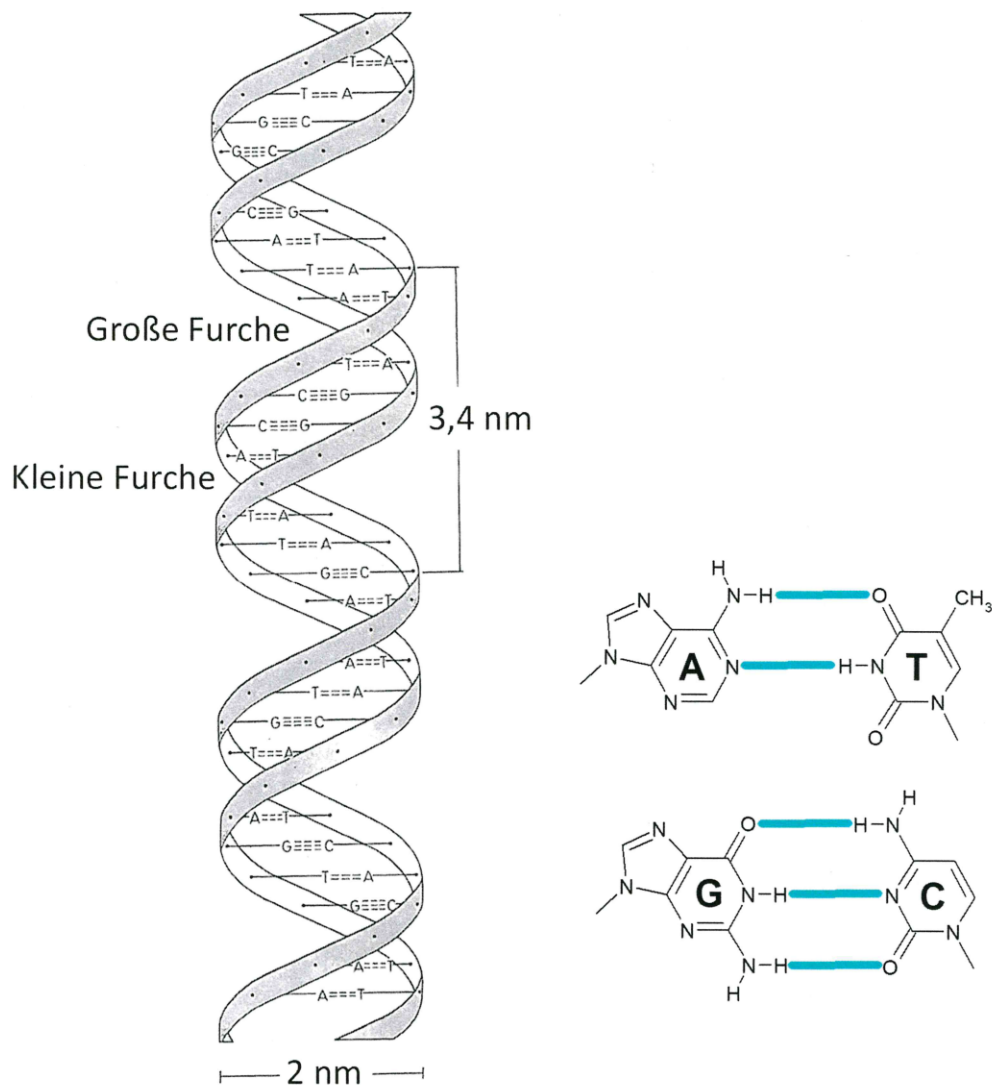
Nummerierung der Positionen der Nucleosidmonophosphate am Beispiel des Guanosinmonophosphats (links) und des Cytidinmonophosphats (rechts).



Die einzelnen Phosphatgruppen der Nucleosid- und Desoxynucleosidtriphosphate werden als **α**-, **β**- und **γ**-Phosphat bezeichnet.

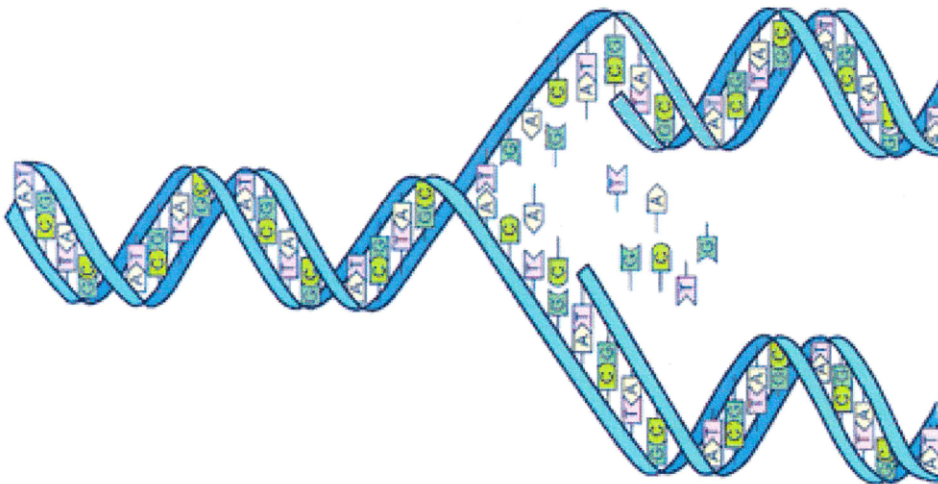


Struktur der RNA und DNA. Dargestellt ist jeweils ein Ausschnitt aus einem Einzelstrang.

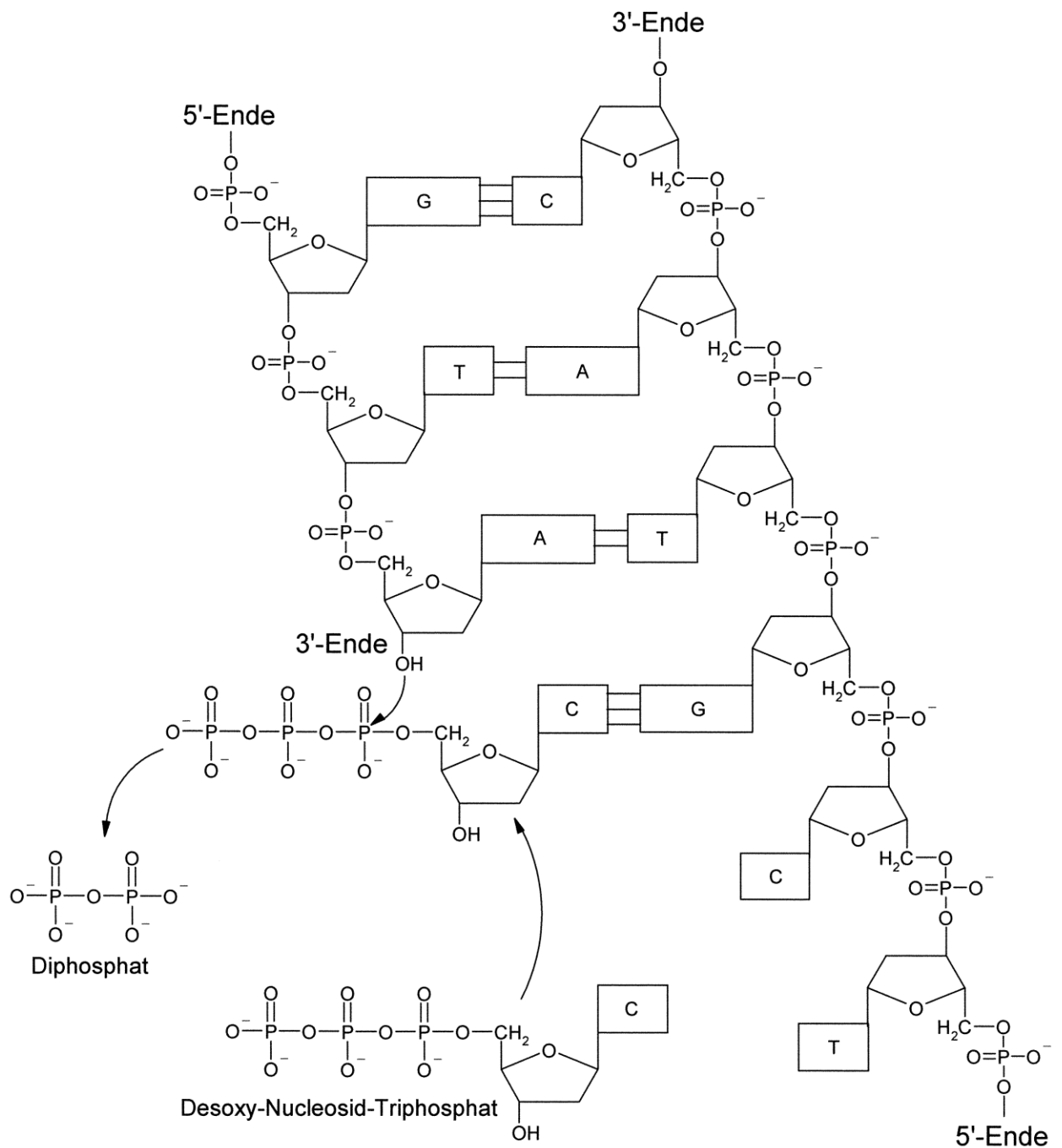


Struktur der DNA-Doppelhelix. Die Bänder stellen das Zucker-Phosphat-Rückgrat dar. Die Wasserstoffbrückenbindungen sind als gestrichelte Linien angedeutet (rechts Detaildarstellung der Wasserstoffbrückenbindungen).

