

Über Symmetrien von Funktionen und Strukturen in der Zelle

von
Jörg KLIMA

(Aus dem Institut für Elektronenmikroskopie der Universität Innsbruck;
Kuratoren: Univ.-Prof. Dr. W. HEISSEL und Univ.Prof. Dr. A. SCHINZEL)

Synopsis: Not only structures, even functions of a cell — if figured spatially — can be subject to an analysis of their symmetries. Translation, rotation, bisection, antisymmetry, and their combinations are used as symmetry operations. In biology not only a strictly mathematical, but also a statistical symmetry has to be considered. The degenerated code of amino acids contains a twofold rotation axis, if their exchange by mutations is taken into account. The single strand of the Watson-Crick-helix responsible for the synthesis of the messenger RNA for hemoglobin contains a strong accumulation of cytosin at each first point of the codon, which hardly can be explained by randomness.

A survey of elements of symmetry in the cell is given (Tab. 1).

For mitochondria the attempt is made to find a correlation between "geometrical" structure and functional boundary conditions.

Die Erforschung der Symmetrien in den mikroskopischen Bereichen des Lebens wurde, sofern es sich nicht um Skelett- und Schalenbildungen handelte, sehr lange vernachlässigt, obwohl der Symmetriecharakter der Organismen schon sehr früh beachtet wurde. Das war nicht zuletzt dadurch bedingt, daß geeignete Untersuchungsmethoden zur Feststellung von Symmetrien der protoplasmatischen Zellbestandteile und der Zellen weitgehend fehlten. Durch die neuen technischen Möglichkeiten der Röntgendifraktion und der Elektronenmikroskopie liegen diese Methoden aber heute weitgehend vor. In der folgenden Arbeit soll ein erster Überblick über das Vorkommen bestimmter Symmetrien und der Problematik, die sich daraus für die Funktion und das Wachstum der Zelle ergibt, versucht werden.

Als Symmetrie betrachten wir dabei mit Bruno SANDER (1948) „irgendwelche Gleichheiten in solchen Raumlagen, welche durch die Symmetrieoperationen ineinander übergehen". Diese Gleichheiten können von jeglicher Art sein und sie können einander auch nur statistisch entsprechen und nicht streng mathematisch, d. h., daß man sie als Probe aus derselben Gesamtheit entnommen ansehen darf. Als Symmetrieoperationen bezeichnen wir Spiegelung, Drehung, Translation und — gegenüber der Mineralogie neu — die Antisymmetrie, die die gesetzmäßige Entsprechung zwischen zwei verschiedenen Gleichheiten beinhaltet. (Etwa: Ein schwarzer Punkt

wird in einen weißen Punkt verwandelt, ein schwarzes Dreieck in ein weißes, ein Kreis in ein Dreieck, Adenin in Thymin etc.) Auf Grund welcher Bedingungen kann Symmetrie entstehen?

1. Als Packungssymmetrie, die durch die Eigenschaften der Bausteine bestimmt ist.
 2. Als Abbildungssymmetrie symmetrischer Gebilde oder symmetrischer Kraftfelder.
 3. Als räumliche Abbildungen zeitlicher Rhythmen.
 4. Durch Nachbau von asymmetrisch oder anders symmetrisch codierter Information.
- Dies betrifft die Symmetrien von Strukturen.

Wenn man darüber hinaus noch über Symmetrien von Funktionen sprechen will, muß man die Funktionen nach bestimmten Regeln räumlich abbilden und die Symmetrien dieser räumlichen Abbildung untersuchen. Bei einer räumlichen Abbildung der Funktionen bleiben die Symmetrien erhalten, wenn man korrespondierende Vertauschung der Plätze der einzelnen Funktionen vornimmt. Funktionen lassen sich als symmetrische Konfigurationen darstellen,

1. wenn sie räumliche Symmetrien funktionell abbilden,
2. wenn sie zeitliche Rhythmen besitzen.

