

8 Anhang

8.1 Hybridisierungsbereiche der PCR-Primer in pCRF_{2a}

- ? Die Bezeichnung und die Sequenzen der Primer sind kursiv gedruckt.
- ? Nukleotide, die mit der DNA hybridisieren, sind groß geschrieben und die, die nicht hybridisieren, klein geschrieben.
- ? Die Primer oberhalb der Nukleinsäuresequenz verlängern die DNA in Richtung 3'-Ende und die komplementären Primer unterhalb der Nukleinsäuresequenz in Richtung 5'-Ende.
- ? Start- und Stopkodon sind fett gedruckt.
- ? Eingefügte Restriktionsschnittstellen sind unterstrichen.

5' -CCGGAtatcc**ATGG**ACGCGGCGCTGC -3' (#3016)
 5' -GCTCCGGAGCGCA**ATGG**ACGCGG -3' (5' PCR2A)

-11 TCCGGAGCGCA**ATGG**ACGCGGCGCTGCTCCTCAGCCTGCTGGAGGCCAACTGCAGCCTGGCACTGGCCGAAGAGCTGCTT
 AGGCCTCGCGTTACCTGCGCCGCGACGAGGAGTCGGACGACCTCCGGTTGACGTCGGACCGTGACCGGCTTCTCGACGAA

70 TTGGACGGCTGGGGAGAGCCCCGGACCCGAAGTCCCTACTCCTACTGCAACACGACCTTGGACCAGATCGGGACCTG
 AACCTGCCGACCCCTCTCGGGGCTGGGGCTTCCAGGGATGAGGATGACGTTGTGCTGGAACCTGGTCTAGCCCTGGAC

150 CTGGCCCCAGAGCGCGCCTGGAGCCCTAGTGGAGAGACCATGCCCCGAATACTTCAACGGCATCAAGTACAACACGACCC
 GACCGGGTCTCGCGCGGACCTCGGGATCACCTCTCTGGTACGGGGCTTATGAAGTTGCCGTAGTTCATGTTGTGCTGGG

230 GGAATGCCCTACAGAGAATGCCCTGGAGAATGGACCTGGGCCTCAAGGATCAACTACTCACACTGTGAACCCATTTGGAT
 CCTTACGGATGTCTCTTACGGACCTCTTACCCTGGACCCGGAGTTCCTAGTTGATGAGTGTGACACTTGGGTAAAAACCTA

310 GACAAGCAGAGGAAGTATGACCTGCATTACCGAATCGCCCTCATCATCAACTACCTGGGCCACTGTGTTTTCCGTGGTGGC
 CTGTTCTGCTCCTTCATACTGGACGTAATGGCTTAGCGGGAGTAGTAGTTGATGGACCCGGTGACACAAAGGCACCCACCG
 3' -TGACACAAAGGCACCCACCG

390 CCTGGTGGCTGCTTTTCTGCTTTTCTTAGTGCTGCGGAGTATCCGCTGCCTGCGGAATGTGATCCACTGGAACCTCATCA
 GGACCACCGACGAAAGGACGAAAAGGATCACGACGCCTCATAGCGACGGACGCCTTACACTAGGTGACCTTGGAGTAGT
 GGA-5' (JainREV-2A)

470 CCACCTTCATCCTGAGAAAATCACGTGGTTCCTGCTGCAACTCATCGACCACGAAGTGCATGAGGGCAATGAGGTCTGG
 GGTGGAAGTAGGACTCTTTGTAGTGCACCAAGGACGACGTTGAGTAGCTGGTGCCTTACGTACTCCCGTTACTCCAGACC

550 TGCCGCTGCGTCAACCACATATCAACTACTTTTGTGGTCACCAACTTCTTCTGGATGTTTGTGGAAGGCTGCTACCTGCA
 ACGGCGACGCAGTGGTGGTATAAGTTGATGAAACACCACTGGTGAAGAAGACCTACAAACACCTTCCGACGATGGACGT

630 CACGGCCATCGTCATGACGTACTCCACGGAGCATCTGCGCAAGTGGCTTCTCCTTTCATTGGATGGTGCATACCCTGCC
 GTGCCGGTAGCAGTACTGCATGAGGTGCCTCGTAGACGCGTTCACCGAGAAGGAGAAGTAACTTACCACGTATGGGACGG

710 CTATCATTGTGCGCTGGGCAGTTGGCAAACCTCTACTATGAGAATGAGCAGTGCTGGTTTTGGCAAGGAACCTGGTGACTTA
 GATAGTAACAGCGGACCCGTCAACCGTTGAGATGATACTCTTACTCGTCACGACCAAACCGTTCCCTTGGACCACTGAAT