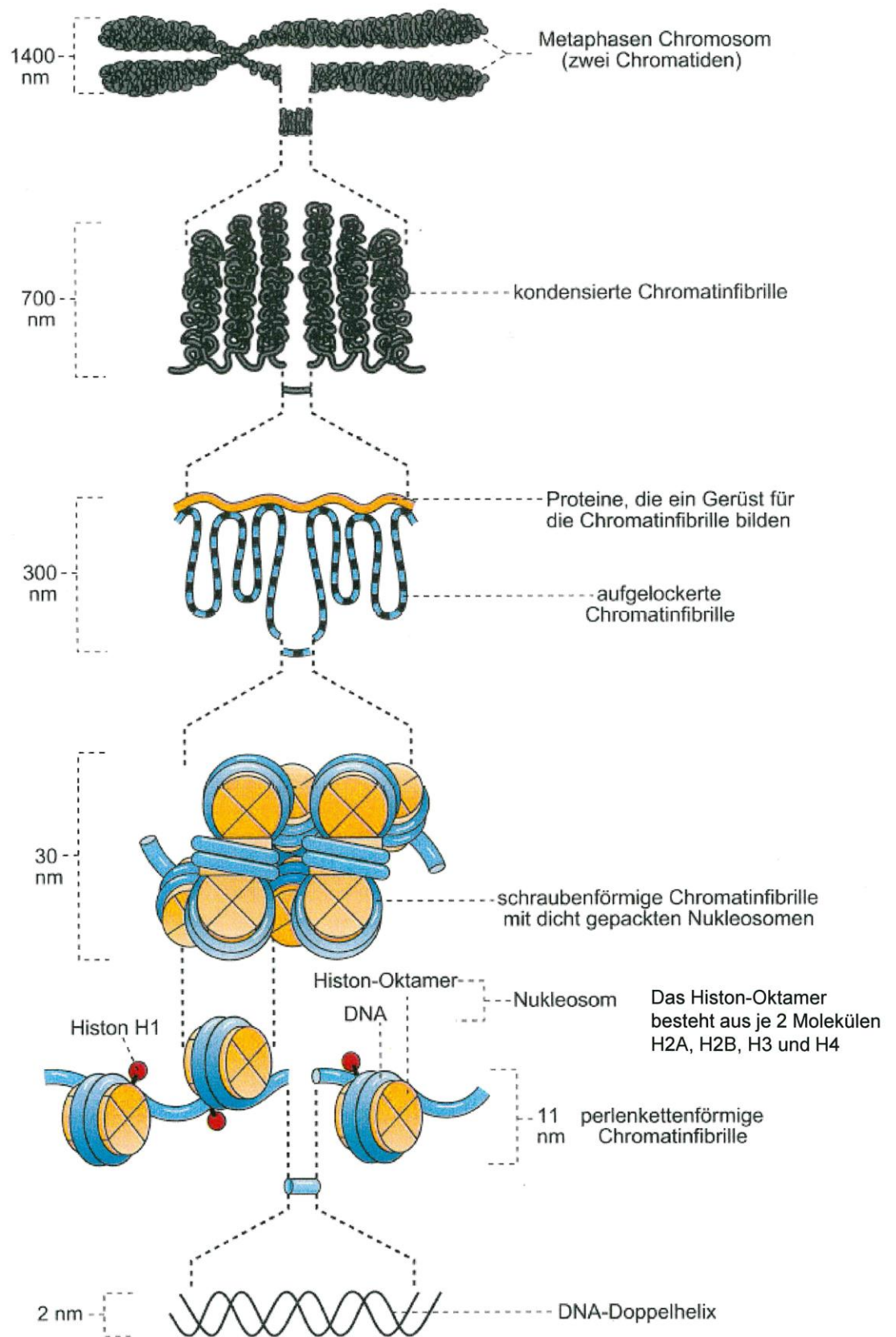
Nach Kössel H. Molekulare Biologie. Ernst Klett Verlag, Stuttgart, 2. Auflage, 1970.



Prinzipieller Mechanismus der DNA-Replikation. (<http://www.onlinezyklopaedie.de/r/re/replikation.html>)

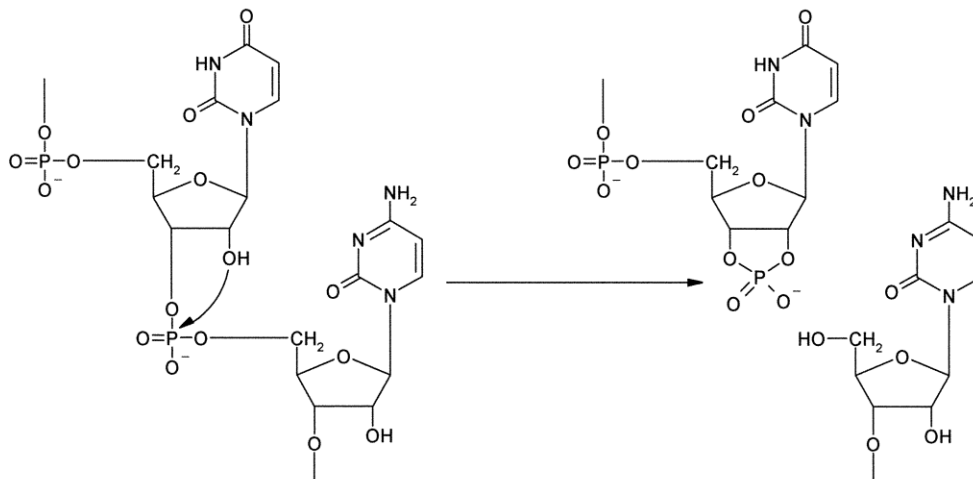


Reaktionsmechanismus der DNA-Replikation.

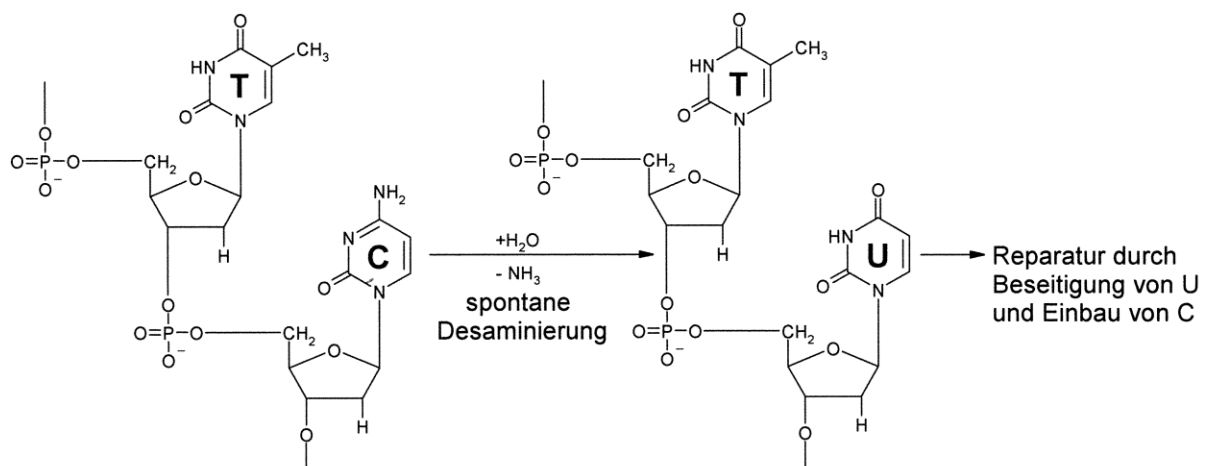


Exkurs: Gründe für die hohe Stabilität der DNA

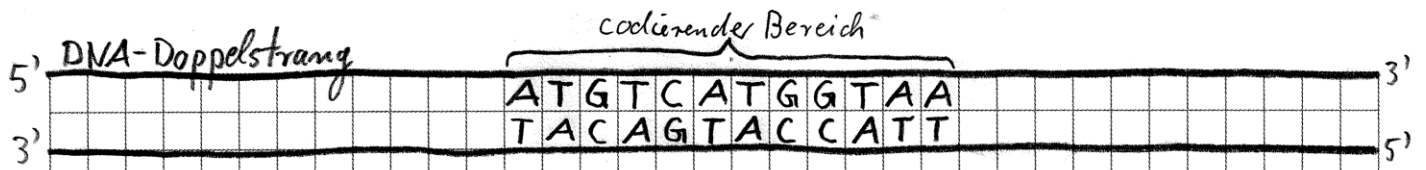
Das Zucker-Phosphat-Rückgrat der RNA ist insbesondere unter alkalischen Bedingungen instabil. Die 2'-Hydroxygruppen der einzelnen Ribose-Einheiten können mit den benachbarten Phosphatgruppen reagieren, so dass es zu Strangbrüchen kommt. DNA ist durch das Fehlen der 2'-Hydroxygruppen chemisch stabiler.