Bei der Untersuchung und Besprechung von Symmetrien ist es zweckmäßig, eine rein beschreibende Stufe streng von einer genetischen Stufe zu trennen, damit man nicht unwillkürlich schon in die Beschreibung vorwegnehmend eine gewisse genetische Bedeutung hineininterpretiert. Im folgenden sollen nun einzelne Beispiele aus den verschiedensten Bereichen der Zelle besprochen werden.

a) Symmetrie von Mutationsumwandlungen der Aminosäuren in Proteinen

Bekanntlich werden die 20 primären Aminosäuren der Eiweißstoffe und ein Endzeichen durch 64 Codetriplets determiniert (MATTHAEI et al., 1965). Der Code ist stark degeneriert, die Redundanz ist nicht statistisch verteilt, sondern zeigt ein regelmäßiges Muster. Trägt man die Aminosäuren in geeigneter Weise auf (Abb. 1), so sieht man unmittelbar die Symmetrieelemente der möglichen Umwandlungen. Ordnet man die Aminosäuren entsprechend ihrer Basencodons und stellt sie entsprechend der ersten Base in Gruppen zusammen, so sieht man, daß die Gruppe Prolin, Leucin, Arginin, Histidin und Glutamin spiegelsymmetrisch zur Gruppe Alanin, Valin, Glycin, Asparaginsäure und Glutaminsäure ist (beide zeigen auch innerhalb der Gruppe eine Spiegelebene). Die zwei anderen Basengruppen entsprechen einander über eine zweizählige Drehachse. Sie haben aber innerhalb derselben keinen spiegelsymmetrischen Aufbau mehr, obwohl die Bilateralität bis auf eine Störstelle noch weitgehend gewahrt ist. Es entspricht die Gruppe Threonin, Arginin, Lysin, Asparagin, Serin, Methionin, Isoleucin und Alanin der Gruppe Serin, Phenylalanin, Tyrosin, Leucin, Leucin, Cystein, End-Codon („nonsense“-Triplet), Tryptophan. Man sieht, daß vier Aminosäuren an morphologisch verschiedenwertigen

gen Plätzen zwei- oder mehrfach aufscheinen: Leucin an drei Plätzen, Arginin, Serin und Alanin jeweils an zwei verschiedenenrangigen Plätzen. Innerhalb der Aminosäuregruppen sind die einzelnen, durch einen Mutationsschritt möglichen Umwandlungen bis auf wenige Ausnahmen spiegelsymmetrisch verteilt. Auch genügen die