790 GTGGACTACATCTACCAGGGCCCATCATCCTCGTGCTCCTCATCAATTTTGTGTTTTCTGTTCAACATCGTCAGGATCCT
 CACTGTAGTAGATGGTCCCGGGTAGTAGGAGCACGAGGAGTAGTTAAAACACAAAGACAAGTTGTAGCAGTCTTAGGA

870 GATGACAAAACCTGCGAGCCTCCACCACATCCGAGACCATCCAGTACAGGAAGGACGTAAGGCCACCCCTGGTCCCTCC
 CTACTGTTTTGACGCTCGGAGGTGGTGTAGGCTCTGGTAGGTCATGTCCTTCCGTCACCTCCGGTGGGACAGGAGGAGG

950 CCCTGTTGGGCATCACCTACATGCTCTTCTTTGTCAATCCTGGAGAGGACGACCTGTACAGATTTGTGTTTCATCTACTTC
 GGGACAACCCGTAGTGGATGTACGAGAAGAAACAGTTAGGACCTCTCCTGCTGGACAGTGTCTAACACAAGTAGATGAAG

1030 AACTCTTCTGCACTCCTTTTCAAGGTTTCTTTGTGTCGGTTTTTCTACTGCTTCTTCAATGGAGAGGTGCGCTCCGCCCT
 TTGAGAAAGGACGTCAGGAAAGTCCCAAAGAAACACAGGCAAAAGATGACGAAGAAGTTACCTCTCCACGCGAGGCGGGA

1110 GAGAAAGCGGTGGCACCCTTGGCAGGACCACCACGCCCTCCGAGTGCCTGTGGCCCGGCCATGTCCATTCACATCGC
CTCTTTTCGCCACCGTGGCAACCGTCTCTGGTGGTGGGGAGGCTCACGGACACCGGGCCCGGTACAGGTAAGGGTGCAGCG

1190 CCACCAGGATCAGCTTCCACAGCATCAAGCAGACAGCTGCCGT**TGA**TCCCCTGTACCCATCTGCCAGCACTCCACCA
GGTGGTCTAGTCGAAGGTGTCGTAGTTCGTCTGTGACGGCACACTAGGGGACAGTGGGTAGACGGGTCTGTAGGTGGT
3'-CGTAGTTCGTCTGTGACGGCACACTAGatct aAaT-5' (Xba2A-REV)

8.2 Hybridisierungsbereiche der PCR-Primer in pCRF_{2b}

- ? Die Bezeichnung und die Sequenzen der Primer sind kursiv gedruckt.
- ? Nukleotide, die mit der DNA hybridisieren, sind groß geschrieben und die, die nicht hybridisieren, klein geschrieben.
- ? Die Primer oberhalb der Nukleinsäuresequenz verlängern die DNA in Richtung 3'-Ende und die komplementären Primer unterhalb der Nukleinsäuresequenz in Richtung 5'-Ende.
- ? Start- und Stopkodon sind fett gedruckt.
- ? Eingefügte Restriktionsschnittstellen sind unterstrichen.

5'-CTGgatatc**ATG**GGGCCCCAGGCT-3' (# 3017)

-31**ATG**GGGCCCCAGGCTCTCTTCCCAGTGCACAACCTCTCCTCTGCCTAT
.....TACCCCGGGGTCCGAGAGAAGGGTCACGTGTTGAGGAGGAGACGGATA

50 ACTCTCTGCTCCCACTGCTCCAGGTGGCCCAACCAGGCCAGGCACTCCAGGACCAGCCCTGTGGACACTTTTGGAGCAG
TGAGAGACGAGGGTGACGAGGTCCACCGGTTGGTCCGGTCCGTGAGGTCTGGTTCGGGGACACCTGTGAAAACC TCGTC

130 TACTGCCATAGGACCACAACCTCGGAATTTTCA **GGT**CCCTACTCCTACTGCAACACGACCTTGGACCAGATCGGGACCTG
ATGACGGTATCCTGGTGTGAGCCTTAAAAAGTCCAGGGATGAGGATGACGTTGTGCTGGAACTGGTCTAGCCCTGGAC

210 CTGGCCCCAGAGCGCGCTGGAGCCCTAGTGGAGAGACCATGCCCCGAATACTTCAACGGCATCAAGTACAACACGACCC
GACCGGGTCTCGCGCGGACCTCGGGATCACCTCTCTGGTACGGGGCTTATGAAGTTGCCGTAGTTCATGTTGTGTGG

