7 Anhang

7.1 DNA-Sequenzen

cDNA-Sequenz der humanen α-Methylacyl-CoA-Racemase mit Intronpositionen

1 GGCGCCGGGA TTGGGAGGGC TTCTTGCAGG CTGCTGGGCT GGGGCTAAGG
51 GCTGCTCAGT TTCCTTCAGC GGGGCACTGG GAAGCGCC**AT G**GCACTGCAG
101 GGCATCTCGG TCATGGAGCT GTCCGGCCTG GCCCCGGGCC CGTTCTGTGC
151 TATGGTCCTG GCTGACTTCG GGGCGCGTGT GGTACGCGTG GACCGGCCCG
201 GCTCCCGCTA CGACGTGAGC CGCTTGGGCC GGGGCAAGCG CTCGCTAGTG
251 CTGGACCTGA AGCAGCCGCG GGGAGCCGCC GTGCTGCGGC GTCTGTGCAA
Intron I ↓
301 GCGGTCGGAT GTGCTGCTGG AGCCCTTCCG CCGC**GG**TGTC ATGGAGAAAC
351 TCCAGCTGGG CCCAGAGATT CTGCAGCGGG AAAATCCAAG GCTTATTTAT
401 GCCAGGCTGA GTGGATTTGG CCAGTCAGGA AGCTTCTGCC GGTTAGCTGG
Intron II ↓
451 CCACGATATC AACTATTTGG CTTTGTCA**GG** TGTTCTCTCA AAAATTGGCA
501 GAAGTGGTGA GAATCCGTAT GCCCCGCTGA ATCTCCTGGC TGACTTTGCT
551 GGTGGTGGCC TTATGTGTGC ACTGGGCATT ATAATGGCTC TTTTTGACCG
Intron III ↓
601 CACACGCACT GACAAGGGTC AGGTCATTGA TGCAAATAT**G G**TGGAAGGAA
651 CAGCATATTT AAGTTCTTTT CTGTGGAAAA CTCAGAAATC GAGTCTGTGG
701 GAAGCACCTC GAGGACAGAA CATGTTGGAT GGTGGAGCAC CTTTCTATAC
751 GACTTACAGG ACAGCAGATG GGGAATTCAT GGCTGTTGGA GCAATAGAAC
Intron IV ↓
801 CCCAGTTCTA CGAGCTGCTG ATCAAA**GG**AC TTGGACTAAA GTCTGATGAA
851 CTTCCCTCTC AGATGAGCAC GGATGATTGG CCAGAAATGA AGAAGAAGTT
901 TGCAGATGTA TTTGCAAAGA AGACGAAGGC AGAGTGGTGT CAAATCTTTG
951 ACGGCACAGA TGCCTGTGTG ACTCCGGTTC TGACTTTTGA GGAGGTTGTT
1001 CATCATGATC ACAACAAGGA ACGGGGCTCG TTTATCACCA GTGAGGAGCA
1051 GGACGTGAGC CCCCGCCCTG CACCTCTGCT GTTAAACACC CCAGCCATCC
1101 CTTCTTTCAA AAGGGATCCT TTCATAGGAG AACACACTGA GGAGATACTT
1151 GAAGAATTTG GATTCAGCCG CGAAGAGATT TATCAGCTTA ACTCAGATAA
1201 AATCATTGAA AGTAATAAGG TA**AAAGCTAG TCTC**TAA
\- K A S L * ***stop***
CTT CCAGGCCCAC
1251 GGCTCAAGTG AATTTGAATA CTGCATTTAC AGTGTAGAGT AACACATAAC
1301 ATTGTATGCA TGGAAACATG GAGGAACAGT ATTACAGTGT CCTACCACTC
1351 TAATCAAGAA AAGAATTACA GACTCTGATT CTACAGTGAT GATTGAATTC
1401 TAAAAATGGT TATCATTAGG GCTTTTGATT TATAAAACTT TGGGTACTTA
1451 TACTAAATTA TGGTAGTTAT TCTGCCTTCC AGTTTGCTTG ATATATTTGT
1501 TGATATTAAG ATTCTTGACT TATATTTTGA ATGGGTTCTA GTGAAAAAGG
1551 AATGATATAT TCTTGAAGAC ATCGATATAC ATTTATTTAC ACTCTTGATT
1601 CTACAATGTA GAAAATGAGG AAATGCCACA AATTGTATGG T**GATAAA**AGT
1651 CACGTGAAA**C A** ***poly A (I)***
1652 GAGTGATTG GTTGCATCCA GGCCTTTTGT CTTGGTGTTC
1701 ATGATCTCCC TCTAAGCACA TTCCAAACTT TAGCAACAGT TATCACACTT
1751 TGTAATTTGC AAAGAAAAGT TTCACCTGTA TTGAATCAGA ATGCCTTCAA
1801 CTGAAAAAAA CATATCCAAA ATAATGAGGA AATGTGTTGG CTCACTACGT
1851 AGAGTCCAGA GGGACAGTCA GTTTTAGGGT TGCCTGTATC CAGTAACTCG
1901 GGGCCTGTTT CCCCGTGGGT CTCTGGGCTG TCAGCTTTCC TTTCTCCATG
1951 TGTTTGATTT CTCCTCAGGC TGGTAGCAAG TTCTGGATCT TATACCCAAC
2001 ACACAGCAAC ATCCAGA**AAT AAA**GATCTCA GGACCCCC**CA AAAAAAAA**...
poly A (II)

