

Inhalt

Einführung:

Die Zelle als makromolekularer Komplex

1. Proteine	3
1.1 Makromoleküle werden durch die Polymerisation kleiner Moleküle zusammengesetzt	5
1.2 Proteine bestehen aus Aminosäureketten	7
1.3 Das wäßrige Milieu bestimmt die Proteinkonformation	11
1.4 Proteinstrukturen sind extrem vielseitig	14
1.5 Wie falten sich Proteine in die richtige Konformation?	16
Zusammenfassung	21
Weiterführende Literatur	21
2. Zellkompartimente	23
2.1 Zelluläre Kompartimente sind von Membranen umgeben	24
2.2 Das Cytoplasma enthält Netzwerke aus Membranen	28
2.3 Die Zellform wird vom Cytoskelett bestimmt	30
2.4 Einige Organellen sind von einer Hülle umgeben	32
2.5 Der Inhalt des Zellkernes und sein Neuaufbau	33
2.6 Die Rolle der Chromosomen in der Vererbung	35
Zusammenfassung	40
Weiterführende Literatur	40

I. Die DNA als Informationsträger

3. Gene sind mutierbare Einheiten	43
3.1 Die Entdeckung von Genen	44
3.2 Gene sind auf den Chromosomen linear angeordnet	47
3.3 Ein Gen – ein Protein	51
3.4 Das Cistron	52
3.5 Die Kartierung von Mutationen auf Molekülebene	54
3.6 Das Wesen multipler Allele	56
Zusammenfassung	57
Weiterführende Literatur	58

4.	Die DNA ist das genetische Material	59
4.1	Die Entdeckung der DNA	59
4.2	Die DNA ist das (fast) universelle genetische Material	61
4.3	Die Bausteine der DNA	63
4.4	Die DNA ist eine Doppelhelix	65
4.5	Die Replikation der DNA ist semikonservativ	68
4.6	Der genetische Code wird in Triplets gelesen	71
4.7	Mutationen verändern die DNA-Sequenz	72
4.8	Mutationen treten an Hotspots gehäuft auf	76
4.9	Die Mutationsrate	77
	Zusammenfassung	78
	Weiterführende Literatur	78
5.	Die Struktur der Nucleinsäuren	81
5.1	DNA kann denaturiert und renaturiert werden	81
5.2	Nucleinsäuren hybridisieren durch Basenpaarung	82
5.3	Einzelsträngige Nucleinsäuren können Sekundärstrukturen aufweisen	83
5.4	Umgekehrte Wiederholungssequenzen und die Sekundärstruktur	87
5.5	Doppelstrang-DNA hat mehrere mögliche Doppelhelixstrukturen	88
5.6	Ringförmig geschlossene DNA kann überspiralisiert vorliegen	90
5.7	Überspiralisierung beeinflusst die Struktur der Doppelhelix	92
	Zusammenfassung	93
	Weiterführende Literatur	93
6.	Die Isolierung von Genen	95
6.1	Eine Restriktionskarte wird durch Spaltung der DNA in spezifische Fragmente erstellt	96
6.2	Restriktionsstellen lassen sich als genetische Marker benutzen	101
6.3	Die Bestimmung der DNA-Sequenz	107
6.4	Prokaryotische Gene und Proteine sind colinear	110
6.5	<i>cis</i> -wirkende Stellen und <i>trans</i> -wirkende Moleküle	112
6.6	Eukaryotische Gene sind oft unterbrochen	114
6.7	Einige DNA-Sequenzen codieren mehr als ein Protein	115
6.8	Genetische Information kann aus DNA oder RNA stammen	118
6.9	Die Reichweite des Paradigmas	120
	Zusammenfassung	121
	Weiterführende Literatur	121