290 GGAATGCCTACAGAGAATGCCTGGAGAATGGGACCTGGGCCTCAAGGATCAACTACTCACACTGTGAACCCATTTTGGAT
CCTTACGGATGCTCTTACGGACCTTACCCTGGACCCGGAGTTCCTAGTTGATGAGTGTGACACTTGGGTAAAACCTA

370 GACAAGCAGAGGAAGTATGACCTGCATTACCGAATCGCCCTCATCATCAACTACCTGGGCCACTGTGTTTCCGTGGTGGC
CTGTTCGTCTCCTTACATCGACGTAATGGCTTAGCGGAGTAGTAGTTGATGGACCCGGTGACACAAAGGCACACCCG

450 CCTGTGGCTGCTTTTCTGCTTTTCTAGTGTGCGGAGTATCCGCTGCTGCGGAATGTGATCCACTGGAACCTCATCA
GGACCACCGACGAAAGGACGAAAAGGATCACGACGCTCATAGGCGACGGACGCTTACACTAGGTGACCTTGGAGTAGT

530 CCACCTTATCCTGAGAAACATCACGTGTTTCTGCTGCAACTCATCGACCACGAAGTGCATGAGGGCAATGAGGTCTGG
GGTGAAGTAGGACTCTTTGTAGTGACCAAGGACGACGTTGAGTAGCTGGTGTCTTACGTACTCCCGTTACTCCAGACC

610 TGCCGCTGCGTACCACCATATTCAACTACTTTGTGGTACCAACTTCTTCTGGATGTTTGTGGAAGGCTGTACCTGCA
ACGGCAGCAGTGGTGGTATAAGTTGATGAAAACACAGTGGTGAAGAAGACCTACAACACCTTCCGACGATGGACGT

690 CACGGCCATCGTCATGACGTACTCCACGGAGCATCTGCGCAAGTGGCTCTTCTCTTCAATTGGATGGTGCATACCCTGCC
GTGCCGGTAGCAGTACTGCATGAGGTGCCTCGTAGACGGTTCACCGAGAAGGAGAAGTAACCTACCACGTATGGGACGG

770 CTATCATTGTGCGCTGGGCAGTTGGCAAACCTACTATGAGAATGAGCAGTGTGGTTTGGCAAGGAACCTGGTGACTTA
GATAGTAACAGCGGACCCGTCACCGTTTGGAGATGATACTTACTCGTACGACCAACCCGTTCCCTGGACCACTGAAT

850 GTGGACTACATCTACCAGGGCCCCATCATCCTCGTGTCTCATCAATTTTGTGTTTCTGTTCAACATCGTCAGGATCCT
CACCTGATGTAGATGGTCCCGGGTAGTAGGAGCACGAGGAGTAGTTAAAACACAAAGACAAGTTGTAGCAGTCCTAGGA

930 GATGACAAAATGCGAGCCTCCACCACATCCGAGACCATCCAGTACAGGAAGGCAGTGAAGGCCACCTGGTCTCTCTCC
CTACTGTTTGGACGCTCGGAGGTGGTGTAGGCTCTGGTAGGTCATGTCTTCCGTCACCTTCCGGTGGGACCAAGGAGGAGG

1010 CCCTGTTGGGCATCACCTACATGCTCTTCTTTGTCAATCCTGGAGAGGACGACCTGTCAAGATTGTGTTTCATCTACTTC
GGGACAACCCGTAGTGGATGTACGAGAAGAAACAGTTAGGACCTCTCCTGCTGGACAGTGTCTAACACAAGTAGATGAAG

1090 AACTCTTTTCCTGCAGTCCTTTTCAGGGTTTCTTTGTGTCCGTTTTCTACTGCTTCTTCAATGGAGAGGTGCGCTCCGCCCT
TTGAGAAAGGACGTACGAAAGTCCCAAAGAAACACAGGCAAAGATGACGAAGAAGTTACCTCTCCACGCGAGGCGGGA

1170 GAGAAAGCGGTGGCACCGTTGGCAGGACCACACGCCCTCCGAGTGCCTGTGGCCCCGGCCATGTCCATTCCCACATCGC
CTCTTTCGCCACCGTGGCAACCGTCTGTGTGGTGCGGGAGGCTCACGGACACCGGGCCCCGTACAGGTAAGGGTGCAGCG