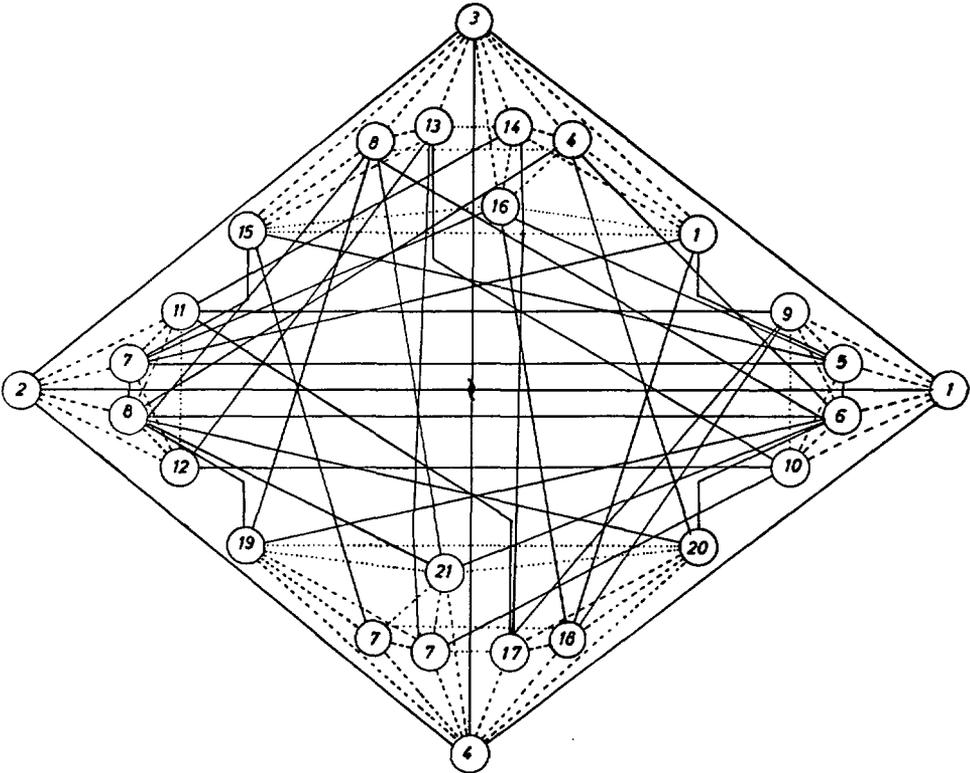


Abb. 1: Schema der möglichen Umwandlungen der Aminosäuren innerhalb der Primärstruktur eines Proteins durch Punktmutationen.

- Veränderung der letzten Base des Codons (Wechsel von Purin zu Pyrimidin; nur in zwei Ausnahmefällen Pyrimidin zu Purin: U→C, A→G).
- Veränderung der mittleren Base des Codons.
- Veränderung der ersten Base des Codons.

1 = Ala	2 = Pro	3 = Tre	4 = Ser	5 = Val	6 = Gly
7 = Leu	8 = Arg	9 = Asp	10 = Glu	11 = His	12 = Gln
13 = Lys	14 = Asn	15 = Met	16 = Ilu	17 = Tyr	18 = Phe
19 = Try	20 = Cys	21 = End-Codon ("nonsense"-Triplet").			

Gruppe 1 und 2 sind bilateral symmetrisch und zueinander spiegelsymmetrisch; Gruppe 3 und 4 sind asymmetrisch und besitzen zueinander eine zweizählige Drehachse.

Alle Mutationsschritte genügen der zweizähligen Drehachse. Eine große Anzahl erfüllt darüberhinaus die Forderung der Spiegelsymmetrie.

meisten Mutationsschritte, die zwischen diesen vier Gruppen die Aminosäuren ineinander überführen, der Forderung nach Spiegelsymmetrie. Alle übrigen Umwandlungen aber zeigen eine zweizählige Drehachse und keine einzige ist überhaupt asymmetrisch. Das Code-Problem ist heute soweit gelöst, daß das Überwiegen der Spiegelsymmetrie der Mutationsumwandlungen als durchaus gesichert angesehen werden muß. Abweichungen von dieser Spiegelsymmetrie können heute noch nicht sicher dahingehend entschieden werden, ob es Anzeichen sind für noch mögliche Fehler innerhalb der Interpretation des Codes (theoretisch ist ohne weiteres ein degenerierter Code nach einem ähnlichen Schema wie Abb. 1 zu entwickeln, der den Bedingungen der Spiegelsymmetrie völlig genügt), oder ob es sich um effektive Abweichungen des Codes von der Spiegelsymmetrie handelt.

Zur Genese kann heute daher noch sehr wenig gesagt werden. Immerhin aber scheint es erwägenswert, an den evolutiven Anfang der Eiweißsprache eine um eins verringerte Zahl von Aminosäuren zu stellen, deren Mutationsumwandlungen zwei aufeinander senkrecht stehende Spiegelsymmetrien und eine vierzählige Drehachse besitzen. Es scheint vernünftig, dies durch Eliminierung der doppelt auftretenden Aminosäuren zu erzielen. Da das Endzeichen unersetzlich ist, muß eine Aminosäure, wahrscheinlich Tryptophan oder Tyrosin, gefehlt haben.

b) Symmetrien in der Primärsequenz von Makromolekülen

Die auffallendsten und in ihrer strengen Gesetzmäßigkeit fast an Kristallgitter erinnernden Primärsequenzen von Makromolekülen finden sich bei den Skelettsubstanzen pflanzlicher Zellwände. Ein bestimmter Baustein kehrt in immer wiederholter Anordnung mit gesetzmäßigen Verknüpfungen wieder.