Proteinsequenzvergleich der α-Methylacyl-CoA-Racemase aus Mensch, Ratte und Maus

```
Mensch        ATG GCA CTG CAG GGC ATC TCG GTC ATG GAG CTG TCC GGC CTG GCC   45
Ratte    1    ATG GCG CTG CGT GGC GTC AGG GTT CTG GAG CTG GCA GGC CTG GCC
Maus          ATG GTG CTG CGT GGC GTC AGG GTT GTG GAG CTG GCA GGC ATG GCC

         1     M   A   L   Q   G   I   S   V   M   E   L   S   G   L   A    15
               M   A   L   R   G   V   R   V   L   E   L   A   G   L   A
               M   V   L   R   G   V   R   V   V   E   L   A   G   M   A

Mensch  46    CCG GGC CCG TTC TGT GCT ATG GTC CTG GCT GAC TTC GGG GCG CGT   90
Ratte         CCA GGG CCG TTC TGC GGG ATG ATC CTG GCG GAC TTC GGC GCC GAG
Maus          CCG GGG CCG TTC TGC GGA ATG GTC CTG GCG GAC TTC GGC GCC GAG

        16     P   G   P   F   C   A   M   V   L   A   D   F   G   A   R    30
               P   G   P   F   C   G   M   I   L   A   D   F   G   A   E
               P   G   P   F   C   G   M   V   L   A   D   F   G   A   E

Mensch  91    GTG GTA CGC GTG GAC CGG CCC GGC TCC CGC TAC GAC GTG AGC CGC  135
Ratte         GTG GTG CTC GTG GAC AGA CTG GGC TCC GTG AAC CAC CCC AGT CAC
Maus          GTG GTG CGC GTG AAC CGG CTG GGC TCC ACG GGC --- GAG AAT TTT

        31     V   V   R   V   D   R   P   G   S   R   Y   D   V   S   R    45
               V   V   L   V   D   R   L   G   S   V   N   H   P   S   H
               V   V   R   V   N   R   L   G   S   T   G   -   E   N   F

Mensch 136    TTG GGC CGG GGC AAG CGC TCG CTA GTG CTG GAC CTG AAG CAG CCG  180
Ratte         CTG GCC CGA GGC AAG CGC TCG CTG GCG CTG GAC CTG AAG CGG TCT
Maus          CTG GCC CGA GGC AAG CGC TCG CTA GCG CTG GAC CTG AAG CGC TCT

        46     L   G   R   G   K   R   S   L   V   L   D   L   K   Q   P    60
               L   A   R   G   K   R   S   L   A   L   D   L   K   R   S
               L   A   R   G   K   R   S   L   A   L   D   L   K   R   S

Mensch 181    CGG GGA GCC GCC GTG CTG CGG CGT CTG TGC AAG CGG TCG GAT GTG  225
Ratte         CCG GGA GCC GCG GTG TTG CGG CGC ATG TGC GCA CGC GCG GAC GTG
Maus          CAG GGA GTC ACG GTG TTG CGG CGC ATG TGC GCA CGC GCG GAC GTG

        61     R   G   A   A   V   L   R   R   L   C   K   R   S   D   V    75
               P   G   A   A   V   L   R   R   M   C   A   R   A   D   V
               Q   G   V   T   V   L   R   R   M   C   A   R   A   D   V

Mensch 226    CTG CTG GAG CCC TTC CGC CGC GGT GTC ATG GAG AAA CTC CAG CTG  270
Ratte         TTG CTG GAG CCC TTC CGT TGC GGT GTC ATG GAG AAA CTC CAG CTT
Maus          TTG CTG GAG CCC TTC CGC TGC GGT GTC ATG GAG AAA CTC CAG CTT

        76     L   L   E   P   F   R   R   G   V   M   E   K   L   Q   L    90
               L   L   E   P   F   R   C   G   V   M   E   K   L   Q   L
               L   L   E   P   F   R   C   G   V   M   E   K   L   Q   L

Mensch 271    GGC CCA GAG ATT CTG CAG CGG GAA AAT CCA AGG CTT ATT TAT GCC  315
Ratte         GGG CCA GAG ACT CTA CGG CAG GAC AAT CCA AAG CTC ATC TAT GCC
Maus          GGG CCA GAG ACT CTA CTG CAG GAC AAT CCA AAG CTC ATC TAT GCC

        91     G   P   E   I   L   Q   R   E   N   P   R   L   I   Y   A   105
               G   P   E   T   L   R   Q   D   N   P   K   L   I   Y   A
               G   P   E   T   L   L   Q   D   N   P   K   L   I   Y   A

Mensch 316    AGG CTG AGT GGA TTT GGC CAG TCA GGA AGC TTC TGC CGG TTA GCT  360
Ratte         AGG CTG AGT GGA TTT GGC CAG TCG GGA ATT TTC TCC AAA GTA GCT
Maus          AGG CTG AGC GGA TTT GGC CAA TCG GGA ATT TTC TCC AAA GTA GCT

       106     R   L   S   G   F   G   Q   S   G   S   F   C   R   L   A   120
               R   L   S   G   F   G   Q   S   G   I   F   S   K   V   A
               R   L   S   G   F   G   Q   S   G   I   F   S   K   V   A

Mensch 361    GGC CAC GAT ATC AAC TAT TTG GCT TTG TCA GGT GTT CTC TCA AAA  405
Ratte         GGC CAT GAC ATC AAC TAT GTG GCT TTG TCA GGT GTC CTG TCA AAG
Maus          GGC CAT GAC ATC AAC TAT TTG GCT TTA TCA GGC GTT CTG TCA AAG

       121     G   H   D   I   N   Y   L   A   L   S   G   V   L   S   K   135
               G   H   D   I   N   Y   V   A   L   S   G   V   L   S   K
               G   H   D   I   N   Y   L   A   L   S   G   V   L   S   K

Mensch 406    ATT GGC AGA AGT GGT GAG AAT CCG TAT GCC CCG CTG AAT CTC CTG  450
