



Technische Fakultät  
AG Bioinformatik

CELLmicrocosmos  
- ZellenVisualisierung  
Die Dokumentation zur  
Bachelorarbeit von Björn Sommer  
Technische Fakultät  
AG Bioinformatik  
mediengestaltung bieiefeld

Version 1.1 (19.03.2004)

# CELL microcosmos

ZellenVisualisierung

## 1. Einleitung

## 2. Corporate Identity

- 2.1. Der Begriff
- 2.2. Das Logo

## 3. ZellenVisualisierung

- 3.1. Grundlagen
  - 3.1.1. Mikroskopie
    - 3.1.1.1. Lichtmikroskopie
    - 3.1.1.2. Elektronenmikroskopische Darstellungen
      - 3.1.1.2.1. Gefriersubstitution
      - 3.1.1.2.2. Gefrierätzmethode
  - 3.1.2. Grafische Darstellungen
    - 3.1.2.1. 2D
    - 3.1.2.2. 3D
- 3.2. Die Farbwahl
- 3.3. Die Visualisierung und Modellierung der Kompartimente
  - 3.3.1. Das Modellierungskonzept
  - 3.3.2. Die Zellkompartiment-Modelle
    - 3.3.2.1. Die Zellmembran
    - 3.3.2.2. Der Nucleus
    - 3.3.2.3. Der Nucleolus
    - 3.3.2.4. Das granuläre Endoplasmatische Retikulum
    - 3.3.2.5. Das agranuläre Endoplasmatische Retikulum
    - 3.3.2.6. Der Golgiapparat
    - 3.3.2.7. Das Mitochondrium
    - 3.3.2.8. Die Vakuole

## 4. ZellenAnimation

- 4.1. Kompartimentbewegung
- 4.2. Kamerabewegung
- 4.3. Rendervorgang

## 5. Ausblick

- 5.1. Optimierung
- 5.2. Chancen

## 6. Anhang

- 6.1. Technik
  - 6.1.1. Hardware
  - 6.1.2. Software
    - 6.1.2.1. 3D Studio Max™
      - 6.1.2.1.1. Die Versionen
      - 6.1.2.1.2. Begriffe Deutsch-Englisch
    - 6.1.2.2. Amira®
    - 6.1.2.3. Cortona
- 6.2. Maßeinheiten
- 6.3. Fachbegriffe
- 6.4. Das Team
- 6.5. Danksagungen

## 7. Quellen

- 7.1. Literatur
- 7.2. Software
- 7.3. Webadressen
- 7.4. Abbildungsquellen und Zusatzinformationen
- 7.5. Typogramm
- 7.6. Warenzeichen





# 1. Einleitung

## Das Projekt

Ziel des Projektes CELLmicrocosmos ist die Realisierung eines dreidimensionalen virtuell-realistischen Szenarios, das eindrucksvoll unter Verwendung von VR-Technologien das Innenleben einer Zelle simulieren soll.

Als Bestandteil der Cellbench, die mittelfristig zu einer komplexen Lernumgebung im Bereich der BioInformatik heranwachsen soll, wird sie das interaktive und explorative Lernen komplexer intrazellulärer Prozesse ermöglichen.

Das Ziel dieser Arbeit ist es, 3D-Modelle eukaryontischer Zellkompartimente zu entwickeln, welche in der Cellbench Verwendung finden werden. Diese Modelle sollen zum einen die anschauliche Darstellung der Zellaktivität ermöglichen und zum anderen in einer gestalterisch anspruchsvollen Form modelliert sein.

Sind die einzelnen Zellbestandteile ausgestaltet und aufeinander abgestimmt, werden diese mittelfristig in einem Zellmodell integriert. Dabei werden dem Anwender statische und dynamische Informationen zu den einzelnen zellularen Bestandteilen auf verschiedenen Granularitätsebenen dargeboten.

## Die Umsetzung

Im Rahmen dieser Bachelorarbeit wurden die folgenden Arbeitsschritte durchgeführt:

- I. Einarbeitung in die Funktionalität der Zelle (sh. 3.1.)
- II. Umsetzung der Zelltheorie in eine Corporate Identity (sh. 2.)
- III. Untersuchung mikroskopischer Zellabbildungen (sh. 3.1.1.)
- IV. Untersuchung unterschiedlicher Visualisierungsmöglichkeiten (sh. 3.1.2.)
- V. Untersuchung verschiedener Färbungsmöglichkeiten der Zellkompartimente (sh. 3.2.)
- VI. Einarbeitung und Modellierung in 3ds max™ (sh. 3.3.)
- VII. *Animation* mit 3ds max™ (sh. 4.1./4.2.)
- VIII. Aufbau der Infrastruktur für das *Rendern* (sh. 4.3.)
- IX. Erstellung der Dokumentation

Die einzelnen Zellbestandteile werden im *VRML*-Format exportiert und weiterverarbeitet. Diese werden in eine Datenbank eingepflegt, auf die von einer bestimmten Software, dem TGS Amira®-Paket, zugegriffen und von dieser als eine 3D-Projektion wiedergegeben wird.

## Diese Dokumentation

Diese Dokumentation soll nun die einzelnen Arbeitsschritte, das nötige Hintergrundwissen, Problemlösungen und Modellierung in prägnant-anschaulicher Form wiedergeben.

Da es sich bei dieser Dokumentation nicht um den Hauptbestandteil meiner Bachelorarbeit handelt, kann kein Anspruch auf wissenschaftliche Vollständigkeit erhoben werden. Sie soll vielmehr einen Eindruck in die praktische Umsetzung der Aufgabenstellung vermitteln.

Während der größte Teil der Ausführungen möglichst allgemeinverständlich gehalten ist, richtet sich die Modellierung (3.3.2.) der Zellkompartimente eher an die etwas versierteren Nutzer von 3ds max™.

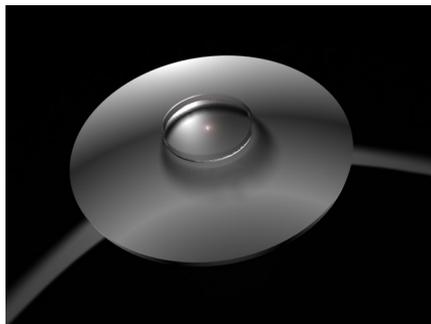
Evtl. verwendete Fachtermini werden im Anhang erläutert.



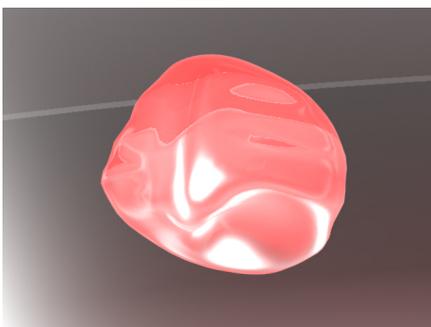
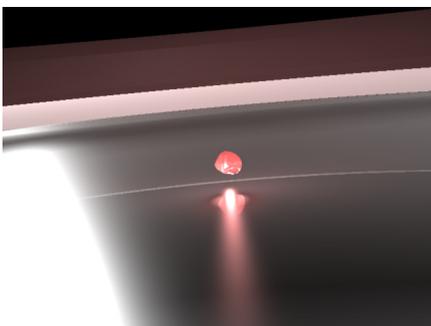


Abb. 2.1 - 2.4

Die Bilder stammen aus einer der ersten Probe-Animationen, bei der die Anfangseinstellung die Aufsicht auf das Szenario ist. Aus dem Zusammenspiel aus Tisch, Licht und Schatten entsteht das Logo.



Bei der Endversion der Animation wurde der Grundablauf der Anfangssequenz beibehalten.



## 2. Corporate Identity

Um dem Projekt eine einheitliche Darstellungsform zu geben, wurde zunächst ein Logo incl. des dazu gehörigen Schriftzuges gestaltet. Die Anwendung der Layoutrichtlinien wird in dieser Dokumentation sichtbar.

### 2.1. Der Begriff

CELL: Neben dem direkten Bezug auf das zentrale Objekt dieses Projektes, der biologischen Zelle, dient der Begriff „Cell“ auch zur unmittelbaren Einordnung in das übergeordnete Projekt Cellbench.

microcosmos: betrachtet man die obige Zielsetzung auf einer anderen Begrifflichkeitsebene, so gilt es, eine Welt zu schaffen, einen Miniatur-Kosmos, der den Nutzer visuell anspricht und gleichzeitig die informative Tiefe einer umfangreichen molekular-biologischen Datenbank bietet. Besonders die dreidimensionale, auf dem Stereoverfahren basierende Darstellung soll dem Nutzer das Gefühl vermitteln, in diesem virtuellen Kosmos integriert zu sein.

Während er nun auf der einen Seite temporär auf virtuelle Weise Bestandteil der Zelle wird, ist diese auf der anderen Seite realer Bestandteil von ihm selbst. Dieses bilaterale, wechselseitige Verhältnis soll durch den Begriff des microcosmos hervorgehoben werden.

### 2.2. Das Logo

Die verwendete Schriftart ist die „Bauhaus“, da sie klare Linien aufweist und aufgrund ihrer ebenso modernen als auch klassischen Erscheinungsform zeitlos ist.

Während „CELL“ in Versalienform geschrieben wird und somit über die Ober- und Mittellänge läuft, wird „microcosmos“ klein geschrieben. Nach einer Entfernung des i-Punktes führt das dazu, dass nur die Mittellänge ausgenutzt wird.

Darüber hinaus wurde der untere Mittellängen-Bereich und der obere Oberlängenbereich (Serifen-Bereiche) entfernt, um einen Schriftbandcharakter zu erzeugen, die Schrift zu komprimieren und die Formähnlichkeit zum Logo zu wahren.

Die Form des Logos wurde möglichst abstrakt und reduziert gehalten.

Während der kleinere Kreis die Zelle symbolisieren soll, steht der große Kreis für die Erde. Zwischen den beiden Kreisen

## 2. Corporate Identity

entsteht ein Zusammenspiel: So kann der große Kreis als Schatten des kleineren Kreises interpretiert werden. So gesehen ist die Zelle eine Abbildung, eine Projektion der Zelle auf die Erde; dargestellt ist also das Zusammenspiel aus Mikro- und Makrokosmos.

Das Viereck mit abgeschrägten Ecken kann in Verbindung mit dem großen Kreis eine Assoziation zu einem Globus schaffen.

Die gebildeten Formen implizieren die Buchstaben „m“ für microcosmos, in dem die Buchstaben „C“, „E“, „L“, „L“ enthalten sind.

Vorteile des Logos sind neben der Schaffung eines assoziativen Spannungsfeldes die Invertierbarkeit, die Möglichkeit, das Logo auch ohne Schriftzug zu verwenden, die reduzierte und daher einprägsame Form, die hohe Praxistauglichkeit, da das Logo in verkleinerter Form für z.B. Screenshots nutzbar ist, die Möglichkeit aufgrund der simplen Form das Logo in 3D-Animationen zu integrieren, der hohe Wiedererkennungswert und der zuletzt noch weitgehend unbesetzte Begriff; so sind die wichtigen WebDomains noch erhältlich und eine Suche bei Google™ führt zu relativ wenig Ergebnissen.

Abb. 2.5  
Das Logo mit  
dem Schriftzug  
in invertierter  
Form darunter

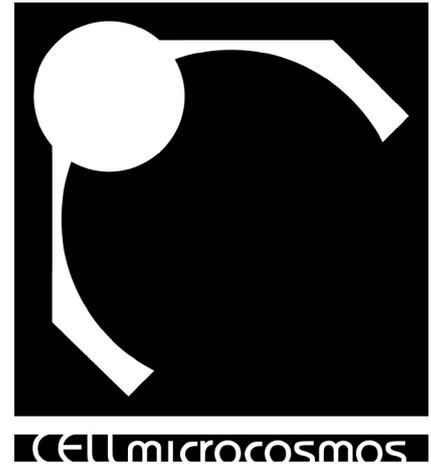


Abb. 2.6  
Zum Vergleich:  
Der Schriftzug ist  
in der originalen  
Bauhaus-Schrift  
formatiert



# 3. ZellenVisualisierung

Um dem an die Visualisierung der Zelle gestellten Anspruch gerecht zu werden, mussten zunächst unterschiedlichste Publikationen gesichtet und verglichen werden.

Die hierbei untersuchten Visualisierungsformen lassen sich hierbei in folgende drei Kategorien einteilen:

1. mikroskopische Aufnahmen von Zellen
2. grafische Darstellungen
3. Computer-Animationen

Hierbei ist auffallend, dass es keine einheitliche Darstellungsform der einzelnen Zellbestandteile gibt. Daraus folgt, dass man sich nur bedingt an diesen bereits abstrahierten Modellen orientieren kann. Somit gilt das Hauptaugenmerk den elektronenmikroskopischen Aufnahmen. Leider handelt es sich hierbei i.d.R. um zweidimensionale Photos, die nur den Schnitt durch eine Zelle wiedergeben. Eine Ausnahme stellt die *Gefrierätzmethode* dar, bei der dreidimensionale Strukturen gut sichtbar werden.