Innerhalb dieser Kettenmoleküle herrscht also eine Translationssymmetrie; dabei können die einzelnen Elemente relativ einfach — wie z. B. bei der Zellulose — oder sehr komplex — wie bei den Polysacchariden und den Mucopeptiden der Bakterien (WESTPHAL u. LÜDERITZ, 1963) — sein. Die Zellulosemoleküle treten zu Elementarfibrillen zusammen. Diese bauen in Streutextur eine primäre Zellwand der Pflanzen auf. Beim Streckungswachstum wird dann durch Verzerren dieser Streutextur eine Vorzugsrichtung aufgeprägt. Die Natur der Vernetzung der Mucopeptide zu einem einzigen sackförmigen Makromolekül (WEIDEL u. PELZER, 1965) ist leider noch unbekannt. Sicher sind die Zucker (N-Acetyl-Glucosamin und Muraminsäure) über C_1 und C_4 glucosidisch verknüpft. Wie aber die Vernetzung senkrecht zur Zuckerkette erfolgt, ob als Peptidbindung zwischen den endständigen Aminosäuren oder über Zwischenglieder noch unbekannter Verbindungen, ist vorerst ungeklärt. In jedem Fall aber kann sich die Zellmembran der Bakterien prinzipiell ins unendliche vergrößern; allerdings nicht durch Anlagerung an einen freien Rand, sondern durch Einbau in die schon bestehende Struktur. Das Makromolekül wird aufgetrennt und weitere Bausteine eingefügt. Dabei scheinen sich die einzelnen Bausteine statisch homogen zu verteilen.

Bedeutend ist die Frage, ob es innerhalb der genetischen Information symmetrische Strukturen gibt. Leider können wir die genetische Information noch an keiner Stelle direkt auflösen. Wir können nur über den Code Rückschlüsse ziehen und können dazu auch nur mit ziemlicher Genauigkeit, wenn auch mit einem kleinen Fehler, jene Aminosäuren, deren erste Base im Triplet Cytosin ist, benützen (in der messenger-RNA ist die entsprechende Base Guanin). Das ist die Gruppe Alanin, Valin, Asparaginsäure, Glutaminsäure und Glycin. Leider kommt ein zweites Mal Alanin im Code vor, allerdings nur in einem einzigen Basentriplet. Diesen geringen Fehler muß man in Kauf nehmen. Da man die Aminosäuresequenz bestimmter Eiweißstoffe kennt, kann man die Häufigkeit der Base Cytosin in diesem Abschnitt an jedem dritten Platz der Halbkette der Watson-Crick-Schraube bestimmen. (Die einfachste Symmetrie wäre dann ein statistisch gesicherter Überschuß von Cytosin als Translationssymmetrie.) Bei einer streng statistischen Verteilung der Basen dürfte dieser Wert nicht höher als 0,25 sein; wenn man berücksichtigt, daß wir bei bestimmten Formen ein abweichendes Basenverhältnis vorfinden, kann sich dieser Wert verschieben. Beim Menschen z. B. beträgt der durchschnittliche Anteil von Cytosin am Basenverhältnis 0,195. Die Hämoglobinkette (Primärsequenz aus ZUCKERKANDL, 1965) entspricht einem verhältnismäßig langen Abschnitt von Nucleotidbasen, und man kann hier eindeutig zeigen, daß dieser Abschnitt stark vom Durchschnittsbasenverhältnis abweicht. Die einzelnen Cytosin-Werte der Hämoglobingene liegen für die α -Kette des Menschen mit dem niedrigsten Wert bei 0,429, für die γ -Kette bei 0,432, für die δ -Kette bei 0,466 und für die β -Kette mit dem höchsten Wert bei 0,479. Das sind aber so starke Abweichungen gegenüber dem Durchschnittswert (0,195), daß sie nicht mehr als Zufallsschwankungen angesehen werden können, da die Zahl der berücksichtigten Basen 141 im Fall der α -Kette und 146 bei der β -, γ - und δ -Kette beträgt. Die Zahl der Basen im haploiden Satz beim Menschen ist ca. $6,03 \cdot 10^9$, in dem Halbchromatid also höchstens $3,015 \cdot 10^9$, wenn man das Einstrangmodell als gültig ansieht. Man kann dann nur ca. $6 \cdot 10^9$ unabhängige Abschnitte von 423 Basen herausschneiden. Die Wahrscheinlichkeit, Basenkombinationen mit einem Cytosingehalt von 0,429 oder höher durch eine Zufallskombination zu erhalten, beträgt aber nur ca. $1,2 \cdot 10^{-8}$, d. h. aber, daß nur mit einer Wahrscheinlichkeit von $5 \cdot 10^{-2}$ sich überhaupt ein Abschnitt wie das Hb- α -Gen im gesamten genetischen Material auffinden ließe.