```

```
Ratte         ATT GGC AGG AGC GGT GAG AAC CCA TAC CCT CCC CTG AAC CTC CTG
Maus         ATT GGC AGA AGC GGT GAG AAC CCC TAC CCA CCG CTG AAT CTC CTG

        136  I   G   R   S   G   E   N   P   Y   A   P   L   N   L   L   150
             I   G   R   S   G   E   N   P   Y   P   P   L   N   L   L
             I   G   R   S   G   E   N   P   Y   P   P   L   N   L   L

Mensch  451  GCT GAC TTT GCT GGT GGT GGC CTT ATG TGT GCA CTG GGC ATT ATA  495
Ratte         GCC GAC TTT GGT GGC GGT GGC CTC ATG TGC ACA TTG GGC ATT TTG
Maus         GCT GAC TTT GGC GGT GGA GGC CTC ATG TGC ACA CTG GGC ATT GTG

        151  A   D   F   A   G   G   G   L   M   C   A   L   G   I   I   165
             A   D   F   G   G   G   G   L   M   C   T   L   G   I   L
             A   D   F   G   G   G   G   L   M   C   T   L   G   I   V

Mensch  496  ATG GCT CTT TTT GAC CGC ACA CGC ACT GAC AAG GGT CAG GTC ATT  540
Ratte         CTG GCT CTC TTC GAA CGC ACG CGG TCT GGC CTA GGG CAG GTC ATT
Maus         CTG GCT CTC TTT GAA CGC ACA CGC TCT GGC CGA GGG CAG ATC ATC

        166  M   A   L   F   D   R   T   R   T   D   K   G   Q   V   I   180
             L   A   L   F   E   R   T   R   S   G   L   G   Q   V   I
             L   A   L   F   E   R   T   R   S   G   R   G   Q   I   I

Mensch  541  GAT GCA AAT ATG GTG GAA GGA ACA GCA TAT TTA AGT TCT TTT CTG  585
Ratte         GAT GCG AAC ATG GTG GAA GGA ACG GCA TAC TTA AGT ACT TTC CTG
Maus         GAT TCA AGC ATG GTG GAA GGG ACT GCA TAC TTA AGT TCT TTC CTG

        181  D   A   N   M   V   E   G   T   A   Y   L   S   S   F   L   195
             D   A   N   M   V   E   G   T   A   Y   L   S   T   F   L
             D   S   S   M   V   E   G   T   A   Y   L   S   S   F   L

Mensch  586  TGG AAA ACT CAG AAA TCG AGT CTG TGG GAA GCA CCT CGA GGA CAG  630
Ratte         TGG AAA ACT CAG GCC ATG GGT CTG TGG GCA CAG CCT CGA GGG CAA
Maus         TGG AAA ACC CAG CCC ATG GGT CTG TGG AAA CAG CCT CGA GGA CAA

        196  W   K   T   Q   K   S   S   L   W   E   A   P   R   G   Q   210
             W   K   T   Q   A   M   G   L   W   A   Q   P   R   G   Q
             W   K   T   Q   P   M   G   L   W   K   Q   P   R   G   Q

Mensch  631  AAC ATG TTG GAT GGT GGA GCA CCT TTC TAT ACG ACT TAC AGG ACA  675
Ratte         AAC CTG TTA GAT GGC GGG GCA CCT TTC TAC ACA ACC TAC AAG ACC
Maus         AAC ATC TTA GAT GGC GGT GCA CCT TTC TAC ACA ACC TAC AAG ACG

        211  N   M   L   D   G   G   A   P   F   Y   T   T   Y   R   T   225
             N   L   L   D   G   G   A   P   F   Y   T   T   Y   K   T
             N   I   L   D   G   G   A   P   F   Y   T   T   Y   K   T

Mensch  676  GCA GAT GGG GAA TTC ATG GCT GTT GGA GCA ATA GAA CCC CAG TTC  720
Ratte         GCA GAT GGG GAG TTC ATG GCT GTA GGT GCA ATA GAA CCC CAG TTC
Maus         GCA GAC GGG GAG TTC ATG GCT GTA GGT GCC ATA GAA CCC CAG TTC

        226  A   D   G   E   F   M   A   V   G   A   I   E   P   Q   F   240
             A   D   G   E   F   M   A   V   G   A   I   E   P   Q   F
             A   D   G   E   F   M   A   V   G   A   I   E   P   Q   F

Mensch  721  TAC GAG CTG CTG ATC AAA GGA CTT GGA CTA AAG TCT GAT GAA CTT  765
Ratte         TAC ACA CTG CTG CTT AAA GGA CTT GGA CTT GAG TCT GAG GAA CTC
Maus         TAT GCA CTG CTG CTT AAA GGA CTT GGA CTC GAG TCT GAG GAA CTC

        241  Y   E   L   L   I   K   G   L   G   L   K   S   D   E   L   255
             Y   T   L   L   L   K   G   L   G   L   E   S   E   E   L
             Y   A   L   L   L   K   G   L   G   L   E   S   E   E   L

Mensch  766  CCC TCT CAG ATG AGC ACG GAT GAT TGG CCA GAA ATG AAG AAG AAG  810
Ratte         CCC AGC CAG ATG AGC ATA GAA GAT TGG CCA GAA ATG AAG AAG AAA
Maus         CCC TCC CAG ATG AGC TCA GCA GAT TGG CCA GAG ATG AAG AAG AAA

        256  P   S   Q   M   S   T   D   D   W   P   E   M   K   K   K   270
             P   S   Q   M   S   I   E   D   W   P   E   M   K   K   K
             P   S   Q   M   S   S   A   D   W   P   E   M   K   K   K

Mensch  811  TTT GCA GAT GTA TTT GCA AAG AAG ACG AAG GCA GAG TGG TGT CAA  855
Ratte         TTT GCA GAT GTG TTT GCA AGG AAG ACT AAG GCA GAG TGG TGC CAG
Maus         TTT GCA GAT GTG TTT GCA AAG AAG ACT AAG GCA GAA TGG TGC CAG
```