1250 CCACCAGGATCAGCTTCCACAGCATCAAGCAGACAGCTGCCGTGTGATCCCCCTGTCACCCATCTGCCAGCACTCCACCA
GGTGGTCTTAGTCAAGGTGTCTGTCTGTCTGTGACGGCACACTAGGGGACAGTGGGTAGACGGGTCTGTGAGGTGGT
3' -CGTAGTTCTGTCTGTGACGGCACACTAGatctaAaT-5' (Xba2A-REV)

8.3 Vergleich der publizierten und klonierten CRF_{2a}-Sequenz

- ? CRF2A_p zeigt die publizierte Datenbanksequenz des Ratten CRF_{2a} (Genbank Accession Nummer U16235, Lovenberg et al., 1995).
- ? CRF2A_k stellt die klonierte Nukleotidsequenz des CRF_{2a}-Rezeptors aus Ratte und die entsprechende Aminosäuresequenz dar.
- ? Start- und Stopkodon sind fett gedruckt.
- ? Der Beginn der übereinstimmenden Nukleotid- und Aminosäuresequenz zwischen dem CRF_{2a}-Rezeptors und dem CRF_{2b}-Rezeptor ist blau gedruckt.
- ? Abweichende Nukleotide in der klonierten Sequenz sind rot gedruckt.
- ? Die Mutation, die keine Änderung der Aminosäuresequenz zur Folge hat, ist grau unterlegt.
- ? Die Mutation mit Änderung der Aminosäuresequenz ist rot hinterlegt.

CRF2A_p	...GAGCGCA ATG GACGCGGCGCTGCTCCTCAGC CTG CTGGAGGCCAACTGCAGCCTGGCACTGGCCGAAGAGCTGCTT	69
CRF2A_k	...GATATCC ATG GACGCGGCGCTGCTCCTCAGC TG CTGGAGGCCAACTGCAGCCTGGCACTGGCCGAAGAGCTGCTT	69
	M D A A L L L S L L E A N C S L A L A E E L L	23
CRF2A_p	TTGGACGGCTGGGGAGAGCCCCGGACCCCGAA GGT CCCTACTCCTACTGCAACACGACCTTGGACCAGATCGGGACCTG	149
CRF2A_k	TTGGACGGCTGGGGAGAGCCCCGGACCCCGAA GGT CCCTACTCCTACTGCAACACGACCTTGGACCAGATCGGGACCTG	149
	L D G W G E P P D P E G P Y S Y C N T T L D Q I G T C	50
CRF2A_p	CTGGCCCCAGAGCGCGCCTGGAGCCCTAGTGGAGAGACCATGCCCCGAATACTTCAACGGCATCAAGTACAACACGACCC	229
CRF2A_k	CTGGCCCCAGAGCGCGCCTGGAGCCCTAGTGGAGAGACCATGCCCCGAATACTTCAACGGCATCAAGTACAACACGACCC	229
	W P Q S A P G A L V E R P C P E Y F N G I K Y N T T	76
CRF2A_p	GGAATGCCTACAGAGAATGCCTGGAGAATGGGACCTGGGCCTCAAGG ATC AACTACTCACACTGTGAACCCATTTTGGAT	309
CRF2A_k	GGAATGCCTACAGAGAATGCCTGGAGAATGGGACCTGGGCCTCAAGG ATC AACTACTCACACTGTGAACCCATTTTGGAT	309
	R N A Y R E C L E N G T W A S R V N Y S H C E P I L D	103
CRF2A_p	GACAAGCAGAGGAAGTATGACCTGCATTACCGAATCGCCCTCATCATCAACTACCTGGGCCACTGTGTTTCCGTGGTGGC	389
CRF2A_k	GACAAGCAGAGGAAGTATGACCTGCATTACCGAATCGCCCTCATCATCAACTACCTGGGCCACTGTGTTTCCGTGGTGGC	389
	D K Q R K Y D L H Y R I A L I I N Y L G H C V S V V A	130
CRF2A_p	CCTGGTGGCTGCTTTCTGCTTTTCTAGTGCTGCGGAGTATCCGCTGCCTGCGGAATGTGATCCACTGGAACCTCATCA	469
CRF2A_k	CCTGGTGGCTGCTTTCTGCTTTTCTAGTGCTGCGGAGTATCCGCTGCCTGCGGAATGTGATCCACTGGAACCTCATCA	469
	L V A A F L L F L V L R S I R C L R N V I H W N L I	156
CRF2A_p	CCACCTTATCCTGAGAAACATCAGTGGTTCTGTGCAACTCATCGACCACGAAGTGCATGAGGGCAATGAGGTCTGG	549
CRF2A_k	CCACCTTATCCTGAGAAACATCAGTGGTTCTGTGCAACTCATCGACCACGAAGTGCATGAGGGCAATGAGGTCTGG	549
	T T F I L R N I T W F L L Q L I D H E V H E G N E V W	183