Bei den Primärstrukturen von Eiweißstoffen konnte bisher noch nicht mit Sicherheit eine Symmetrie nachgewiesen werden, die statistisch gegen Zufallshäufungen abgesichert ist. Über kürzere Perioden findet man ja auch in Zufallstafeln immer wieder Zusammenstellungen, die symmetrisch sind.

c) Symmetrien der Quartärstrukturen

Dagegen sind Symmetrien bei Zusammenlagerungen der Eiweißstoffe zur Quartärstruktur weit verbreitet. Eine Translationssymmetrie findet sich in allen Fasertypen,

die wir bisher kennen; aus diesen geordneten Fasern können in der Zelle und auch in der Zwischenzellsubstanz hochgeordnete Gitter aufgebaut werden. Die Orientierung der Fasertypen kann dabei durch Stoffgradienten erzwungen werden, wie Versuche *in vitro* erwiesen haben (THIELE, 1963). Ein besonders komplexes Beispiel solcher Fasergitter ist der Aufbau einer Muskelfibrille. Ihre Elementarfilamente bestehen aus zwei verschiedenen Typen, dünnen Actin- und dicken Myosinfilamenten; die letzteren sind jeweils in einem hexagonalen Gitter geordnet. Je nach dem Organismustyp sind die beiden Gitter verschieden zueinander orientiert. Es können aber die beiden Gitter nicht durch Drehung ineinander umgewandelt werden, da die Muskelfilamente des Säugetiermuskels Actin-ärmer sind und pro Elementarzelle nur zwei Actinfilamente enthalten; dagegen enthalten die quergestreiften Muskeln der Insekten pro Elementarzelle drei Actinfilamente. Die Gegend des Z-Streifens ist eine Gleitspiegelebene, bei der die Gitter der Actinfasern der benachbarten Sarcomere um einen bestimmten Betrag gegeneinander verschoben werden. Das Gitter des Z-Streifens selbst wird durch Aufsetzen von rhombischen Pyramiden auf beide hexagonale Gitter gebildet. Gitter, die wie hier die mineralogischen Symmetrien beachten, können theoretisch ins unendliche wachsen.

Auffallend ist die häufige Verbreitung von Symmetrien, die keine beliebige Vergrößerung des Verbandes durch immer weitere Hinzufügung von Einzelbausteinen erlauben, nämlich 5-, 9- und gelegentlich 7-zählige Symmetrien. So kommen in der Zelle sehr häufig Ikosaeder vor, wenn wir die Eigenschaften der Virus-Elementarkörperchen mitberücksichtigen, die als Modelle für manche Zellbestandteile dienen können. Der bezeichnende Unterschied zwischen mineralogischer Symmetrie und Symmetrie in lebenden Zellen besteht darin, daß in den Mineralien die Bauteile sich zu prinzipiell unendlich ausgedehnten Gittern aneinanderreihen können, während in der lebenden Zelle die symmetrischen Gebilde begrenzt bleiben und z. T. nur in der Einzahl vorkommen. Dementsprechend finden sich hexagonale und kubische Symmetrien häufig dort, wo ein mehr oder weniger unbegrenztes Wachstum erfolgt, z. B. in der Zellwand der Bakterien, nämlich bei den dem Mucopetidschlauch aufgelagerten Proteinmolekülen. Da sich Zellen durch Teilung vermehren und die Zellwand weitergegeben wird, ist sie tatsächlich ein ins unendliche wachsendes Gebilde.