Ein weiterer wichtiger Bestandteil der Visualisierung ist die Farbwahl, die unter unterschiedlichen Gesichtspunkten erfolgen kann und ebenfalls im Folgenden behandelt wird.

## 3.1. Grundlagen

### 3.1.1. Mikroskopie

Es gibt unterschiedliche Methoden, das Leben im Mikrokosmos Zelle dem Menschen sichtbar zu machen. Um sich der Realitätsnähe der mikroskopischen Abbildungen bewusst zu sein, ist es zunächst nötig, die Grundlagen der Bildentstehung zu analysieren. Nachfolgend werden einige der gängigsten mikroskopischen Methoden aufgeführt und ihre Grundfunktionsweise kurz erläutert.

#### 3.1.1.1. Lichtmikroskopie

Mit Hilfe der *Lichtmikroskopie* lassen sich Zellkompartimente bis zu einer maximalen Auflösung von 200 nm vergrößern. Diese Obergrenze wird durch die Wellenlänge des Lichts festgelegt. Das Bild entsteht durch den Absorptionskontrast. D.h., nicht die vom Objekt reflektierten, sondern gerade die absorbierten Lichtstrahlen ergeben ein Bild. Der Grund ist, dass die vom Objekt hervorgerufene Ablenkung der Strahlen so minimal ist, dass das niedrig-auflösende Mikroskop-Objektiv sie nicht wahrnehmen kann.

Dabei gibt es verschiedene Methoden. So z.B. die Hellfeld-, Phasenkontrast-, Differential-Interferenzkontrast-Optik und Fluoreszenzmikroskopie.

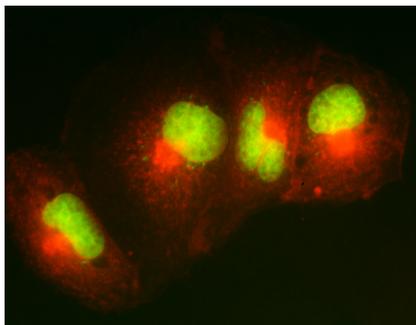


Abb. 3.1  
*Fluoreszenz Aufnahme eines gezüchteten Epithels: Nucleus (grün), Golgiapparat (rot durch Rhodamin)*

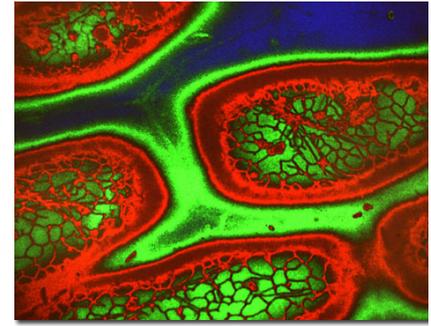
Mit Hilfe letzterer werden die einzelnen Zellkompartimente in fluoreszierenden Farben vor einem schwarzen Hintergrund dargestellt. Dabei wird Licht einer bestimmten Wellenlänge absorbiert und solches längerer Wellenlänge emittiert. Folglich werden nur bestimmte Bestandteile der Zelle hervorgehoben. Oft verwendete Fluoreszenz-Farbstoffe sind: Fluoreszin (gelbgrün), Eosion (orange), Rhodamin B (rot) und DPA (blau).

Eine andere interessante Möglichkeit bietet die *Confocal Scanning Microscopy*: Mit Hilfe eines Laserstrahls wird eine Probe auf verschiedenen Ebenen abgescannt. Somit

ist es nicht nötig, diese zuvor in kleine Schichten zu zerteilen. Zusätzlich können fluoreszierende Farbstoffe beigegeben werden. Die auf diese Weise angefertigten Bilder können anschließend zur Erstellung eines dreidimensionalen Objektes per Computer genutzt werden. Die Auflösung beträgt ca. 150 nm.

Somit ist die Detailtreue der *Lichtmikroskopie* sehr gering, so dass sie eher für die Erforschung der groben Struktur der Zelle genutzt wird. Dafür ist sie aber besonders interessant für die Farbwahl (sh. 3.2.).

Abb. 3.2  
Confocal-  
Scanning-  
Aufnahme eines  
Endoplasmatischen  
Retikulums  
einer Pflanzen-  
zelle



### 3.1.1.2. Elektronenmikroskopie

Die *Rasterelektronenmikroskopie* bietet eine deutlich bessere Auflösung als die *Lichtmikroskopie*. Sie liegt zwischen 3 und 20 nm und deckt damit den biologisch wichtigen makromolekularen Bereich ab. Ein weiterer, bedeutender Vorteil ist die scharfe, teilweise dreidimensional-wirkende Darstellung der Zelle. Dabei wird die Probe, die mit einem Schwermetallfilm bedeckt ist, von einem Elektronenstrahl abgetastet.

Bei der Bildentstehung erfolgt keine Wiedergabe von Farben, da nicht die reflektierten Lichtstrahlen, sondern die gestreuten Elektronenstrahlen genutzt werden. Sie erfolgt also durch die Wechselwirkung zwischen den Atomen, insbesondere denen des positiv geladenen Zellkerns, und den emittierten negativ geladenen Elektronen. Dabei variiert die Darstellung je nach dem Präparat, welches bei der Fixierung angewendet wurde, z.B. EDTA(Ethylen-Diamin-Tetraacetat), Phosphotungstate oder Trypsin.

Bevor die Zellproben unter einem Mikroskop erforscht werden können, müssen diese zunächst fixiert werden. Dabei gilt es, die folgenden zwei sehr häufig genutzten Methoden hervorzuheben:

3.1.1.2.1. Gefriersubstitution

#### 3.1.1.2.1. Gefriersubstitution

Bei dieser Methode wird eine tiefgefrorene Zelle langsam aufgetaut, während in einem schonungsvollen Verfahren das Wasser entzogen wird. Danach wird sie mit einem Kunstharz überzogen, welches in der Wärme polymerisiert wird. Auf diese Weise entstandene Abbildungen vermitteln einen eher zweidimensionalen Eindruck der Struktur.

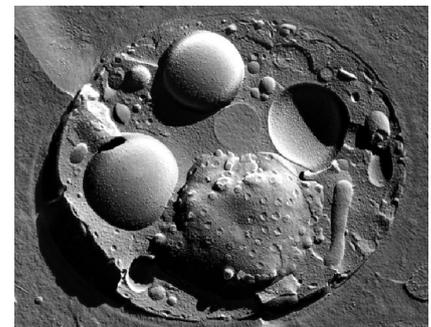
#### 3.1.1.2.2. Gefrierätzmethode

Die *Gefrierätzmethode* oder auch Gefrierbruch-Replika-Technik ermöglicht die Analyse der dreidimensionalen Strukturen einer Zelle. Dabei wird der gefrorenen Zelle die Oberfläche mechanisch entfernt, wodurch die inneren Zellstrukturen sichtbar werden. Anschließend wird zur Fixierung die Probe im Hochvakuum mit Platin bedampft und Kohlenstoff aufgebracht. Der dabei entstandene Abdruck wird nach dem Auftauen von der Probe entfernt. Bei der Bildentstehung durch *Gefrierätzmethode* werden die 3D-Strukturen besser sichtbar.

Abb. 3.3  
Elektronen-  
mikroskopische  
Aufnahme eines  
tangential ange-  
schnittenen  
Nucleus



Abb. 3.4  
E.M.- Aufnahme  
unter Anwendung  
der Gefrierätz-  
methode einer  
quergebrochene  
Hefezelle



### 3. Zellenvisualisierung

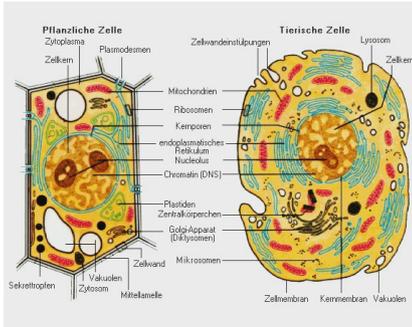


Abb. 3.5  
*Diese grafische 2D-Darstellung einer Zelle stammt aus der Brockhaus-Enzyklopädie*

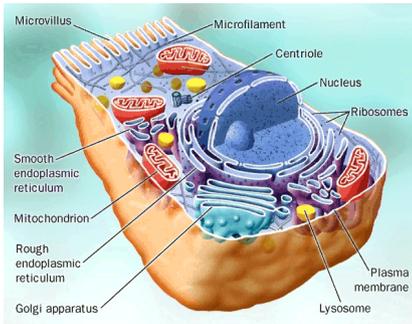


Abb. 3.6  
*Diese grafische 3D-Darstellung einer Zelle stammt aus The Cell - A Molecular Approach*

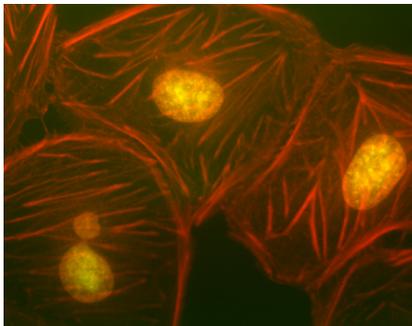


Abb. 3.7  
*Fluoreszenz Aufnahme einer gezüchteten Epithelzelle: Nucleus (gelb durch Phalloidin), Actin (rot durch Sytox Green)*

### 3.2. Die Farbwahl

Es gibt unterschiedliche Kriterien, nach denen die Farbwahl erfolgen kann. So gibt es histologisch-orientierte, funktionale oder rein ästhetische Herangehensweisen:

#### Die histologisch-orientierte Farbwahl

Die Histologie ist die Wissenschaft der Gewebe-Erforschung im mikroskopischen Bereich. Dabei wird u.a. besonderer Wert auf die Farbgebung der Zellkompartimente gelegt. Sie dient der leichten Lokalisierung einzelner Zellkompartimente, die farblos nur schwerlich voneinander zu unterscheiden sind. Dabei kommen die unterschiedlichsten Färbungsmethoden zum Einsatz:

Haematoxylin und Eosin (kurz: *H&E*) bilden das Standard-Färbungsmittel in den meisten Laboratorien. Während

### 3.1.2. Grafische Darstellungen

Bei der Analyse der Zellstruktur ist es durchaus hilfreich, bereits erfolgte Interpretationen der Mikroskopie in Form von zwei- und dreidimensionalen Grafiken zu Rate zu ziehen.

Es handelt sich dabei meist um vereinfachte Darstellungen der Zellen, deren Zellkompartimente farblich unterschiedlich hervorgehoben sind.

#### 3.1.2.1. 2D

In den meisten Publikationen zum Thema Zelle sind kleine Strukturskizzen zu finden, welche die Lage und Grundform der einzelnen Bestandteile hervorheben.

Sie eignen sich hervorragend, um bei der Einarbeitung in das Thema den Grundaufbau einer Zelle zu veranschaulichen, nicht aber, um als einzige Vorlage für die Modellierung zu dienen. Der Grund hierfür ist der hohe Abstraktionsgrad.

Die Zellcharakteristika, welche sich mit Hilfe dieser Skizzen besonders gut rausarbeiten lassen, werden in den Tabellen unter 3.3.2.in der Spalte „Grafische Darstellung/Recherche“ wiedergegeben.

#### 3.1.2.2. 3D

Für die meisten der dreidimensionalen Skizzen oder *Animationen* gilt das gleiche, wie für die zweidimensionalen. Sie sind im hohen Grade abstrahiert, können aber natürlich die Position der einzelnen Komponenten im Raum wesentlich besser wiedergeben.

Darüber hinaus werden die *Animationen* i.d.R. hauptsächlich dazu genutzt, bestimmte Vorgänge in der Zelle zu veranschaulichen.

ersteres eine blaue Färbung hervorruft, verursacht das zweite eine leichte Rotfärbung. Die Gerüstsubstanz des *basophilen* Nucleus, das Chromatin, tendiert stark zum Blau, aufgrund des hohen Gehalts an Nucleinsäure. Die übrigen Zellbestandteile erscheinen neutral oder schimmern leicht rötlich.

Auch für das Endoplasmatische Retikulum gibt es unterschiedliche Färbungsmethoden: Mit dem Verfahren der Silberimprägnierung wird es schwarz gefärbt, während unter Verwendung von 3,3-Dihexyloxacarbocyanin-Jodid eine grüne Färbung eintritt.

Der Golgi-Apparat wird durch Rhodamin-konjugierte Antikörper rot eingefärbt.

Das Mitochondrium erscheint rot nach der Behandlung durch TMRE (tetramethylrhodamine ethyl ester).