CRF2A_p	TGCCGCTGCGTCACCACCATATTCAACTACTTTGTGGTCACCAACTTCTTCTGGATGTTTGTGGAAGGCTGCTACCTGCA	629
CRF2A_k	TGCCGCTGCGTCACCACCATATTCAACTACTTTGTGGTCACCAACTTCTTCTGGATGTTTGTGGAAGGCTGCTACCTGCA C R C W T T I F N Y F V V T N F F W M F V E G C Y L H	629 210
CRF2A_p	CACGGCCATCGTCATGACGTACTCCACGGAGCATCTGCGCAAGTGGCTCTTCTCTTTCATTGGATGGTGCATACCCTGCC	709
CRF2A_k	CACGGCCATCGTCATGACGTACTCCACGGAGCATCTGCGCAAGTGGCTCTTCTCTTTCATTGGATGGTGCATACCCTGCC T A I V M T Y S T E H L R G W L F L F I G W C I P C	709 236
CRF2A_p	CTATCATTGTCGCCTGGGCAGTTGGCAAACCTCTACTATGAGAATGAGCAGTGCTGGTTTGGCAAGGAACCTGGTGACTTA	789
CRF2A_k	CTATCATTGTCGCCTGGGCAGTTGGCAAACCTCTACTATGAGAATGAGCAGTGCTGGTTTGGCAAGGAACCTGGTGACTTA P I I V A W A V G K L Y Y E N E Q C W F G K E P G D L	789 263
CRF2A_p	GTGGACTACATCTACCAGGGCCCCATCATCTCGTGCTCCTCATCAATTTTGTGTTTCTGTTCAACATCGTCAGGATCCT	869
CRF2A_k	GTGGACTACATCTACCAGGGCCCCATCATCTCGTGCTCCTCATCAATTTTGTGTTTCTGTTCAACATCGTCAGGATCCT V D Y I Y Q G P I I L V L L I N F V F L F N I V R I L	869 290
CRF2A_p	GATGACAAAACCTGCGAGCCTCCACCACATCCGAGACCATCCAGTACAGGAAGGCAGTGAAGGCCACCCTGGTCCCTCCTCC	949
CRF2A_k	GATGACAAAACCTGCGAGCCTCCACCACATCCGAGACCATCCAGTACAGGAAGGCAGTGAAGGCCACCCTGGTCCCTCCTCC M T A L R A S T T S E T I Q Y R K A V K A T L V L L	949 316
CRF2A_p	CCCTGTTGGGCATCACCTACATGCTCTTCTTTGTCAATCCTGGAGAGGACGACCTGTACAGATTGTGTTTACTACTTTC	1029
CRF2A_k	CCCTGTTGGGCATCACCTACATGCTCTTCTTTGTCAATCCTGGAGAGGACGACCTGTACAGATTGTGTTTACTACTTTC P L L G I T Y M L F F V N P G E D D L S Q I V F I Y F	1029 343
CRF2A_p	AACTCTTTCCTGCAGTCCTTTCAGGGTTTCTTTGTGTCCGTTTTCTACTGCTTCTTCAATGGAGAGGTGCGCTCCGCCCT	1109
CRF2A_k	AACTCTTTCCTGCAGTCCTTTCAGGGTTTCTTTGTGTCCGTTTTCTACTGCTTCTTCAATGGAGAGGTGCGCTCCGCCCT N S F L Q S F Q G F F V S V F Y C F F N G E F R S A L	1109 370
CRF2A_p	GAGAAAGCGGTGGCACCGTTGGCAGGACCACCACGCCCTCCGAGTGCCTGTGGCCCGGGCCATGTCCATTCCCACATCGC	1189
CRF2A_k	GAGAAAGCGGTGGCACCGTTGGCAGGACCACCACGCCCTCCGAGTGCCTGTGGCCCGGGCCATGTCCATTCCCACATCGC R K R W H R W Q D H H A L R V P V A R A M S I P T S	1189 396
CRF2A_p	CCACCAGGATCAGCTTCCACAGCATCAAGCAGACAGCTGCCGTTGATCCCCT.....	1242
CRF2A_k	CCACCAGGATCAGCTTCCACAGCATCAAGCAGACAGCTGCCGTTGATCCCCT..... P T R I S F H S I K Q T A A V	1242 411

8.4 Sequenzen der verwendeten Primer

- ? Die Sequenzen aller in dieser Arbeit verwendeten Primer sind in 5'→ 3'-Richtung angegeben.
- ? Nukleotide, die mit der Einzelstrang-DNA (Matrize) hybridisieren, sind mit großen Buchstaben gekennzeichnet; die nicht hybridisierenden Sequenzen haben kleine Buchstaben.

