

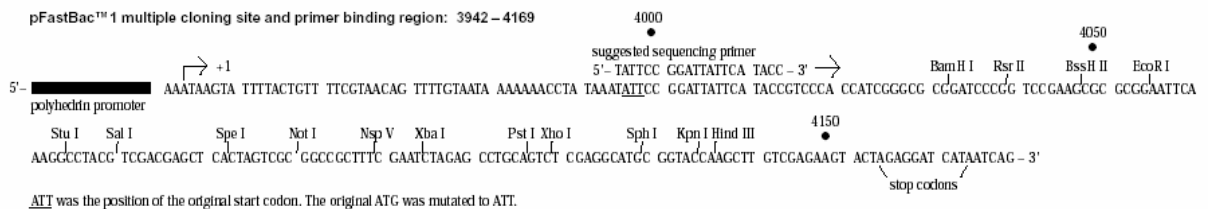
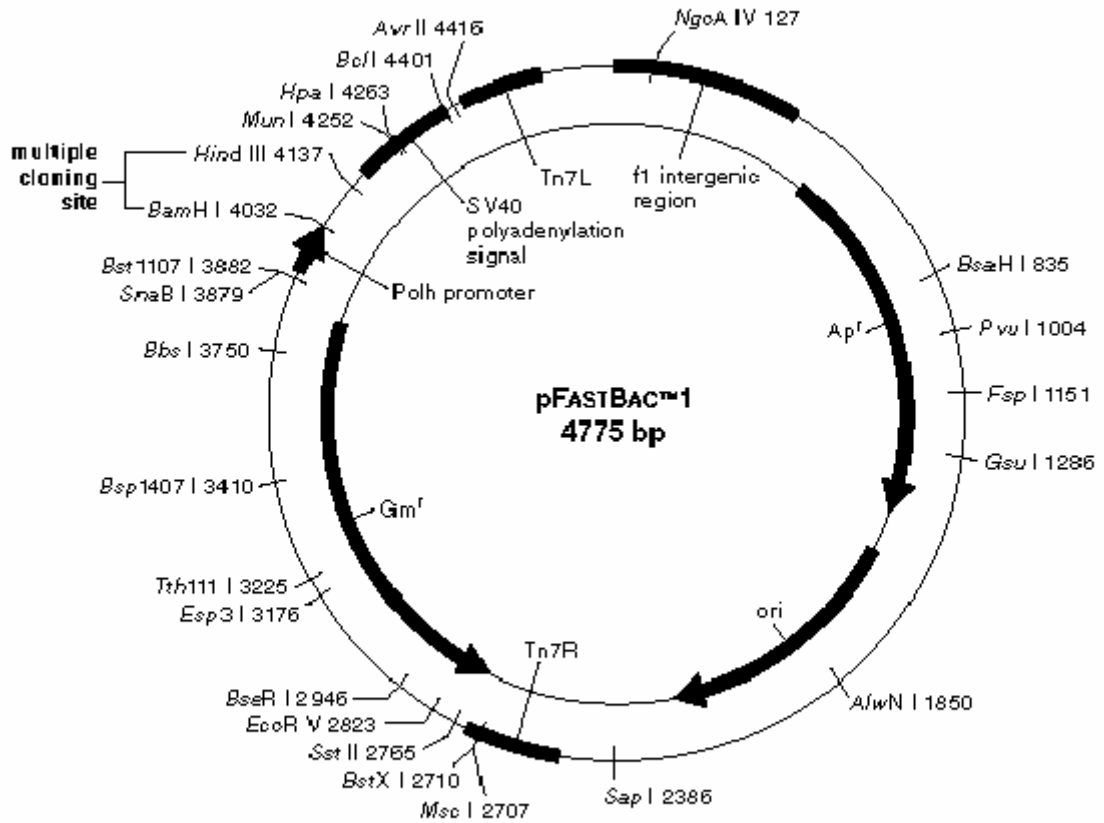
8 Anhang

8.1 Vektorkarten und verwendete Sequenzen

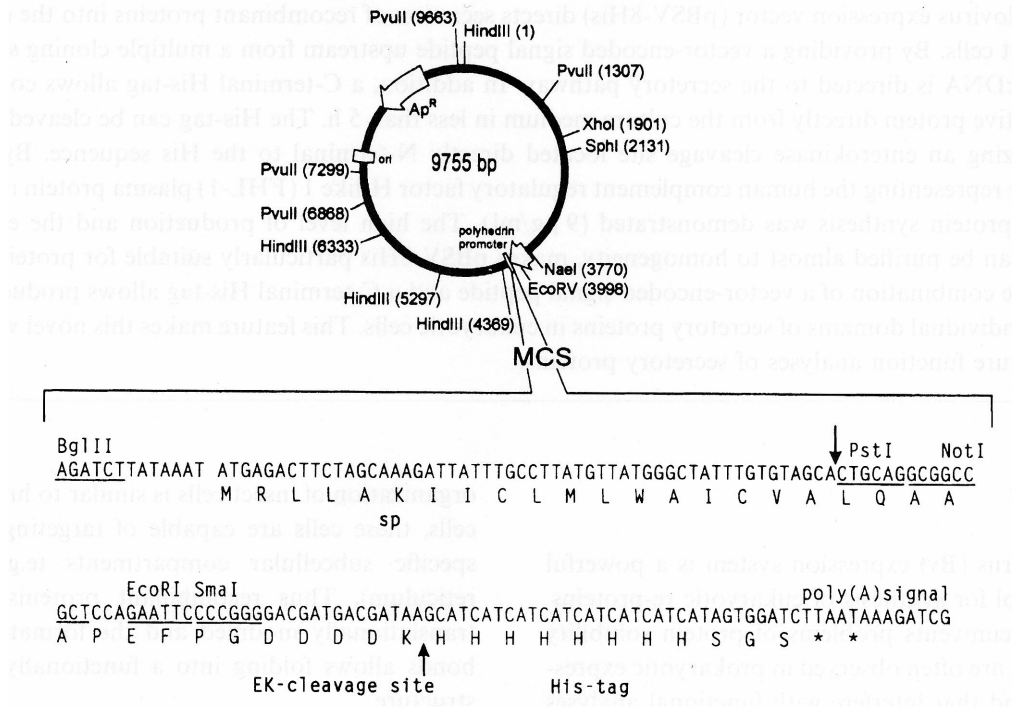
8.1.1 Vektorkarten

8.1.1.1 Expression in Sf9-Zellen durch Baculoviren

pFastBac1 mit GST (Firma Invitrogen)