	271	F	A	D	V	F	A	K	K	T	K	A	E	W	C	Q	285
		F	A	D	V	F	A	**R**	K	T	K	A	E	W	C	Q	
		F	A	D	V	F	A	**K**	K	T	K	A	E	W	C	Q	
Mensch	856	ATC	TTT	GAC	GGC	ACA	GAT	GCC	TGT	GTG	ACT	CCG	GTT	CTG	ACT	TTT	900
Ratte		ATC	TTT	GAC	GGG	ACA	GAT	GC**A**	TGT	GTG	AC**C**	CC**A**	GT**G**	CTG	ACT	**C**TT	
Maus		ATC	TTT	GAC	GGG	ACA	GAT	GC**G**	TGT	GTG	AC**C**	CC**A**	GT**G**	CTG	AC**G**	TTT	
	286	I	F	D	G	T	D	A	C	V	T	P	V	L	T	F	300
		I	F	D	G	T	D	A	C	V	T	P	V	L	T	**L**	
		I	F	D	G	T	D	A	C	V	T	P	V	L	T	F	
Mensch	901	GAG	GAG	GTT	GTT	CAT	CAT	GAT	CAC	AAC	AAG	GAA	CGG	GGC	TCG	TTT	945
Ratte		GAG	GAG	G**CC**	**C**T**C**	CA**C**	CA**C**	CA**G**	CAC	AAC	A**GA**	GAA	CGG	GGC	TC**C**	TT**C**	
Maus		GAG	GAG	G**CC**	**C**T**C**	CA**C**	CA**C**	CA**G**	CAC	AAC	A**GA**	GAA	CGG	G**C**C	TC**C**	TT**C**	
	301	E	E	V	V	H	H	D	H	N	K	E	R	G	S	F	315
		E	E	**A**	**L**	H	H	**Q**	H	N	**R**	E	R	G	S	F	
		E	E	**A**	**L**	H	H	**Q**	H	N	**R**	E	R	**A**	S	F	
Mensch	946	ATC	ACC	AGT	GAG	GAG	CAG	GAC	GTG	AGC	CCC	CGC	CTT	GCC	CCT	CTG	990
Ratte		ATC	AC**T**	**GA**T	GAG	GAG	CAG	**C**A**T**	G**CA**	**T**GC	CCC	CG**T**	C**C**T	GC**A**	CC**C**	C**A**G	
Maus		ATC	AC**T**	**GA**T	G**G**G	GAG	CAG	**CT**C	**CC**G	AGC	CCC	CGC	C**C**T	GC**A**	CCT	CTG	
	316	I	T	S	E	E	Q	D	V	S	P	R	L	A	P	L	330
		I	T	**D**	E	E	Q	**H**	**A**	**C**	P	R	**P**	A	P	**Q**	
		I	T	**D**	**G**	E	Q	**L**	**P**	S	P	R	**P**	A	P	L	
Mensch	991	CTG	TTA	AAC	ACC	CCA	GCC	ATC	CCT	TCT	TTC	AAA	AGG	GAT	CCT	TTC	1035
Ratte		CT**T**	T**CC**	A**GA**	ACC	CC**T**	GC**T**	**G**T**T**	CCT	TCT	**GC**C	AAA	AGG	GA**C**	CCT	T**C**T	
Maus		CT**T**	T**CC**	A**GA**	AC**T**	CC**T**	GC**C**	**G**T**C**	CC**A**	TCT	**GC**C	AAA	AGG	GA**C**	CCT	T**C**T	
	331	L	L	N	T	P	A	I	P	S	F	K	R	D	P	F	345
		L	**S**	**R**	T	P	A	**V**	P	S	**A**	K	R	D	P	**S**	
		L	**S**	**R**	T	P	A	**V**	P	S	**A**	K	R	D	P	**S**	
Mensch	1036	ATA	GGA	GAA	CAC	ACT	GAG	GAG	ATA	CTT	GAA	GAA	TTT	GGA	TTC	AGC	1080
Ratte		**G**T**G**	GGA	GA**G**	CAC	ACT	G**TA**	GAG	**G**T**G**	CTT	**A**AA	GA**C**	T**A**T	GGA	TTC	AG**T**	
Maus		**G**TA	GG**G**	GA**G**	CAC	AC**C**	G**TA**	GA**A**	**G**T**G**	CTT	**AG**A	GA**G**	T**A**T	GGA	TTC	AG**T**	
	346	V	G	E	H	T	V	E	V	L	R	E	Y	G	F	S	360
		V	G	E	H	T	V	E	V	L	**K**	**D**	Y	G	F	S	
		I	G	E	H	T	**E**	E	**I**	L	**E**	E	**F**	G	F	S	
Mensch	1081	CGC	GAA	GAG	ATT	TAT	CAG	CTT	AAC	TCA	GAT	AAA	ATC	ATT	GAA	AGT	1125
Ratte		C**AG**	GAA	GAG	AT**C**	**C**AT	CAG	CT**G**	**C**AC	TC**G**	GAT	A**G**A	ATC	ATT	GAA	AGT	
Maus		C**AG**	GAA	GAG	AT**C**	**CT**T	CAG	CT**G**	**C**AC	TCA	GAT	A**G**A	ATC	**G**TT	GAA	AGT	
	361	R	E	E	I	Y	Q	L	N	S	D	K	I	I	E	S	375
		Q	E	E	I	**H**	Q	L	**H**	S	D	**R**	I	I	E	S	
		Q	E	E	I	**L**	Q	L	**H**	S	D	**R**	I	**V**	E	S	
Mensch	1126	AAT	AAG	GTA	AAA	GCT	AGT	CTC	TAA	CTT	CCA	GGC	CCA	CGG	CTC	AAG	1170
Ratte		AAT	AAG	**C**TA	AAA	GC**C**	A**AC**	CTC	T**G**A	CT**C**	**AGG**	**TT**C	**A**CA	**GCT**	C**AA**	**GT**G	
Maus		**G**AT	AAG	**C**TA	AAA	GC**C**	A**A**T	CTC	T**G**A	CT**C**	**AGG**	**CTT**	**AT**A	**GCT**	C**AA**	**GA**G	
	376	N	K	V	K	A	S	L	* 382								
		N	K	**L**	K	A	**N**	L	*								
		D	K	**L**	K	A	**N**	L	*								