Bezeichnung	Sequenz (5' ® 3')	Verwendung
2A-REV	GCAGATGGGTGACAGGGGAT	cDNA-Synthese
5'PCR2A	GCTCCGGAGCGCAATGGACGCGG	Amplifizierung von CRF _{2a}
JainREV-2A	AGGGCCACCACGGAAACACAGT	Amplifizierung von CRF _{2b}
Xba 2A-REV	TaAatctaGATCACACGGCAGCTGTCTGCTTGATGC	Amplifizierung von CRF _{2a}
# 3016	CCGGAtatccATGGACGCGGCGCTGC	Amplifizierung von CRF _{2a}
# 3017	CTGgatatcCATGGGGCCCCCAGGCT	Amplifizierung von CRF _{2b}
# 9001	AATTAACCCTCACTAAAGGG	Sequenzierung in pBluescript SK ⁻
# 9002	TAATACGACTCACTATAGGG	Sequenzierung in pBluescript SK ⁻ und pcDNA3-Max(Hygro) ⁺
# 9067	GTAGACAACAAACGGGGAG	Sequenzierung in pcDNA3-Max (Hygro) ⁺
# uni	GTAAAACGACGGCCAGT	Amplifizierung von CRF _{2a}

8.5 Primärstrukturen der in den Struktur-Wirkungs-Untersuchungen eingesetzten Peptide

- ? Die verschiedenen α -helikalen Linkerlängen sind kursiv dargestellt.
- ? Abweichende Aminosäurereste von der Primärstruktur des Ursprungspeptids sind fett gedruckt.

Bezeichnung des Peptids	Primärstruktur
UEK(1-40)	DDPPLSIDLTFHLLRTLLEIEKEEKEKKRKEQNRKLLDEV-NH ₂
Des(23-24)-UEK	DDPPLSIDLTFHLLRTLLEIEKKEKKRKEQNRKLLDEV-NH ₂
Des(23-25)-UEK	DDPPLSIDLTFHLLRTLLEIEKEKKRKEQNRKLLDEV-NH ₂
Des(23-26)-UEK	DDPPLSIDLTFHLLRTLLEIEKKRKEQNRKLLDEV-NH ₂
Des(23-27)-UEK	DDPPLSIDLTFHLLRTLLEIEKKRKEQNRKLLDEV-NH ₂
Des(23-28)-UEK	DDPPLSIDLTFHLLRTLLEIEKRKEQNRKLLDEV-NH ₂
Des(23-29)-UEK	DDPPLSIDLTFHLLRTLLEIEKKEQNRKLLDEV-NH ₂
UEK(1-21)-acp0-UEK(33-40)	DDPPLSIDLTFHLLRTLLEIE Q NRKLLDEV-NH ₂
UEK(1-21)-acp1-UEK(33-40)	DDPPLSIDLTFHLLRTLLEIE acp NRKLLDEV-NH ₂
UEK(1-21)-acp2-UEK(33-40)	DDPPLSIDLTFHLLRTLLEIE acp acp NRKLLDEV-NH ₂
UEK(1-21)-acp3-UEK(33-40)	DDPPLSIDLTFHLLRTLLEIE acp acp acp NRKLLDEV-NH ₂
UEK(1-21)-acp4-UEK(33-40)	DDPPLSIDLTFHLLRTLLEIE acp acp acp acp NRKLLDEV-NH ₂
NDD(1-3)-oCRF	NDD PPISLDLTFHLLREVLEMTKADQLAQQAHSNRKLDDIA-NH ₂
NMI(17-19)-oCRF	SQEPPI SLDLTFHLLRN NMI EMTKADQLAQQAHSNRKLDDIA-NH ₂
YLDEV(37-41)-oCRF	SQEPPI SLDLTFHLLREVLEMTKADQLAQQAHSNR YLDEV -NH ₂
SLE(11-13)-KMI(17-19)-oCRF	SQEPPI SLDL SLE LLR KMI EMTKADQLAQQAHSNRKLDDIA-NH ₂
VPIG(9-12)-Urocortin I	DDPPLSID VPIG LLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSV-NH ₂
VPIG(9-12)-Savagin	ZGPPISID VPIG LLRKMIEIEKQEKEKQAANNRLLDTI-NH ₂
VPIG(10-13)-Urotensin I	NDDPPISID VPIG LLRNMIEMARNENQREQAGLNRYLDEV-NH ₂
VPIG(10-13)-r/hCRF	SEPPISLD VPIG LLREVLEMARAEQLAQQAHSNRKLMEII-NH ₂
VPIF(9-12)-Urocortin I	DDPPLSID VPIF LLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSV-NH ₂
A(8)-Urocortin II	VILSLDV AIG LLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHV-NH ₂
H(9)-Urocortin II	VILSLDVP HG LLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHV-NH ₂
D(10)-Urocortin II	VILSLDVP ID LLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHV-NH ₂