Tabelle 1 gibt eine Übersicht über das Vorkommen bestimmter Symmetriekategorien innerhalb der Zelle, deren denkbare Vermehrungsmodi und in der letzten Spalte die tatsächlich verwirklichten Vermehrungsmechanismen. Teilungen von Zellelementen können prinzipiell nur vorkommen, wenn Translations- oder Spiegelebenen gegeben sind. Da aber die meisten Bauteile aus mehr als einem Molekül aufgebaut sind, kann man solche zumeist erwarten. Vermehrung durch Nachbau ist trivial, erfordert aber eine Informationsquelle. Die Gesamtzelle zeigt nun diese vielfältigen Einzelelemente mit ihren unterschiedlichen Symmetrien in einer typisierbaren Lagebeziehung. Um dies trotz des hohen Wassergehaltes der Zelle durch Packungssymmetrie erklären zu können, muß man annehmen, daß in der Zelle eine Dichtestpackung der Wirkungsradien der Bausteine vorliegt und daß zusätzlich

Tabelle 1: Symmetrieelemente in der Zelle

Symmetrieelemente	Vorkommen	mögliche identische Vermehrung	tatsächliche Vermehrung	
O linear	"single stranded" DNA bzw. RNA	N	Spieglg., Antisymmetriespieglg. Spiegelung Antisymmetriesp. Aufrollen und Spglg. od. Assp.	Antisymmetriespiegl.
O flächig	?			
O körperlich	Eiweißmoleküle			
C, D_2	Enzymmoleküle	A		Nachbau
C, D_3	?			
C, D_4 $D_6/D_3/D_2$	zahlreiche Viren			
$D_6, \bar{S}_m, \bar{T}_n // \bar{T}_k$	Muskelfibrillen	H	Teilg. // D_6 unter SE , Teilg. \bar{D}_6 unter SE	Teilung nach // D_6
C od. D_7 ?	Saugröhrchen der <i>Suctoria</i>	B	?	?
C, D_8	Kernporen	A		
$C_9 + \bar{T}_m$?	Zentriol			
$C_{10} + \bar{T}_m // AS$	"double stranded" DNA			
$C_{18} + \bar{T}_m$	α -Helix-Proteine	A		Nachbau
$D_\infty + \bar{S}_1$	Mitochondrien			
	Chloroplasten			
$D_\infty + \bar{T}_m$	Golgi-Apparat		Teilung unter SE	Teilung unter SE
D_∞ / D_∞	Kernmembran		Teilung unter SV	Auflösg. u. Nachbau

Randbedingungen der Funktionen eingreifen, die die Volums- und Oberflächenverhältnisse oder Oberflächen-Volumsrelationen festlegen. Vorerst wissen wir von diesen funktionellen Beziehungen zu wenig, um auch nur für einen einfachen Zelltyp dieses Konzept rechnerisch lösen zu können. Dagegen zeigen sich bei einzelnen Zellorganellen solche Möglichkeiten.

Die Mitochondrien sind Zellorganellen, die zwei Funktionen erfüllen: einerseits die Zellatmung, andererseits die Synthese gewisser niedermolekularer Stoffwechselprodukte. Das quantitative Verhältnis der beiden Funktionen ist je nach Gewebe unterschiedlich und es gibt solche (Herzmuskel, Flugmuskulatur mancher Insekten), bei denen die Mitochondrien allein auf die Zellatmung und die Gewinnung von Energie aus dem oxydativen Abbau von Folgeprodukten der Glucose spezialisiert sind. Die Enzyme der Zellatmung sind dabei zum Großteil an einer Membran verankert und eine Steigerung der oxydativen Fähigkeiten der Mitochondrien ist an