II. Vom Gen zum Protein

7. Messenger-RNA	125
7.1 Transfer-RNA ist der Adapter	126
7.2 Messenger-RNA wird von Ribosomen translatiert	130
7.3 Der Lebenszyklus der Messenger-RNA	132
7.4 Die meisten bakteriellen Gene werden über polycistronische Messenger exprimiert	135
7.5 Die Translation eukaryotischer mRNA	137
7.6 Eukaryotische mRNAs sind am 3'-Ende polyadenyliert	138
7.7 Eukaryotische mRNAs haben eine methylierte Cap-Struktur am 5'-Ende	139
7.8 Die Prozessierung und die Stabilität der mRNA	141
Zusammenfassung	143
Weiterführende Literatur	144
8. Proteinsynthese	145
8.1 Die Organisation des Ribosoms	146
8.2 Die Schritte der Proteinsynthese	148
8.3 Die Initiation bei Bakterien erfordert 30S-Untereinheiten und Hilfsfaktoren	150
8.4 Eine besondere Initiator-tRNA startet die Polypeptidkette	151
8.5 Die Initiation erfordert Basenpaarungen zwischen mRNA und rRNA	154
8.6 Die kleinen Untereinheiten wandern entlang der eukaryotischen mRNA zu den Initiationsstellen hin	155
8.7 Der Elongationsfaktor T befördert die Aminoacyl-tRNA in die A-Bindungsstelle	158
8.8 Die Translokation bewegt das Ribosom	160
8.9 Drei Codons beenden die Proteinsynthese	164
8.10 Ribosomen haben mehrere aktive Zentren	165
8.11 Die Funktion der ribosomalen RNA bei der Proteinsynthese	167
Zusammenfassung	170
Weiterführende Literatur	171
9. Die Interpretation des genetischen Codes	173
9.1 An der Codon-Anticodon-Erkennung ist das „Wobbeln“ beteiligt	175
9.2 tRNA enthält modifizierte Basen, die ihre Paarungseigenschaften beeinflussen	176
9.3 Der genetische Code ist in Mitochondrien verändert	179
9.4 Individuelle Synthetasen beladen die tRNAs mit Aminosäuren	181
9.5 Die Genauigkeit hängt vom Korrekturlesen ab	185
9.6 Suppressor-tRNAs besitzen mutierte Anticodons, die neue Codons lesen	186
9.7 Die Genauigkeit der Translation	191
9.8 Die tRNA beeinflusst vermutlich das Leseraster	192
Zusammenfassung	193
Weiterführende Literatur	195

10. Die Lokalisation von Proteinen	197
10.1 Chaperone können für die Proteinfaltung erforderlich sein	199
10.2 Das posttranslationale Einfügen in die Membran ist von Leader-Sequenzen abhängig	203
10.3 Eine Hierarchie von Sequenzen bestimmt die Lokalisation innerhalb der Organellen	205
10.4 Signalsequenzen leiten den cotranslationalen Transfer durch die ER-Membranen ein	208
10.5 Wie gelangen Proteine in Membranen hinein und wie heraus?	209
10.6 Der Translokationsapparat tritt mit Signalsequenzen in Wechselwirkung	213
10.7 Ankersignale sind für den Verbleib in der Membran erforderlich	215
10.8 Bakterien bedienen sich cotranslationaler sowie posttranslatinaler Translokationsmechanismen	217
10.9 Poren kontrollieren den Transport in und aus dem Kern	219
10.10 Proteinabbau durch Proteasomen	225
Zusammenfassung	226
Weiterführende Literatur	227