8.6 Primärstrukturen der Urocortin II-Peptidbibliothek

Ausgangssequenz für die Peptidbibliothek A ist mUrocortin II, VILSLD**VPI**GLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG (1-38), bei dem die letzte Position anstelle des Valins ein Glycin trägt (synthesetechnischer Grund, keine Racematbildung). Über Spot-Synthese an Cellulosemembranen wurde jede Aminosäure an der Position 7 – 10 im N-Terminus sukzessiv durch eine der 20 proteinogenen Aminosäuren einzelsubstituiert, was zu 80 Peptiden führte. Das Ausgangspeptid der Bibliothek kam viermal unter den 80 zu testenden Peptiden vor (P18, P33, P48, P66; fett gedruckt) und diente als interner Standard des Screenings.

Peptid P	Primärstruktur
1	VILSLD A PIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
2	VILSLD C PIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
3	VILSLD D PIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
4	VILSLD E PIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
5	VILSLD F PIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
6	VILSLD G PIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
7	VILSLD H PIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
8	VILSLD I PIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
9	VILSLD K PIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
10	VILSLD L PIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
11	VILSLD M PIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
12	VILSLD N PIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
13	VILSLD P PIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
14	VILSLD Q PIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
15	VILSLD R PIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
16	VILSLD S PIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
17	VILSLD T PIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
18	VILSLDVPIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
19	VILSLD W PIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
20	VILSLD Y PIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
21	VILSLD V AIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
22	VILSLD V CIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
23	VILSLD V DIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
24	VILSLD V EIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
25	VILSLD V FIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
26	VILSLD V GIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
27	VILSLD V HIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
28	VILSLD V IGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
29	VILSLD V KIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
30	VILSLD V LIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
31	VILSLD V MIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
32	VILSLD V NIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
33	VILSLDVPIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG

34 VILSLDVQIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
 35 VILSLDVRIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
 36 VILSLDVSIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
 37 VILSLDVTIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
 38 VILSLDVIIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
 39 VILSLDVIWIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
 40 VILSLDVYIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG

41 VILSLDVPAGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
 42 VILSLDVP CIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
 43 VILSLDVPDIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
 44 VILSLDVP EIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
 45 VILSLDVP FIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
 46 VILSLDVP GIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
 47 VILSLDVP HIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
 48 **VILSLDVP IIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG**
 49 VILSLDVP KIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
 50 VILSLDVP LIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
 51 VILSLDVP MIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
 52 VILSLDVP NIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
 53 VILSLDVP PIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
 54 VILSLDVP QIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
 55 VILSLDVP RIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
 56 VILSLDVP SIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
 57 VILSLDVP TIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
 58 VILSLDVP VIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
 59 VILSLDVP WIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
 60 VILSLDVP YIGLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG

61 VILSLDVPIALLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
 62 VILSLDVPI CLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
 63 VILSLDVPI DLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
 64 VILSLDVPI ELLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
 65 VILSLDVPI FLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
 66 **VILSLDVPI GLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG**
 67 VILSLDVPI HLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
 68 VILSLDVPI ILLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
 69 VILSLDVPI KLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
 70 VILSLDVPI LLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
 71 VILSLDVPI MLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
 72 VILSLDVPI NLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
 73 VILSLDVPI PLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
 74 VILSLDVPI QLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
 75 VILSLDVPI RLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
 76 VILSLDVPI SLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
 77 VILSLDVPI TLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
 78 VILSLDVPI VLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
 79 VILSLDVPI WLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG
 80 VILSLDVPI YLLRILLEQARYKAARNQAATNAQILAHG