DNA-Sequenz und Exon-/Intronstruktur des humanen α-Methylacyl-CoA-Racemase-Gens

```
                            10         20         30         40         50
hum cDNA          1 GGCGCCGGGA TTGGGAGGGC TTCTTGCAGG CTGCTGGGCT GGGGCTAAGG

                            60         70         80         90        100
hum cDNA         51 GCTGCTCAGT TTCCTTCAGC GGGGCACTGG GAAGCGCCAT GGCACTGCAG
INT I.              .......... ........** ********** ********** **********

                           110        120        130        140        150
hum cDNA        101 GGCATCTCGG TCATGGAGCT GTCCGGCCTG GCCCCGGGCC CGTTCTGTGC
INT I               ********** ********** ********** ********** **********

                           160        170        180        190        200
hum cDNA        151 TATGGTCCTG GCTGACTTCG GGGCGCGTGT GGTACGCGTG GACCGGCCCG
INT I               ***T*C***T ******A*** C***A**T** **--****** CC*****G**

                           210        220        230        240        250
hum cDNA        201 GCTCCCGCTA CGACGTGAGC CGCTTGGGCC GGGGCAAGCG CTCGCTAGTG
INT I               T***-**-** *****C*C** A**-****** ****TG**T* A*G**C****

                           260        270        280        290        300
hum cDNA        251 C-TGGACCTG AAGCAGCCGC GGGGAGCCGC CGTGCTGCGG CGTCTGTGCA
INT I               *-***C**A* C*T*-***TA *TT-C***** *******AAT ***-******

                           310        320        330        340        350
hum cDNA        301 AGCGGTCGGA TGTGCTGCTG GAGCCCTTCC GCCGCG---- ----------

INT I           -36 TC*****TT* *AA******* ***T*A*A** *TT***GTTA GGTGAATAAT
                 15 TGCTTGTTGA AACCTGGCAT TTGNCTGNAG ACTTAGTNTT NTACTTTANT
                 65 ATNCGGGACT NTCTGANCCT GNGTTNT
.......... .......... .......... .......... .........
               -465 CTTTTTCGTG AAGGTACTGA TGCTAGGCAC TTTAGCGCCT GTGGAAACAT
               -415 CAGGTGTAAA TTCTGCAGGA GGAGCTCATG AGCTGATAGG GAAGATAAGT
               -365 GTATGCATGT ACAAGCAAGT GCAGCTAAGG TGGGATGTGG TAAACACTGA
               -315 TGCGGTATAG AAAAAGAGAA AAGGGATTTA CTAAAGGGAT GAGACCCTGC
               -265 TCTGGGGATT GAATAAATAG GCTTGGATAA ACCTAGAGGG AAACAGAGAT
               -215 GTACTGGGAG AAATTACATC CTGGGAAGAA GCCACACATT CCAGAAATGG
               -165 TGGCTTCACT CTTTGAGTCC TTAACTGCTG TAAACATGCC ATTAGCCTAC
               -115 AGCAAATGTT ATTAATATTA CTTGCAATGG TGCTATTTTA TGTTTGTCTC
                -65 AGAGAAGGGA TTATCTCCAT CCTCAATTCA TACTCTCTTA AGAAGATCGT
                -15 TACTTTTCTC TTAAG

                                      340        350        360        370
hum cDNA            ---------- -----GTGTC ATGGAGAAAC TCCAGCTGGG CCCAGAGATT
INT I                               ***** ********** ********** **********

                           380        390        400        410        420
hum cDNA        371 CTGCAGCGGG AAAATCCAAG GCTTATTTAT GCCAGGCTGA GTGGATTTGG
INT I               ********** ********** ********** ********** **********
INT II              ......**** ********** ********** ********** **********

                           430        440        450        460        470
hum cDNA        421 CCAGTCAGGA AGCTTCTGCC GGTTAGCTGG CCACGATATC AACTATTTGG
INT I               ***-****** ******.... .......... .......... ..........
INT II              ********** ********** ********** ********** **********

                           480
hum cDNA        471 CTTTGTCAG- ---------- ----------

INT II           -9 *********G TATGTTGAAA AAAAATTTAG
                 22 TCTACACTTT TAATTTATTC CATCAAGATC TACAGGTATG TTGATTAACA
                 72 ATAATTTGTA AAGGTAAAAA TTTAAACATT TATCAGAATC AATCAAGAGA
                122 GCATGGGTGT TCAAAATGGA TCGGTTTGAG TCTTGAAACA CTCATTCTCA
                172 ACCTTCCCTC ACCCCATCCC TTAACAGGTT GGAAGGTTAA TACATGCCCA
                222 CTACTATCAT TTATTTACTA CATTTGTTGA GTCAATTCTC AGACAAACCC
                272 CTGCTAGGAA TTAAGAGGCT TACTGGGTAC TACGGATGGT TGCTCTGNGG
                322 TTTGAAAATG TTGACATANN TAGATTCTGA CNGCTACTTC TCCCCCGGAC
                372 CCCNAAATCT NCACCCNCCA TATTGANAAT CATTGCCTGA ----------
               -276 ---------- ---------- ---------- ---------- TCTTTTCCAA
               -267 AAGTAAGTGA GTAAAAACTT AGCAATATTT GAAAATGTTG GTTGGAATAG
               -217 GTTTTAGAGA GGAAAACAAC AAAACAAGGA TCCTGTCTTG AGGGAAAGCC
               -167 TGTTTATGAG TTTACTGACT AAGCTCAGAT TTGGAAAAGT GATGTATACT
               -117 AGCTTTCACT TAGATTATCT GCTGGAGAGA TTGATTATTC CTCTAAGATG
                -67 CTCACATATT TATTTTAAGA AGAGATTAAA TTTAAAAGAG ACATTAAATT
                -17 TGTTTTTAAT GATGTAG*** ********** ********** **********
```

```
                                   480         490         500         510
hum cDNA      480 ---------- -------GTG TTCTCTCAAA AATTGGCAGA AGTGGTGAGA
INT II                              *** ********** ********** **********

                        520         530         540         550         560
hum cDNA      513 ATCCGTATGC CCCGCTGAAT CTCCTGGCTG -ACTTTGCTGG TGGTGGCCTT
INT II            ********** ********** ********** -********** **********
INT III             ....**** ********** ********** G********** **********

                         570         580         590         600         610
hum cDNA      563 ATGTGTGCAC TGGGCATTAT AATGGCTCTT TTTGACCGCA CACGCACTGA
INT II            ********** ********** **........ .......... ..........
INT III           ********** ********** ********** ********** **********

                         620         630         640         650
hum cDNA      613 CAAGGGTCAG GTCATTGATG CAAATATG-- -------

INT III       -38 ********** ********** ********GT AAGTATTAAT
               13 TGGGGTAGAT GCCTGCCACT TGTCCCTAAG TTTAAGATAT AGCTGCTTAA
               63 AATCCTTTTT TTGAAGAAGA AGACAAGAGA TAAATGACAT TTGAAGTTTC
              113 AAGCCAGGTT ACCAAGGATA TCCTTTTCTT TTTAAAATAG ACTTATGTCT
              163 TTTATATATC TGTTAGAATG TCATATTTTG ATCATCTGTC CTTGGAGTCA
              213 GTTCTCTGAA CTTTCTGTGA CTCATGTGAT TCCTACGTTG C......

                          650         660         670         680         690
hum cDNA       641 GTGGAAGGAA CAGCATATTT AAGTTCTTTT CTGTGGAAAA CTCAGAAATC

hum cDNA       691 GAGTCTGTGG GAAGCACCTC GAGGACAGAA CATGTTGGAT GGTGGAGCAC
INT IV             .......... .......... .......... ..*****T**.**********

                          750         760         770         780         790
hum cDNA       741 CTTTCTATAC GACTTACAGG ACAGCAGATG GGGAATTCAT GGCTGTTGGA
INT IV             ********** ********** **T******* *******T** **********

                          800         810         820         830
hum cDNA       791 GCAATAGAAC CCCAGTTCTA CGAGCTGCTG ATCAAAG... ..........
INT IV             ********** ****T***** ********** *******

INT IV         -37                                            GTA AGTGAACATT
                14 CACTCGTCTC CCCCAGTTCC CCTTTTGCTG TGGATGTTCT TTGGTTTATA
                64 TTTTAGACAC T......... .......... .......... ..........

                                                               830        840
hum cDNA                                                       GAC TTGGACTAAA
     841 GTCTGATGAA CTTCCCTCTC AGATGAGCAC GGATGATTGG CCAGAAATGA AGAAGAAGTT
     901 TGCAGATGTA TTTGCAAAGA AGACGAAGGC AGAGTGGTGT CAAATCTTTG ACGGCACAGA
     961 TGCCTGTGTG ACTCCGGTTC TGACTTTTGA GGAGGTTGTT CATCATGATC ACAACAAGGA
    1021 ACGGGGCTCG TTTATCACCA GTGAGGAGCA GGACGTGAGC CCCCGCCCTG CACCTCTGCT
    1081 GTTAAACACC CCAGCCATCC CTTCTTTCAA AAGGGATCCT TTCATAGGAG AACACACTGA
    1141 GGAGATACTT GAAGAATTTG GATTCAGCCG CGAAGAGATT TATCAGCTTA ACTCAGATAA
    1201 AATCATTGAA AGTAATAAGG TAAAAGCTAG TCTCTAA Stop
                                          CTT CCAGGCCCAC GGCTCAAGTG
    1261 AATTTGAATA CTGCATTTAC AGTGTAGAGT AACACATAAC ATTGTATGCA TGGAAACATG
    1321 GAGGAACAGT ATTACAGTGT CCTACCACTC TAATCAAGAA AAGAATTACA GACTCTGATT
    1381 CTACAGTGAT GATTGAATTC TAAAAATGGT TATCATTAGG GCTTTTGATT TATAAAACTT
    1441 TGGGTACTTA TACTAAATTA TGGTAGTTAT TCTGCCTTCC AGTTTGCTTG ATATATTTGT
    1501 TGATATTAAG ATTCTTGACT TATATTTTGA ATGGGTTCTA GTGAAAAAGG AATGATATAT
    1561 TCTTGAAGAC ATCGATATAC ATTTATTTAC ACTCTTGATT CTACAATGTA GAAAATGAGG
    1621 AAATGCCACA AATTGTATGG TGATAAAAGT CACGTGAAAC AGAGTGATTG GTTGCATCCA
    1681 GGCCTTTTGT CTTGGTGTTC ATGATCTCCC TCTAAGCACA TTCCAAACTT TAGCAACAGT
    1741 TATCACACTT TGTAATTTGC AAAGAAAAGT TTCACCTGTA TTGAATCAGA ATGCCTTCAA
    1801 CTGAAAAAAA CATATCCAAA ATAATGAGGA AATGTGTTGG CTCACTACGT AGAGTCCAGA
    1861 GGGACAGTCA GTTTTAGGGT TGCCTGTATC CAGTAACTCG GGGCCTGTTT CCCCGTGGGT
    1921 CTCTGGGCTG TCAGCTTTCC TTTCTCCATG TGTTTGATTT CTCCTCAGGC TGGTAGCAAG
    1981 TTCTGGATCT TATACCCAAC ACACAGCAAC ATCCAGAAAT AAAGATCTCA GGACCCCCCA
    2041 AAAAAAAAAA poly A
```