III. Die Expression prokaryotischer Gene

11. Die Transkription	231
11.1 Die RNA-Polymerase katalysiert die Transkription	232
11.2 Die RNA-Polymerase besteht aus vielen Untereinheiten	236
11.3 Der Sigma-Faktor kontrolliert die Bindung an die DNA	239
11.4 Die Promotorerkennung hängt von Consensussequenzen ab	243
11.5 Die RNA-Polymerase bindet an einer Seite der DNA	245
11.6 Der Austausch von Sigma-Faktoren könnte die Initiation kontrollieren	249
11.7 Bei der Sporulation kommt eine Kaskade von Sigma-Faktoren zum Einsatz	251
11.8 Die bakterielle RNA-Polymerase hat zwei Möglichkeiten der Termination	255
11.9 Wie wirkt der Rho-Faktor?	257
11.10 Die Antitermination hängt von spezifischen Sequenzen ab	260
11.11 Weitere Untereinheiten für die RNA-Polymerase	264
Zusammenfassung	267
Weiterführende Literatur	268
12. Das Operon	271
12.1 Strukturgencluster werden koordiniert kontrolliert	273
12.2 Der Repressor wird durch einen niedermolekularen Induktor kontrolliert	274

12.3	Mutationen identifizieren den Operator und die Regulatorgene	277
12.4	Das Repressorprotein bindet an den Operator und wird durch den Induktor freigesetzt	281
12.5	Die Spezifität von Protein-DNA-Interaktionen	286
12.6	Die Repression kann an mehreren Loci stattfinden	289
12.7	Der Unterschied zwischen positiver und negativer Kontrolle	290
12.8	Die Katabolitrepression beinhaltet eine positive Regulation am Promotor	292
12.9	Schlechte Wachstumsbedingungen rufen die stringente Kontrolle hervor	295
12.10	Bei der Translation kann eine autogene Kontrolle erfolgen	297
12.11	Alternative Sekundärstrukturen kontrollieren die Attenuation	302
12.12	Kleine RNA-Moleküle können die Translation regulieren	307
12.13	Regulation durch mRNA-Spaltung	311
12.14	Für die Freisetzung von pro- und eukaryotischen rRNAs sind Spaltvorgänge nötig	313
	Zusammenfassung	315
	Weiterführende Literatur	317
13.	Überlebensstrategien von Phagen	319
13.1	Die lytische Entwicklung wird durch eine Kaskade kontrolliert	321
13.2	Funktionsbezogene Clusterbildung bei den Phagen T7 und T4	323
13.3	Die lytische Kaskade von Lambda beruht auf Antitermination	324
13.4	Die Lysogenie wird durch einen autogenen Schaltkreis aufrechterhalten	326
13.5	Der Repressor bindet als Dimer an die DNA	331
13.6	Der Repressor bindet mit Hilfe eines Helix-Turn-Helix-Motivs kooperativ an jeden Operator	333
13.7	Wie kommt die Synthese des Repressors in Gang?	337
13.8	Für die lytische Infektion ist ein zweiter Repressor erforderlich	340
13.9	Ein empfindliches Gleichgewicht: Lysogenie kontra Lyse	341
	Zusammenfassung	343
	Weiterführende Literatur	344

IV. Fortbestand und Vermehrung der DNA

14.	Das Replicon	347
14.1	Replikationsursprünge lassen sich mittels Autoradiographie und Elektrophorese kartieren	348

14.2	Das bakterielle Genom ist ein einzelnes ringförmiges Replicon	351
14.3	Jedes Eukaryotenchromosom enthält viele Replicons	352
14.4	Die Isolierung der Ursprünge von Hefereplicons	354
14.5	Bei Mitochondrienursprüngen können D-Schleifen erhalten bleiben	357
14.6	Das Problem der linearen Replicons	357
14.7	Rollende Ringe erzeugen Multimere eines Replicons	360
14.8	Einzelsträngige Genome werden für die Bakterienkonjugation erzeugt	363
14.9	Die Verbindung der bakteriellen Replikation mit dem Zellzyklus	367
14.10	Die Zellteilung und die Chromosomenverteilung	368
14.11	Eine Vielzahl von Systemen stellt das Überleben von Plasmiden in Bakterienpopulationen sicher	372
14.12	Plasmidinkompatibilität hängt mit der Kopienzahl zusammen	375
	Zusammenfassung	378
	Weiterführende Literatur	379
15.	DNA-Replikation	381
15.1	DNA-Polymerasen: Enzyme, die DNA herstellen	381
15.2	Die DNA-Synthese ist semidiskontinuierlich und benötigt einen RNA-Primer	386
15.3	Das Primosom initiiert die Synthese von Okazaki-Fragmenten	388
15.4	Die Koordination der Synthese von Leit- und Folgestrang	392
15.5	Der Replikationsapparat des Phagen T4	397
15.6	Die Entstehung von Replikationsgabeln an einem Ursprung	399
15.7	Die allgemeinen Ereignisse beim Priming der Replikation am Ursprung	401
15.8	Reguliert die Methylierung am Ursprung die Initiation?	403
15.9	Ein Lizenzfaktor kontrolliert die eukaryotische Rereplikation	405
	Zusammenfassung	406
	Weiterführende Literatur	407
16.	Restriktion und Reparatur	409
16.1	Die Auswirkungen von Modifikation und Restriktion	410
16.2	Die Typ-II-Restriktionsenzyme sind weit verbreitet	411
16.3	Die alternativen Aktivitäten der Typ-I-Enzyme	412
16.4	Die doppelte Aktivität von Typ-III-Enzymen	415
16.5	Die Behandlung von Schäden der DNA	416
16.6	Excisionsreparatursysteme in <i>E. coli</i>	419