Die Zellmembran weist nach der Behandlung mit *H&E* eine rosarote Färbung auf.

Problematisch ist es nun, aus den unterschiedlichen Färbungen, die in der Histologie verwendet werden, eine harmonische Farbkombination zu bilden. So gibt es vom Nucleus neben der üblichen violetten auch rote oder rot-gelbe Farbvariationen.

#### Die funktional-orientierte Farbwahl

Bei der funktionalen Farbgebung wird auf die Farbsymbolik zurückgegriffen. So könnte man sich bei dem Mitochondrium für Blau entscheiden, da die in ihm stattfindende energiegewinnende Prozesse durch eine Reaktion aus Wasserstoff mit Sauerstoff zu Wasser hervorgerufen werden.

Andererseits kann man sich auch für Rot entscheiden, da diese Farbe Energie besonders gut symbolisiert.

#### Die ästhetisch-orientierte Farbwahl

Unter rein gestalterischen Gesichtspunkten betrachtet kann die Farbgebung der Zelle sich der Farblehre oder den Erwartungen der Betrachter unterordnen. Da es sich um eine eukaryontische Zelle handelt, erscheint der Gebrauch von an organisch-orientiertem Rot sinnvoll.

Dabei sollte darauf geachtet werden, dass die Komposition nicht durch unnötig disharmonische Farbkontraste, wie sie z.B. durch den Einsatz von Komplementärfarben hervorgerufen werden, gestört wird.

Abb. 3.8

Fluoreszente Aufnahme einer gezüchteten Epithelzelle: Endoplasmatisches Reticulum (grün durch 3,3-Dihexyloxacarbocyanin-Jodid)

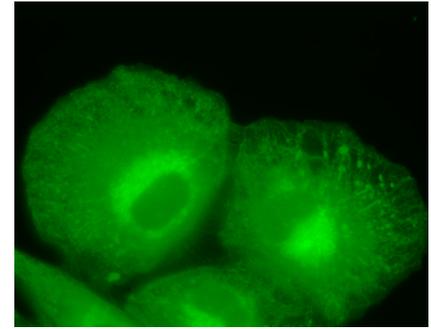


Abb. 3.9

Fluoreszente Aufnahme einer gezüchteten Epithelzelle: Golgi-apparat (rot durch Rhodamin)

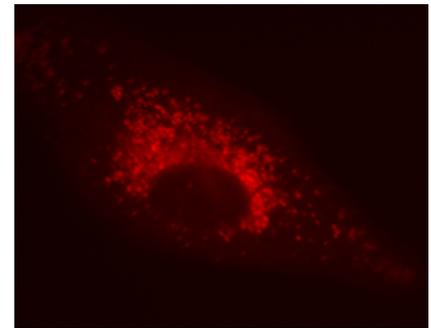


Abb. 3.10

Fluoreszente Aufnahme eines Mitochondriums einer Gliom-Zelle (rot durch Tetramethylrhodamin)

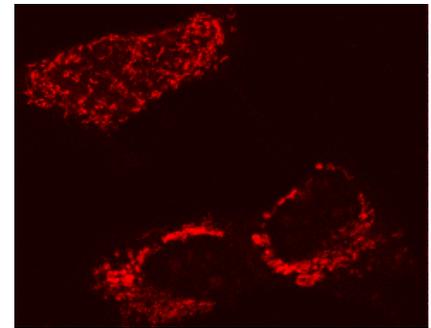
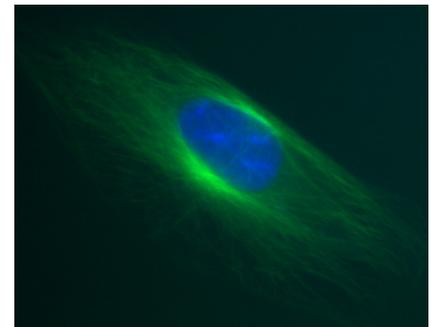


Abb. 3.11

Fluoreszente Aufnahme einer gezüchteten Epithelzelle: Nucleus (blau durch Chromamycin), Mikrotubulis (grün durch Fluorescein-konjugierte Antikörper)



### 3. Zellenvisualisierung

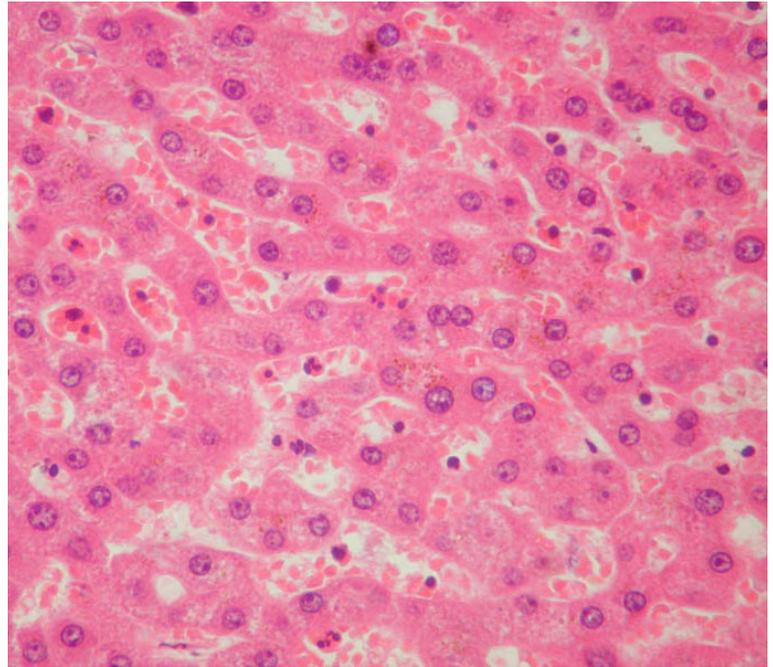
#### Der Kompromiss

Nun galt es, unter diesen drei Gesichtspunkten einen Kompromiss zu finden, der die Vorteile aller Kriterien vereinigt.

Zunächst war vorgesehen, die Auswahl der Farben streng an der Histologie zu orientieren. Dieses Vorgehen erwies sich aber als problematisch:

Zum Einen war da die Tatsache, dass die unterschiedlichsten Färbungsmethoden und somit die unterschiedlichsten Farbvarianten der eigentlich farblosen Zellkompartimente existieren. Welche Farbe also dem Experten für ein Zellkompartiment logisch erscheint, hängt von der individuellen experimentellen Erfahrung ab.

Abb. 3.12  
Leber-Zelle  
einer Maus  
gefärbt mit  
Haematoxylin  
und Eosin:  
Nuclei (blau/  
violett), Zellker-  
numgebung (rot/  
rosa)



Auf der anderen Seite wird die histologische Farbgebung vor allen Dingen angewendet, um einzelne Zellbestandteile in einer zweidimensionalen Abbildung sichtbar zu machen. Dreidimensionale Objekte unterscheiden sich optisch aber ohnehin stark voneinander, so ist eine farbliche Abgrenzung nicht unbedingt nötig.

Wählt man nun die empirisch gängigsten Farben der Histologie aus, entsteht ein optisch chaotische Farbkomposition, welche unter ästhetischen und farbenlehre-orientierten Gesichtspunkten betrachtet nicht bestehen kann.

Der Laie, der eine Zelle betrachtet, erwartet hingegen eher eine Farbgebung, die sich an organischen Stoffen orientiert, also eher im rötlichen Bereich liegt.

Auch kristallisiert sich bei der Auswertung der grafischen Darstellungen unterschiedlicher Publikationen heraus, dass es keinen feststehenden Farbcode gibt.

Alle diese Überlegungen führten schließlich dazu, die Farbgebung in der Weise zu gestalten, dass sie ebenso den Erwartungen eines Experten als auch denen eines Laien und den Gesetzen der Farbenlehre gerecht wird.

Die benutzten Farben sind Rot/Rosa und Blau/Violett, welche in der Histologie durch *H&E* erzeugt werden. Während der Nucleus im kontraststarken Blau sich als Zentrum der Zelle hervorhebt, ist der übrige Teil der Zelle in einem organischen Rot gefärbt.

Die Vakuole erscheint im neutralen Weiß/Grau, welches sich der Umgebungsfarbe anpasst.

Da das energieproduzierende Mitochondrium, das synthetisierend und *metabolisch* aktive Endoplasmatische Retikulum und der Produkte weiterverarbeitende Golgiapparat in der Regel eng zusammenhängen und -arbeiten, lag es nahe, sie in einer Farbe erscheinen zu lassen.

Die sehr kleinen Ribosome sind schwarz, wie sie auf elektronenmikroskopischen Abbildungen erscheinen und

aufgrund der hohen Gehalts an ribosomaler Ribonucleinsäure auch in der Realität sind. Die *H&E*-Färbung wird dadurch nicht gestört, da das Schwarz ohnehin erst im Detail sichtbar wird.

### 3.3. Die Visualisierung und Modellierung der Kompartimente

Bei der hier besprochenen Zelle handelt es sich um eine eukaryontische Zelle, die sich in der Interphase befindet, genauer in der ca. 3 Stunden dauernden G1-Phase. Diese folgt direkt auf die Mitose, und dient der gerade verdoppelten Zelle zum Anwachsen auf ihre ursprüngliche Größe.

Mit Abstand am meisten Zeit beanspruchte die Modellierung der Zellkompartimente mit 3ds max™. So gab es meist für jedes Modell eine Anzahl an Problemen, die zunächst gelöst werden mussten.

Bei den folgenden Erklärungen, die sich u.a. auf 3ds max™ beziehen, wird vorausgesetzt, dass der Leser sich schon mit diesem Programm ansatzweise auseinandergesetzt und so z.B. die ersten Tutorien absolviert hat.

#### 3.3.1. Das Modellierungskonzept

Um eine möglichst naturgetreue Darstellung der Zelle zu schaffen, haben sich unter 3ds max™ verschiedene Herstellungsmethoden als besonders effektiv erwiesen.

Die Möglichkeit, alle Kompartimente komplett manuell zu modellieren, wurde aufgrund des enormen Zeitanspruchs und der statischen Erzeugungsweise sehr schnell verworfen. Die Modellierung wäre folgendermaßen abgelaufen:

Es wird ein Grundobjekt erzeugt, z.B. eine Kugel. Diese wird anschließend in ein Bearbeitbares Netz umgewandelt. Danach wird jeder einzelne Scheitelpunkt verschoben und auf diese Weise die Form des Objektes geändert.

Eine sehr langwierige Modellierung wäre das Resultat, welches ein Objekt hervorbringen würde, das nicht besonders einfach zu animieren wäre. Denn für jede Formänderung, die für die Oberflächenanimation nötig wäre, müssten mehrere Scheitelpunkte aufs neue versetzt werden.

Aus diesem Grunde ist der Einsatz einiger der reichhaltig zur Verfügung stehenden *Modifikatoren* unverzichtbar:

##### Welle

Schaut man sich elektronenmikroskopische Aufnahmen und auch andere Visualisierungen an, so ist auffallend, dass alle Zellstrukturen eine wellenförmige Beschaffenheit aufweisen. Deshalb liegt es nahe, den *Wellen-Modifikator* zu verwenden. Er verändert die Oberfläche eines Objektes, indem er sie in eine Wellenform transformiert. Dabei können die Amplituden und Wellenlängen geändert werden. Erstere erzeugen je eine Sinuswelle entlang der X- und der Y-Achse, während die Wellenlängen den Abstand der Wellenscheitelpunkte festlegen.

##### Rauschen

Ebenfalls Wellen erzeugt der *Rauschen-Modifikator*. Er basiert aber nicht ausschließlich auf einer regelmäßigen Wellenform, sondern auf einer Ausgangszahl, auf deren Basis Zufallszahlen errechnet werden, die dann einer Sinuswelle hinzugerechnet werden. Der Betrag dieser Zufallszahlen wird zusätzlich durch die Stärke bestimmt, die jeweils separat für die X-, Y- und Z-Achse definierbar ist, größer als 0 sein muss und die Intensität des Effektes einstellt.

Während also der *Modifikator Welle* genutzt wird, um den Zellen ihre wellige Grundform zu geben, wird *Rauschen* benutzt, um eine leicht unregelmäßige Oberflächenbeschaffenheit zu schaffen.