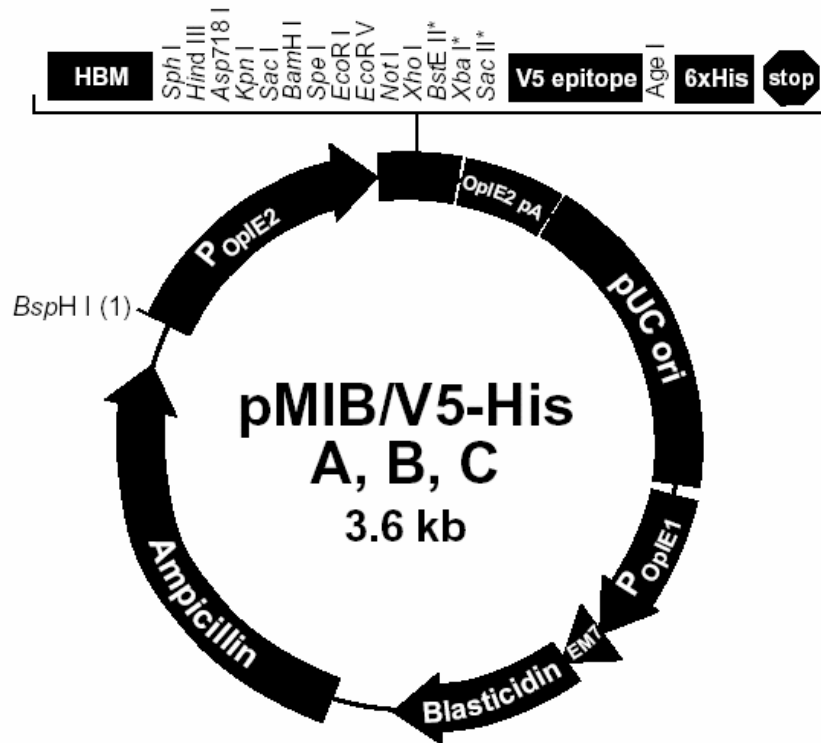


pBSV-8His mit Signalpeptid zum Export des Proteins aus der Zelle und His₈-Tag^[55]



8.1.1.2 Expression in Sf9-Zellen durch Transfektion

pMIB/V5-His (Firma Invitrogen)

**Comments for pMIB/V5-His A**
3596 nucleotides

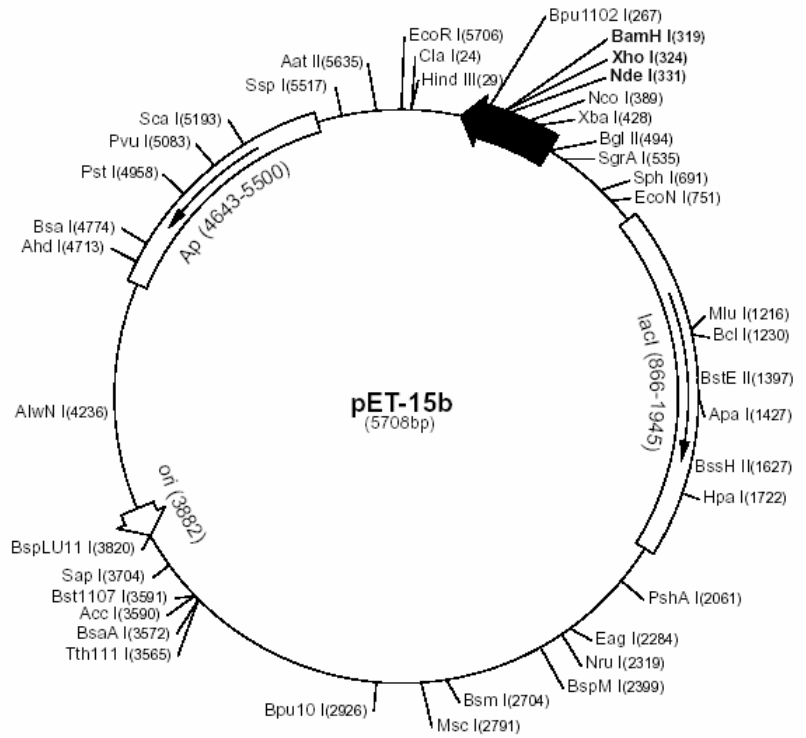
*Frame-dependent variations

OpIE2 promoter: bases 1-549
 OpIE2 Forward priming site: bases 511-530
 Honeybee melittin secretion signal: bases 565-627
 Multiple cloning site: bases 629-721
 V5 epitope: bases 734-775
 Polyhistidine (6xHis) region: bases 785-802
 OpIE2 Reverse priming site: bases 812-837
 OpIE2 polyadenylation sequence: bases 820-949
 pUC origin: bases 1018-1691 (complementary strand)
 OpIE1 promoter: bases 1765-2056
 EM7 promoter: bases 2056-2122
 Blastidicin resistance gene (*bsd*): bases 2123-2521
 Ampicillin resistance gene (*bla*): bases 2641-3501

8.1.1.3 Expression in *E. coli* (mit His₆-Tag)

pET-15b und pET-28a (Firma Novagen)

pET-15b sequence landmarks	
T7 promoter	463-479
T7 transcription start	452
His•Tag coding sequence	362-380
Multiple cloning sites (Nde I - BamH I)	319-335
T7 terminator	213-259
lacI coding sequence	(866-1945)
pBR322 origin	3882
bla coding sequence	4643-5500



T7 promoter primer #69348-3

T7 promoter lac operator Xba I rbs

```

AGATCTCGATCCCGCAAATTAATACGACTCATATAGGGGAATTGTGACCGGATAACAATTCCCCTCTAGAAATAATTTTAACTTTAAGAAAGGAA
Bgl II
Nco I
TATACCATGGCAGCAGCATCATCATCATCATCACACACCCCTGCTGCGCCGCGCAGCATATGCTCCAGATCCGCTCTAACAAGCCCA
His•Tag
MetGlySerSerHisHisHisHisHisSerSerGlyLeuValProArgGlySerHisMetLeuGluAspProAlaIleAsnLysAlaArg
Nde I Xho I BamH I
AAGGAAGCTGAGTTTGGCTGCTCCACCCTGAGCAATAACTAGCATAACCCCTTGCGGCTCTAAACGGCTTTGAGGGTTTTTTG
Bpu1102 I
LysGluAlaGluLeuAlaHisAlaIleThrAlaGluHisEnd
T7 terminator
T7 terminator primer #69337-3

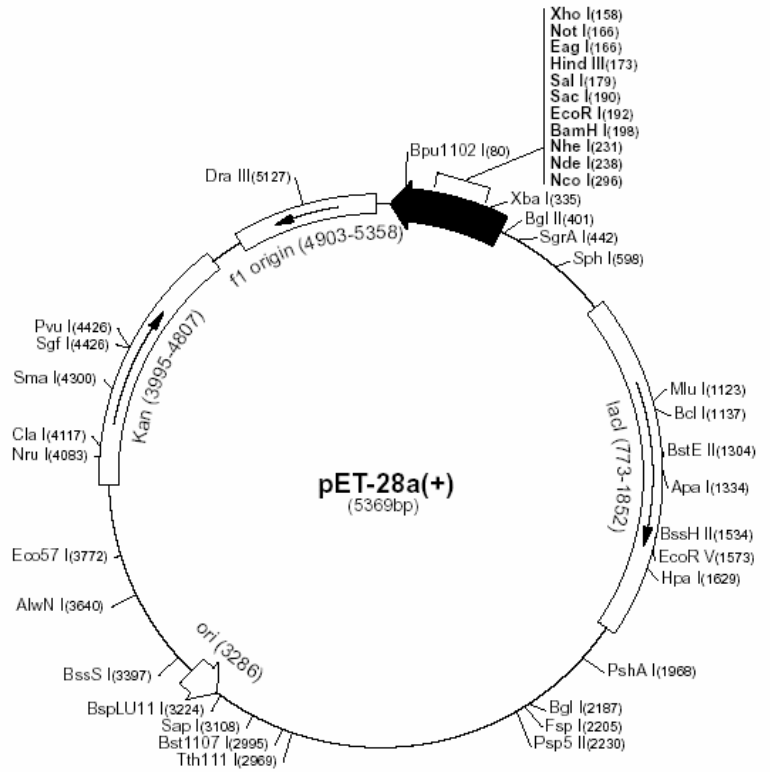
```

pET-15b cloning/expression region

pET-28a(+) sequence landmarks

T7 promoter	370-386
T7 transcription start	369
His•Tag coding sequence	270-287
T7•Tag coding sequence	207-239
Multiple cloning sites (<i>Bam</i> H I - <i>Xho</i> I)	158-203
His•Tag coding sequence	140-157
T7 terminator	26-72
<i>lac</i> I coding sequence	773-1852
pBR322 origin	3286
Kan coding sequence	3995-4807
f1 origin	4903-5358