16.7	Die Kontrolle der gerichteten Fehlpaarungsreparatur	422
16.8	Die Wiederherstellungssysteme in <i>E. coli</i>	423
16.9	Das RecA-Protein setzt das SOS-System in Gang	424
16.10	Die eukaryotischen Reparatursysteme	426
	Zusammenfassung	427
	Weiterführende Literatur	427
17.	Die Rekombination	429
17.1	An Bruch und Wiedervereinigung ist Heteroduplex-DNA beteiligt	431
17.2	Doppelstrangbrüche leiten die Rekombination ein	434
17.3	Doppelstrangbrüche könnten die Synapsis einleiten	435
17.4	Die Bakterienrekombination umfaßt die Einzelstrangassimilation	438
17.5	Die Genkonversion sorgt für interallelische Rekombination	443
17.6	Die topologischen Manipulationen der DNA	444
17.7	Die Gyrase führt negative Überspiralisierung in die DNA ein	447
17.8	Die spezialisierte Rekombination umfaßt Bruch und Wiedervereinigung an spezifischen Stellen	448
	Zusammenfassung	452
	Weiterführende Literatur	453
18.	Transposons	455
18.1	Insertionssequenzen sind einfache Transpositionenmodule	456
18.2	Zusammengesetzte Transposons besitzen IS-Module	458
18.3	Die Transposition erfolgt sowohl durch replikative als auch durch nichtreplikative Mechanismen	459
18.4	Die üblichen Zwischenstufen der Transposition	462
18.5	Replikative Transposition erfolgt über ein Cointegrat	464
18.6	Nichtreplikative Transposition erfolgt durch Bruch und Wiedervereinigung	466
18.7	Die Transposition von TnA erfordert Transposase und Resolvase	467
18.8	Die Transposition von Tn10 hat viele Kontrollmechanismen	468
18.9	Kontrollelemente beim Mais erzeugen Brüche und Umordnungen	470
18.10	Die Kontrollelemente beim Mais bilden Transposonfamilien	473
18.11	<i>Spm</i> -Elemente beeinflussen die Genexpression	474
18.12	Die Rolle transponierbarer Elemente bei der Hybrid-Dysgenese	476
	Zusammenfassung	479
	Weiterführende Literatur	480

19. Retroviren und Retroposons	481
19.1 Der Lebenszyklus von Retroviren umfaßt transpositionsähnliche Ereignisse	481
19.2 Retroviren können zelluläre Sequenzen transduzieren	489
19.3 Die Ty-Elemente aus Hefe ähneln Retroviren	491
19.4 Viele transponierbare Elemente sind in <i>D. melanogaster</i> zu Hause	493
19.5 Retroposons fallen in zwei Klassen	494
Zusammenfassung	497
Weiterführende Literatur	498