##### FFD4x4x4

Ein weiterer sehr oft verwendeter *Modifikator* ist *FFD4x4x4*. Mit dessen Hilfe kann die Oberfläche eines Objektes sehr leicht verändert werden, ohne die Grundbeschaffenheit anzutasten. So handelt es sich z.B. bei der Form

### 3. Zellenvisualisierung

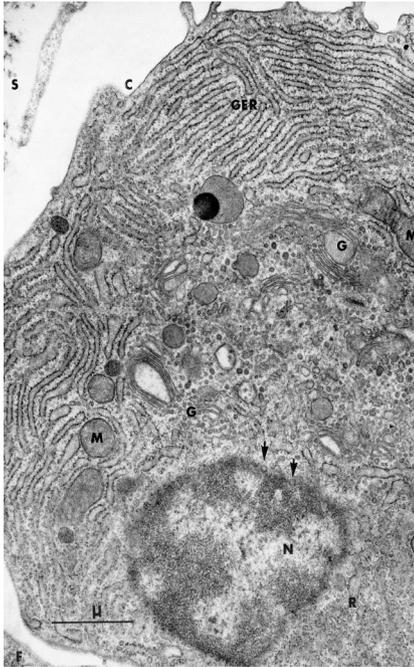


Abb. 3.13  
Plasmazelle aus menschlichem Gewebe:  
C Zellmembran schräg angeschnitten,  
F Fibroplast,  
G Golgiapparat,  
GER Granular Endoplasmatisches Retikulum,  
M Mitochondrium,  
N Nucleus,  
R Ribosomen,  
S Bindegewebe,  
Pfeile zeigen auf nukleare Poren aus der Aufsicht

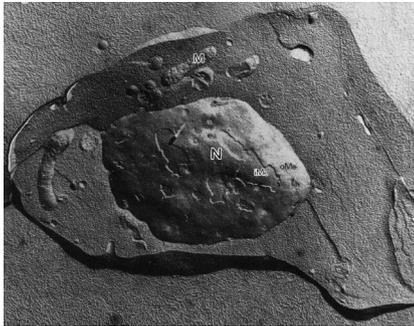


Abb. 3.14 + 3.15  
Zelle aus dem blutbildenden Gewebe der Maus. Gefrierbruch-Technik:

ER Endoplasmatisches Retikulum,  
iMe Innere Kernmembran,  
M Mitochondrium,  
Me Zellmembran,  
N Nucleus,  
oMe Äußere Kernmembran,  
Po Kernporen,  
V Vakuole



des Nucleus (sh. 3.3.2.2.) um eine Kugel, die mit  $FFD4 \times 4 \times 4$  versehen wurde. Die Rundungen bleiben erhalten, während am oberen Teil des Objektes die Form etwas eingedrückt und der untere Teil herausgezogen wurde, so dass eine tropfenförmiges Äußeres entstand.

#### Streuen

Um eine große Anzahl von ähnlichen Objekten darzustellen ist es nicht ratsam, mehrer Kopien von einem Objekt zu erzeugen, da sie im Nachhinein nur schlecht zu verwalten sind. Deshalb bietet sich das *Streuen*-Objekt an, ein *Zusammengesetztes Objekt*, welches zwei Bestandteile hat: Zum Einen ist das das „Quellobjekt“, welches dupliziert werden soll: Im Falle des Golgiapparates ist es das *GolgiVesicle*. Eine kleine tropfenförmige Blase. Dieses wird zunächst von seiner Grundobjektart, z.B. einer Kugel, zu einem *Streuen*-Objekt umgewandelt. Zum Anderen ist es das „Verteilungsobjekt“, um welches die Duplikate angeordnet werden sollen, in diesem Fall die *GolgiVacuole* (sh. 3.3.2.6.), eine große Vakuole. Dieses wird dem *Streuen*-Objekt als Verteilungsobjekt hinzugefügt.

Zunächst wird die Anzahl der Duplikate festgelegt. Danach gibt es nun verschiedene Möglichkeiten, die zu verteilenden Objekte anzuordnen. Sie können entweder direkt auf oder in dem „Verteilungsobjekt“ plziert werden, in regelmäßigen oder unregelmäßigen Abständen. Auch kann man per Zufallszahl errechnete Abweichungen von den Positionen festlegen oder die Größe und Oberflächenbeschaffenheit der Objekte variieren lassen.

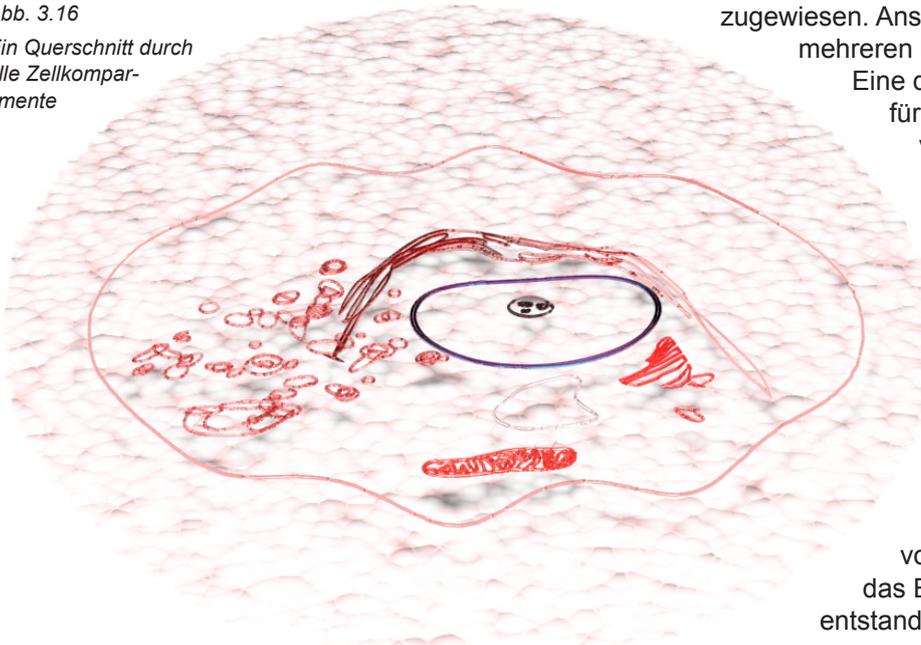
Auf diese Weise ist es möglich, viele optisch unterschiedliche Objekte aus einem Grundobjekt zu erzeugen und zu verteilen. Beispiele sind z.B. auch die 20.000 Ribosomen des Rauhen Endoplasmatischen Retikulums (sh. 3.3.2.4.) oder die vielen Grundbausteine des Agranulären Endoplasmatischen Retikulums (sh. 3.3.2.5.), ebenfalls in Form von Vesikeln.

#### Boolesch

Ein weiteres wichtiges *Zusammengesetztes Objekt* ist das *Boolesch*-Objekt, welches die Form zweier Komponenten miteinander verbindet. Es wurde hauptsächlich eingesetzt, um eine Form aus einem Grundobjekt auszuschneiden. Dazu wird erst ein Grundobjekt in ein *Boolesch*-Objekt umgewandelt und anschließend das zweite Grundobjekt als zweiter Operand

Abb. 3.16

Ein Querschnitt durch alle Zellkompartimente



zugewiesen. Anschließend ist es möglich, zwischen mehreren booleschen Operationen zu wählen. Eine davon ist die Schnittmenge, welche für den Golgiapparat (sh. 3.3.2.6.) verwendet wurde, also der gemeinsame Inhalt der *GolgiLine*, ein Objekt mit einer faltenähnlichen Struktur, und der *GolgiSphere*, eine tropfenförmig deformierte Kugel. Auch für das Mitochondrium wurde die gleiche Technik verwendet.

#### 3.3.2. Die Zellkompartiment-Modelle

Es folgt eine Auflistung der einzelnen Zellkompartimente. Zu jedem von ihnen gibt es Informationen, wie das Erscheinungsbild des Endproduktes entstanden ist:

Die Funktion des Kompartiments und ihr Einfluß auf den Rest der Zelle.

Eine Tabelle liefert den Vergleich zwischen verschiedenen Visualisierungsmöglichkeiten.

Eine elektronenmikroskopische Aufnahme.

Den Querschnitt durch das 3D-Modell, um eine Vergleichsmöglichkeit mit der elektronenmikroskopischen Aufnahme zu schaffen.

Das Modell als Endprodukt.

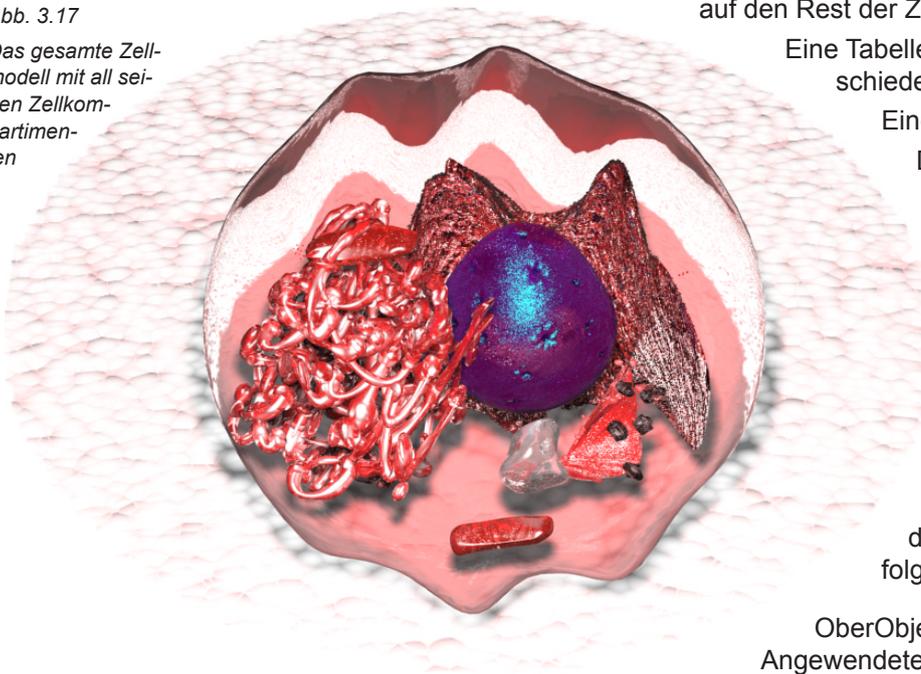
Eine Aufzählung der unter 3ds max™ verwendeten *Modifikatoren* und die Vorgehensweise, die zur Erstellung des Modells nötig war.

Dabei wird der Objektaufbau unter der 3ds max™-Modellierung folgendermaßen beschrieben:

OberObjekt:  
AngewendeteFunktion(ObjektA/ObjektB)

Abb. 3.17

Das gesamte Zellmodell mit all seinen Zellkompartimenten



### 3. ZellenVisualisierung

#### 3.3.2.1. Die Zellmembran

##### Funktion

Die Zellmembran grenzt die Zelle nach Außen hin von dem sie umgebenden Plasma und den Nachbarzellen ab. Gleichzeitig dient sie zum Import von Substanzen, die in der Zelle benötigt werden, wie auch zum Export solcher, die in der Zelle synthetisiert wurden.

Der Import erfolgt bei niedermolekularen Substanzen durch das direkte Durchwandern der Hüllmembran. Bei höhermolekularen Substanzen hingegen werden die Stoffe entweder direkt an der Membranoberfläche abgebaut, durch *Pinocytose* bei gelösten oder durch *Phagocytose* bei festen Substanzen.

Hierbei schnüren sich von der Membranoberfläche kleine Bläschen ab, die sich anschließend, die zu transportierenden Stoffe umschließend, ins Zellinnere bewegen.

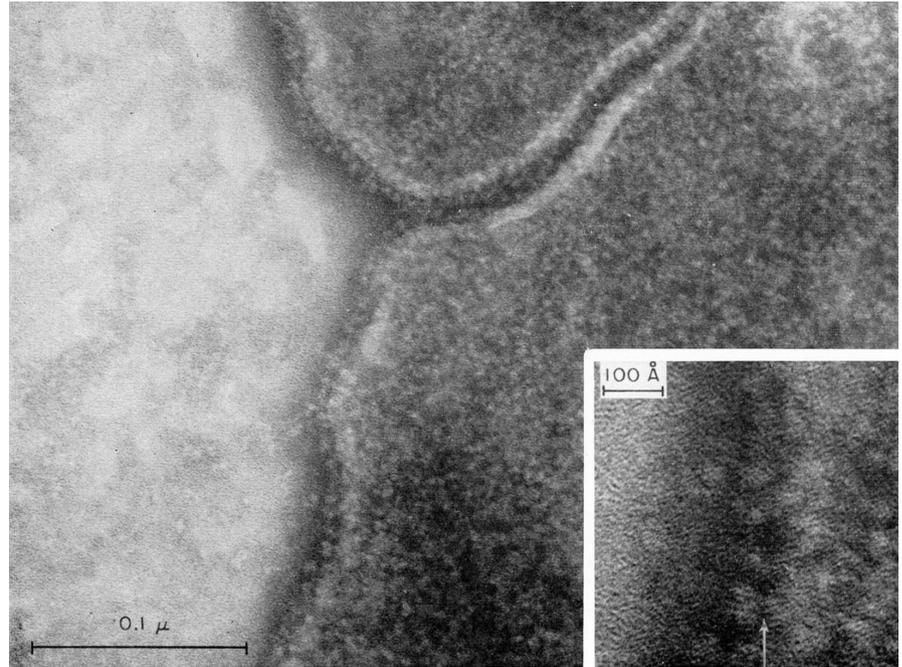


Abb. 3.18: EM-Bild eines isolierten Rattenleberplasma, wobei an der Oberfläche und an den Seiten kleine Partikel (globular knobs, Ø5-6nm) sichtbar sind, die im Inneren direkt oder durch kleine Stiele von über 2nm Länge mit der äußeren Schicht verbunden sind.