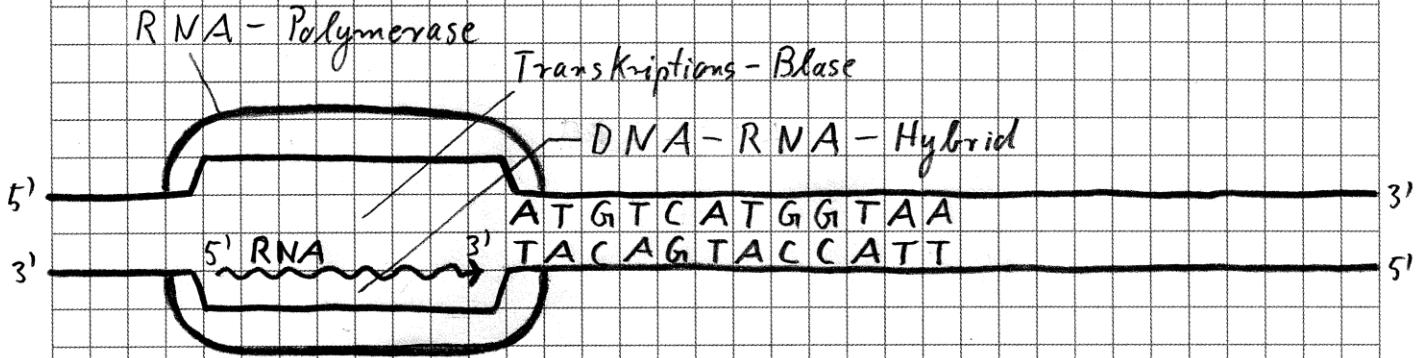
Ein indirekter Grund für die hohe Stabilität der DNA ist das Auftreten von Thymin anstelle von Uracil. Cytosin wandelt sich durch Anlagerung von Wasser und Abspaltung von Ammoniak (NH_3) leicht in Uracil um (**spontane Desaminierung**). Ein solches Ereignis würde nach Vervielfältigung der DNA zum Austausch eines C-G-Basenpaars gegen ein T-A-Basenpaar führen. In der Zelle vorhandene DNA-Reparaturmechanismen erkennen jedoch Uracil in DNA-Molekülen als fehlerhaft und ersetzen es wieder durch Cytosin.



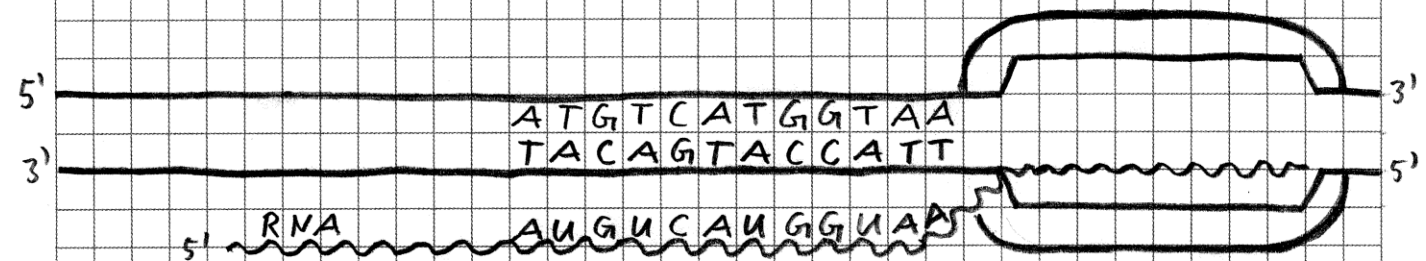
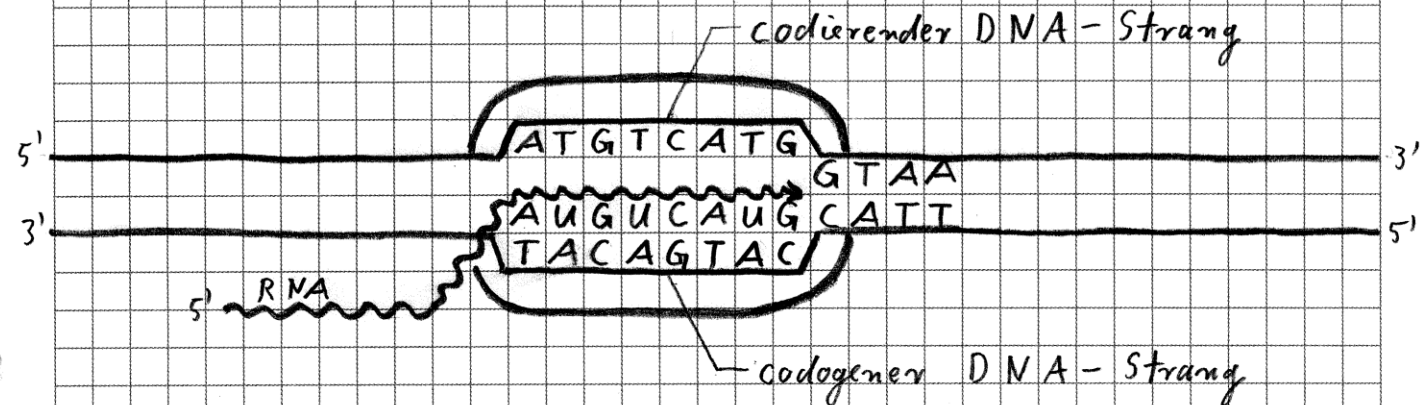
TRANSKRIPTION



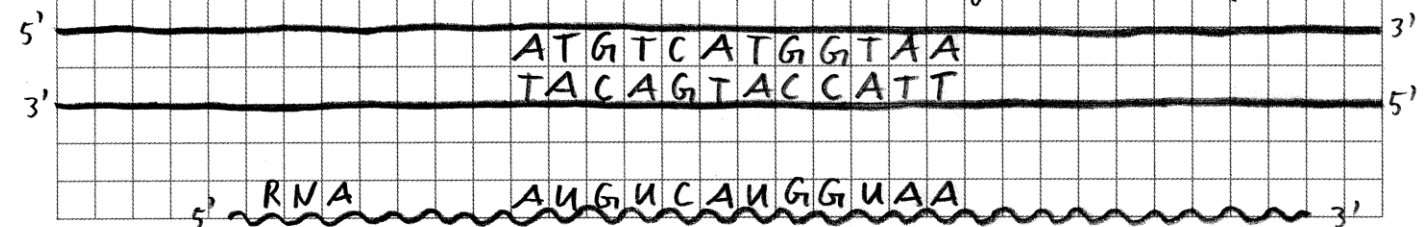
INITIATION der Transkription



ELONGATION der Transkription



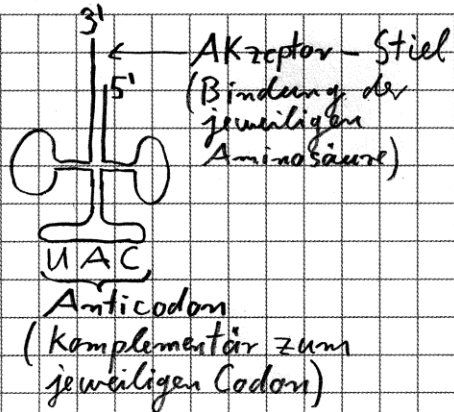
TERMINATION der Transkription (Mechanismus bei Eukaryoten nicht genau bekannt)