Genomischer Aufbau der hypothetischen C. elegans-Proteine ZK892.4 und C24A3

a) ZK892.4

Exon I (114 bp):

ATGTATCGTTTTCTATCCGGAATAAAAGTTGTCGAAATTGCCGGCCTTGCTCCAGTCCCT
CATTGTGGCATGATGCTTGCAGATTTTGGAGCCGATGTGACTGTTATCGATAAA

Exon II (84 bp):

AAAAATCCGGCAATTGAACAACGTCTGAATCGTGGAAAAACAATGAAGCAGCTCGATTTG
AAAAACCCAGAAGATATTAAAAAG

Exon III (196 bp):

GTTCGAGATCTGTGCCAAACAAGTGATGTGTTGCTGGATCCCTACAGACCGGGAACTCTA
GAGAAAATGGGTTTGGATCCATCAACGTTGTGGAATAATAATAAGGGGTTAATTATCTGT
AAAATAAGTGGTTACGGTCAAACAGGGAGAATGAGCCAAGAAACTGGACATGATATCAAT
TATGTGGCATTGAGTG

Exon IV (135 bp):

GTATGCTTCCAACGTTCTCTGGAGTCAATGCAACACGGCCATGGCCTCCTGCAAATATGC
TGGCTGATTTTGCTGGCGGTGGTTTGTCAGCCGCATTTGGAATTCTGTCAGCAATTTATG
CAAGATCTCATAATG

Exon V (139 bp):

GAGGCAAAGGATGCTTGTTAGACTGCTCGATGACCGAAGGTGTTGCTTATTTGTCTTCGT
TTGTACAGCATTACTATGACCAACCGAACCTGTTCACTGACAAATATGCATTATTTAGTG
GTGAATGTCCGATTTACAG

Exon VI (188 bp):

GACATATAAAACGAAAGATGACAAGTTTGTAGCAGTTGGAGCAGTTGAGCCGAAGTTCTA
TCAAAATTTGTTCAAATTATTGAATGTAGATGGACGTGACTTGTTCGTAAATCCCG

Exon VII (167 bp):

GCCAAGAATGCTGTGTAACTCCAGTTTTGGATATTCATGAAGTCGGATCTTATGGTCAGC
ATGTCGACCGTAATAGTTTTACCAAAACAAGTAGTAATTGGATCGCAAATCCTTCTCCCA
GAGTCTGGACGCAAGATGAGTTGGCTGCACTTTCGTCAAAGAAATGA

b) C24A3

Exon I (114 bp):

AATGTCACGTCTTTTATCCGGAATTAAAGTTGTCGAGCTTGGTGGCCTTGCTCCAGTTCC
TTTTTGCGGCATGATTCTTGCAGATTTTGGAGCCGATGTTACTGTTATTGATAAG

Exon II (84 bp):

AAAAACCCAACAGTCGAACAAAGGATGAATCGTGGAAAGTCGATGAAGGAATTTGATTTG
AGAAAATCTGAAGATATAAAAAAG

Exon III (196 bp):

GTTCGCGACCTCTGCCGTACCAGTGATGTTCTACTTGATCCATATCGGCCAGGAACCCTT
GAGAAAATGGGATTAGATCCGCTATCATTATGGAATGACAATAAAGGACTTATCATCTGT
AGAATCAGTGGGTATGGTCAAACGGGAAGAATGAGTCAAGAAGCCGGTCATGATATTAAT
TACGTGGCAATGAGCG

Exon IV (135 bp):

GTATGCTTCCCACATTTGCTGGAGCAGAGGCATCGCGTCCATGGCCACCGGTCAACATGC
TTGCAGATTTTGCTGGTGGTGGTTTGTCAGCTGCATTTGGAATTGTCTCCGCAATTCACG
CTAGAACTCACAACG

Exon V (139 bp):

GAGGACAAGGGTGCGTTCTGGATTGTTCAATGACCGAAGGTGTTGCATATTTGGCATCTT
TCGTGCAGTATTACTATGAACAATCTCACTTGTTCACTGACAAGTATGCGGCATTTACTG
GCGAATGTCCTATTTATCG

Exon VI (188 bp):

AACATACAAGACAAAAGATGGTAAATTCATGGCTGTAGGACCACTCGAACCAAAGTTCCA
TCAGAAAATGTTTCAAGTTTTGGGTGTAAATGGCGATGATCTGTTTTCGGAACCCGAGAG
GATCACAAAAGTTTTGGAAGAGACATTCCTACAGAAGACTCGGGATGAATGGTCAAGCAT
TTTCGAAG

Exon VII (167 bp):