Elektronenmikroskopische Darstellung		Grafische Darstellung	
Gefrierätzmethode	Gefriersubstitution	Recherche	CELLmicrocosmos
unregelmäßig Kanten abgerundet wellenförmig nach außen Schatten nach innen Schimmer lipid-ähnliche Punktaufsätze an der Außenkante	unregelmäßig Kanten abgerundet wellenförmig nach außen Schatten nach innen Schimmer lipid-ähnliche Punktaufsätze an der Außenkante	oval oder abgerundet- quaderförmig unregelmäßige Wellenform an der Oberfläche teilweise bläschenartige Einschnürungen an der Oberfläche teilweise mit büstenartigen Microvilli-Aufsatz an einer Seite teilweise schlauchähnliche Einstülpung, die zum Endo- plasmatischen Retikulum führt	unregelmäßig Kanten abgerundet wellenförmig unregelmäßige Wellen an der Oberfläche durchsichtig glänzend rosa-rot Abmessungen: Lipidkopf: 8–10 nm Lipidumpf: 5 nm Membrandicke: 7–8 nm ZelleØ: 9.000 nm

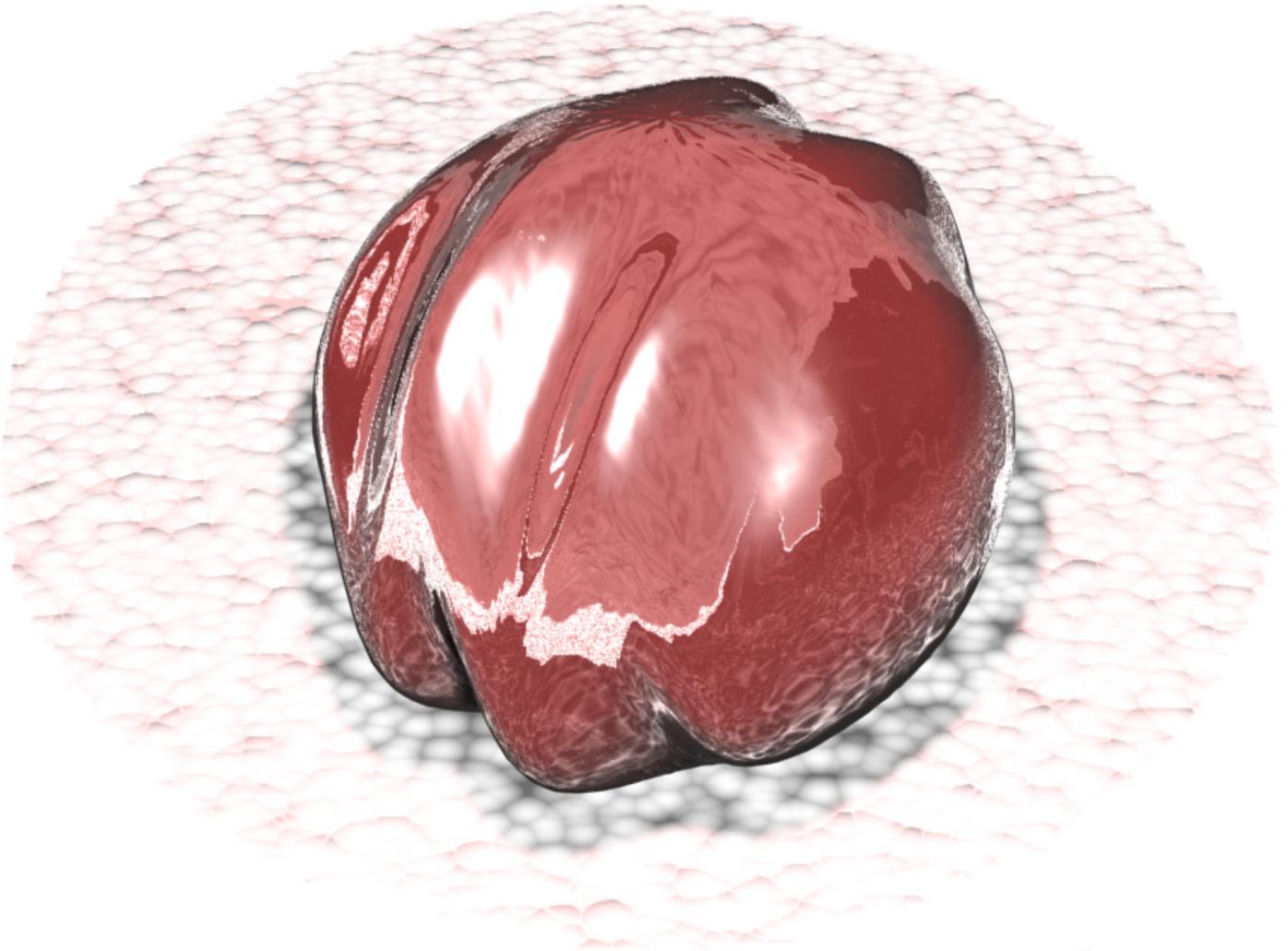


Abb. 3.19  
Zellmembran-  
Modell (ohne Nor-  
male)

#### Modellierung

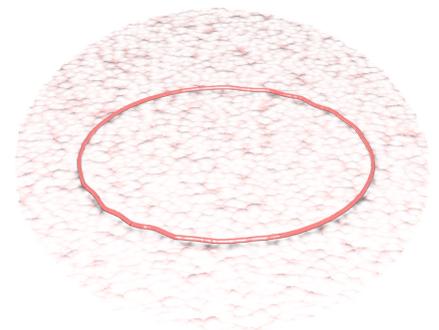
Kugel/Normale/Welle/Rauschen

Besonderheiten

Normale

Die *Normale* erzeugt einen Transparenzeffekt, der teilweise in der Animation genutzt wurde. Auf diese Weise sind die inneren Zellkompartimente auch außerhalb der Zelle sichtbar, ohne dabei von der sie umgebenden Zellmembran optisch verzerrt zu werden.

Abb. 3.20  
Zellmembran-  
Modell-  
Querschnitt



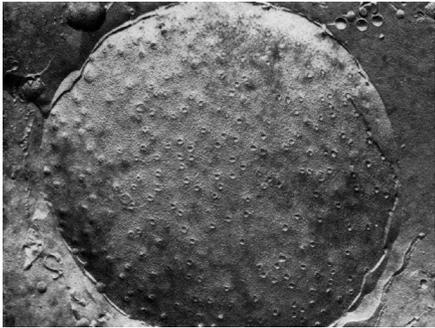
### 3. ZellenVisualisierung

#### 3.3.2.2. Der Nucleus

##### Funktion

Der Nucleus enthält die DNA (desoxyribonucleic acid) der Zelle; also das Original und das Negativ der Zellinformation. Von der DNA werden partielle, einsträngige Kopien erstellt, die Messenger- oder Matrizen-RNA (ribonucleic acid), die als Strukturpläne exportiert werden und in Bestandteilen der einzelnen Zellkompartimente (sh. 3.3.2.4.) Verwendung finden.

Neben dem Exportieren dieser Baupläne werden auch Informationen importiert. Hierbei finden die Kernporen Verwendung, die sich auf der äußeren NucleusMembran befinden. Die Poren sind komplizierte Gebilde, die aus ca. 100 verschiedenen Proteinen bestehen. Dabei werden durch die Mikroskopie die annulären Untereinheiten sichtbar, bestehend aus je acht ringförmig angeordneten Proteinen.

Elektronenmikroskopische Darstellung		Grafische Darstellung	
Gefrierätzmethode	Gefriersubstitution	Recherche	CELLmicrocosmos
tropfenähnliche Kugelform schmale schwarze Umrißlinie, etwas hochfrequenterere Wellenform doppelte (äußere, innere) Kernmembran Kernporen als kleine runde, eingerückte Aufsätze	unregelmäßige, tropfenähnliche Form kleine wellenförmige Linien an der Oberfläche kraterähnliche Kernpore	gebildet aus Kügelchen rund, oval runde kraterähnliche nukleare Poren teilweise wasserähnliche Darstellung des Nucleoplasmas Chromatin wird als Ansammlung kleiner Punkte oder als Labyrinth mit blasenähnlichen Strukturen dargestellt enthält teilweise fadenähnliches Geflecht (Nucleare Lamina)	Unregelmäßige, leichte Wellenform, tropfenähnlich Form beider Membranen parallel Äußere NucleusMembran: - kraterähnliche Kernporen - kleine wellenförmige Linien an der Oberfläche - schwach durchsichtig - violett Innerer Zellmembran: - enthält buntes fadenähnliches Gebilde (DNA/Chromatin) - schmale durchsichtige Umrißlinie, etwas hochfrequenterere Wellenform, fädiges Netzwerk - schwach durchsichtig - schimmernd - blau Position im Zentrum der Zelle Abmessungen: NucleusØ: 3.000 nm Nukleare PorenØ: 50-70 nm (5-30% der Nucleus-Oberfläche) Abstand innere/äußere Nucleusmembran: 10-über 50 nm
		<p><i>Abb. 3.21 Nucleus-Oberfläche, wobei die Kernporen als Krater erkennbar sind</i></p>	

### 3. ZellenVisualisierung

An diesen befinden sich kleine Fäden, die Fibrillen, die der Kontaktaufnahme mit evtl. passierenden Stoffen dienen. Zur Innenseite hin existiert ein korbartiges Gebilde, welches in der Mitte ein Loch aufweist, durch das passierende Stoffe in den Zellkern vordringen.

Die innere Membran dient der Anheftung von Chromosomen, während die äußere das ER erweitert. Außerhalb der Mitosephase treten die Chromosomen als Chromatin auf, ein fadenähnliches Gerüst, welches sich durch den gesamten Nucleus erstreckt.

Dieses wiederum besteht aus DNA und Kernproteinen (Histone- und Nichthistone-Proteine).

Abb. 3.22  
Nucleus-Modell-  
Querschnitt

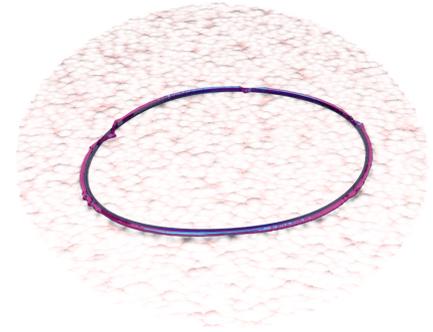
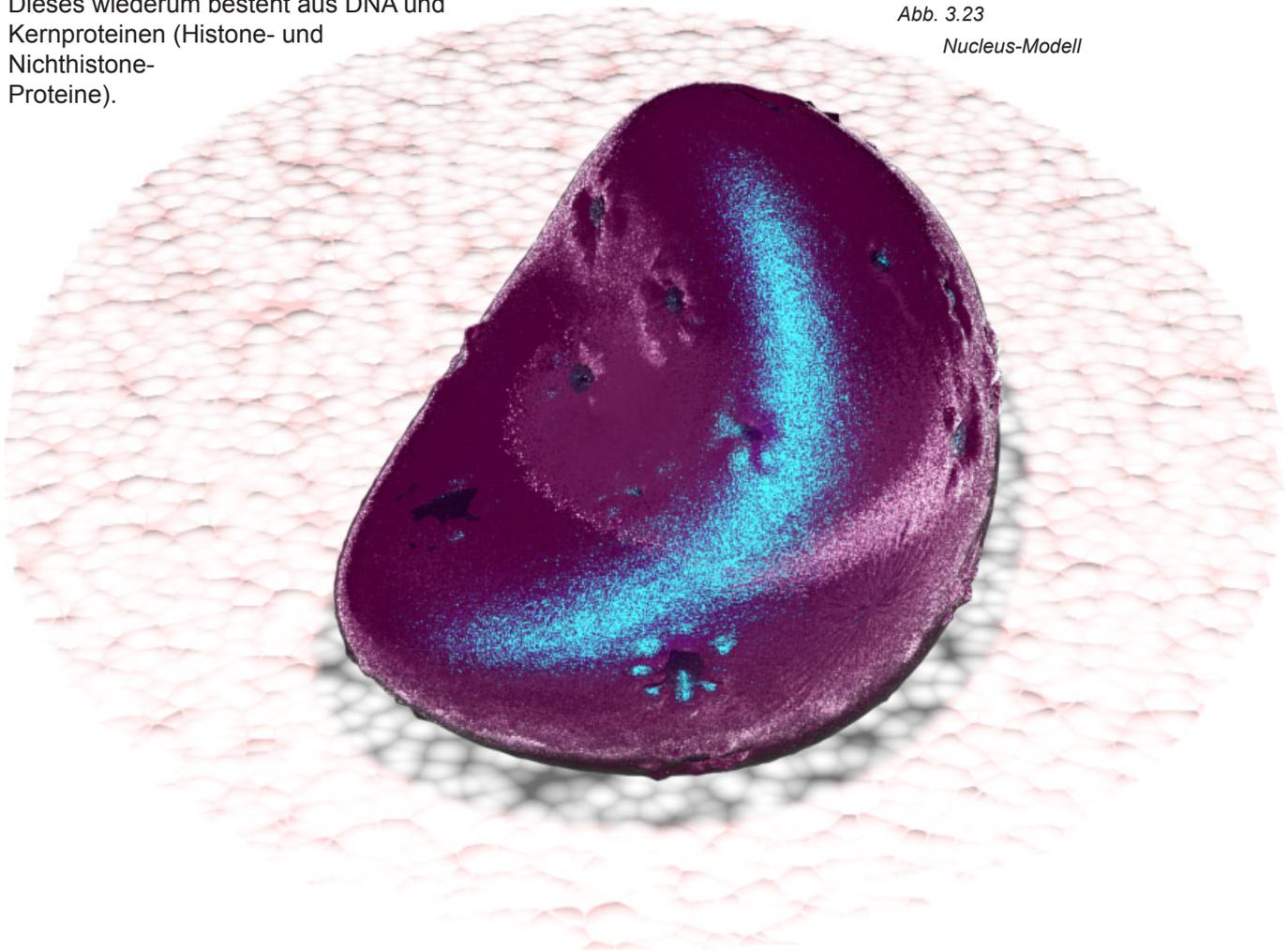