8.7 Primärstrukturen der VPIG(9-12)-Urocortin I-Peptidbibliothek

Für die Peptidbibliothek B wurde zuerst durch Austausch des LTFH-Motivs gegen VPIG an Position 9 - 12 im N-Terminus des Urocortin I das auf Selektivität zu untersuchende VPIG-Motiv eingefügt. Ausgangssequenz für diese Bibliothek war somit VPIG(9-12)-Urocortin I, DDPPLSIDVPIGILLRLLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSV (1-40), bei dem die letzte Position anstelle des Valins ein Glycin trägt (synthesetechnischer Grund, keine Racematbildung). Über Spot-Synthese an Cellulosemembranen wurde jede Aminosäure an der Position 9 – 12 im N-Terminus sukzessiv durch eine der 20 proteinogenen Aminosäuren einzelsubstituiert, was zu 80 Peptiden führte. Das Ausgangspeptid der Bibliothek kam viermal unter den 80 zu testenden Peptiden vor (P18, P33, P48, P66; fett gedruckt) und diente als interner Standard des Screenings.

Peptid P	Primärstruktur
1	DDPPLSIDAIGLLRLLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
2	DDPPLSIDCIGLLRLLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
3	DDPPLSIDDIGLLRLLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
4	DDPPLSIDEIGLLRLLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
5	DDPPLSIDFIGLLRLLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
6	DDPPLSIDGIGLLRLLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
7	DDPPLSIDHIGLLRLLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
8	DDPPLSIDIIGLLRLLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
9	DDPPLSIDKIGLLRLLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
10	DDPPLSIDLIGLLRLLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
11	DDPPLSIDMIGLLRLLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
12	DDPPLSIDNIGLLRLLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
13	DDPPLSIDPIGLLRLLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
14	DDPPLSIDQIGLLRLLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
15	DDPPLSIDRIGLLRLLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
16	DDPPLSIDSIGLLRLLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
17	DDPPLSIDTIGLLRLLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
18	DDPPLSIDVPIGILLRLLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
19	DDPPLSIDWIGLLRLLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
20	DDPPLSIDYIGLLRLLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
21	DDPPLSIDVAIGLLRLLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
22	DDPPLSIDVCIGLLRLLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
23	DDPPLSIDVDIGLLRLLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
24	DDPPLSIDVEIGLLRLLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
25	DDPPLSIDVFIGLLRLLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
26	DDPPLSIDVFIGLLRLLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
27	DDPPLSIDVHIGLLRLLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
28	DDPPLSIDVIGLLRLLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
29	DDPPLSIDVKIGLLRLLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG

30 DDPPLSIDVLIIGLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
31 DDPPLSIDVMIGLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
32 DDPPLSIDVNIIGLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
33 DDPPLSIDVPIGLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
34 DDPPLSIDVQIGLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
35 DDPPLSIDVRIIGLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
36 DDPPLSIDVSIIGLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
37 DDPPLSIDVTIGLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
38 DDPPLSIDVVIIGLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
39 DDPPLSIDVWIGLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
40 DDPPLSIDVYIGLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG

41 DDPPLSIDVPAIGLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
42 DDPPLSIDVPCIIGLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
43 DDPPLSIDVPGIIGLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
44 DDPPLSIDVPEIIGLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
45 DDPPLSIDVPIIIGLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
46 DDPPLSIDVPIGIGLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
47 DDPPLSIDVPIHIGLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
48 DDPPLSIDVPIGIGLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
49 DDPPLSIDVPIKIGLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
50 DDPPLSIDVPIGIGLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
51 DDPPLSIDVPIMIGLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
52 DDPPLSIDVPINIGLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
53 DDPPLSIDVPIPIGIGLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
54 DDPPLSIDVPIQIGIGLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
55 DDPPLSIDVPIRIGLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
56 DDPPLSIDVPSIGLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
57 DDPPLSIDVPIGIGLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
58 DDPPLSIDVPIVIGLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
59 DDPPLSIDVPIWIGLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
60 DDPPLSIDVPIYIGLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG

61 DDPPLSIDVPIALLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
62 DDPPLSIDVPICLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
63 DDPPLSIDVPIDLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
64 DDPPLSIDVPIELLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
65 DDPPLSIDVPIFLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
66 DDPPLSIDVPIGIGLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
67 DDPPLSIDVPIHLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
68 DDPPLSIDVPIILLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
69 DDPPLSIDVPIKLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
70 DDPPLSIDVPIILLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
71 DDPPLSIDVPIMLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
72 DDPPLSIDVPINLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
73 DDPPLSIDVPIPLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
74 DDPPLSIDVPIQLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
75 DDPPLSIDVPIRLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
76 DDPPLSIDVPSLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
77 DDPPLSIDVPIPLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
78 DDPPLSIDVPIVLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
79 DDPPLSIDVPIWLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
80 DDPPLSIDVPIYLLRTLLELARTQSQRERAEQNRIIFDSG
