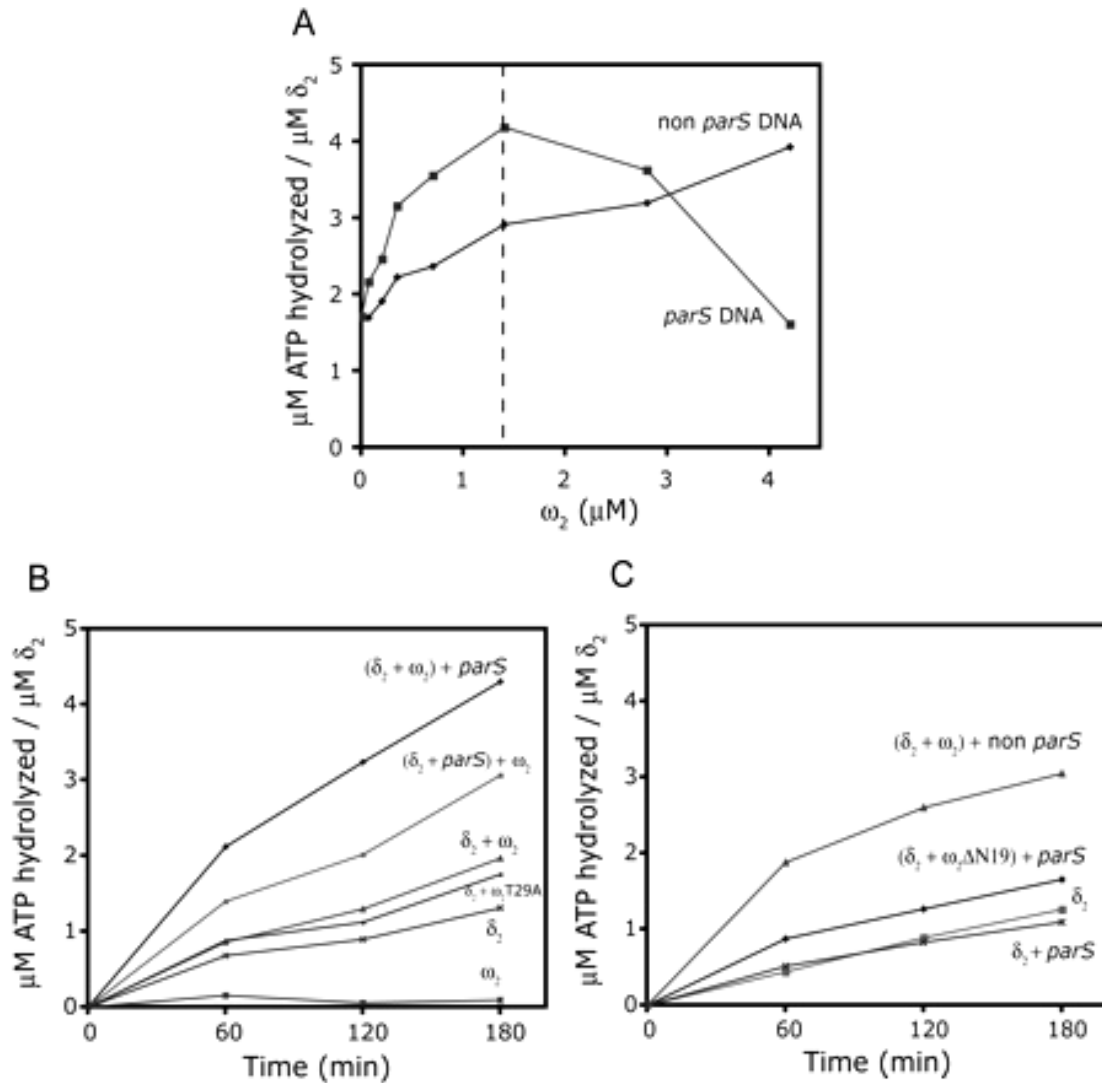


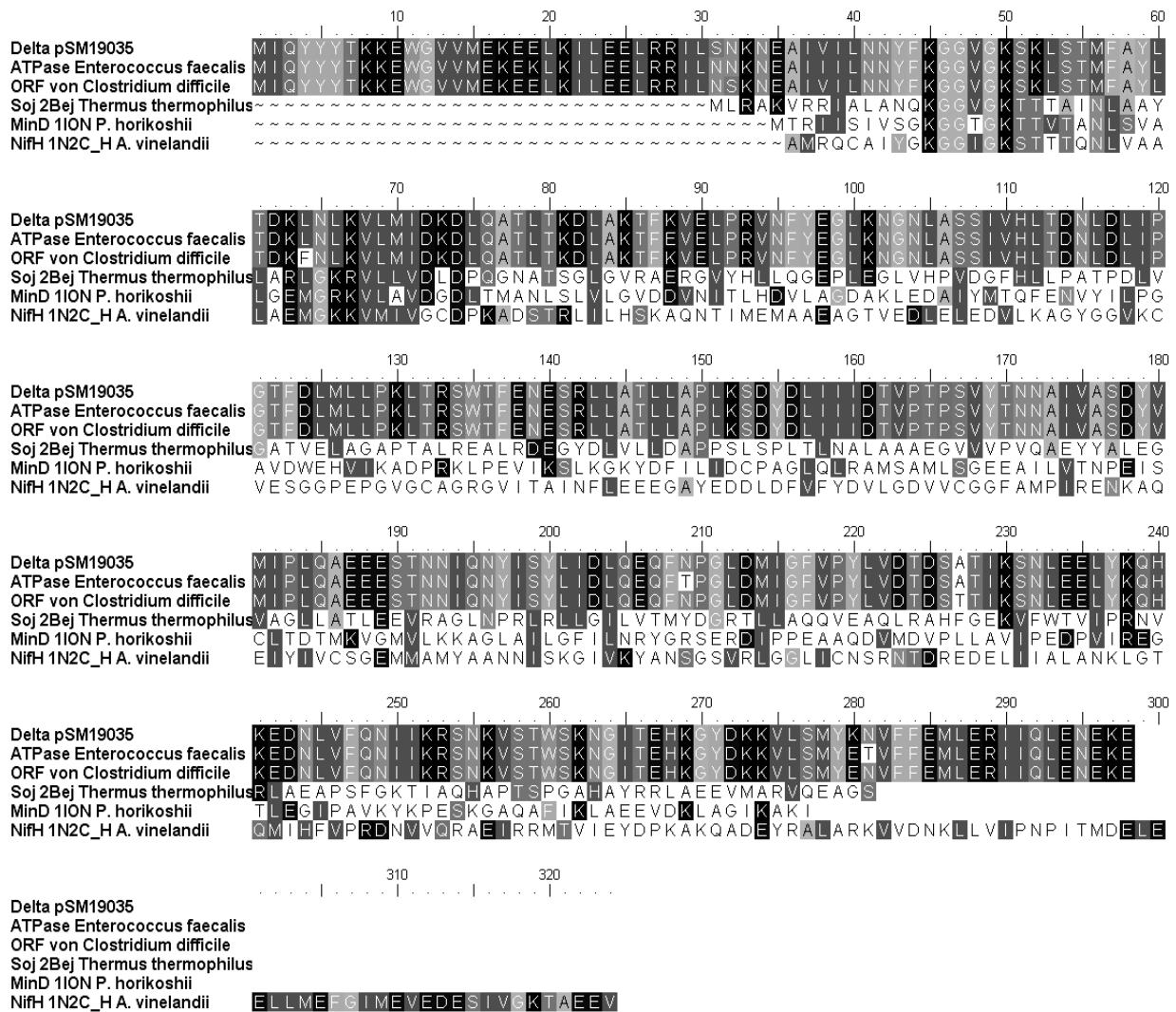
## 7 Anhang

### 7.1 Zum ATPase-Assay



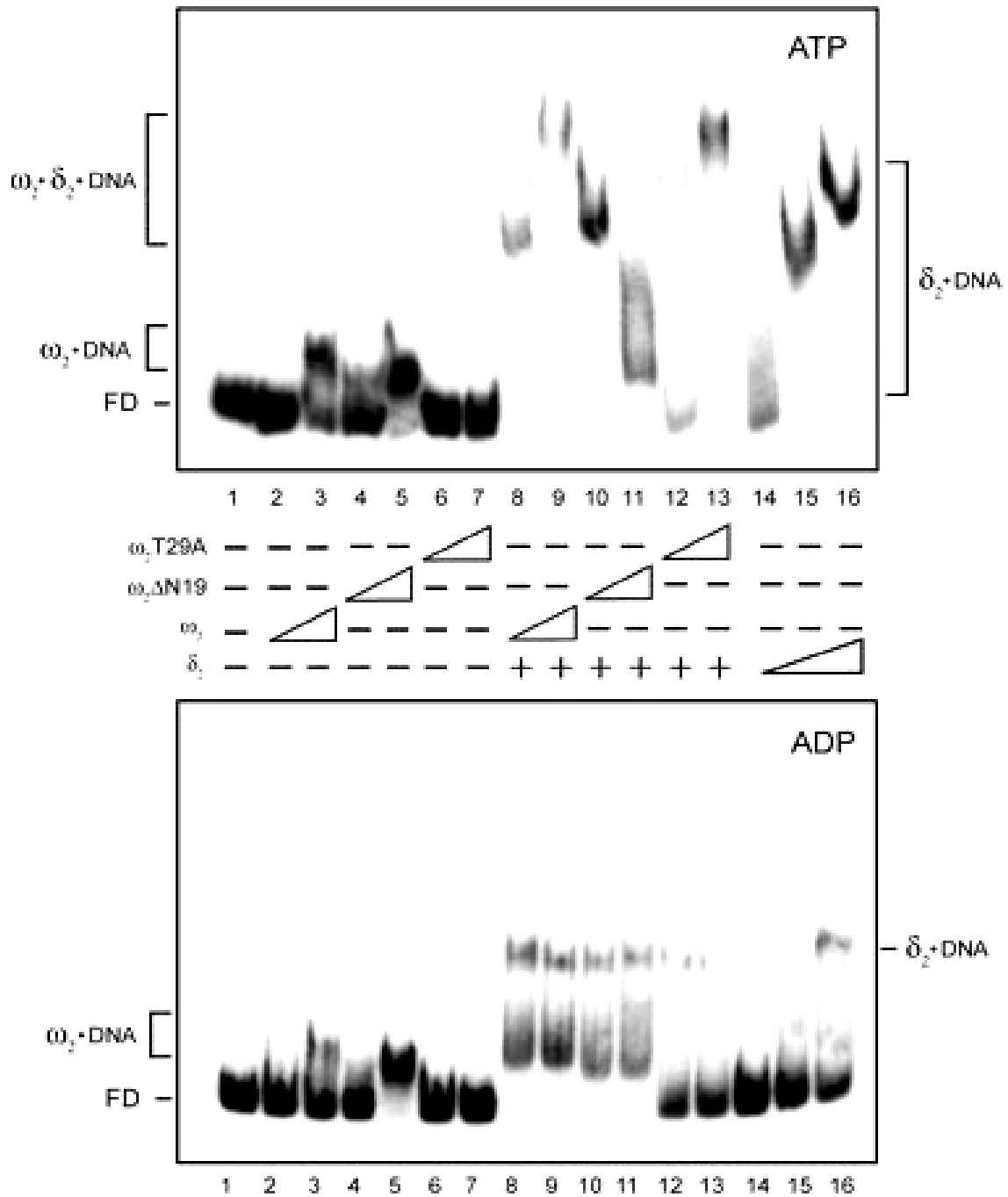
**Abb. I** (F. Pratto, pers. Mitteilung) ATPase-Aktivität von  $\delta_2$  in Gegenwart von  $\omega_2$ , *parS*-DNA und non-*parS*-DNA. **A**)  $\delta_2$  zeigt eine schwache basale ATPase-Aktivität, welche in Gegenwart von *parS*-DNA mit der Erhöhung der  $\omega_2$ -Konzentration (bis  $\sim 1,5 \mu\text{M}$ ) ansteigt. Die ATPase-Aktivität von  $\delta_2$  reduziert sich um ca. 50 %, wenn die Reaktion in Gegenwart von der non-*parS*-DNA durchgeführt wird. **B**) Die ATPase-Aktivität von  $\delta_2$  allein, nach der Prä-Inkubation mit  $\omega_2$ ,  $\omega_2\text{T29A}$  [ $\delta_2 + \omega_2$ ] oder [ $\delta_2 + \omega_2\text{T29A}$ ], oder nach der Zugabe vom  $\omega_2$ -präformierten  $\delta_2$ -*parS*-Komplex [ $(\delta_2 + \textit{parS}) + \omega_2$ ]. **C**) Die ATPase-Aktivität von  $\delta_2$  allein, nach der Prä-Inkubation mit  $\omega_2$  in Gegenwart von nicht-spezifischer DNA [ $(\delta_2 + \omega_2) + \textit{non parS}$ ] oder nach der Prä-Inkubation mit  $\omega_2\Delta\text{N19}$  und *parS*-DNA [ $(\delta_2 + \omega_2\Delta\text{N19}) + \textit{parS}$ ] oder ohne  $\omega_2$  [ $\delta_2 + \textit{parS}$ ].