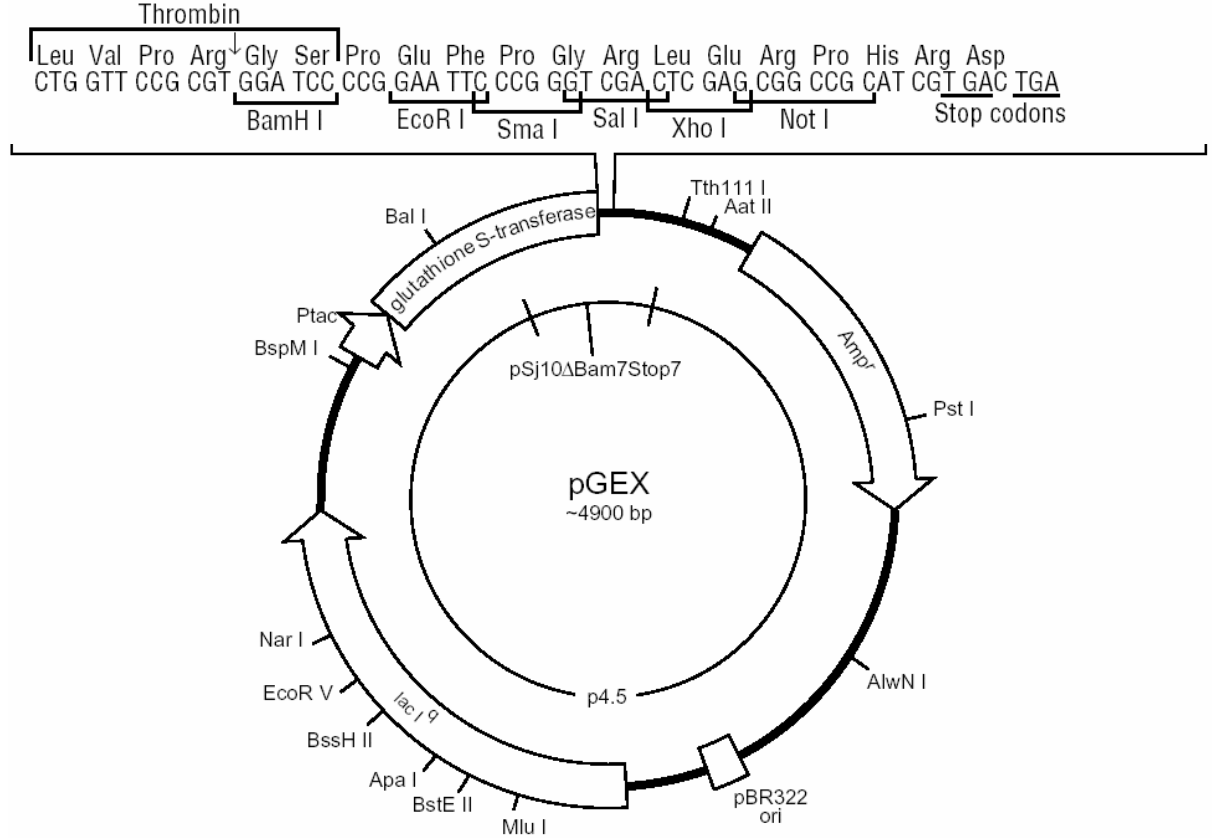
The maps for pET-28b(+) and pET-28c(+) are the same as pET-28a(+) (shown) with the following exceptions: pET-28b(+) is a 5368bp plasmid; subtract 1bp from each site beyond *Bam*H I at 198. pET-28c(+) is a 5367bp plasmid; subtract 2bp from each site beyond *Bam*H I at 198.



8.1.1.4 Expression in *E. coli* (GST-Fusionsprotein)

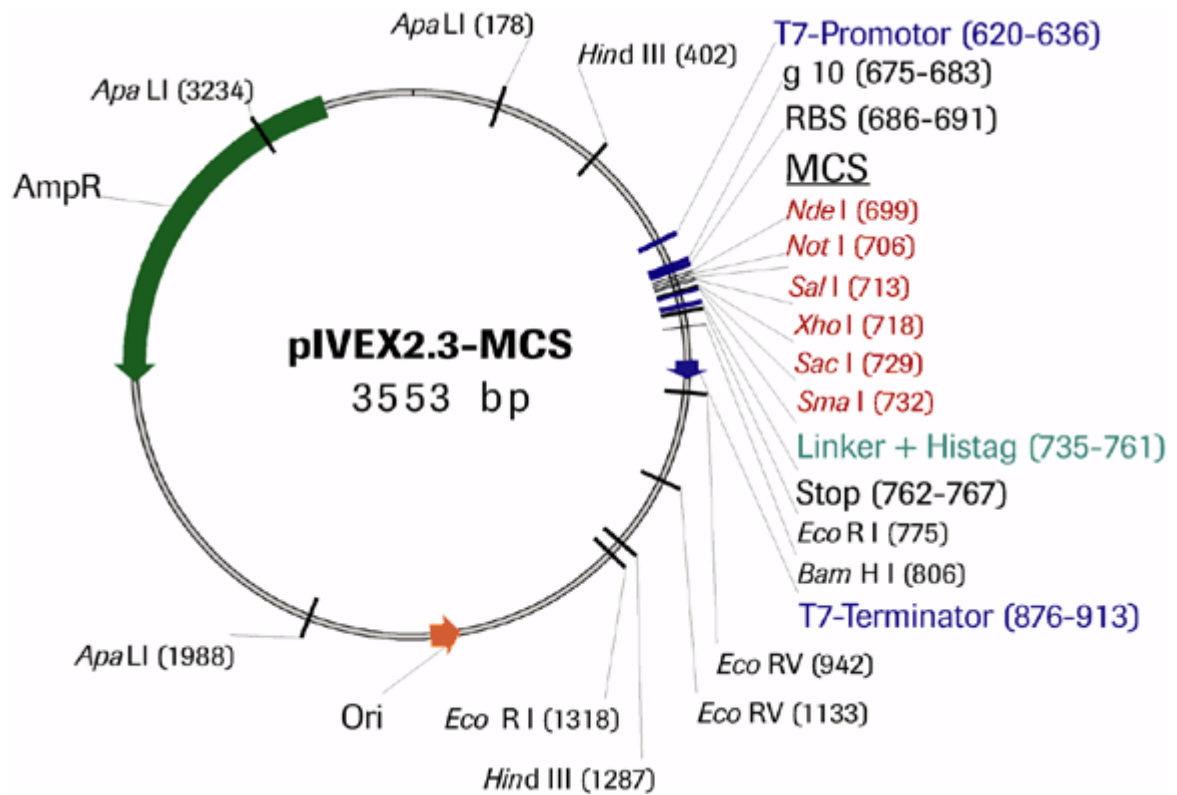
pGEX-4T-1 (Firma Amersham Pharmacia Biotech)

pGEX-4T-1 (27-4580-01)