Abb. 3.23  
Nucleus-Modell



### 3. ZellenVisualisierung

#### Modellierung

Nucleus:

Gruppieren(NucleusInnerMembraneAndHole/NucleusOuterMembraneAndHole)

NucleusInnerMembraneAndHole:

Boolesch(NucleusInnerMembrane/Hole)

NucleusInnerMembrane:

Kugel/FFD4x4x4/Welle

NucleusOuterMembraneAndHole:

Boolesch(NucleusOuterMembrane/Hole)

NucleusOuterMembrane:

Kugel/FFD4x4x4/Welle/3D-Versch.\*9\*X/Rauschen, wobei X = Anzahl der NucleusPoren

Hole:

Kapsel

#### Besonderheiten

3D-Versch.

Die 3D-Verschiebung wurde zur Gestaltung der Nucleusporen genutzt. Durch sie wird ein magnet-ähnlicher Effekt erzielt, bei dem die Oberfläche des Nucleus vom *Gizmo* angezogen oder abgestoßen wird. Reguliert wird das Verhalten des *Gizmo* hauptsächlich über zwei Werte:

Die Stärke, welche die magnetische Wirkung des *Gizmos* regelt.

Der Verfall, der die Stärke in Relation zum Abstand des *Gizmos* zum Objekt setzt. D.h., wenn der Verfall größer als 0 ist, herrscht nahe am *Gizmo* die größte Magnetkraft und nimmt mit zunehmender Entfernung ab.

Des weiteren ist es noch wichtig, die Map festzulegen. In diesem Fall bestimmt sie die Form des *Gizmos*. Sowohl für den Krater als auch für die Kernporenproteine.

Da es sich bei den Kernporen in der Realität um ein kompliziertes korbartiges Gebilde handelt, wurde auf diese Weise eine vereinfachte Form der Poren modelliert:

Rund um den Krater sind die acht Kernporenproteine angeordnet, während der Krater selbst eine Einstülpung bildet, die unter der inneren Membran verborgen liegt. Der dadurch entstehende Mittelraum bildet den Korb, die Schleuse, die ein eintretendes Protein zunächst durchqueren muss, bevor es ins Kerninnere vordringen kann.

Boolesch

Der Öffnungsmechanismus wird durch zwei Löcher in den beiden Membranen simuliert.

Die Löcher werden durch zwei unsichtbare Kapseln erzeugt, die per *Boolesch*-Objekt jeweils mit einer Membran verbunden sind.

Um dieses Objekt zu Erzeugen, muss zunächst die Membran angewählt und dann in ein *Boolesch*-Objekt umgewandelt werden (sh. 3.3.1.). Unter Operationen wird „Ausschneiden/Innenseite entfernen“ ausgewählt. Auf diese Weise wird der zweite Operand, die Kapsel, als Schablone für das Schnittmuster benutzt.

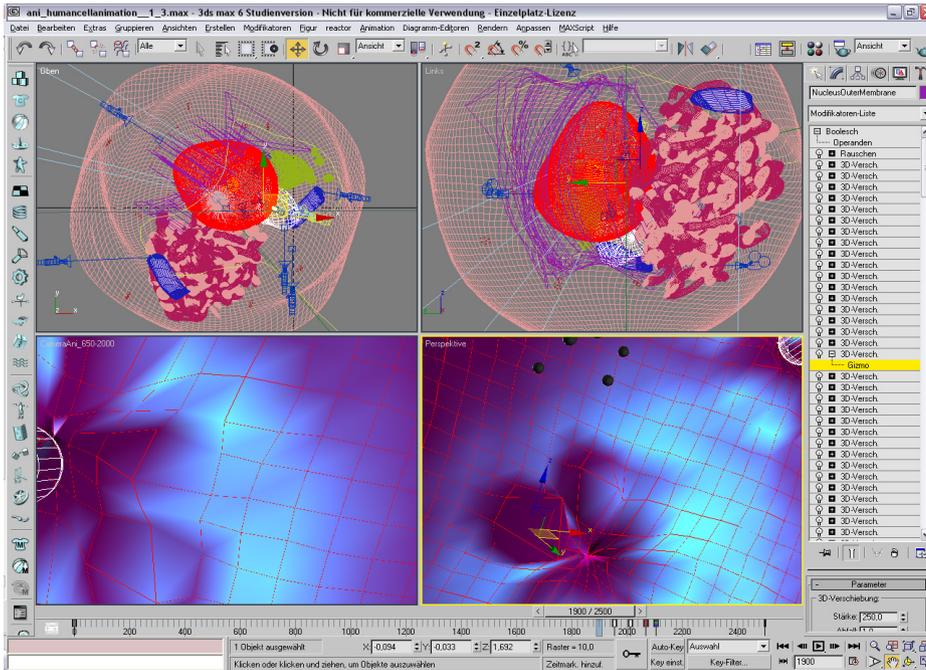


Abb. 3.24

3ds max™: 3DVersch.: NucleusOuterMembraneAndHole; angewählt ist NucleusOuterMembrane, dessen Krater und Kernporenproteine von 3DVersch.-Modifikatoren gebildet werden

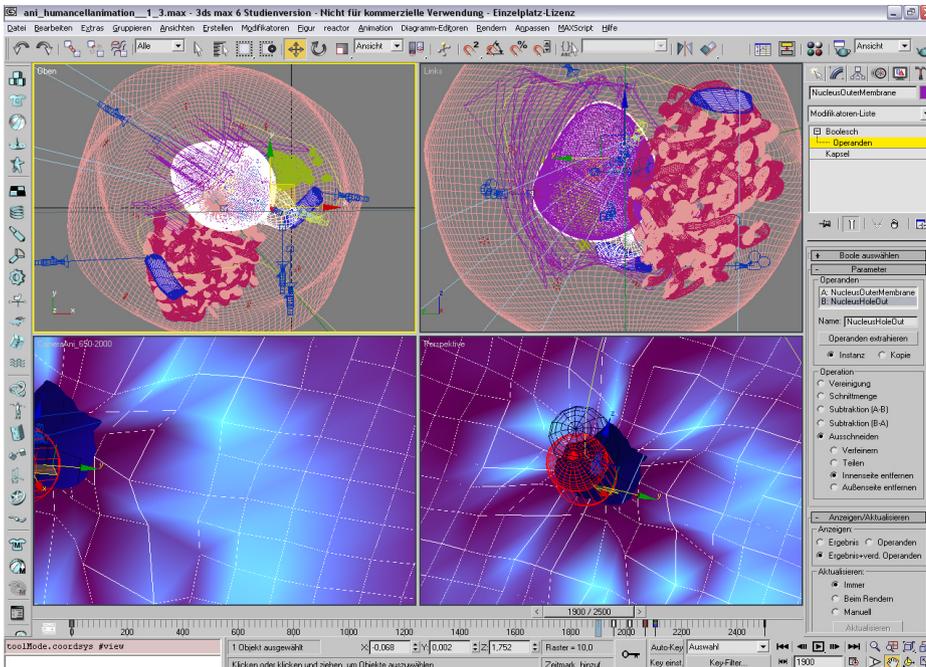


Abb. 3.25

3ds max™: Boolesch: NucleusOuterMembraneAndHole; angewählt ist Hole, eine Kapsel, die ein Loch in die NucleusOuterMembrane schneidet

### 3. ZellenVisualisierung

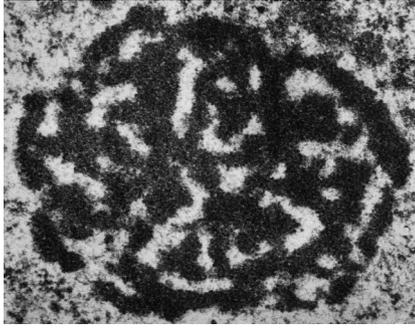


Abb. 3.26  
Nucleolus aus  
einer Ner-  
venzelle der  
Schabe *Peripla-  
neta*; deutlich  
sichtbar: das  
Nucleonema

#### 3.3.2.3. Der Nucleolus

##### Funktion

Im Nucleolus werden die Ribosomen gebildet. In ihm unterscheidet man zwei Zonen: Die Fibrilären Zonen sind die Syntheseorte der ribosomalen RNA, während die granulären oder auch Nucleo(lo)nema die unreifen Ribosomen, die Ribonucleinproteine, enthalten.

Bei der zuletzt genannten Zone handelt es sich um ein grobmaschig-verzweigtes Netzwerk.

Elektronenmikroskopische Darstellung		Grafische Darstellung	
Gefrierätzmethode	Gefriersubstitution	Recherche	CELLmicrocosmos
- kein geeignetes z.Zt. Bildmaterial vorhanden	dunkler Fleck mit teilweise - hellem inneren Fleck - hellem, fadenähnlichen Formen, teilweise verbunden - labyrinth-ähnlicher Form, dunkle/helle Flächen im ca. Gleichem Anteil - ohne Fleck, helles Umfeld	konzentrisch im Nucleus gelagert rund, oval oder blasenähnliche Form enthält Ansammlung von hellen Punkten oder größere Blasen größtenteils dunkler als Nucleus dargestellt	leichte Wellenform, tropfen- ähnlich dunkel aufgrund der Ribonucleoproteine fibriläre Zonen: hellere klei- nere ovalförmige Zonen granuläre Zonen: dunklerer Bereich, enthält granuläre Ribosomen, umschließt die fibrilären durchsichtig dunkelrot konzentrisch im Nucleus Abmessungen: NucleolusØ: 500 nm RibosomeØ: 10-15 nm

##### Modellierung

Nucleolus:

Gruppe(Nucleolus\_Granular/Nucleolus\_Fibrillar(x5)/  
NucleolusOmni)

Nucleolus\_Granular:

Kugel/FFD4x4x4/Welle

Nucleolus\_Fibrillar:

Gruppe(Nucleolus\_FibrillarOut/Nucleolus\_FibrillarIn)

Nucleolus\_FibrillarOut:

Kugel/FFD4x4x4/Welle

Nucleonema\_FibrillarIn:

Streuen(Ribosome/Nucleolus\_FibrillarOut)

Ribosome:

Kugel

InnerNucleolus:

Kugel/FFD4x4x4/Welle

NucleolusOmni:

Punktlicht

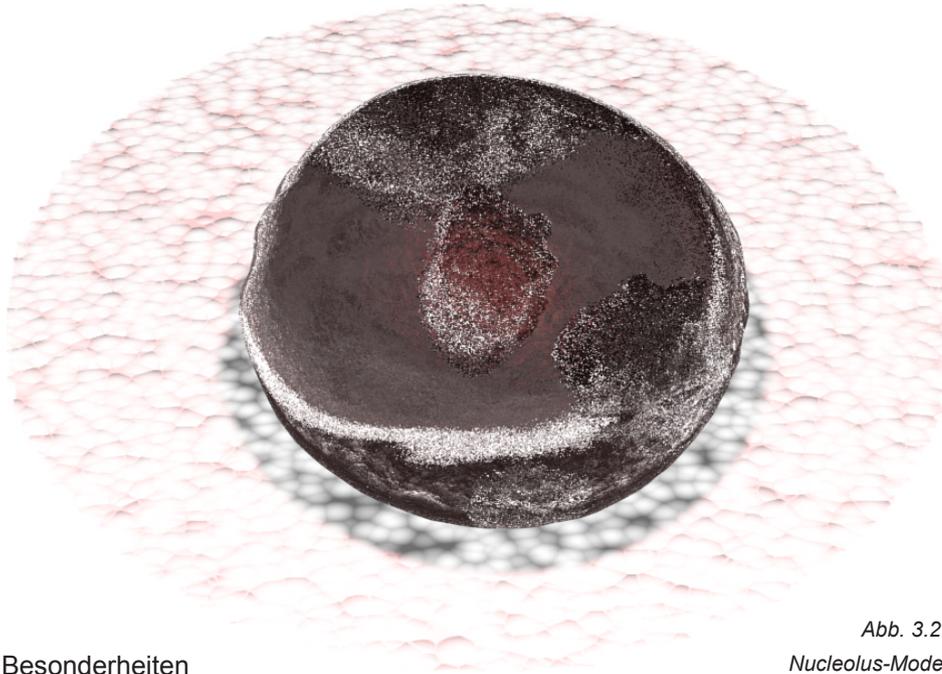


Abb. 3.28  
Nucleolus-Modell

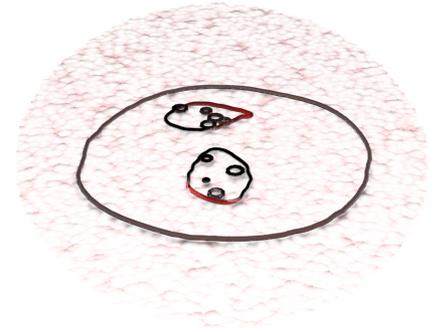


Abb. 3.27  
Nucleolus-Modell-Querschnitt

#### Besonderheiten

##### Streuen

Wie bereits erwähnt (sh. 3.3.1.), wird für die Ansammlung von Ribosomen das *Streuen*-Objekt verwendet. An dieser Stelle soll ein weiterer Vorteil dieses Objektes verdeutlicht werden. Der Tabelle ist zu entnehmen, dass die Ribosome eine Größe zwischen 10 und 15 nm haben sollen. Von Hand mehrere Tausend Ribosome mit unterschiedlichen Größen zu erstellen, wäre eine nicht besonders dankbare Aufgabe (wie z.B. im Falle des granulären Endoplasmatischen Retikulums). Zum einen könnte man ein *Script* schreiben (sh. 3.3.2.5.) oder einfach das *Streuen*-Objekt benutzen.

Dieses bietet die Möglichkeit, die Skalierung einzustellen. Es existiert nun das Quellobjekt Kugel. Unter Skalierung gibt es zwei Optionen, die in diesem Fall beide aktiviert werden sollten: „Maximalen Bereich verwenden“, der die maximal in einem der x/y/z-Felder angegebenen Zahl als Richtwert benutzt, und „Seitenverhältnis sperren“, um die runde Form der Ribosome zu gewährleisten. Der unter Skalierung eingetragene Wert gibt die Abweichung von der Ausgangsgröße wieder; er kann sowohl addiert als auch subtrahiert werden. Also wird der Kugel der Mittelwert als Größe zugeteilt, 12,5, und die Abweichung auf 20% festgesetzt. Nun liegt die Größe der Ribosomen zwischen 10 und 15 nm.

##### Punktlicht

Das *Punktlicht*, welches im Zentrum des Nucleolus plziert ist, dient zur inneren Ausleuchtung desselben. Der wichtigste Parameter ist der Multiplikator, mit dem die Intensität des Lichtes drastisch erhöht werden kann.

In der Realität ist der Nucleolus aufgrund der Ribonucleinproteine von außen erheblich dunkler. Allerdings wäre in diesem Fall die innere Struktur von außen nicht mehr sichtbar.

### 3. ZellenVisualisierung

#### 3.3.2.4. Das granuläre Endoplasmatische Retikulum

##### Funktion

Das rauhe (bez. des Aussehens im Elektronenmikroskop) Endoplasmatische Retikulum (kurz ER) oder auch Ergastoplasma dient der Proteinsynthese. Die in ihm synthetisierten Proteine weisen die

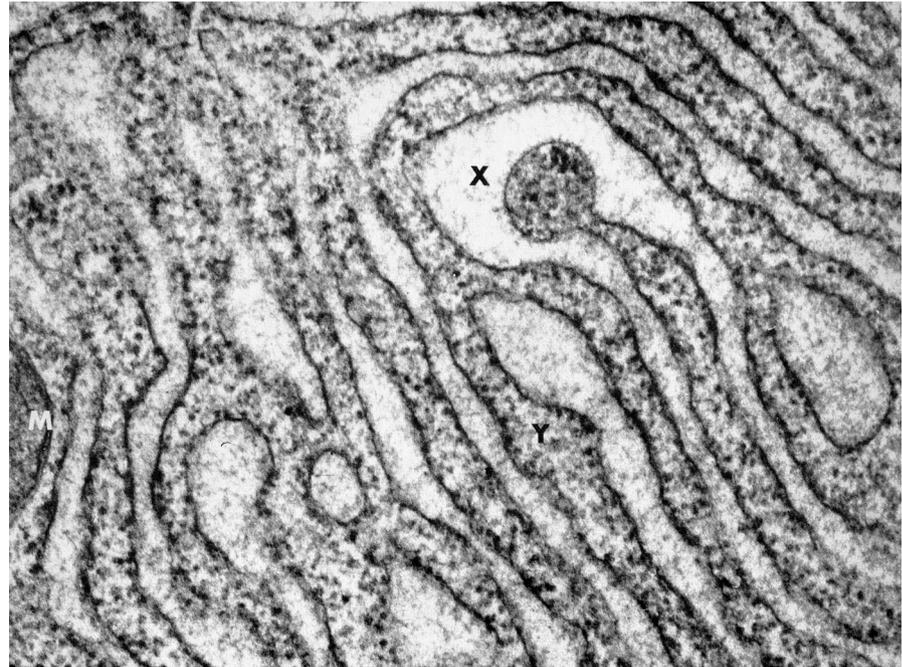
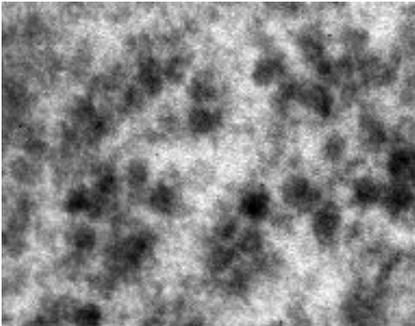


Abb. 3.29

Granuläres Endoplasmatisches Retikulum einer protein-ausscheidenden Plasmazelle:  
M Mitochondrium,  
X Höhlung zwischen den Zisternen,  
Y Zytoplasmatische Grundsubstanz mit Ribosomen

Elektronenmikroskopische Darstellung		Grafische Darstellung	
Gefrierätzmethode	Gefriersubstitution	Recherche	CELLmicrocosmos
geschwungener Wulst wellenförmig	ca. 50 aneinander anliegende und ausgerichtet, unterschiedlich lange wülstige Schichten unregelmäßige, fließende Form	liegt am Nucleus eng an, teilweise nahtloser Übergang schmale, faltenähnliche Struktur Ansammlung von gewellten Schichten mit Übergängen Oberfläche teilweise mit kleinen Kugeln versehen schließt teilweise den Nucleus komplett oder nur zur Hälfte ein	granuläre Ribosomen an der Oberfläche und in Zisternen dadurch rauhe Oberfläche länglich-unregelmäßige, verschlungene Schichten, größtenteils zusammenhängend Bildung hauptsächlich spaltförmiger, flacher Zisternen sehr schwach durchsichtig rosarot/grau Position direkt am Nucleus, neben agranulärem ER Abmessungen: GER: 2.000 X 5.000 nm RibosomeØ: 10-15 nm
	Abb. 3.30 Ribosom; Zellorganelle aus ribosomaler Ribonucleinsäure (RNS) und Proteinen. Es kommt einzeln, in Bündeln als Polyribosom und auf der Oberfläche des granulären ER vor.		

### 3. ZellenVisualisierung

unterschiedlichsten Aufgaben auf: Strukturproteine dienen als Baustoffe, Enzymproteine katalysieren bestimmte Reaktionen und Hormone, die ganze Stoffwechselvorgänge regulieren können.

Sie besteht aus einem Netzwerk von Membranen, die plasmaseitig mit feinen Granula besetzt sind und schließt sich i.d.R. direkt an die äußere Nucleusmembran an. Da letztere Ribonucleinsäure enthalten, werden sie als Ribosomen bezeichnet. Sie befinden sich nicht nur an der Oberfläche der Membranen, sondern auch in den Zisternen dazwischen, also im Zytoplasma. Dabei bilden mehrere von ihnen Spiralen oder Doppelreihen und werden in dieser Form als Polysomen bezeichnet.

Abb. 3.31  
granuläres  
ER-Modell-  
Querschnitt

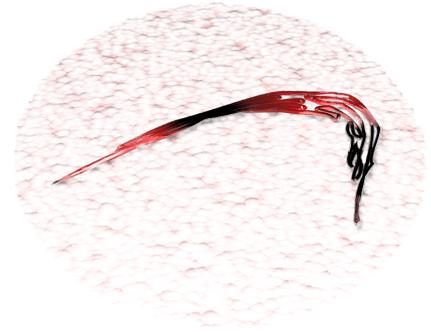
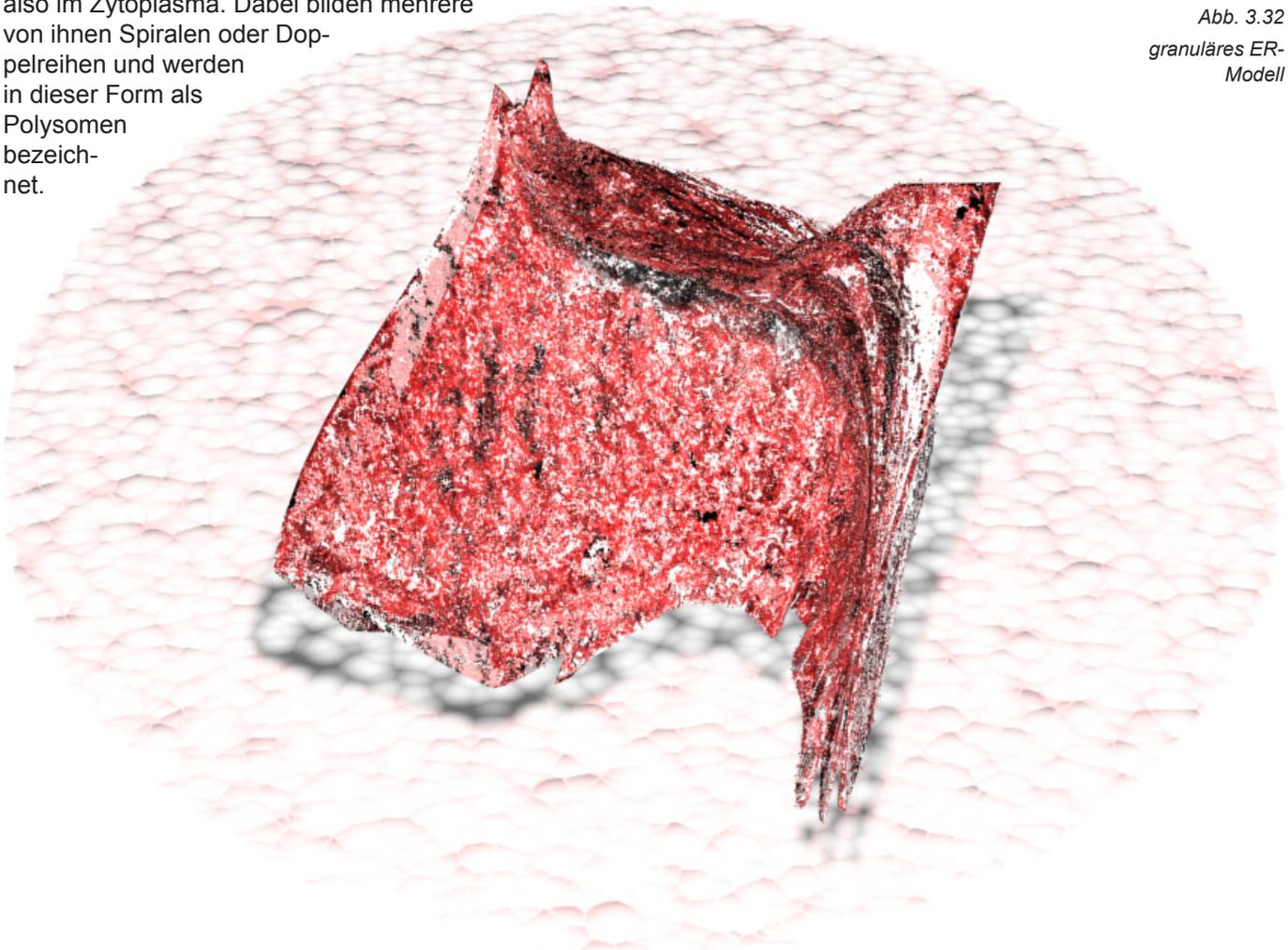


Abb. 3.32  
granuläres ER-  
Modell



### 3. ZellenVisualisierung

Sie dienen dem Binden von aus dem Kern exportierten mRNA. Zusammengehalten werden die einzelnen Ribosomen im Polysom durch einen Matrizen-RNS-Faden, an dem sie sich zuvor angelagert haben. Während die Ribosomen Enzyme synthetisieren (Proteinbiosynthese), die zellintern Verwendung finden, dient das eigentliche granuläre ER mit seinen Lumen (Höhlung, die von einer Membran umgeben ist; lat. Licht/Öffnung) dem Enzymexport. Dabei ist zu beachten, dass die produzierten Stoffe nicht unbedingt schon in der endgültigen Form ausgeschieden werden. Sie werden teilweise zum Golgiapparat weitergeleitet.