GGCAGGATTGTTGCGTGACGCCCGTTCTAGATATTCATGAAGTCGGCACGTACGGACAAC
ATGTTGATCGTCAAAACTTTACAAAAAATGACAAGTTTGGTAGCACATGGATAGCAAAAC
CTTCTCCTAGAGTAAAGACGCCGGAGGAACTGTTTGCGGCGCGGTCCAAGCTGTGAAATT
GTAATCTTCTCTCTTCTTTTTTCGCAAAATGTTTATTCTATATTCTTAGCTTTGGTTGCT
TACTGACTTTTGTTTGTATAAAGATTTGGGCAAACTTAAATGAAATTCATTGTTT

Sequenzvergleich des STS-Klons WI-16117 mit der humanen α-Methylacyl-CoA-Racemasesequenz

Bezeichnung	BP	A	C	G	T/U	Sequenzposition
human cDNA	2045	526	441	526	548	1 - 2045
WI-16117	412	139	56	75	135	1255 - 1666

```
                          1260       1270       1280       1290       1300
human cDNA    1251 GGCTCAAGTG AATTTGAATA CTGCATTTAC AGTGTAGAGT AACACATAAC
WI-16117        -4 ....****** ********** ********** ********** **********

                          1310       1320       1330       1340       1350
human cDNA    1301 ATTGTATGC- ATGGAAACAT GGAGGAACAG TATTACAGTG TCCTACCACT
WI-16117        47 *********C ********** ********** ********** **********

                          1360       1370       1380       1390       1400
human cDNA    1351 CTAATCAAGA AAAGAATTAC AGACTCTGAT TC-TACAGTG ATGATTGAAT
WI-16117        97 ********** ********** ********** **C******* **********

                          1410       1420       1430       1440       1450
human cDNA    1401 TCTAAAAATG GTTATCATTA GGGCTTTTGA TTTATAAAAC TTTGGGTACT
WI-16117       147 ********** ********** ********** ********** **********

                          1460       1470       1480       1490       1500
human cDNA    1451 TATACTAAAT TATGGTAGTT ATTCTGCCTT CC-AGTTTGC TTGATATATT
WI-16117       197 ********** ********** ********** **C******* **********

                          1510       1520       1530       1540       1550
human cDNA    1501 TGTTGATATT AAGATTCTTG ACTTATATTT TGAATGGGTT CTAGTGAAAA
WI-16117       247 ********** ********** ********** ********** **********

                          1560       1570       1580       1590       1600
human cDNA    1551 AGGAATGATA TATTCTTGAA GACATCGATA TACATTTATT TACACTCTTG
WI-16117       297 ********** ********** ********** ********** **********

                          1610       1620       1630       1640       1650
human cDNA    1601 ATTCTACAAT GTAGAAAATG AGGAAATGCC ACAAATTGTA TGGTGATAAA
WI-16117       347 ********** ********** ********** ********** **********

                          1660       1670       1680       1690       1700
human cDNA    1651 AGTCACGTGA AA-CAGAGTG ATTGGTTGCA TCCAGGCCTT TTGTCTTGGT
WI-16117       397 ********** **G***.... .......... .......... ..........

                          1710       1720       1730       1740       1750
human cDNA    1701 GTTCATGATC TCCCTCTAAG CACATTCCAA ACTTTAGCAA CAGTTATCAC
WI-16117       447 .......... .......... .......... .......... ..........
```

7.2 Abkürzungsverzeichnis

Verwendete Abkürzungen (außer SI-Einheiten):

Å	Angström, 1 Å = 0.1 nm
AAA	*ATPase associated with diverse cellular activities*
abs.	absolut
Ac	Acetyl-
AS	Aminosäure
Ak	Antikörper
ALD	Adrenoleukodystrophie
ALP	alkalische Phosphatase
Amp	Ampicillin
APS	Amoniumpersulfat
ATP	Adenosintriphosphat
BCIP	5-Bromo-4-chloro-indoxylphosphat
bp	Basenpaare
BPB	Bromphenolblau
BSA	Rinderserumalbumin
c	Konzentration
CAT	Chloramphenicol-Acetyltransferase
cDNA	mRNA komplementäre DNA
CHO	*chinese hamster ovary*
CM-	Carboxymethyl-
CoA	Coenzym A
conc.	konzentriert
Da	Dalton
DC	Dünnschichtchromatographie
DCIP	Dichlorphenolindophenol
DEAE	Diethylaminoethyl-
DH	Dehydrogenase
DHCA	$3\alpha,7\alpha$-Dihydroxy-5β-cholestan-26-säure
DHAP-AT	Dihydroxyacetonphosphat-Acyl-Transferase
DMF	Dimethylformamid
DMSO	Dimetylsulfoxid
DNA	Desoxyribonucleinsäure
ddNTP	2´,3´-Didesoxy-nucleosid-5´-triphosphat
dNTP	Desoxynucleosid-5'-phosphat
dsDNA	Doppelstrang-DNA
DTT	Dithiothreitol
E.coli	Escherichia coli
EDTA	Ethylendiamintetraessigsäure
EE	Essigsäureethylester
ER	Endoplasmatisches Retikulum
EtBr	Ethidiumbromid

EtOH	Ethanol
FCA	komplettes Freud´sches Adjuvans
FIA	inkomplettes Freud´sches Adjuvans
Frkt.	Fraktion
FS	Fettsäure
GC	Gaschromatographie
grav	Gravitationskraft
HA	Hydroxylapatit
HMS	hochmolekularer DNA-Größenstandard
HPLC	Hochdruck-Flüssigkeitschromatographie
hum, h	*human*
[I]	Inhibitorkonzentration
Ibuprofen	2-(4-Isobutylphenyl)-propionsäure
i.m.	intramuskulär
IMAC	immobilisierte Metallionen-Adsorptionschromatographie
iPrOH	Isopropanol
IPTG	Isopropyl-β-thiogalactopyranosid
IRD	infantile Form des Refsum-Syndroms
IS	Immunserum
kbp	Kilobasenpaare
k_D	Dissoziationskonstante
k_M	Michaelis-Menten-Konstante
kDa	Kilodalton
LB	Luria Broth
LCFA	langkettige Fettsäure
LDH	Lactat-Dehydrogenase
LM	Lösungsmittel
LMS	niedermolekularer DNA-Größenstandard
Lsg.	Lösung
MeOH	Methanol
MES	2-N-Morpholinomethansulfonsäure
MOPS	3-N-Morpholinopropansulfonsäure
mRNA	messenger Ribonucleinsäure
MTS	*mitochondrial targeting signal*
Myristinsäure	Tetradecansäure
NALD	neonatale Adrenoleukodystrophie
NBT	Nitroblautetrazoliumchlorid
NP-40	Nonidet P-40
Nt	Nukleotide
Nycodenz	5-(N-2,3-Dihydroxypropylacetamido)-2,4,6-triiodo-N,N´-bis-(2,3-dihydroxypropyl)-isophtalamid
OAc	Acetat
OD_x	optische Dichte bei x nm
OS	Octylsepharose
Ox	Oxidase
PAF	*peroxisome assembly factor-1*