8.1.1.5 Expression *In vitro* im RTS-System™

pIVEX2.3-MCS (Firma Roche)



T7-Promotor					
601	GATCTCGATC CTAGAGCTAG	CCGCGAAATT GGCGCTTTAA	AATACGACTC TTATGCTGAG	ACTATAGGGA TGATATCCCT	GACCACAACG CTGGTGTTC
g10					
651	GTTTCCCTCT CAAAGGGAGA	AGAAATAATT TCTTTATTAA	TTGTTTAACT AACAAATTGA	TTAAGAAGGA AATTCTTCCT	GATATACATA CTATATGTAT M
RBS					
701	NotI TGAGCGGCCG ACTCGCCGCG etSerGlyAr	SalI XhoI CGTCGACTCG GCAGCTGAGC gValAspSer	SacI Sma AGCGAGCTCC TCGCTCGAGG SerGluLeu	Linker CGGGGGGGGGT GCCCCCCCCA GlyGly	His-Tag TCTCATCATC AGAGTAGTAG SerHisHisH
EcoRI					
751	ATCATCATCA TAGTAGTAGT isHisHisHi	TTAATAAAAG AATTATTTTC s*****	GCGCAATTCC CCGCTTAAGG	AGCACACTGG TCGTGTGACC	CGGCCGTTAC GCCGGCAATG

8.1.2 Sequenzen der exprimierten Fusionsproteine

8.1.2.1 α -Schleife in pFastBac1-GST

Aminosäuresequenz:

MSPILGYWKI KGLVQPTRLL LEYLEEKYEE HLYQRDEGDK WRNKKFELGL
 EFPNLPYYID GDYKLTQSMA IIRYIADKHN MLGGCPKERA EISMLEGAVL
 DIRYGGRIA YSKDFETLKV DFLSKLPEML KMFEDRLCHK TYLNGDHVTH
 PDFMLYDALD VVLYMDPMCL DAFPKLVCFK KRIEAIPOID KYLKSSKYIA
 WPLQGWQATF GGGDHPPKSD PMGHHHHHHG RRRASVAAGI LVPRGSPGLD
 GICHHRSPST HTMPQWVRKI FIDTIPNVMF FSTMKRASKE KQENKIFADD
 IDISDISGKQ VTGEVIFQTP LIKNPDVKS A IEGVKYIAEH MKSDEESSNA
 AEEWKYVAMV IDHRAH

Rot: α -Schleife, **grün:** His₆-Tag, **blau:** GST, **unterstrichen:** Thrombinschnittstelle

8.1.2.2 β -Schleife in pFastBac1-GST

Aminosäuresequenz:

MSPILGYWKI KGLVQPTRLL LEYLEEKYEE HLYQRDEGDK WRNKKFELGL
 EFPNLPYYID GDYKLTQSMA IIRYIADKHN MLGGCPKERA EISMLEGAVL
 DIRYGGRIA YSKDFETLKV DFLSKLPEML KMFEDRLCHK TYLNGDHVTH
 PDFMLYDALD VVLYMDPMCL DAFPKLVCFK KRIEAIPOID KYLKSSKYIA
 WPLQGWQATF GGGDHPPKSD PMGHHHHHHG RRRASVAAGI LVPRGSPGLD
 GICHHRSPNT HTMPNWIHQI FIETLPPFLW IQRPVTTTSP DSKPTIISRA
 NDEYFIRKPA GDFVCPVDNA RVAVQPERLF SEMKWHLNGL TQPVTLPPQL
 KEAVEAIKYI AEQLESASEF DDLKKDWQYV AMVADRAH

Rot: β -Schleife, **grün:** His₆-Tag, **blau:** GST, **unterstrichen:** Thrombinschnittstelle

8.1.2.3 γ -Schleife in pFastBac1-GST

Aminosäuresequenz:

MSPILGYWKI KGLVQPTRLL LEYLEEKYEE HLYQRDEGDK WRNKKFELGL
 EFPNLPYYID GDYKLTQSMA IIRYIADKHN MLGGCPKERA EISMLEGAVL
 DIRYGGRIA YSKDFETLKV DFLSKLPEML KMFEDRLCHK TYLNGDHVTH
 PDFMLYDALD VVLYMDPMCL DAFPKLVCFK KRIEAIPOID KYLKSSKYIA
 WPLQGWQATF GGGDHPPKSD PMGHHHHHHG RRRASVAAGI LVPRGSPGLD
 GICSLRTPNT HSLSEKIKHL FLGFLPKYLG MQLEPSEETP EKPQPRRRSS
 FGIMIKAEY ILKKPRSELM FEEQKDRHGL KRVNKMTSDI DIGTTVDLYK
 DLANFAPEIK SCVEACNFIA KSTKEQNDSG SENENWVLIG KVIDKGAH

Rot: γ -Schleife, **grün:** His₆-Tag, **blau:** GST, **unterstrichen:** Thrombinschnittstelle

8.1.2.4 δ-Schleife in pFastBac1-GST

Aminosäuresequenz:

MSPILGYWKI KGLVQPTRL L LEYLEEKYEE HLYQRDEGDK WRNKKFELGL
 EFPNLPYYID GDYKLTQSMA IIRYIADKHN MLGGCPKERA EISMLEGAVL
 DIRYGGSR IA YSKDFETLKV DFLSKLPEML KMFEDRLCHK TYLNGDHVTH
 PDFMLYDALD VVLYMDPMCL DAFPKLVCFK KRIEAI PQID KYLKSSKYIA
 WPLQGWQATF GGGDHPPKSD PMGHHHHHHG RRRASVAAGI LVPRGSPGLD
 GICHFRTPTST HVLSTRVKQI FLEKLPRI LH MSRADESEQP DWQNDLKLRR
 SSSVGYISKA QEYFNIKSR S ELMFEKQSER HGLVPRVTPR IGFNNENI
 AASDQLHDEI KSGIDSTNYI VKQIKEKNAY DEEVGNQNLV GQTIDR

Rot: δ-Schleife, **grün:** His₆-Tag, **blau:** GST, **unterstrichen:** Thrombinschnittstelle

Verwendete Primer:

forward:

5' - ACA TCA TCA TCA TCA TCA CG - 3'

reverse:

5' - TTC CAG TTC CCA ACT TCC - 3'

8.1.2.5 δ-Schleife in pBSV-8His

Aminosäure-Sequenz:

MRLLA KI ICL MLWAICVALQ HFRTPTSTHVL STRVKQIFLE KLPRILHMSR
 ADESEQPDWQ NDLKLRRSS VGYISKAQEY FNIKSRSELM FEKQSERHGL
 VPRVTPRIGF GNNENIAAS DQLHDEIKSG IDSTNYIVKQ IKEKNAYDEE
 VGNWNLVGQT IDREFPGDDD DKHHHHHHHHH SGS

Rot: δ-Schleife, **grün:** His₈-Tag, **blau:** Signalpeptid, **unterstrichen:** Schnittstelle der Enterokinase

Verwendete Primer:

forward:

5' - AAA CCG CTG CAG CAC TTC CGA ACT CCA AGC - 3'

reverse:

5' - AAA CCG CCC GGG TCT GTC AAT AGT CTG GCC - 3'

8.1.2.6 δ-Schleife in pMIB/V5-His

Nukleotid-Sequenz:

GGCATGCACT TCCGA ACTCC AAGCACACAT GTTCTCTCAA CAAGGGTTAA
 ACAGATCTTC TTGAAAAGC TTCCACGGAT CCTCCACATG TCCCGTGCTG
 ATGAGAGCGA GCAGCCGAT TGGCAGAACG ATTTGAAGCT GCGACGCAGC
 AGTTCTGTTG GGTACATTTT CAAAGCACAA GAATATTTTA ACATCAAATC
 CAGAAGTGAA CTCATGTTTG AAAACAATC TGAACGTCAT GGATTGGTGC
 CGCGAGTCAC TCCAAGAATT GGTTTTGGA ACAACAATGA GAACATAGCT
 GCTTCAGATC AACTACATGA TGAGATAAAG TCAGGTATCG ACAGCACAAA
 TTACATTGTG AAACAAATCA AAGAAAAGAA TGCCTATGAT GAGGAAGTTG
 GGAAGTGGAA TCTAGTGGGC CAGACTATTG ACAGATCTAG AGGGCCCTTC
 GAAGGTAAGC CTATCCCTAA CCTCTCCTC GGTCTCGATT CTACGCGTAC
 CGGTCATCAT CACCATCACC ATTGA

Aminosäure-Sequenz:

GMHFRT^{blau}TPSTH VLSTRVK^{blau}QIF LEKLPRI^{blau}LHM SRADESE^{blau}QPD WQNDLKLRRS
 SSVGYISK^{blau}AQ EYFNIKSRSE LMF^{blau}EKQSERH GLVPRVTPRI GFGNNNENIA
 ASDQLHDEIK SGIDSTNYIV KQIKEKNAYD EEVGNWNLVG QTIDRSRGPF
 EGKPIPNPLL GLDSTR^{blau}TGHH HHHH

Rot: δ -Schleife, **blau:** V5-Tag, **grün:** His₆-Tag

Verwendete Primer:

forward: 5'-ATA TGC ATG CAC TTC CGA ACT CCA AGC-3'

reverse: 5'-TAA TCT AGA TCT GTC AAT AGT CTG GCC-3'

8.1.2.7 α 7-Schleife in pGEX-4T-1

komplette Nukleotidsequenz:

CACCACCATG ACCCTGATGG TGGCAAAATG CCTAAGTGGA CCAGAATCAT
 TCTCCTGAAC TGGTGTGCAT GGTTCCTGCG CATGAAGAGG CCCGGAGAGG
 ACAAGGTGCG GCCAGCTTGT CAGCACAAGC CTCGGCGCTG CAGCCTGGCC
 AGTGTGGAGC TGAGTGCAGG TGCTGGGCCA CCCACCAGCA ATGGCAACCT
 GCTCTACATT GGCTTCCGAG GCCTGGAGGG CATGCACTGT GCCCCAACCTC
 CAGACTCTGG GGTCGTATGT GGCCGTTTGG CCTGCTCCCC AACACATGAT
 GAGCACCTCA TGCACGGTGC ACACCCCTCT GATGGGGACC CCGACCTGGC
 CAAGATCCTG GAGGAGGTCC GCTACATCGC CAACCGCAAC CGCTGCCAGG
 ACGAGAGTGA GGTGATCTGC AGTGAATGGA AGTTTGCAGC CTGCGTGGTG
 GACCCG

Aminosäuresequenz des GST-Fusionsproteins:

MSPILGYW^{blau}KI KGLVQ^{blau}PTRL^{blau}L LEYLEEK^{blau}YEE HLYERDE^{blau}GDK WRNKKFEL^{blau}GL
 EFPNLPYY^{blau}ID GDVKLTQ^{blau}SMA IIRYIAD^{blau}KHN MLGGCPK^{blau}ERA EISMLEG^{blau}AVL
 DIRYGVS^{blau}RIA YSKDFET^{blau}LKV DFLSKLP^{blau}PEML KMFEDRL^{blau}CHK TYLNGDH^{blau}VTH
 PDFMLYD^{blau}DALD VVLYMDP^{blau}MCL DAFP^{blau}KLVC^{blau}FK KRIEAI^{blau}PQID KYLKSS^{blau}KYIA
 WPLQGW^{blau}QATF GGGDH^{blau}PPKSD LVPRGS^{blau}PEFH HHDPD^{blau}GGKMP KWTRI^{blau}ILLNW
 CAWFLRM^{blau}KRL LNWC^{blau}AWFLRM KRPGED^{blau}KVRP ACQHK^{blau}PRRCS LASVELS^{blau}SAGA
 GPPTSNG^{blau}NLL YIGFR^{blau}GLEGM HCA^{blau}PTPDSGV VCGRL^{blau}ACSPT HDEHLMH^{blau}GAH
 PSDGDP^{blau}DLAK ILEEV^{blau}RYIAN RNRCQ^{blau}ESEV ICSE^{blau}WKFAAC VVDR

Rot: α -Schleife, **grün:** Thrombin-Schnittstelle, **blau:** GST, unterstrichen: Anfangs- bzw. Endpunkt der verkürzten Konstrukte

Verwendete Primer:

forward:

α 7-GKM+EcoRI: 5' - GCG AAT TCG GCA AAA TGC CTA AG - 3'

α 7-HHH+EcoRI: 5' - GCG AAT TCC ACC ACC ATG ACC C - 3'

reverse:

α 7-EEVR+XhoI: 5' - CCG CTC GAG TTA GCG GAC CTC CTC C

α 7-RCQ+XhoI: 5' - CCG CTC GAG TTA CTG GCA GCG GAA G

α 7-CSE+XhoI: 5' - CCG CTC GAG TTA TTC ACT GCA GAT C

α 7-VVDR+XhoI: 5' - CCG CTC GAG TTA GCG GTC CAC CAC

8.1.2.8 δ-Schleife (komplett) in pET-15b

Aminosäuresequenz:

MGSSHHHHHHH SSGLVPRGSH MHFRTPTSTHV LSTRVKQIFL EKLPRILHMS
 RADESEQPDW QNDLKLRRSS SVGYISKAQE YFNIKSRSEL MFEKQSERHG
 LVPRVTPRIG FGNNNENIAA SDQLHDEIKS GIDSTNYIVK QIKEKNAYDE
 EVGNQNLVGQ TIDR

Rot: δ-Schleife, **grün:** His₆-Tag

verwendete Primer:

forward:

5' - AA AAA CAT ATG CAC TTC CGA ACT CCA AGC AC - 3'

reverse:

5' - AA AAA CTC GAG TTA TCT GTC AAT AGT CTG GCC CA - 3'

8.1.2.9 δ-Schleife (-7N) in pET-28a

Aminosäuresequenz:

MGSSHHHHHHH SSGLVPRGSH MHVLSTRVKQ IFLEKLPRIL HMSRADESEQ
 PDWQNDLKLKLR RSSSVGYISK AQEYFNIKSR SELMFEKQSE RHGLVPRVTP
 RIGFGNNNEN IAASDQLHDE IKSGIDSTNY IVKQIKEKNA YDEEVGNQNL
 VGQTIDR

Rot: δ-Schleife, **grün:** His₆-Tag

verwendete Primer:

forward:

5' - AA AAA CAT ATG CAT GTT CTC TCA ACA AGG GTT - 3'

reverse:

5' - AA AAA CTC GAG TTA TCT GTC AAT AGT CTG GCC CA - 3'

8.1.2.10 δ-Schleife (-10C) in pET-28a

Aminosäuresequenz:

MGSSHHHHHHH SSGLVPRGSH MHFRTPTSTHV LSTRVKQIFL EKLPRILHMS
 RADESEQPDW QNDLKLRRSS SVGYISKAQE YFNIKSRSEL MFEKQSERHG
 LVPRVTPRIG FGNNNENIAA SDQLHDEIKS GIDSTNYIVK QIKEKNAYDE
 EVGN

Rot: δ-Schleife, **grün:** His₆-Tag

verwendete Primer:

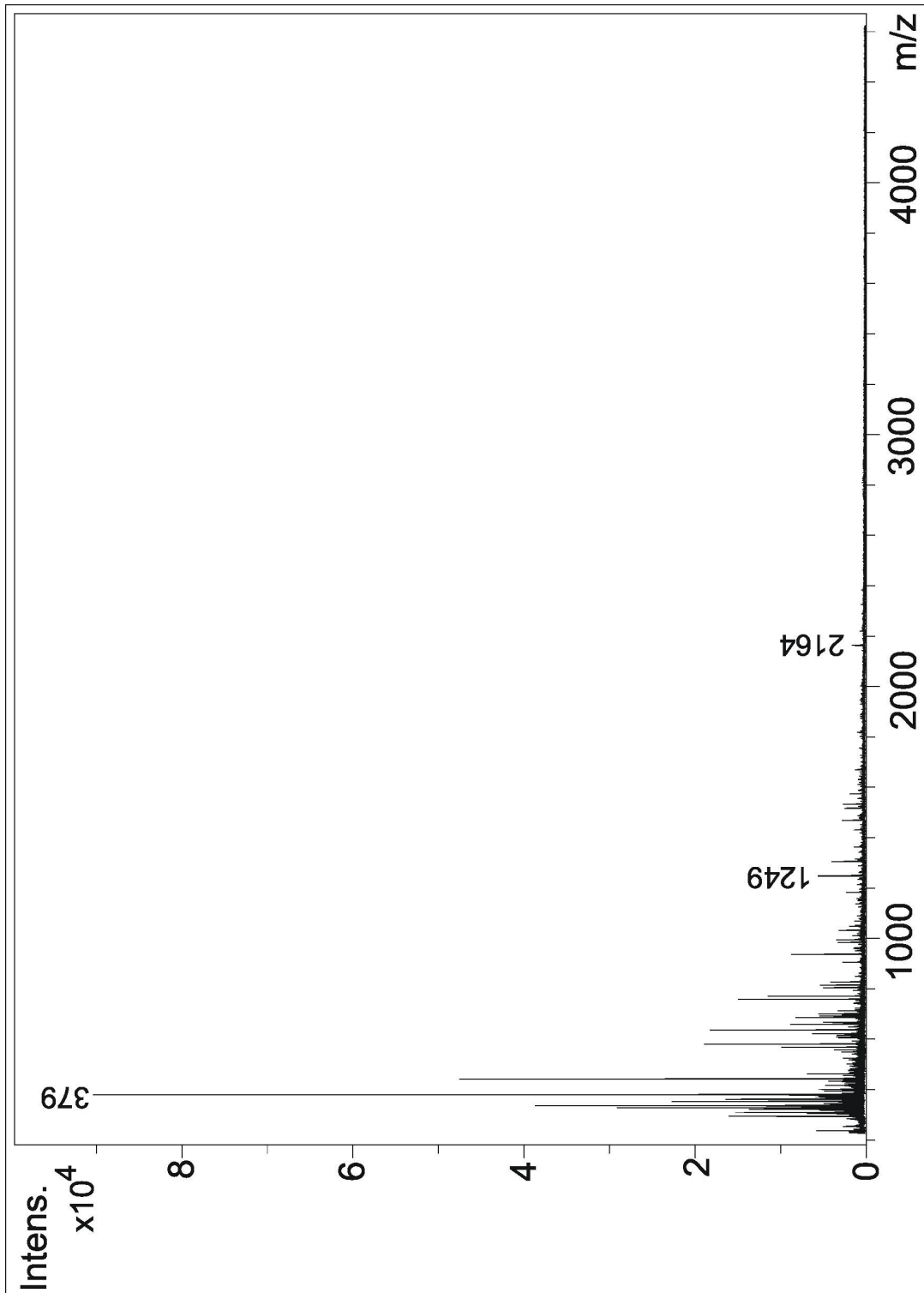
forward:

5' - AA AAA CAT ATG CAC TTC CGA ACT CCA AGC AC - 3'