V. Das eukaryotische Genom

20. DNA-Biotechnik	501
20.1 In Bakterien oder Hefe läßt sich jede DNA-Sequenz klonieren	501
20.2 Die Herstellung von chimärer DNA	503
20.3 Das Umkopieren von mRNA in cDNA	506
20.4 Die Isolierung einzelner Gene aus dem Genom	507
20.5 Chromosomenwanderung (<i>chromosome walking</i>)	511
20.6 Eukaryotische Gene lassen sich in prokaryotischen Systemen exprimieren	514
Zusammenfassung	517
Weiterführende Literatur	517
21. Genome	519
21.1 Das C-Wert-Paradoxon beschreibt Variationen der Genomgröße	519
21.2 Die Reassoziationskinetik hängt von der Komplexität der Sequenz ab	521
21.3 Eukaryotische Genome enthalten verschiedene Sequenzkomponenten	522
21.4 Aufgrund der Komplexität der nicht-repetitiven DNA läßt sich die Genomgröße abschätzen	524
21.5 Eukaryotische Genome enthalten repetitive Sequenzen	525
21.6 Die meisten Strukturgene liegen in der nichtrepetitiven DNA	526
21.7 Wie viele nichtrepetitive Gene werden exprimiert?	528
21.8 Gene werden in sehr unterschiedlichen Mengen exprimiert	530
Zusammenfassung	532
Weiterführende Literatur	532
22. Exons und Introns	533
22.1 Die Organisationsstruktur unterbrochener Gene ist möglicherweise konserviert	534
22.2 Gene zeigen eine breitgefächerte Größenverteilung	537
22.3 Eine DNA-Sequenz kann mehrere Proteine codieren	540

22.4	Exonsequenzen sind konserviert, aber Introns variieren	541
22.5	Gene lassen sich aufgrund der Konservierung der Exons isolieren	542
22.6	Wie sind unterbrochene Gene entstanden?	546
	Zusammenfassung	550
	Weiterführende Literatur	551
23.	Die Zahl der Gene	553
23.1	Essentielle Gene und die Gesamtzahl der Gene	554
23.2	Globingene sind in zwei Clustern organisiert	557
23.3	Ungleiche Crossover ordnen Gencluster um	558
23.4	Gencluster unterliegen einer kontinuierlichen Reorganisation	561
23.5	Die Divergenz von Sequenzen bildet die Grundlage der Evolutionsuhr	562
23.6	Pseudogene sind Sackgassen der Evolution	565
23.7	Die Gene für rRNA bestehen aus einer wiederholten Tandemeinheit	566
23.8	Ein Dilemma der Evolution: Wie bleiben mehrere aktive Kopien stabil erhalten?	570
	Zusammenfassung	571
	Weiterführende Literatur	572
24.	Die Genome der Organellen	573
24.1	Die Genome der Organellen sind ringförmige DNAs, die Proteine der Organelle codieren	574
24.2	Das Chloroplastengenom codiert etwa 100 Proteine und RNAs	577
24.3	Das mitochondriale Genom ist in Hefen groß und bei Säugern klein	578
24.4	Rekombination und Umordnung der Organellen-DNA	581
	Zusammenfassung	582
	Weiterführende Literatur	583
25.	Einfach strukturierte DNA-Sequenzen	585
25.1	Die Satelliten-DNAs liegen häufig im Heterochromatin	585
25.2	Die Satelliten-DNAs der Arthropoden bestehen aus sehr kurzen identischen Wiederholungen	586
25.3	Die Satelliten-DNAs der Säuger bestehen aus hierarchisch angeordneten Wiederholungen	587
25.4	Die Evolution hierarchischer Varianten in der Satelliten-DNA	590
25.5	Die Folgen von ungleichen Crossovers	592
25.6	Die Crossover-Fixierung kann identische Wiederholungen stabilisieren	593
25.7	Minisatelliten-DNAs lassen sich für genetische Kartierungen nutzen	594
	Zusammenfassung	596
	Weiterführende Literatur	596