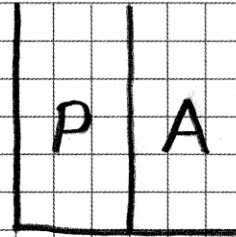
TRANSLATION

Translation ①

tRNA



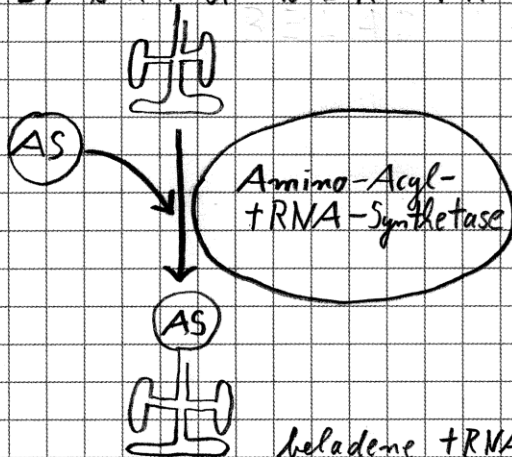
RIBOSOM



P = Peptidyl-Stelle

A = Amino-Acyl-Stelle

BELADUNG DER tRNAs MIT AMINOSÄUREN

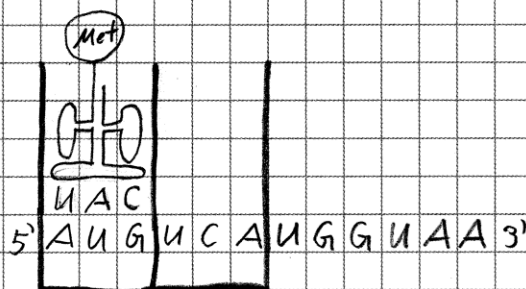


Es existiert mindestens eine tRNA pro Aminosäure (also > 20)

Es existiert eine Amino-Acyl-tRNA-Synthetase pro Aminosäure (also 20)

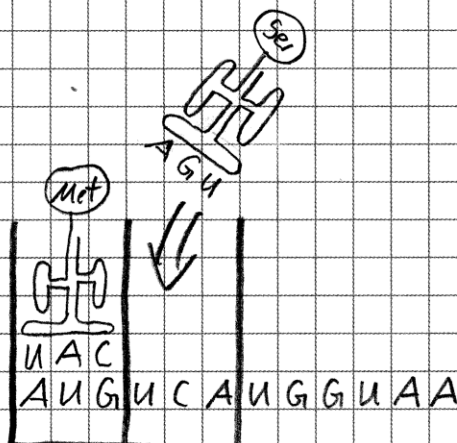
INITIATION der Translation

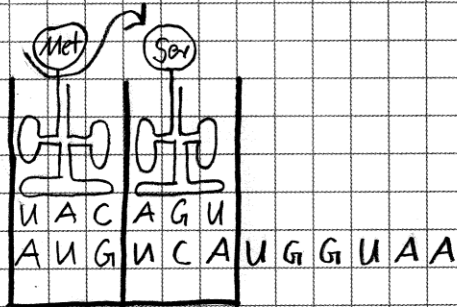
Mit Methionin beladene tRNA und Ribosom binden an Start-Codon der mRNA.



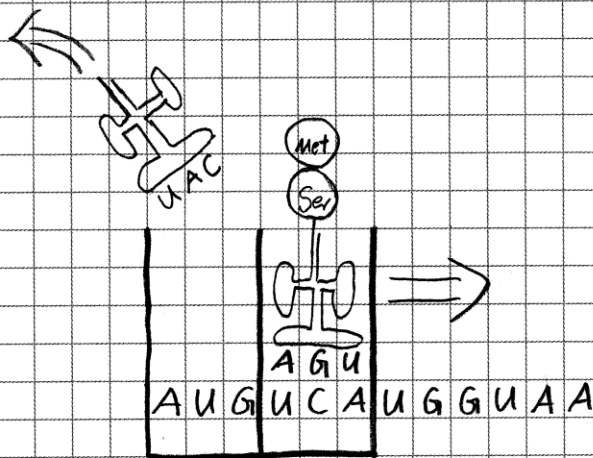
ELONGATION der Translation

Mit Serin beladene tRNA bindet an A-Stelle.

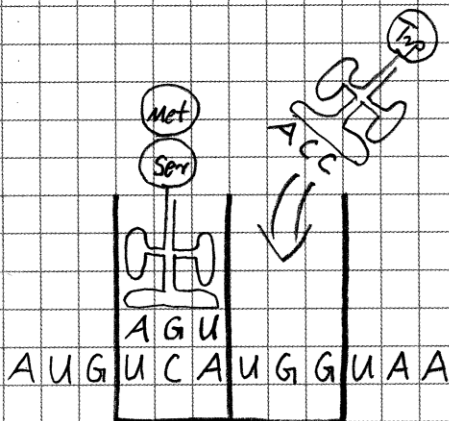




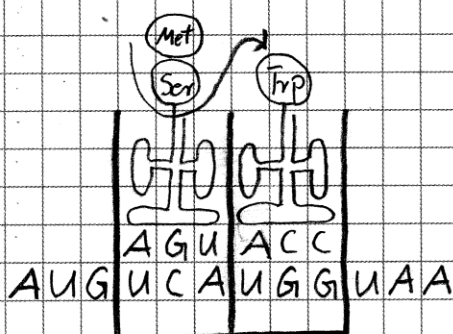
Methionin wird auf Serin übertragen.
(ribosomale Peptidyltransferase-Aktivität)



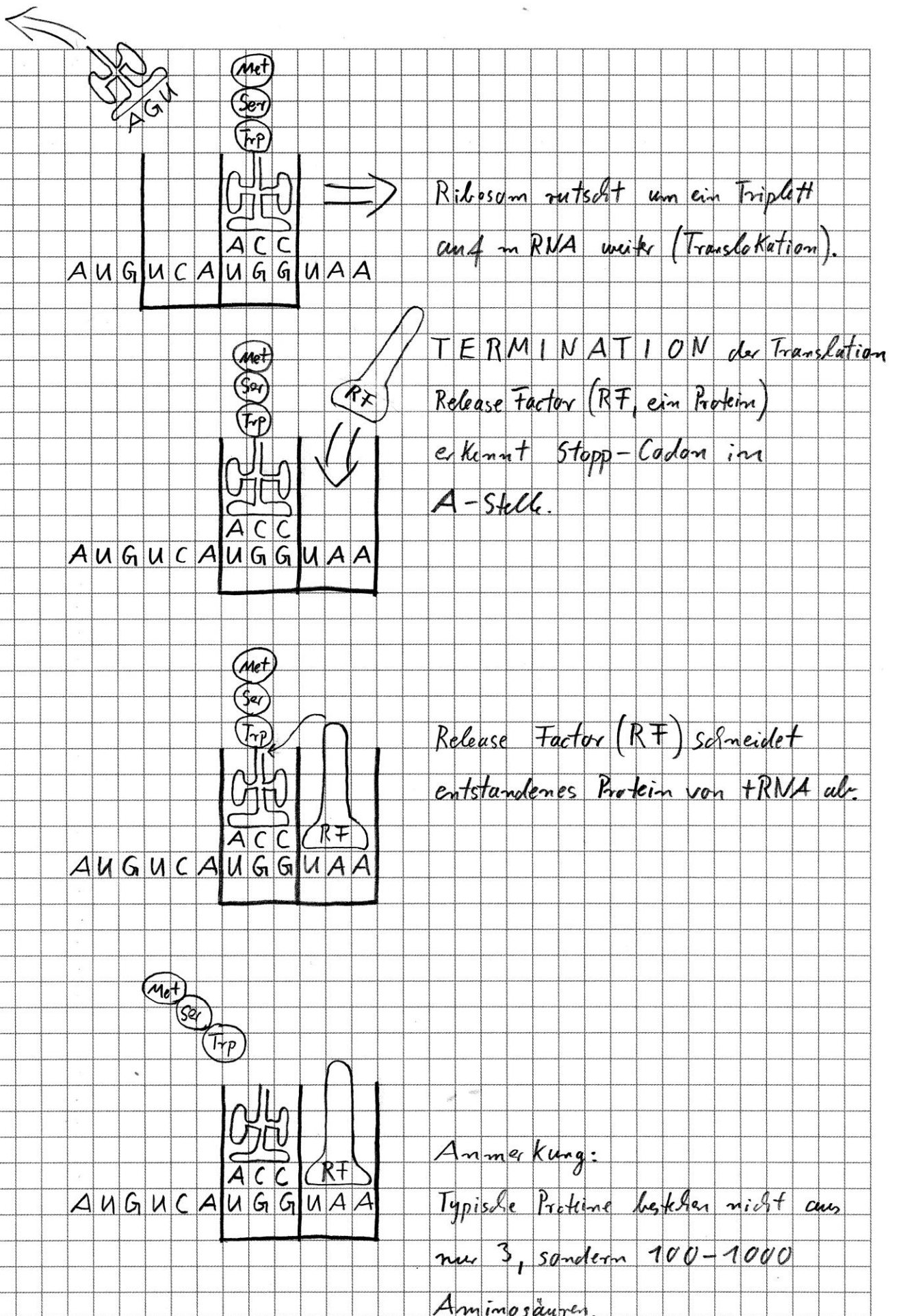
Ribosom rutscht um ein Triplet
auf mRNA weiter (Translokation).

