

# Programm

- 9:00** Eröffnung durch den Dekan  
**Prof. Dr. Ulrich Heiz**  
Grußwort des Vorsitzenden der Hans-Fischer-Gesellschaft  
**PD Dr. Wolfgang Eisenreich**
- 9:30** **Hans-Fischer-Preisverleihung mit Vortrag des Preisträgers**
- 10:30** Kaffeepause
- 11:00** **Prof. Dr. Roger S. Goody**  
MPI f. molekulare Physiologie, Dortmund  
*Posttranslationale Modifikation von Rab Proteinen*
- 11:45** **Prof. Dr. Peter H. Seeberger**  
MPI f. Kolloid- und Grenzflächenforschung, Potsdam  
*Vom Zucker zum Impfstoff*
- 12:30** Mittagspause
- 13:45** **Prof. Dr. Christian Obinger**  
Universität f. Bodenkultur, Wien  
*Modulation of catalytic functions in heme peroxidases and catalases*
- 14:30** **Prof. Dr. Christian Becker**  
Technische Universität München  
Universität Wien  
*Synthese posttranslational modifizierter Proteine*
- 15:15** Kaffeepause
- 15:45** **Prof. Dr. Thomas Dierks**  
Universität Bielefeld  
*Formylglycine – posttranslational generation of a novel catalytic functionality*
- 16:30** **Prof. Dr. Achim Kramer**  
Charité Berlin  
*Posttranslational mechanisms in the mammalian circadian clock*
- 18:30** **Abendessen**

Hans-Fischer-Gesellschaft e.V.

PD Dr. W. Eisenreich  
Vorsitzender  
Prälat-Michael-Höckstr. 27  
85354 Freising



TECHNISCHE  
UNIVERSITÄT  
MÜNCHEN

19. Hans-Fischer-Symposium für  
Bioorganische Chemie

7. November 2011

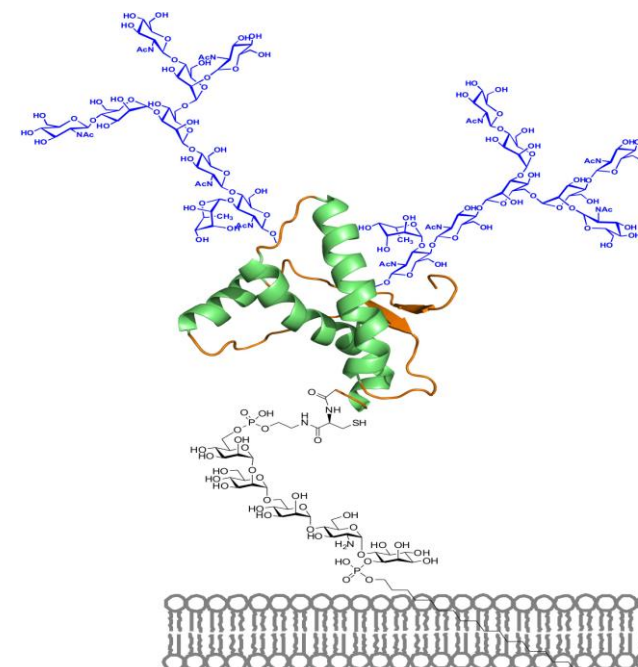
Technische Universität München

Department Chemie  
Lehrstuhl für Biochemie  
Prof. Dr. Michael Groll

Tagungsort:  
Department Chemie der TUM  
Hans-Fischer Hörsaal  
Lichtenbergstr. 4  
85747 Garching

Informationen:  
Technische Universität München  
Lehrstuhl für Biochemie  
Ute Kashoa  
ute.kashoa@ch.tum.de

## Posttranslationale Modifikation: Funktionsregler von Proteinen



## Posttranslationale Modifikation von Rab Proteinen

**Prof. Dr. Roger S. Goody**

Rab Proteine sind GTP/GDP bindende Mitglieder der Ras-Superfamilie. Sie sind essentielle Regulatoren von Transportprozessen innerhalb der Zelle, insbesondere zwischen Membran umschlossenen Kompartimenten. Um ihre Aufgabe zu erfüllen, müssen sie nahe am C-Terminus post-translational mit Lipidresten (Geranylgeranyl-gruppen) versehen werden. Bei den meisten der über 60 bekannten Rab-Proteine handelt es sich um Modifikationen mit zwei solchen Resten, bei einigen mit nur einem Rest. Zusätzlich sind manche Rab Proteine C-terminal methyliert. Diese Modifikationen sind für die reversible Bindung der Proteine an Membranen verantwortlich. Eine wichtige Fragestellung betrifft die Mechanismen, die für die Anheftung der einzelnen Rab Proteine an spezifische Membranen zuständig sind. Als Beispiel treten bei Infektion von menschlichen Zellen durch *Legionella pneumophila* bestimmte bakterielle Proteine mit Rab 1b der Wirtszellen in Wechselwirkung. Dabei kommt es zu einer neu gefundenen Modifikation des Rab Proteins durch kovalente Modifikation mit Adenosinmonophosphat. Welche Rolle diese Modifikation in physiologischen und pathologischen Zuständen spielt, ist Gegenstand der Forschung.