26. Chromosomen	597
26.1 Die Verdichtung von viralen Genomen in der jeweiligen Hülle	598
26.2 Das bakterielle Genom ist ein Nucleoid mit vielen überspiralisierten Schleifen	600
26.3 Schleifen, Domänen und Gerüste in eukaryotischer DNA	602
26.4 Der Unterschied zwischen dem Interphasechromatin und den Chromosomen in der Mitose	605
26.5 Der ausgestreckte Zustand der Lampenbürstenchromosomen	607
26.6 Die Transkription unterbricht die Struktur polytärer Chromosomen	608
26.7 Das eukaryotische Chromosom als Segregationsapparat	610
26.8 Telomere versiegeln die Enden der Chromosomen	612
Zusammenfassung	615
Weiterführende Literatur	615
27. Nucleosomen	617
27.1 Das Nucleosom ist die Untereinheit des gesamten Chromatins	617
27.2 Die DNA ist auf Reihen von Nucleosomen aufgewickelt	620
27.3 An der Oberfläche der Nucleosomen befinden sich unterschiedliche DNA-Strukturen	623
27.4 Die Überspiralisierung und die Periodizität von DNA	625
27.5 Die Anordnung der Nucleosomen im Chromatinfaden	627
27.6 Die Organisationsstruktur des Histonoktamers	628
27.7 Für die Reproduktion des Chromatins müssen sich die Nucleosomen neu formieren	631
27.8 Liegen Nucleosomen an spezifischen Positionen?	634
27.9 Sind transkribierte Gene in Nucleosomen organisiert?	637
27.10 DNase-hypersensitive Bereiche verändern die Chromatinstruktur	640
27.11 Domänen definieren Regionen mit aktiven Genen	643
27.12 Das Heterochromatin entsteht durch Wechselwirkungen mit Histonen	644
Zusammenfassung	646
Weiterführende Literatur	647

VI. Genexpression bei Eukaryoten

28. Initiation der Transkription	651
28.1 Eukaryotische RNA-Polymerasen bestehen aus vielen Untereinheiten	653
28.2 Die Promotorelemente werden durch Mutations- und Footprint-Analysen bestimmt	654
28.3 Der Promotor der RNA-Polymerase I besteht aus zwei Teilen	655
28.4 Die RNA-Polymerase III benutzt stromauf- und stromabwärts gelegene Promotoren	657
28.5 Der basale Transkriptionsapparat besteht aus RNA-Polymerase II und allgemeinen Faktoren	660
28.6 Eine Verbindung zwischen Transkription und DNA-Reparatur	666
28.7 Promotoren der RNA-Polymerase II enthalten kurze Sequenzelemente	667
28.8 Enhancer enthalten bidirektionale Elemente, welche die Initiation unterstützen	670
28.9 Unabhängige Proteindomänen binden an die DNA und aktivieren die Transkription	673
28.10 Die Interaktion stromaufwärts bindender Faktoren mit dem basalen Apparat	676
Zusammenfassung	678
Weiterführende Literatur	678
29. Die Regulation der Transkription	681
29.1 Responseelemente kennzeichnen Gene unter gemeinsamer Kontrolle	681
29.2 Es gibt viele Typen DNA-bindender Domänen	683
29.3 Ein Zinkfingermotiv ist eine DNA-bindende Domäne	685
29.4 Steroidrezeptoren haben mehrere unabhängige Domänen	687
29.5 Homöodomänen binden an verwandte Ziele in der DNA	691
29.6 <i>Helix-loop-helix</i> -Proteine assoziieren miteinander in verschiedenen Kombinationen	693
29.7 Leucin-Reißverschlüsse lassen Dimere entstehen	695
29.8 Genaktivierung im Chromatin: okkupatorische und dynamische Modelle	696
29.9 Die Regulation weiter Entfernungen und die Abschirmung von Domänen	700
29.10 Genexpression ist mit Demethylierung verbunden	704
29.11 Genetische Prägung beruht auf DNA-Methylierung	706
Zusammenfassung	708
Weiterführende Literatur	709