PAGE	Polyacrylamid-Gelelektrophorese
Palm	Palmitinsäure (Hexadecansäure)
P-CoA	Palmitoyl-CoA
PH 1	Hyperoxalurie Typ I
Phytansäure	3,7,11,15-Tetramethylhexadecansäure
Phytol	3,7,11,15-Tetramethylhexadec-2-en-1-ol
PMSF	Phenylmethansulfonfluorid
pNPP	para-Nitrophenylphosphat
PPAR	*peroxisome proliferator activated receptor*
PPRE	*peroxisome proliferator responsive element*
Pristansäure	2,6,10,14-Tetramethylpentadecansäure
Pristensäure	2,6,10,14-Tetramethylpentadec-2-ensäure
PTS	*peroxisomal targeting signal*
R(Ω)	Rotationsfunktion
Rac.	Racemase
RB	Reactive Blue
RBr	Reactive Brown
RCDP	rhizomelische Chondrodysplasia punctata
red.	reduziert
R_F	relative Mobilität
RG	Reactive Green
Rkt.	Reaktion
RP	*reversed phase*
RNA	Ribonucleinsäure
RR	Reactive Red
RT	Raumtemperatur
RXR	Retinol-X-Rezeptor
RY	Reactive Yellow
[S]	Substratkonzentration
Sacc.	Saccharose
s.c.	subcutan
SD	Standardabweichung
SDS	Natriumdodecylsulfat
SV	Säulenvolumen
TB	Terrific Broth
TBS	Tris-gepufferte Salzlösung
TCA	Trichloressigsäure
TEMED	N,N,N´,N´-Tetramethylenethylendiammin
THCA	3α,7α,12α-Trihydroxy-5β-cholestan-26-säure
Tris	Tris(-hydroxymethyl)-aminomethan
rpm	Umdrehungen pro Minute
U	Unit [µmol/min]
ÜNK	Übernachtkultur
UV	Ultraviolett
VLCFA	überlangkettige Fettsäure
ZS	Zellweger-Syndrom (Cerebrohepatorenales Syndrom)

TEMED	N,N,N´,N´-Tetramethylenethylendiammin
THCA	$3\alpha,7\alpha,12\alpha$-Trihydroxy-5β-cholestan-26-säure
Tris	Tris(-hydroxymethyl)-aminomethan

Die Ein- und Dreibuchstabenabkürzungen für die jeweiligen Aminosäuren entsprechen den Richtlinien der UIPAC-IUB-Komission für Biochemische Nomenklatur [*Eur. J. Biochem.* (1984) **138,** 9].

Schriftenverzeichnis

Teile dieser Arbeit wurden bereits veröffentlicht:

A. Originalarbeiten

[1] Schmitz, W., Albers, C., Fingerhut, R. & E.Conzelmann (1995). Purification and Characterisation of an α-methylacyl-CoA Racemase from human liver. *Eur. J. Biochem*. **231**, 815-822

[2] Albers, C., Schmitz, W., Nanda, I. & E.Conzelmann (1999). Human α-methylacyl-CoA racemase: complete cDNA sequence, genomic organization and chromosomal localization. *in Vorbereitung*

B. Tagungsbeiträge

[1] Schmitz, W., Albers, C. & E.Conzelmann (1995) An 18 year old boy with generalized peroxisome deficiency. International symposium: Peroxisomes: Biology and Role in Toxicology and Disease. 28. Juni – 2. Juli 1995, Aspen, Colorado.

Danksagung

Die vorliegende Arbeit wurde unter Betreuung von Prof. Dr. Ernst Conzelmann am Lehrstuhl für Physiologische Chemie II im Theoder Boveri Institut der Julius-Maximilians-Universität Würzburg durchgeführt.

Mein besonderer Dank gilt Herrn Prof. Dr. Ernst Conzelmann für seine hilfreiche Diskussionsbereitschaft und die zu jeder Zeit gewährte großzügige Unterstützung bei der Bearbeitung des Themas.

Herrn Prof. Dr. R. Benz danke ich für die Betreuung dieser Arbeit als Gutachter der Fakultät Biologie.

Frau Regina Mayer danke ich für ihre freundliche Hilfsbereitschaft.

Allen Mitarbeitern der Physiologischen Chemie, die diese Arbeit durch ihre Diskussions- und Hilfsbereitschaft unterstützt haben, möchte ich für die gute Zusammenarbeit danken.

Lebenslauf

Persönliche Daten

Christine Albers
geboren am 24.09.1967 in Cuxhaven
eine Tochter, geb. am 04.01.99

Bildungsweg

1973 – 1977	Besuch der Katholischen Grundschule in Bad Iburg
1977 – 1979	Besuch der Orientierungsstufe in Bad Iburg
1979 – 1986	Besuch des Gymnasiums in Bad Iburg, Abschluß: Allgemeine Hochschulreife
1986 - 1994	Studium der Biologie an der Bayerischen Julius-Maximilians-Universität zu Würzburg
1993	Mündliche Diplomprüfung in Biologie
1993 – 1994	Diplomarbeit am Lehrstuhl Physiologische Chemie II des Theodor- Boveri-Insituts der Universität Würzburg bei Prof. Dr. E. Conzelmann; Thema: „Reinigung und Charakterisierung der Pristanoyl-CoA-Oxidase“
1994 - 1999	Dissertation am Theodor-Boveri-Insitut, Lehrstuhl Physiologische Chemie II, der Universität Würzburg bei Prof. Dr. E. Conzelmann; Thema: „Reinigung und Charakterisierung der α-Methylacyl-CoA-Racemase aus menschlicher Leber“

Assistententätigkeit

1993 – 1999	wissenschaftliche Mitarbeiterin am Lehrstuhl für Physiologische Chemie II des Theodor-Boveri-Insituts der Universität Würzburg

Ehrenwörtliche Erklärung

Ich erkläre hiermit ehrenwörtlich, daß ich die Dissertation „Reinigung und Charakterisierung der α-Methylacyl-CoA-Racemase aus menschlicher Leber“ selbständig angefertigt habe und keine anderen als die von mir angegebenen Quellen und Hilfsmittel benutzt habe.

Ich erkläre außerdem, daß diese Dissertation weder in gleicher noch in einer anderen Form in einem anderen Prüfungsverfahren vorgelegen hat.

Außer den mit dem Zulassungsgesuch urkundlich vorgelegten Graden habe ich keine weiteren akademischen Grade erworben oder zu erwerben versucht.

Würzburg, den 26.11.99