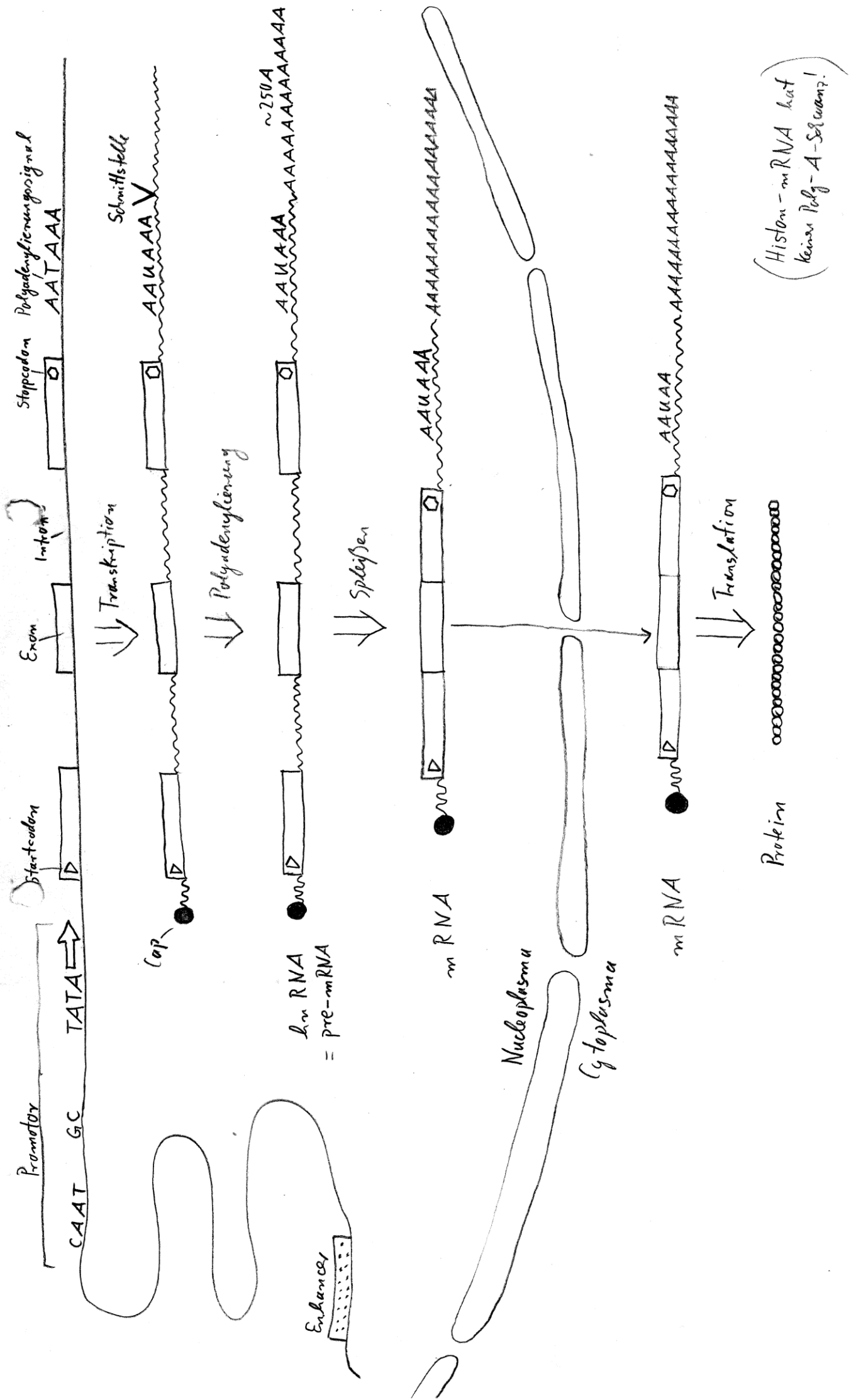


Mit Tryptophan beladene tRNA
bindet an A-Stelle.



Das entstandene Dipeptid (Met-Ser)
wird auf Trp übertragen.
(ribosomale Peptidyltransferase-Aktivität)





cis-aktive Elemente = Sequenzmotive auf der DNA

distaler Promotor

proximaler Promotor

basaler Promotor = Kernpromotor

Enhancer od. Silencer

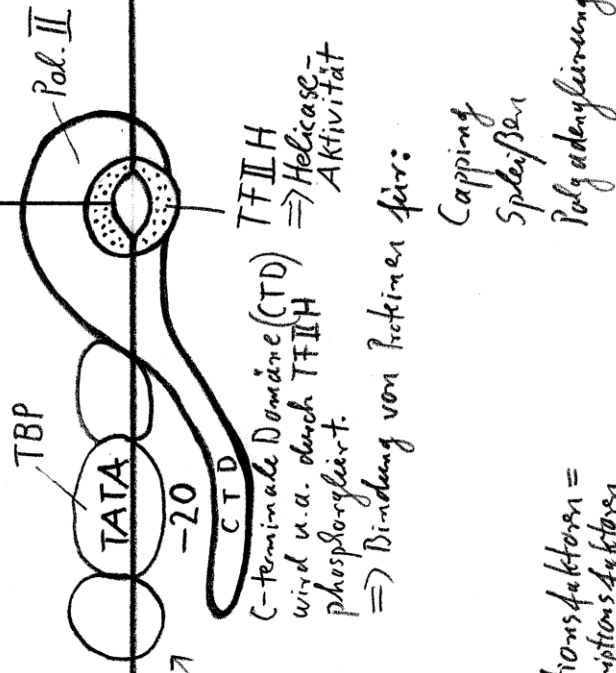
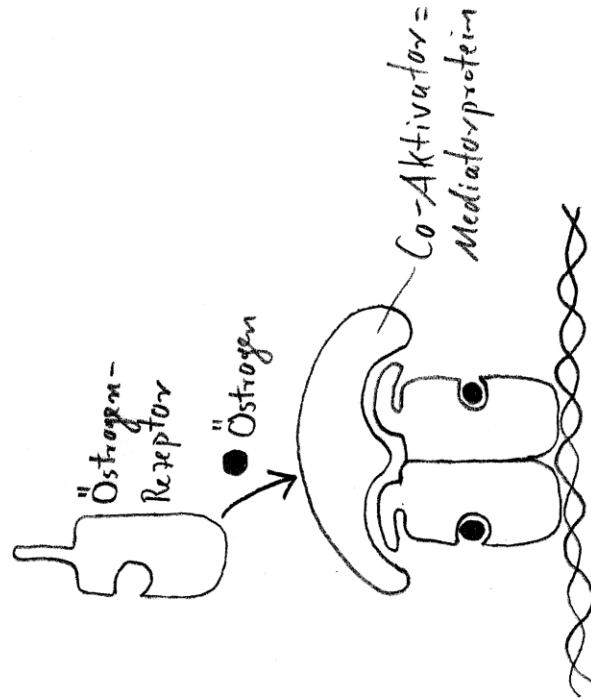
-1000 -100

trans-aktive Elemente = Transkriptionsfaktoren bestehend aus DNA-bindenden Proteinen

Induzierbare Transkriptionsfaktoren =
Spezifische Transkriptionsfaktoren

⇒ Interaktion mit Pol II-Holoenzym (Schleifenbildung)

⇒ Auflockerung der Chromatinstruktur (Histon-Acetylierung
an Lysin-Resten)