30. RNA-Spleißen im Zellkern	711
30.1 Die Spleißstellen der hnRNA sind austauschbar, werden aber paarweise erkannt	713
30.2 Das nucleäre Spleißen erfolgt über eine Lassostruktur (Lariat)	716
30.3 Das Spleißen erfordert snRNAs, welche das Spleißosom bilden	717
30.4 Gruppe-II-Introns spleißen sich unter Lariatbildung selbst	724
30.5 Alternatives Spleißen verläuft mittels differentieller Wahl von Spleißstellen	726
30.6 Spleißreaktionen in <i>cis</i> und in <i>trans</i>	730
30.7 Das Spleißen von tRNA bei der Hefe: Schneiden und Neuverknüpfen in getrennten Schritten	732
30.8 3'-Enden entstehen durch Termination und Abspaltung	735
Zusammenfassung	738
Weiterführende Literatur	739
31. Katalytische RNA	741
31.1 Gruppe-I-Introns spleißen sich selbst durch Umesterungsreaktionen	741
31.2 Gruppe-I-Introns nehmen eine charakteristische Sekundärstruktur ein	745
31.3 Ribozyme besitzen unterschiedliche katalytische Aktivitäten	746
31.4 Manche Introns codieren Proteine, die ihnen Mobilität verleihen	749
31.5 Manche RNAs besitzen Ribonucleaseaktivität	752
31.6 RNA-Edieren benutzt unterschiedliche Informationsquellen	754
Zusammenfassung	759
Weiterführende Literatur	760
32. Umbauvorgänge in der DNA	761
32.1 Der Reaktionsweg der Paarung bei der Hefe wird durch Signaltransduktion eingeleitet	762
32.2 Die Hefe kann den aktiven Paarungstyp-locus mit einem zuvor stummen Gen umbesetzen	765
32.3 Die stummen Kassetten in <i>HML</i> und <i>HMR</i> werden reprimiert	768
32.4 Die unidirektionale Transposition wird am Empfängerlocus <i>MAT</i> eingeleitet	769
32.5 Die Regulation der <i>HO</i> -Expression	771
32.6 Trypanosomen rearrangieren ihre DNA, um neue Oberflächenantigene zu exprimieren	773
32.7 Wechselwirkungen zwischen Ti-Plasmid und Pflanzengenom	778
32.8 Die Selektion amplifizierter genomischer Sequenzen	784
32.9 Exogene DNA läßt sich durch Transfektion in Zellen und Tiere einschleusen	787
Zusammenfassung	793
Weiterführende Literatur	794

33. Die molekulare Vielfalt im Immunsystem	797
33.1 Klonale Selektion: Lymphocyten, die auf ein Antigen reagieren, vermehren sich	799
33.2 Immunglobulingene werden in Lymphocyten aus Teilstücken zusammengesetzt	801
33.3 Informationsvielfalt des Keimbahnvorrats an Immunglobulingensequenzen	806
33.4 Die Rekombination zwischen V- und C-Genen erzeugt Deletionen und Insertionen	808
33.5 Ein produktiver Genzusammenbau führt zur allelen Exklusion	812
33.6 Der Immunglobulinklassenwechsel geschieht durch DNA-Rekombination	814
33.7 Während ihrer frühen Expression kann die schwere Kette mittels RNA-Prozessierung verändert werden	815
33.8 Somatische Mutationen erzeugen zusätzliche Vielfalt	816
33.9 T-Zell-Rezeptoren sind mit Immunglobulinen verwandt	819
33.10 Der MHC-Locus enthält viele immunrelevante Gene	822
Zusammenfassung	825
Weiterführende Literatur	825