## 7.2 Primärsequenz-Vergleich von $\delta$



**Abb. II** Primärsequenzvergleich (BLAST-Search) von ORF- $\delta$  (Delta) mit den ORF von *Enterococcus faecalis* und *Clostridium difficile* (fast identische AS-Sequenz) und den strukturell bekannten Parahomologen Proteinen wie Soj von *Thermus thermophilus*, MinD von *Pyrococcus horikoshii* und NifH von *Azotobacter vinelandii*. Die in Graustufen markierten Bereiche stellen identische Aminosäuren des jeweiligen Proteins dar, während die nicht markierten (weißer Hintergrund) Bereiche auf die nicht überlagerten Stellen deuten.

### 7.3 Gel-Shift-Assay (von F. Pratto)



**Abb. III** (F. Pratto, pers. Mitteilung) Gel-Shift-Assays der  $\delta_2$ - $\omega_2$ -*parS*-DNA-Interaktion in Gegenwart von 0,05 mM ATP (oben) oder 0,05 mM ADP (unten). In dem oberen 4 %en nicht-denaturierenden SDS-PAGE wurden die unterschiedlichen  $\omega$ -Proteine ( $\omega_2$ ,  $\omega_2\Delta N19$  und  $\omega_2$ T29A) in ihrer Interaktion mit 0,2 nM *parS*-DNA (423-bp [ $\alpha$ - $^{32}$ P]-*Hind*III-*Kpn*I) und  $\delta_2$ -Protein überprüft. Die rechtwinkligen Dreiecke symbolisieren die steigende  $\omega_2$ - und  $\delta_2$ -Konzentration (2 und 4  $\mu$ M für  $\omega_2$ ; 1, 2 und 4  $\mu$ M für  $\delta_2$ ) des jeweiligen Proteins. In dem unteren Gel wurden alle Proteine in Gegenwart von ADP getestet.

## 7.4 Kristallkontakte in der Monomer-Monomer-Grenzfläche

**Tabelle I** Kontakte in der Monomer-Monomer-Grenzfläche der Struktur  $[\delta\text{-ATP}\gamma/\text{Mg}^{2+}]_2$ . Gelistet sind die Wasserstoffbrücken und hydrophobe Kontakte zwischen dem P-Loop der Kette A' und dem der Kette B' sowie zwischen H6 und H9 der Kette A' und H6 und H9 der Kette B' des Komplexes  $[\delta\text{-ATP}\gamma/\text{Mg}^{2+}]_2$ . Die mit „\*\*\*“ gekennzeichneten H-Brücken haben einen Abstand  $>3.3 \text{ \AA}$ .

AS-Rest	Kette (A) Atom	AS-Rest	Kette (B) Atom	Distanz [ $\text{\AA}$ ]
P-Loop-Phe44	O	P-Loop-Gln76	NH2	3.44 ***
P-Loop-Gly46	N	P-Loop-Gln76	O1	2.86
P-Loop-Gln76	O1	P-Loop-Gly46	N	2.86
P-Loop-Gln76	N2	P-Loop-Phe44	O	3.44 ***
H6-Lys130	NZ	H9-Asp203	O1	3.21
H6-Arg133	NH1	H9-Asp203	O1	3.20
H6-Arg133	NH1	H9-Asp203	O2	3.04
H6-Arg133	NH2	H9-Asp203	O2	2.85
H9-Asp203	O1	H6-Arg133	NH1	3.20
H9-Asp203	O2	H6-Arg133	NH1	3.04
H9-Asp203	O2	H6-Arg133	NH2	2.85
H9-Asp203	O1	H6-Lys130	NZ	3.21