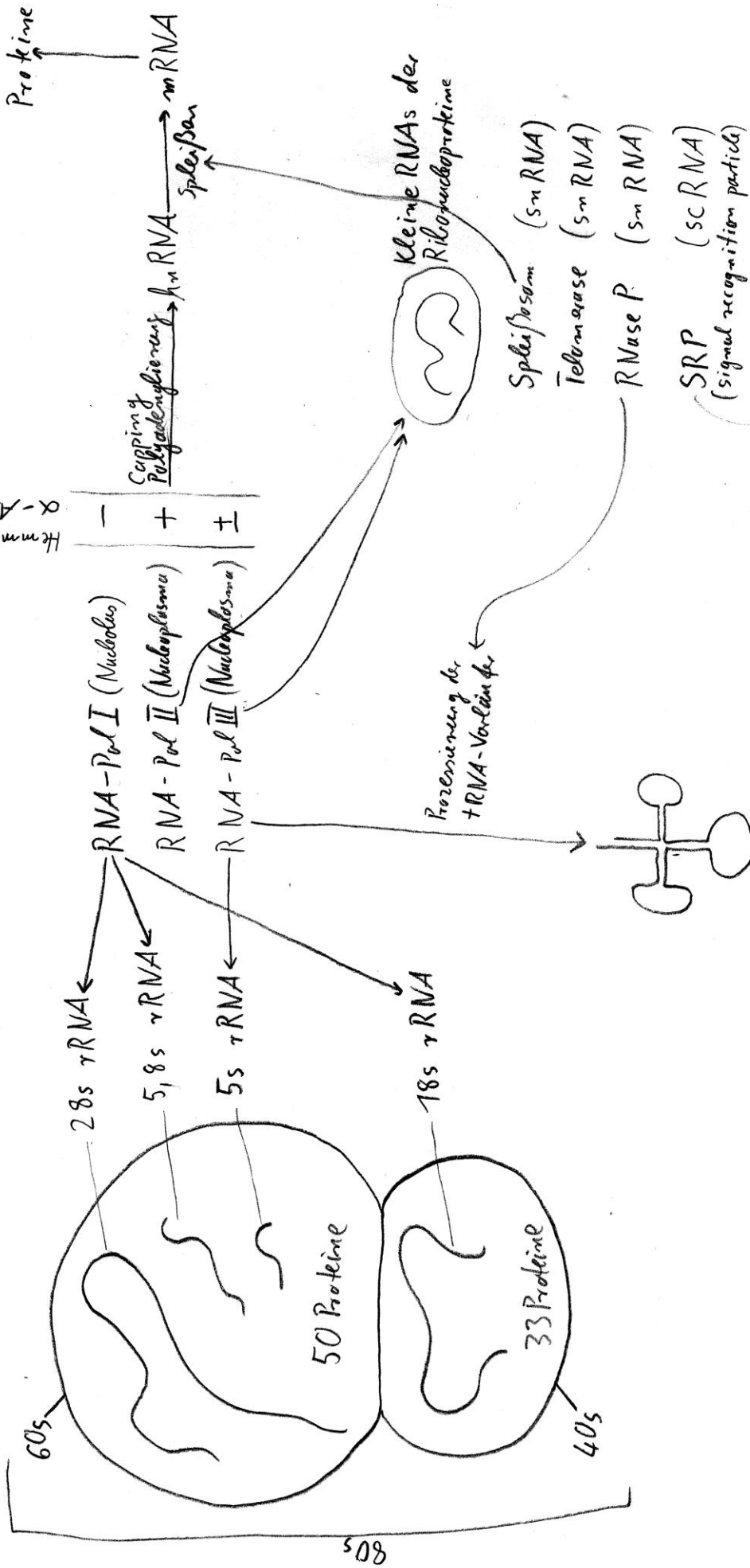
CTD
C-terminale Domäne (CTD)
wird u.a. durch TFIIF
phosphoryliert.
⇒ Bindung von Proteinen für:

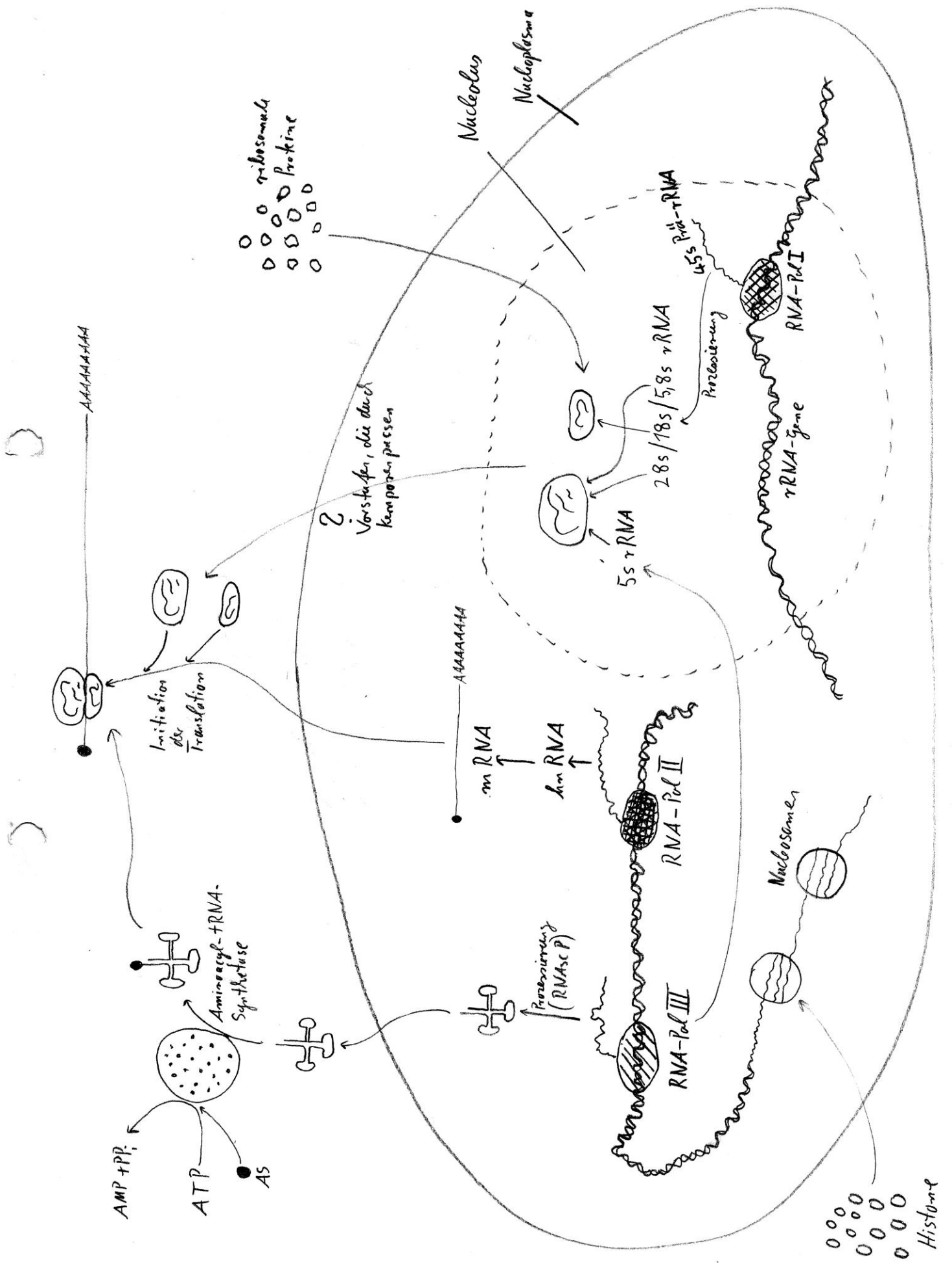
⇒ Helicase-Aktivität

Capping
Spleißen
Polyadenylierung

Basale Transkriptionsfaktoren =
allgemeine Transkriptionsfaktoren

Hemmung durch
 α -Amanitin





Endoplasmatisches Retikulum (ER)

sc RNP
Protein sc RNA

Signal recognition particle (SRP)
ist ein sc RNP bestehend aus
sc RNA und Protein

Translation wird fortgesetzt,
und zwar in das
ER hinein

SRP bindet an Signalpeptid
der entstehenden Polypeptidkette
⇒ Translation stoppt

SRP bindet an
SRP-Rezeptor

Abspaltung des Signalpeptids

Spleißen

hn RNA

ATG für Signalpeptid codierende Sequenz

TATA
Box

Enhancer

DNA

TAA
TAG
TGA

Kernhülle

Trans-Membran-Proteine
(z.B. Hormon-Rezeptoren)

Membran-assoziiertes
Protein



lösliche, extrazelluläre Proteine
(z.B. Albumin, Antikörper)

Zellmembran

lysosomales
Protein

Lysosom

Peroxisom

peroxisomales Protein

GOLGI-Apparat

Mannose-6-
Phosphat-
Rezeptor

Mannose-6-
Phosphat

Mitochondrium

mitochondriales Protein

Mitochondrien-Lokalisierungs-
Sequenz

Kern-Lokalisierungs-
Sequenz

Kern-Protein

rauhes
ER

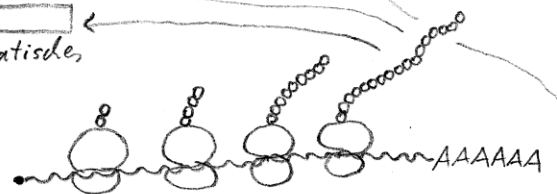
Signalpeptid
abgespalten

N-Glycosylierung
(co-translational)

Kern-Hülle

mRNA

Zytoplasmatisches
Protein



Kern-Lokalisierungs-
Sequenz

mRNA



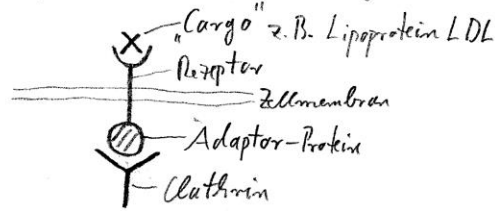
Apoptose

= Abknosung mit Zellmembran
z.B. Milchriff
Surfactant
Knorpel-Matrix

außerdem:
Holocytose

Zelle stirbt (Apoptose)
und wird vollständig
abgegeben.
z.B. Talgdrüsen

Rezeptor-vermittelte Endocytose



Pinocytose
= Aufnahme von
gelösten Stoffen

Pinocytose
(seltener Begriff!)