VII. Zellwachstum, Krebs und Entwicklung

34. Der Transport von Proteinen	829
34.1 Im ER und im Golgi-Apparat werden Oligosaccharide an die Proteine angehängt	831
34.2 Aus- und eingeschleuste Proteine werden in beschichteten Vesikeln transportiert	834
34.3 Wohin die Proteine transportiert werden, hängt von weiteren Signalen ab	841
34.4 Rezeptoren werden durch Endocytose zurückgewonnen	843
Zusammenfassung	847
Weiterführende Literatur	848
35. Signalübertragung	849
35.1 Carrier und Kanäle bahnen wasserlöslichen Molekülen einen Weg durch die Membranen	852
35.2 Die G-Proteine können Proteine aktivieren oder hemmen	856
35.3 Proteintyrosinkinasen lösen Phosphorylierungskaskaden aus	858
35.4 Der Ras-Reaktionsweg	863
35.5 Die Aktivierung von MAP-Kinase-reaktionen	867
35.6 Cyclisches AMP und die Aktivierung von CREB	872
35.7 Der JAK-STAT-Reaktionsweg	872
Zusammenfassung	874
Weiterführende Literatur	875

36. Zellzyklus und Wachstumskontrolle	877
36.1 Das Voranschreiten des Zellzyklus wird an speziellen Kontrollpunkten entschieden	878
36.2 Die M-Phasen-Kinase ist ein Dimer, das den Eintritt in die Mitose kontrolliert	880
36.3 Phosphorylierung und Dephosphorylierung von Proteinen kontrollieren den Zellzyklus	884
36.4 p34 (Cdc2 oder CDC28) ist das entscheidende Kontrollprotein bei Hefen	886
36.5 CDC28 wirkt in START und Mitose von <i>S. cerevisiae</i>	893
36.6 In Tierzellen findet man viele cdk-Cyclin-Komplexe	895
36.7 Die Funktionen von Cdc2-Cyclin- und Cdk-Cyclin-Dimeren	896
36.8 An den G0/G1- und G1/S-Übergängen sind Cdk-Inhibitoren beteiligt	899
36.9 Die Umorganisation der Zelle in der Mitose	901
36.10 Apoptose	904
Zusammenfassung	907
Weiterführende Literatur	908
37. Onkogene und Krebs	911
37.1 Transformierende Viren enthalten Onkogene	914
37.2 In der Zelle gibt es Gene, die retroviralen Onkogenen entsprechen	918
37.3 <i>ras</i> -Protoonkogene können durch Mutationen aktiviert werden	919
37.4 Protoonkogene können durch Insertion, Translokation oder Amplifikation aktiviert werden	922
37.5 Onkogene codieren Komponenten von Signalkaskaden	925
37.6 Wachstumsfaktorrezeptorkinasen und cytoplasmatische Tyrosinkinasen	927
37.7 Onkoproteine steuern möglicherweise die Genexpression	932
37.8 RB ist ein Tumorsuppressor, der den Zellzyklus kontrolliert	934
37.9 Der Tumorsuppressor p53 unterdrückt das Wachstum oder löst den programmierten Zelltod aus	937
37.10 Immortalisierung und Transformation	940
Zusammenfassung	942
Weiterführende Literatur	944
38. Gradienten und Signalketten	945
38.1 Aus einem Gradienten müssen einzelne Felder entstehen	946
38.2 In den Frühphasen der Embryonalentwicklung bilden maternale Genprodukte Gradienten aus	948
38.3 Lokale Genregulatoren steuern die anterior-posteriore Entwicklung	950

38.4	Bei der dorsoventralen Entwicklung spielen lokale Wechselwirkungen zwischen Rezeptoren und Liganden eine Rolle	953
38.5	Das Schicksal einer Zelle hängt von Bereichen ab, die sich im Blastodermstadium ausbilden	959
38.6	An der Entwicklungskontrolle sind extrem große komplexe Loci beteiligt	965
38.7	Homöotische Gene enthalten eine Homöobox	971
	Zusammenfassung	975
	Weiterführende Literatur	976

Epilog

Meilensteine der Molekulargenetik 979

Glossar 981

Index 999