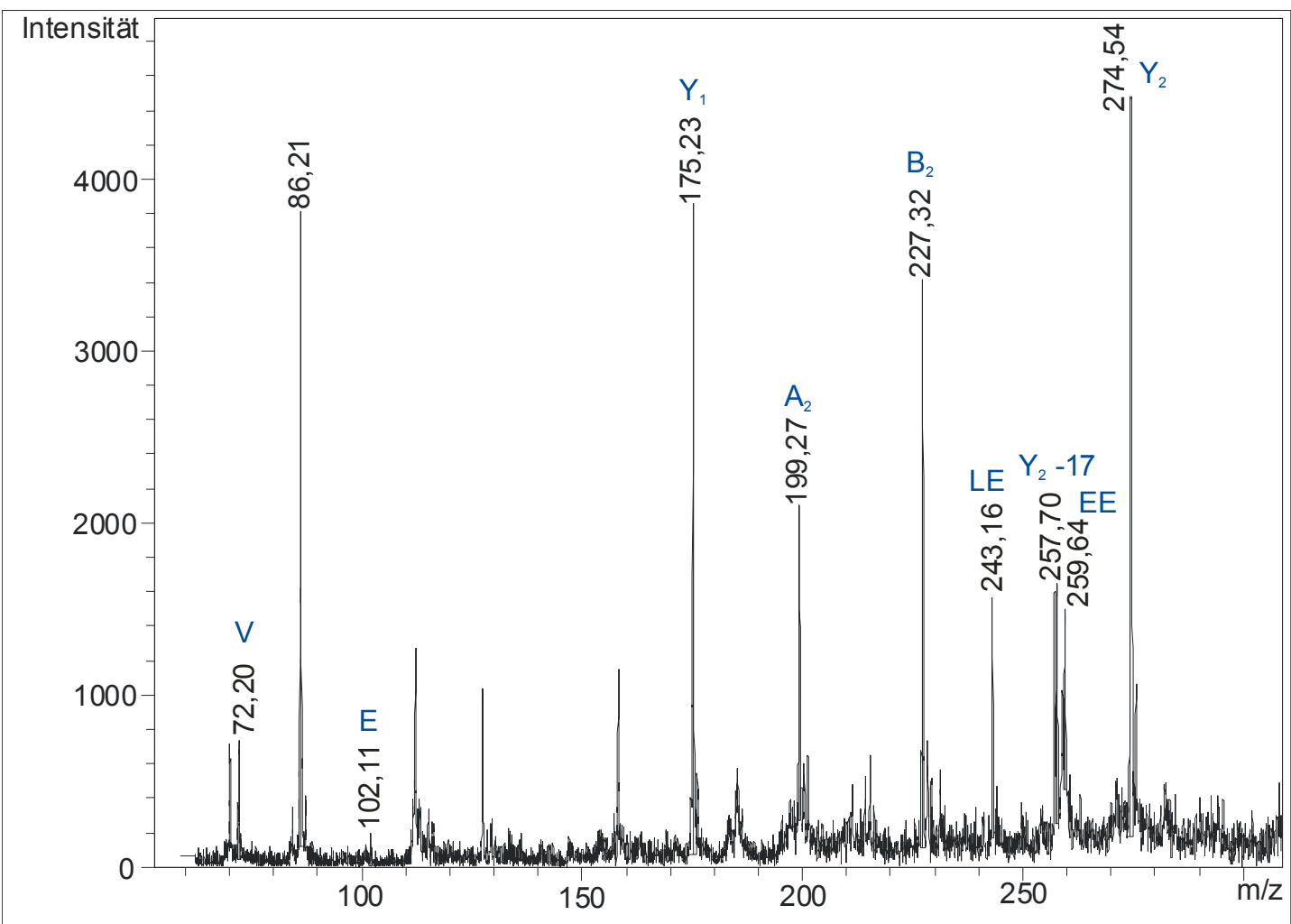
reverse:

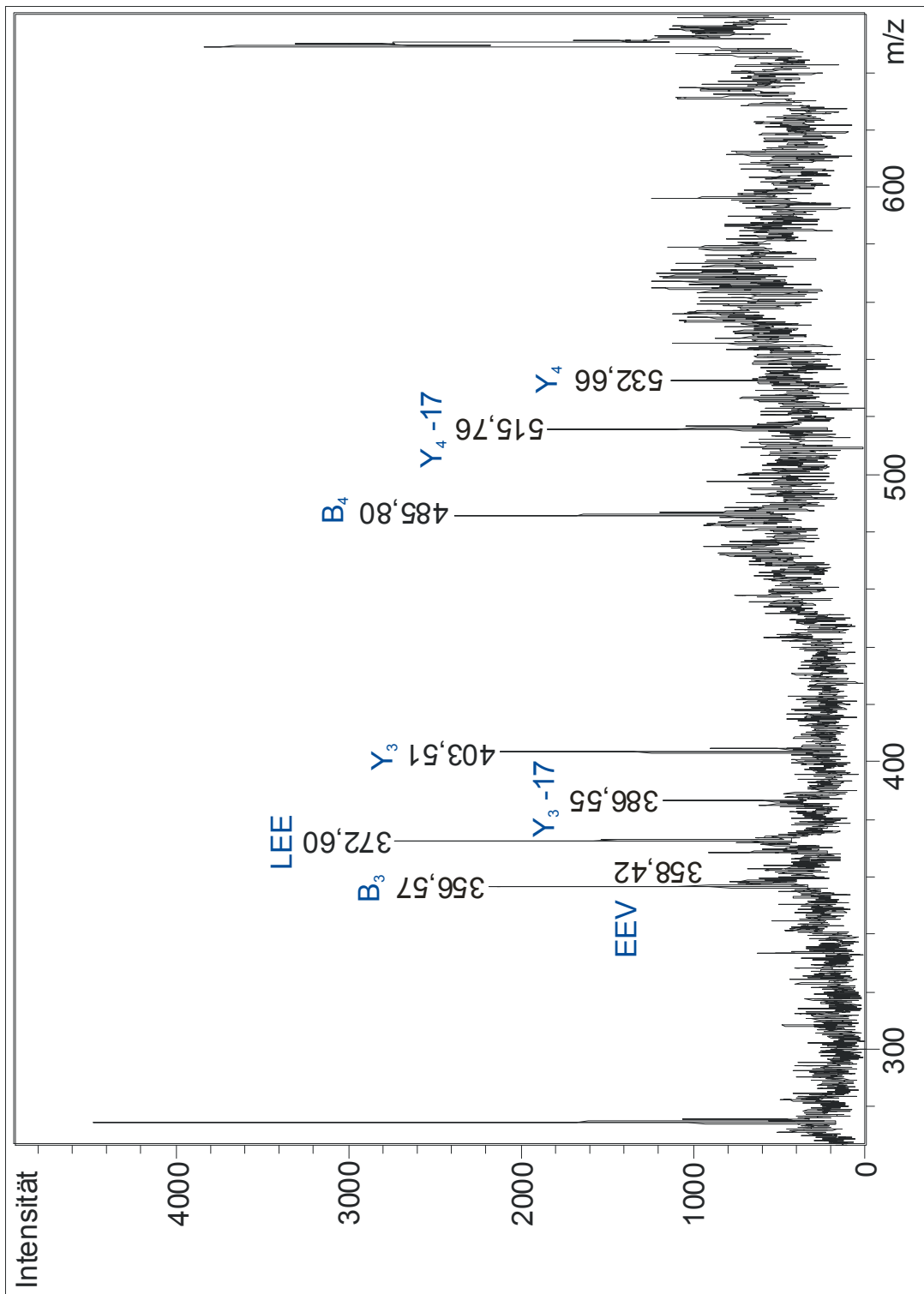
5' - AA AAA CTC GAG TTA GTT CCC AAC TTC CTC ATC ATA - 3'

8.2 MALDI-Komplettspektrum



8.3 MALDI-PSD-Spektrum





MH⁺-Masse: 758,44 amu

Sequenz: I-L-E-E-V-R (C-Terminus des exprimierten Fusionsproteins)