Exocytose

Fusion:
v-SNARE
t-SNARE

Caveolin

Konstitutiver Sekretionsweg
z.B. Kollagen

regulierter Sekretionsweg
Ca²⁺-abhängig

Abkürzung:
Dynamine
Clathrin

Stäbelsaum-Vesikel
= coated vesicle
Clathrin

H⁺-ATPase
=> pH 4,5

Saure Hydrolasen:

DNasen
RNasen
Proteasen v.a. Cathepsine
Glycosidasen
Sulfatasen
Phosphatasen
Lipasen (wenig!)

Golgi-Apparat

Phosphorylierung von Zuckerketten
Mannose-6-Phosphat
Sulfatierung von Zuckerketten (v.a. Knorpel)
Glycolipid-Synthese
Peptid-Spaltung (z.B. Insulin)
Protein-Sortierung
O-Glycosylierung

Glatte ER

Phospholipid-Synthese
Cholesterin-Synthese (späte Schritte)
Hydroxylierung durch P450
Ca²⁺-Speicher
Gluconeogenese

Golgi-Stapel = Dictyosom

Golgi-Apparat
trans
medial
cis
CGN

Sacculus = Zisterne = Lamelle

COPI
retrograde
Transport

KDEL-
Rezeptor

COPII
anterograde
Transport

Raues ER

Signalpeptid-Abspaltung
Faltung von Proteinen mit Hilfe von Chaperonen
Bildung von Disulfidbrücken
N-glycosylierung
Hydroxylierung von Pro + Lys in Kollagen

Kern-Hülle = Zisterne des rauen ER 70nm

Lamin-Rezeptor und Emerin

Lamin A, B und C-Dimere

Kern-Lamina

Phosphorylierung von Lamin B => Auflösung der Kernhülle => Zellteilung

Kernpore
9-30nm

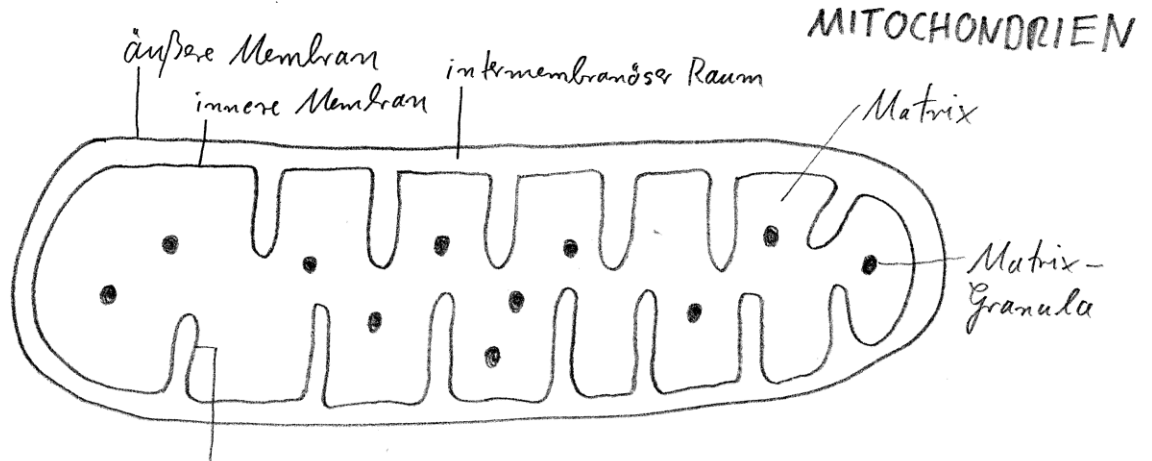
mRNA

Ribosomen ϕ 22-25nm

Proteinsortierungssignale

Zielorganell	Lokalisation des Signals innerhalb des Proteins	Erkennung durch	Ab-spaltung	Art der Sequenz
raues ER Translation sekretorischer Proteine	N-Terminus	SRP <i>signal recognition particle</i> , enthält als Strukturkomponente 7S-RNA (eine scRNA)	+	„ Signalsequenz “ oder „ Signalpeptid “ ca. 2 basische AS- ca. 10 hydrophobe AS- ca. 5 polare AS
ER Retention von löslichen Proteinen (retrograder Transport)	C-Terminus	KDEL-Rezeptor	–	Lys-Asp-Glu-Leu (KDEL)
ER Retention von Membranproteinen (retrograder Transport)	cytoplasma-tische Domäne	COPI * ein Mantel-Protein <u>Beteiligung von:</u> Arf/Sar (kleine G-Proteine) -> Vesikelbildung, Dynamin (GTPase) -> Vesikelabschnürung Rab (kleines G-Protein) und SNAREs -> Fusion mit Zielmembran	–	Lys-Lys-X-X
cis-Golgi Export von Membranproteinen vom ER (anterograder Transport)	cytoplasma-tische Domäne	COPII * ein Mantel-Protein <u>Beteiligung von:</u> <i>wie bei COPI</i>	–	Asp/Glu-X-Asp/Glu
Endosom Membranproteine über <i>clathrin-coated vesicles</i>	cytoplasma-tische Domäne	Adaptorprotein AP2 bindet gleichzeitig das Mantel-Protein Clathrin *	–	Tyr-X-X-hydrophobe AS
Lysosom lösliche Proteine	Kohlenhydratketten von Glycoproteinen	Mannose-6-Phosphat-Rezeptor	–	Mannose-6-Phosphat Phosphorylierung im Golgi-Apparat
Peroxisom	C-Terminus	PTSR <i>peroxisomal targeting signal receptor</i>	–	Ser-Lys-Leu (SKL)
Zellkern Import	verteilt	Importine und indirekt Ran (kleines G-Protein)	–	basischen AS kurze Sequenz oder Cluster
Zellkern Export	verteilt	Exportine und Ran (kleines G-Protein)	–	hydrophobe AS, häufig Leu
Mitochondrium Matrix	N-Terminus	TOM-Komplex <i>translocase of the outer membrane</i>	+	amphipathische Helix auf der einen Seite basische, auf der anderen hydrophobe AS

* Zu den **Mantel-Proteinen** (oder Coatomer-Proteinen) gehören: **COPI, COPII, Clathrin**



Crista in meisten Zellen $\Rightarrow$ Mitochondrien vom „Crista-Typ“
 Tubulus in Steroid-Hormon-produzierenden Zellen $\Rightarrow$ „Tubulus-Typ“

Matrix

kleine ringförmige DNA (16.569 bp) mit 37 Genen: 13 Protein-Gene
 keine Introns 22 tRNA-Gene
 70S-Ribosomen 2 rRNA-Gene

typisch für Bakterien

Citrat-Zyklus

β -Oxidation von kleinen Fettsäuren (< 18 C-Atome)

Calcium-Speicher in Matrix-Granula aus Calcium-Phosphat

Innere Membran

enthält das Lipid Cardiolipin

Atmungskette zur ATP-Gewinnung in Gegenwart von Sauerstoff
 erster Schritt der Synthese von Steroid-Hormonen

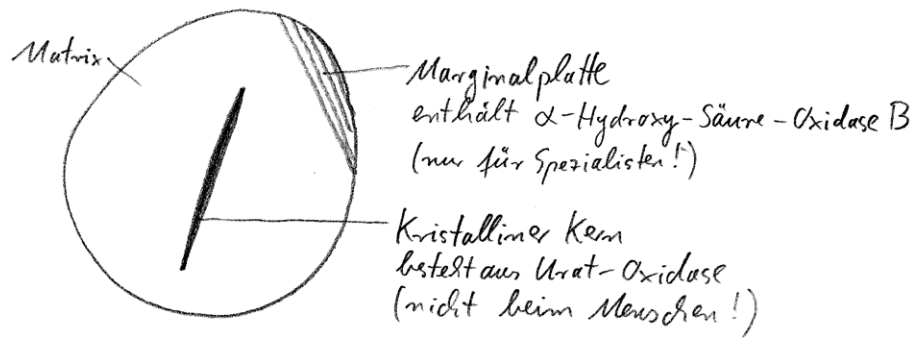
typisch für Bakterien

Intermembranöser Raum

Freisetzung von Cytochrom c in das Cytoplasma $\Rightarrow$ Einleitung der Apoptose
 (= kontrollierter Zelltod)

Vermehrung durch Querteilung

PEROXISOMEN



Oxidation verschiedener Substanzen mit Sauerstoff
→ dabei Bildung reaktiver Sauerstoff-Spezies (ROS)

Entgiftung von ROS u.ä. durch Katalase $2 \text{H}_2\text{O}_2 \rightarrow 2 \text{H}_2\text{O} + \text{O}_2$