MPI f. molekulare Physiologie, Dortmund

## Vom Zucker zum Impfstoff

**Prof. Dr. Peter H. Seeberger**

Viele Pathogene wie Bakterien, Pilze, Viren und Parasiten haben spezifische Oligosaccharide auf ihrer Zelloberfläche. Derzeit gibt es Kohlenhydrat-Impfstoffe gegen drei bakterielle Krankheiten: *H. influenza* Typ B (Hib), *S. pneumoniae* (Pevnar) und *N. meningitidis* (Menactra). All diese Impfstoffe basieren auf isolierten Polysacchariden. Da viele Pathogene nicht kultiviert werden können und es oft extrem schwer ist, Oligosaccharide zu isolieren, bieten synthetische Oligosaccharidantigene eine gute Alternative. Basierend auf der von uns entwickelten automatisierten Oligosaccharidsynthese-Plattform entwickeln wir nun eine Vielzahl von Impfstoff-kandidaten. Mehrere Antigene gegen Krankenhauskeime, Bakterien, Pilze und Parasiten sind derzeit in verschiedenen Entwicklungsstadien.

MPI f. Kolloid- u. Grenzflächenforschung, Potsdam

## Modulation of catalytic functions in heme peroxidases and catalases

**Prof. Dr. Christian Obinger**

Heme proteins carry out a myriad of different biological functions, including oxygen transport and reduction, electron transfer or redox catalysis. It is challenging to investigate and understand the role of (posttranslational) modifications of the prosthetic group and its protein environment in finetuning of biophysical and biochemical features of these oxidoreductases. This lecture focuses on heme peroxidases and catalases. It highlights the role of heme to protein linkages in modulation of the redox and enzymatic properties of human peroxidases and the impact on the function of these enzymes in immune defence and hormone biosynthesis. In addition the lecture discusses the modification of amino acid residues at the active site of catalases and the consequences for catalysis.

BOKU, University of Natural Resources and Life Sciences, Wien

## Synthese posttranslational modifizierter Proteine

**Prof. Dr. Christian Becker**

Die Fähigkeit Proteine im Labor herzustellen und ihre Eigenschaften kontrolliert zu verändern, ist von großer Bedeutung für die biologische Grundlagenforschung, für die Biotechnologie und medizinische Anwendungen. Wir nutzen chemoselektive Reaktionen zum Aufbau von Proteinen ausgehend von synthetischen Peptiden (chemische Proteinsynthese) und durch Verknüpfung synthetischer Peptide mit biotechnologisch produzierten Proteinen (Semi-synthese). Diese Ansätze ermöglichten die Untersuchung verschiedener Proteineigenschaften, wie Faltung, biologische Aktivität und Wechselwirkung mit anderen Proteinen, in Abhängigkeit von spezifischen posttranslationalen Modifikationen, die auf anderen Weg nur schwer oder gar nicht zugänglich sind. Beispiele für die Synthese und die funktionellen Konsequenzen von Modifikationen, wie Lipidierung und Phosphorylierung, werden vorgestellt.

Technische Universität München, Universität Wien

## Formylglycine – posttranslational generation of a novel catalytic functionality

**Prof. Dr. Thomas Dierks**

Formylglycine (FGly) is the key residue of sulfatases that acts as an aldehyde hydrate in a novel hydrolytic mechanism. We identified the FGly-generating enzyme (FGE), an unusual monooxygenase oxidizing a conserved cysteine within a CxPxR signature at an early step of protein folding in the ER (eukaryotes) or cytosol (prokaryotes). In bacteria we further found the cysteine- or serine-converting enzyme AtsB, which anaerobically generates FGly through [Fe<sub>4</sub>-S<sub>4</sub>]-initiated formation of an adenosyl radical as oxidative species. FGE and AtsB allow generation of genetically encoded FGly-aldehyde tags in engineered proteins. The tag is small in size, physiologically compatible and expands the molecular toolbox for site-specific labeling and defined conjugation of proteins, with promising applications in basic research, biotechnology and pharmacology.

Universität Bielefeld

## Posttranslational mechanisms in the mammalian circadian clock

**Prof. Dr. Achim Kramer**

In almost every cell of mammals, molecular circadian oscillations are essentially generated by a negative transcriptional-translational feedback loop: A multi-protein complex is rhythmically built up in the cytoplasm, undergoes posttranslational changes and – after a delay of several hours – translocates to the nucleus to inhibit the transcription of some of its key components at the appropriate time. Critical to the properties of this oscillator is the delay between the production of the complex components (such as PER and CRY proteins) and their auto-repression. Posttranslational events such as complex formation, nuclear import and export, regulated degradation, and modulation of transcriptional activity have been implicated in the generation of this delay. In many cases, phosphorylation of clock proteins is the key step that both initiates these events and regulates their correct timing. For example, phosphorylation of PER proteins regulates their stability as well as their sub-cellular localization. Using mass spectrometry, systematic RNAi screening and circadian clock phenotyping, we have (i) mapped phosphorylated residues of mPER2, (ii) identified kinases and phosphatases that regulate these phosphorylations and (iii) characterized their roles for circadian clock dynamics.

Charité Berlin