8.4 Abkürzungen und Einheiten

°C	Grad Celsius
5-HT	Serotonin
Å	Ångstrom
Abb.	Abbildung
ACh	Acetylcholin
AChBP	Acetylcholin-bindendes Protein
APS	Ammoniumperoxodisulfat
AS	Aminosäure
Bar	Bar
BCA	Bicinchoninsäure
BSA	bovine serum albumine
bzw.	beziehungsweise
CD	circular dichroism (Zirkulardichroismus)
cm	Zentimeter
Da	Dalton
DMSO	Dimethylsulfoxid
DNA	Desoxyribonukleinsäure
dsDNA	doppelsträngige DNA
DTT	Dithiothreitol
<i>E. coli</i>	<i>Escherichia coli</i>
ECL	enhanced chemiluminescence
EDTA	Ethylendiamin-N,N,N',N'-tetraacetat
EM	Elektronenmikroskopie
ER	Endoplasmatisches Reticulum
FABP	Fettsäure-bindendes Protein
FCS	fetal calf serum
g	Erdbeschleunigung
g	Gramm
GABA	γ-Aminobuttersäure
GABARAP	GABA receptor associated protein
GFP	green fluorescent protein
GST	Glutathion-S-Transferase

h	Stunde
IPTG	Isopropyl- β -D-Thiogalactopyranosid
Kap.	Kapitel
l	Liter
LB	Luria Bertani
m/z	Masse-Ladungsverhältnis
mAb	monoklonaler Antikörper
MALDI	matrix assisted laser desorption and ionisation
MBP	maltose binding protein
min	Minute
MOI	multiplicity of infection
mol	Mol
mRNA	Boten-Ribonukleinsäure
MS	Massenspektrometrie
nAChR	nikotinischer Acetylcholinrezeptor
nm	Nanometer
NMDA	N-Methyl-D-Aspartat
NMR	nuclear magnetic resonance
NTA	nitrilotriacetic acid
OD	Optische Dichte
PAGE	Polyacrylamid-Gelelektrophorese
PBS	phosphate buffered saline
PCR	polymerase chain reaction
PDZ	<u>P</u> SD-95, <u>D</u> iscs-large, <u>Z</u> ona occludens-1 (diese Proteine enthalten PDZ-Domänen)
Pfu	plaque forming units
pH	pH-Wert (negativer lg der H_3O^+ -Ionenkonzentration)
PKA	Proteinkinase A
PMSF	Phenylmethylsulfonylfluorid
PSD	postsynaptic density
rpm	rounds per minute
RT	Raumtemperatur
SDS	sodium dodecyl sulfate
sog.	sogenannt
TAE	Tris/Acetat/EDTA-Puffer

TB	Terrific broth
TCA	Trichloressigsäure
TE	Tris/EDTA-Puffer
TEA	Tris/Ethanolamin-Puffer
TEMED	N,N,N',N'-Tetramethylendiamin
TFA	Trifluoressigsäure
TOF	time of flight
Tris	Tris(hydroxymethyl)-aminomethan
UV	Ultraviolettes Licht
V	Volt
v/v	volume per volume
w/v	weight per volume
z. B.	zum Beispiel
α -Bgt	α -Bungarotoxin
μ l/ μ g	Mikroliter/Mikrogramm

8.5 Eigene Veröffentlichungen

Tagungsbeiträge

C. Toepfer and F. Hucho, *Ultra-structural analysis of the cytosolic loop of the nicotinic acetylcholine receptor*, Biol. Chem. Hoppe-Seyler (2001), **382**, Suppl 130 (GBM Herbsttagung 2001)

C. Toepfer and F. Hucho, *Ultra-structural analysis of the cytosolic loop of the nicotinic acetylcholine receptor*, Berlin Neuroscience Forum 1999, Bogensee

C. Toepfer and F. Hucho, *Ultra-structural analysis of the cytosolic loop of the nicotinic acetylcholine receptor*, Berlin Neuroscience Forum 2002, Liebenwalde

8.6 Lebenslauf

Name	Cornelia Toepfer
Geburtstag	16.02.1972
Geburtsort	Berlin
<u>Schulbildung</u>	
09/1978 - 07/1984	19. Grundschule am Ritterfeld, Berlin
09/1984 - 06/1991	Freiherr-vom-Stein-Oberschule (Gymnasium), Berlin
06/1991	Abitur
<u>Studium und Promotion</u>	
10/1991 - 02/1998	Studiengang Chemie an der Freien Universität Berlin
10/1993	Vordiplom
05/1997 - 02/1998	Diplomarbeit in der Arbeitsgruppe von Prof. W. Reutter, Institut für Molekularbiologie und Biochemie, Fachbereich Humanmedizin, Freie Universität Berlin: „Einfluß des Aminosuckeranalogons N-Propanoyl-D-mannosamin auf die Sialylierung der Dipeptidylpeptidase IV (CD 26) in der Ratte“
02/1998	Diplom
06/1998 - 09/2002	Doktorarbeit in der Arbeitsgruppe von Prof. F. Hucho, Institut für Chemie - Biochemie, Fachbereich Biologie/Chemie/Pharmazie, Freie Universität Berlin: „Heterologe Expression einer funktionellen Domäne des nikotinischen Acetylcholinrezeptors“
<u>Berufstätigkeit</u>	
10/1994 - 09/1995	Studentische Hilfskraft (Tutorin) am Institut für Physikalische Chemie, Freie Universität Berlin
10/1995 - 03/1998	Studentische Hilfskraft (Tutorin) im Chemiepraktikum für Mediziner (Seminar und Praktikum), Freie Universität Berlin
04/1998 - 05/1998	Werkvertrag bei Prof. W. Reutter am Institut für Molekularbiologie und Biochemie, Fachbereich Humanmedizin, Freie Universität Berlin
<u>Tagungen</u>	
06/2000 und 06/2001	Mikromethoden der Proteinchemie, Max-Planck-Institut, München Martinsried
09/2001	Herbsttagung der Gesellschaft für Biochemie und Molekularbiologie (GBM), Ruhruniversität, Bochum
07/1999 und 04/2002	Berlin Neuroscience Forum
<u>Außeruniversitäre Aktivitäten</u>	
Seit 09/2000	Mitarbeit im Jungchemikerforum Berlin (seit Neugründung) Organisation von Vorträgen und der Bundestagung 2002

8.7 Danksagung

Die vorliegende Arbeit wurde am Institut für Chemie - Biochemie der Freien Universität Berlin in der Arbeitsgruppe von Herrn Prof. F. Hucho angefertigt. Ihm danke ich nicht nur für die Überlassung des vielseitigen Themas, sondern auch für die freundliche Aufnahme in seine Arbeitsgruppe und die stetige Diskussionsbereitschaft.

Besonderer Dank gebührt allen, die durch ihre praktische Mithilfe zu dieser Arbeit beigetragen haben. Dr. Chris Weise hatte immer ein offenes Ohr bei Problemen und half mit einer Menge wertvoller Tips in "Notsituationen". Hermann Bayer sei herzlich für die zahlreichen praktischen Hilfen und technischen Ratschläge gedankt. Es war von unschätzbarem Wert, was er alles reparieren oder an den unmöglichsten Stellen (Wieder-) Finden konnte. Dr. Henning Otto machte sich um viele Hilfestellungen nicht nur in der Molekularbiologie verdient.

Der gesamten Arbeitsgruppe Neurochemie gilt mein Dank für die angenehme Arbeitsatmosphäre. Besonders bedanken möchte ich mich hier bei meinen direkten "Laborkolleginnen" Dr. Gabriele Bixel und Ricarda Jahnel.

Bedanken möchte ich mich auch bei den Damen und Herren von der Deutschen Forschungsgesellschaft, durch deren finanzielle Unterstützung diese Arbeit ermöglicht wurde.

Besonderer Dank gilt Dr. Markus G. P. Werner, der mich in dieser Zeit liebevoll motiviert und ständig moralisch unterstützt hat.