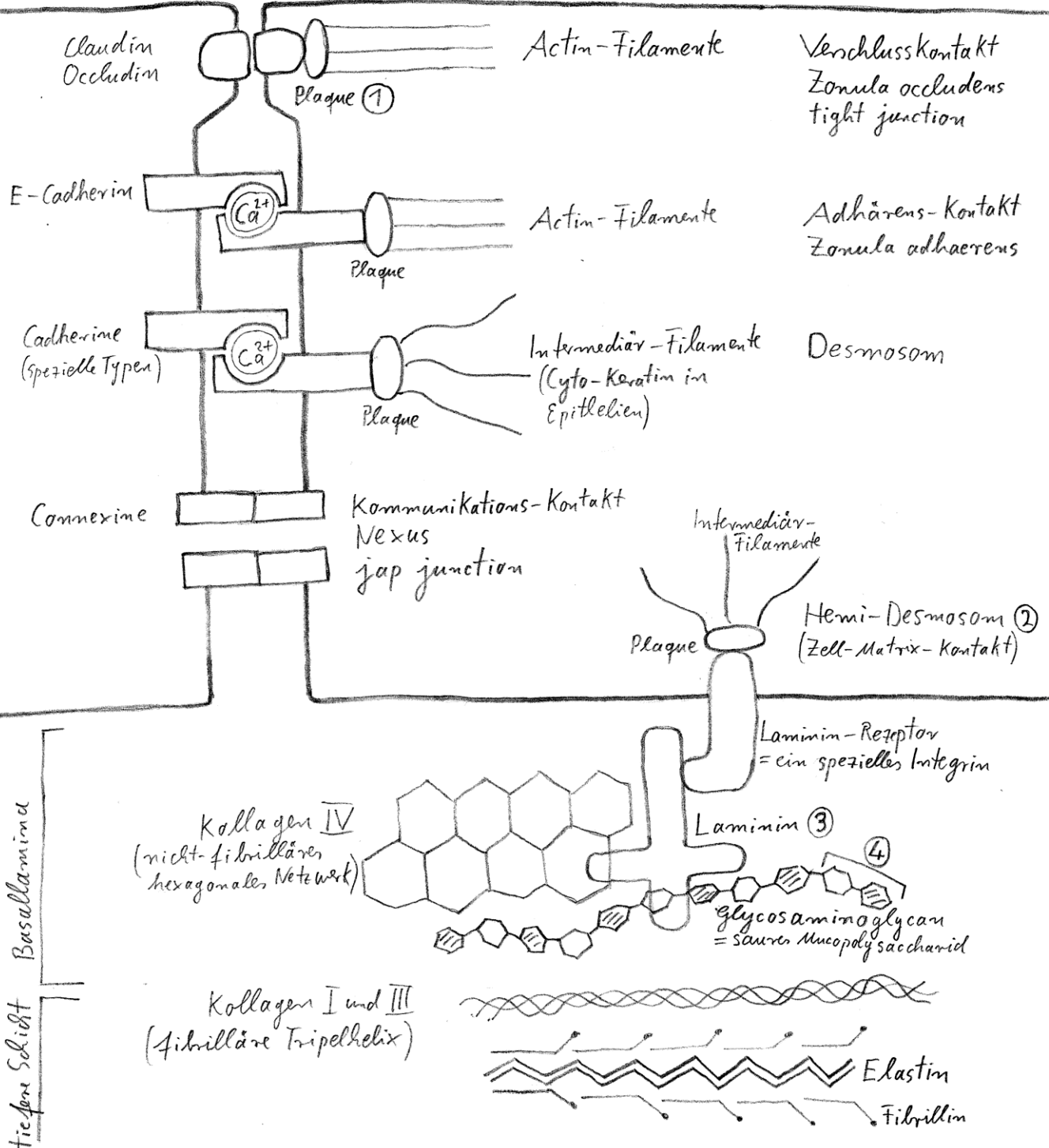
β -Oxidation langer Fettsäuren (> 18 Kohlenstoff-Atome)

Synthese von Etherlipiden (Plasmalogene)

Synthese von Cholesterin-Vorstufen
→ weitere Cholesterin-Synthese am glatten ER

Vermehrung durch Abschnürung vom ER und Zerteilung

ZELL-ZELL- UND ZELL-MATRIX-KONTAKTE



- ① Plaque-Proteine vermitteln Bindung der Transmembran-Proteine an Cytoskelett-Filamente.
- ② Bei Bindung an Intermediär-Filamente spricht man von einem Hemi-Desmosom
 " " " Actin-Filamente " " " Fokal Kontakt
- ③ Anstelle von Laminin kann Fibronectin vorkommen, das von einem anderen Typ Integrin gebunden wird. Achtung: Lamin A, Band C sind Intermediär-Filamente in der Kern-Lamina.
- ④ Zucker-Dimere mit sauren (negativ geladenen) Gruppen:

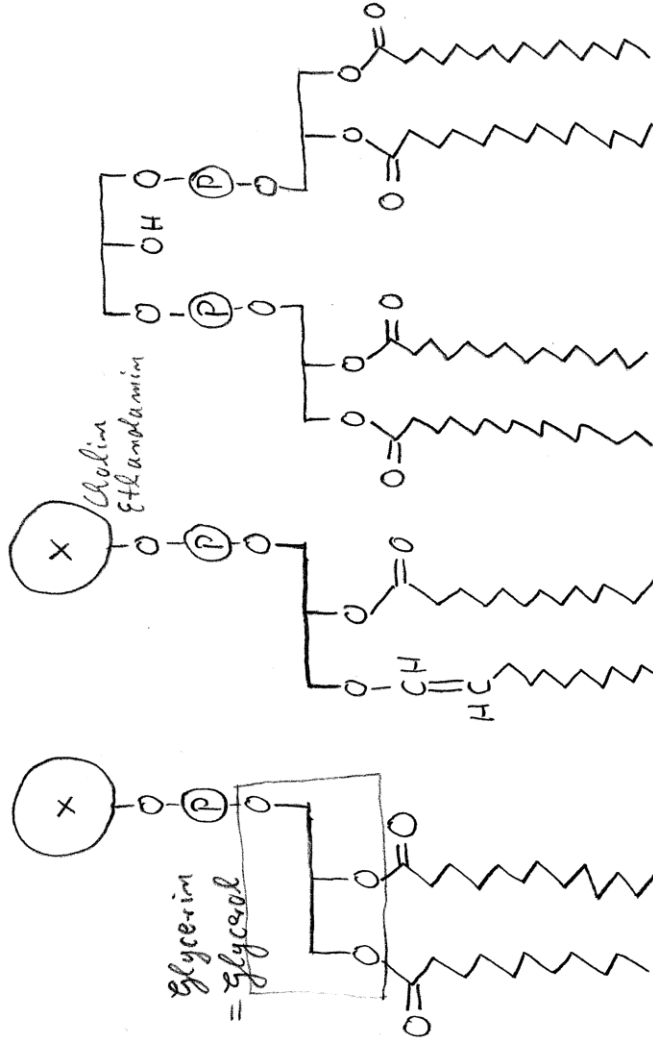
Glycosaminoglycane sind z.T. an Proteine covalent gebunden; man spricht dann von Proteoglycanen.

$$\begin{array}{c} \text{O} \\ \parallel \\ -\text{C}-\text{O}^- \end{array} \quad \text{Carboxylat}$$

$$\begin{array}{c} \text{O} \\ \parallel \\ -\text{O}-\text{S}-\text{O}^- \\ \parallel \\ \text{O} \end{array} \quad \text{Sulfat}$$

Phospho-Lipide

(Phospho)-Glycero-Lipide = Phosphoglyceride



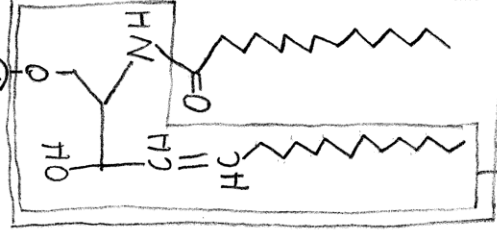
Etherlipid
= Plasmalogen

Di-Phosphatidyl-glycerol
= Cardiolipin
X = Cholin → Phosphatidylcholin = Lecithin
Ethanolamin → Phosphatidylethanolamin
Serin → Phosphatidylserin
Inositol → Phosphatidylinositol

Sphingo-Lipide

Glyco-(Sphingo)-Lipide

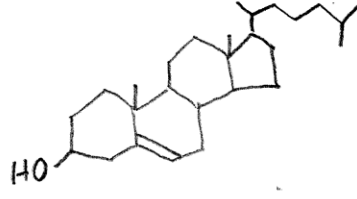
y = Zucker



Ceramid
Sphingosin

Sphingomyelin Ceramid Gangliosid

Steroid



Cholesterin
= Cholesterol