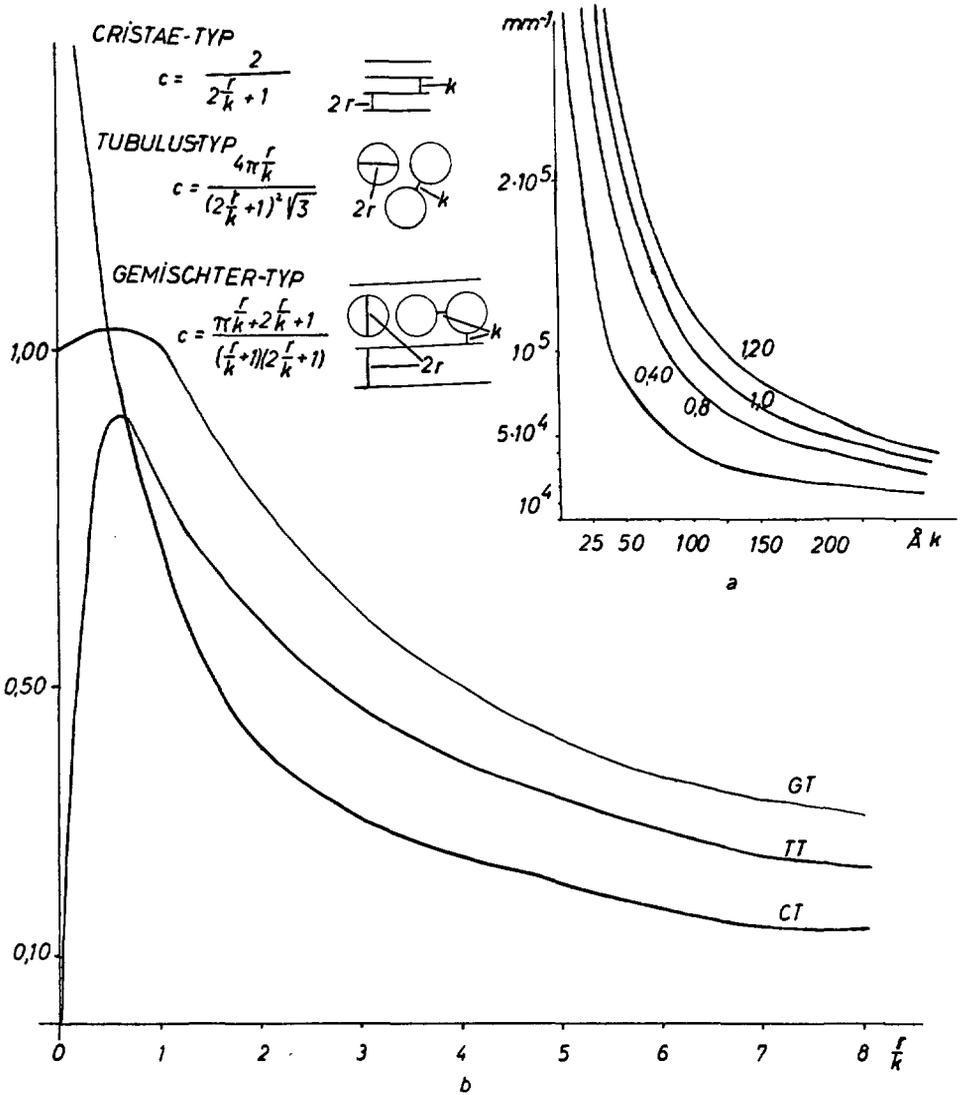


Abb. 2: Oberflächen-Volumsrelation der verschiedenen Mitochondrientypen.

a) Die Oberflächen-Volumsbeziehung erfüllt die Formel:

$$Y \cdot X = \text{const.}$$

Ordinate: $\frac{O}{V}$ [mm^{-1}].

Abzisse: Abstand k der Bauelemente [\AA].

Eingetragen sind die Kurven für die Werte der Konstante 0,40; 0,80; 1,00; 1,20.

b) Abhängigkeit der Konstante vom jeweiligen Organisationstyp und von der Dichte der Lagerung.

Ordinate: Betrag der Konstante; Abszisse: $\frac{r}{k}$

Eingetragen ist schematisch die Anordnung der Einfaltungen und die dazugehörige Formel für die Konstante.

eine größere Membranoberfläche innerhalb der Mitochondrien gebunden. Zwei Typen von Membraneinstülpungen treten dabei in Mitochondrien auf, nämlich einerseits röhrenförmige Tubuli und andererseits blattförmige Einstülpungen. Wenn man die verschiedenen Modelle entwirft, sieht man sehr rasch, daß alle diese Modelle in ihrem Oberflächen-Volumsverhältnis folgender Formel genügen: $Y \cdot X = \text{const.}$ Ist Y das Verhältnis Oberfläche durch Volumen und X eine lineare Größe der entsprechenden Mitochondrienmodelle, so liegen sie alle auf einer Hyperbel. Die Konstante ist dabei abhängig vom gewählten Mitochondrienmodell (Abb. 2). Bei Mitochondrien mit blättchenförmigen Einstülpungen kann man, wenn man die Dicke der Blättchen beliebig verkleinert, zu beliebig großen Werten des Oberflächen-Volumsverhältnisses kommen. Allerdings kann wegen anderer Bedingungen, nämlich der Größe der Bausteine, die Dicke der Mitochondrien-Cristae nicht beliebig gesenkt werden. Dagegen zeigen röhrenförmige Einstülpungen ein bezeichnendes Maximum für das Oberflächen-Volumsverhältnis und sind bei bestimmten Dimensionen dem Cristae-Typ überlegen. In einem weiten Dimensionsbereich erweist sich ein gemischter Typ aus abwechselnden Lagen von blattförmigen und röhrenförmigen Einstülpungen beiden reinen Typen überlegen.

Eine thermodynamische Fragestellung über die Organisation der lebenden Zelle ist folgende: Handelt es sich bei ihrem offenen System um ein solches, bei dem sich die einzelnen Komponenten gleichsam ständig ausgleichen müssen und das sich auf einer Kuppe eines Potentialberges befindet, oder liegt die Zelle in einer Potentialmulde und korrigiert dadurch Abweichungen ihrer Struktur selbständig im Gleichgewicht?

Symmetrien, obwohl eine Verminderung der Entropie bedingend, sind ohne Energiebilanz kein Beweis und keine Widerlegung einer dieser Anschauungen. Aber auch energetische Aussagen über die Gesamtzelle können diese Entscheidung nicht bringen. Erst ihre Verbindung könnte sie lösen. Dazu ist es aber erforderlich, sich intensiv der Frage der Symmetrien in der Zelle zuzuwenden.

Literaturverzeichnis

- MATTHAEI, J. H., HELLER, G., VOIGT, H.-P., KLEINKAUF, H., KÜNTZEL, H., VOGT, M. u. MATTHAEI, H.; 1965: Der Boten-Ribonucleinsäure-Code von *Escherichia coli* A 19. *Naturw.* **52**: 653—655.
- SANDER, B.; 1948: Einführung in die Gefügekunde der geologischen Körper. I. Teil. Allgemeine Gefügekunde und Arbeiten im Bereich Handstück bis Profil. Springer, Wien.
- THIELE, H.; 1963: Ionotrope Gele — Modelle für das biologische Wachstum. *Umschau* **63**: 117—121.
- WEIDEL, W. u. PELZER, H.; 1964: Bagshaped macromolecules — a new outlook on bacterial cell walls. *Adv. Enzymol.* **26**: 193—232.
- WESTPHAL, O. u. LÜDERITZ, O.; 1963: Die biologische Bedeutung der chemischen Feinstruktur bakterieller Zellgrenzflächen. *Naturw.* **50**: 413—426.
- ZUCKERKANDL, E.; 1965: The evolution of hemoglobin. *Sci. Amer.* **212**, 5: 110—118.
-

Anschrift des Verfassers: Univ.-Doz. Dr. Jörg KLIMA, Institut f. Elektronenmikroskopie der Universität.

6020 Innsbruck, Schöpfstraße 41.

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: [Berichte des naturwissenschaftlichen-medizinischen Verein Innsbruck](#)

Jahr/Year: 1966

Band/Volume: [54](#)

Autor(en)/Author(s): Klima Jörg

Artikel/Article: [Über Symmetrien von Funktionen und Strukturen in der Zelle. 11-20](#)