#### Modellierung

GranularEndoplasmaticReticulum:  
Linie/Spline bearbeiten/Oberfläche/Welle/Welle/Welle

GranularEndoplasmaticReticulum\_Ribosomes:  
Streuen(Kugel/GranularEndoplasmaticReticulum)

#### Besonderheiten

##### Linie

Bei der Erstellung des *GranularEndoplasmaticReticulum*s war die faltenähnliche Struktur besonders problematisch. Zunächst wurde eine *Linie* erstellt, die der Objektkategorie „Shapes“ angehört, also einen zweidimensionalen, vektorbasierten Umriß schafft. Bei der *Linie* kann mit *Bézierkurven* gearbeitet werden. Es ist möglich, entweder direkt bei der Erstellung die Tangente einer solchen Kurve auszurichten, oder dieses im Nachhinein zu tun. Die unterschiedlichen Scheitelpunkte, die bei der Erstellung der *Linie* entstehen, können jederzeit per Rechtsklick in ihrem Typ geändert werden: „Glatt“ schafft eine glatte Kurve im Bereich des Scheitelpunktes, „Ecke“ führt die beiden abgehenden *Linie* direkt den folgenden beiden Scheitelpunkten zu, „Bézier“ schafft eine kontinuierliche Tangente, mit deren Hilfe die Laufweite der Kurve einstellbar ist und „Bézier-Ecke“ schafft zu beiden Seiten des Punktes je eine diskontinuierliche Tangente, mit der die Laufweite für jede Seite einstellbar ist. Bei der Modellierung werden besonders die letzten drei Typen sehr oft eingesetzt. Um nach der Erstellung der *Linie* sie noch weiter zu bearbeiten, wird in der *Befehlspalette* ein Doppelklick auf „Linie“ ausgeführt, wodurch der „Scheitelpunktmodus“ aktiviert wird. Nun können die einzelnen Scheitelpunkte im *Ansichtsfenster* bearbeitet werden.

Der Umriß muss natürlich abgeschlossen sein, d.h., dass der Anfangs- und Endpunkt aufeinander liegen und verbunden sein müssen. Dazu muss bei der Platzierung des letzten Punktes dieser einfach über dem ersten platziert und „Spline schließen“ bestätigt werden. Ebenfalls ist bei dem Setzen der Punkte darauf zu achten, dass sie sich im Nachhinein zu drei- oder viereckigen Polygonen per zusätzlicher *Linie* verbinden lassen (s.u., „Spline bearbeiten“). Bei der Erstellung des Umrisses ist es besonders wichtig darauf zu achten, in einer zweidimensionalen Ansicht zu arbeiten, also z.B. „Oben“ und „Rechts“. Ansonsten ist die Platzierung der Kontrollpunkte kaum durchführbar, da man in einer dreidimensionalen Ansicht eine räumlich kontinuierliche Platzierung kaum möglich ist. Ebenso wichtig ist es, Überschneidungen der Kurven auf jeden Fall zu vermeiden, da ansonsten die folgenden Arbeitsschritte nicht möglich sind.

Ist der erste Umriß fertig gestellt, muss dieser kopiert werden. Im „Splinemodus“, wozu in der *Befehlspalette* unter

„Linie“ „Spline“ angewählt wird, wechselt man in eine Ansicht, in der der Umriß von der Seite sichtbar ist. In der *Hauptsymbolleiste* wird „Auswählen und Verschieben“ angewählt. Während die Shift-Taste gedrückt bleibt, wird der angewählte Umriß nach oben verschoben. Es entsteht eine Kopie des letzteren.

#### Spline bearbeiten

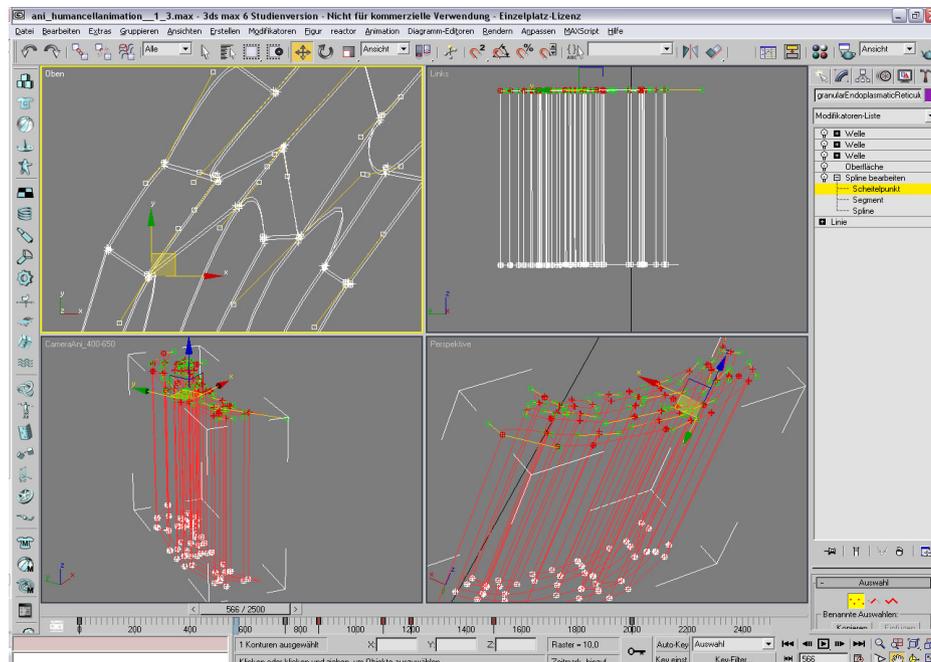
Ziel ist es, diese beiden Umrisse jetzt in der Form zu verbinden, dass aus ihnen ein Objekt entsteht, welches mit einer *Oberfläche* versehen werden kann.

Dazu muss als nächster Arbeitsschritt der *Modifikator* „Spline bearbeiten“ auf die *Linie* angewendet werden. Mit dessen Hilfe ist es nun möglich, weitere *Linien* dem Umriß hinzuzufügen. Der Grund ist, dass die abschließend hinzugefügte *Oberfläche* nach einer Fläche verlangt, die aus drei- oder viereckigen Polygonen gebildet wird. Also müssen alle *Linien* jetzt in der Weise mit den Scheitelpunkten des Splines verbunden werden, dass dieses Kriterium auf die Fläche zutrifft. Sobald an einer einzigen Stelle eine Überschneidung eintritt, wird die *Oberfläche* nicht sichtbar sein.

Ist dieser Vorgang abgeschlossen, müssen die äußeren Eckpunkte der Umriss miteinander verbunden werden. Hierzu wird eine Seitenansicht gewählt. In der Praxis hat sich erwiesen, dass zunächst eine Musterlinie erstellt werden sollte, die genau zwei zu verbindende Punkte berührt und deren Kopien dann an die entsprechenden Stellen versetzt werden können.

Abb. 3.33

3ds max™: *Spline bearbeiten*: angewählt ist der Spline-Scheitelpunkt des granulären ER, dabei werden die Bézierkurven sichtbar, mit denen die Form der Linien bestimmt werden



#### Oberfläche

Sind nun alle *Linien* fertiggestellt, werden sie nun mit dem *Oberflächen-Modifikator* zu einer Fläche verschmolzen.

Der Grenzwert stellt den Abstand dar, den zwei zu verschmelzende Punkte maximal voneinander entfernt sein dürfen. D.h. also, auch voneinander getrennte *Linien* werden bei korrektem Abstand verschmolzen. Falls das Objekt invers erscheint, also bei Perspektivenwechsel Darstellungsfehler auftreten, kann eine Aktivierung von „Normalen wenden“ diesen Effekt i.d.R. korrigieren.

Mit Hilfe der „Patch-Topologie“ wird die Anzahl der Scheitelpunkte festgelegt, die automatisch zwischen zwei bereits vorhandenen Punkten erzeugt werden.

### 3. ZellenVisualisierung

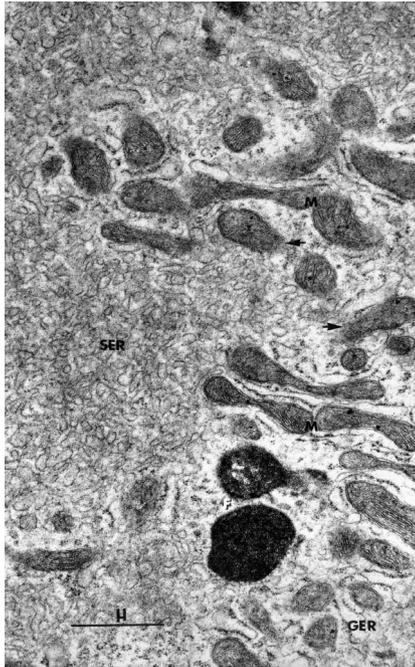


Abb. 3.34

Gewebe eines Menschen: *F* Ferritin-enhaltende Körnchen oder siderosomes, *GER* Granuläres Endoplasmatisches Retikulum, *M* Mitochondrium, *SER* Smooth oder agranuläres Endoplasmatisches Retikulum, Pfeile zeigen auf Stellen, an denen die Mitochondrienwände schräg angeschnitten wurden

#### 3.3.2.5. Das agranuläre Endoplasmatisches Retikulum

##### Funktion

Das agranuläre ER kann in manchen Zellen nahtlos mit dem granulären verbunden sein. Es hat meist mehrere *metabolische* Funktionen inne und ist so z.B. für den Calcium-Transport, die Synthese von Lipiden und Stereoiden, und die Entgiftung zuständig.

Es ist meist vakuolar, besteht aus Vesikeln und bildet ein weitverzweigtes röhrenartiges Netz aus.

Elektronenmikroskopische Darstellung		Grafische Darstellung	
Gefrierätzmethode	Gefriersubstitution	Recherche	CELLmicrocosmos
geschwungener Wulst wellenförmig	unterschiedlich- tropfenförmige aneinander- liegende, grau-weiße Blasen astförmige Hauptstränge, rundliche Formen	kleine vakuolenähnliche Gebilde rund-röhrenförmiges Laby- rinth glatte Oberfläche	vakuolar, bestehend aus mehreren runden Vesikeln und einem verästeltem Röhrensystem leicht durchsichtig glänzend rot Position direkt am Nucleus, neben granulärem ER Abmessungen: AER: 8000 X 8000 nm; VesikelØ: 100 nm ÄsteØ: 4 nm
		<p>Abb. 3.35 Interstitielle Zelle aus dem Hoden der Maus. <i>N</i> Nucleus, <i>SER</i> Glattes Endoplasmatisches Retikulum, Pfeile zeigen auf weitverzweigte tabuläre Strukturen</p>	

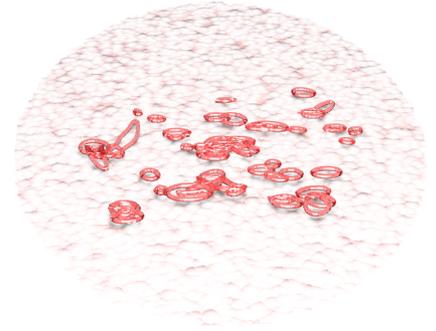


Abb. 3.36  
agranuläres  
ER-Modell-Querschnitt

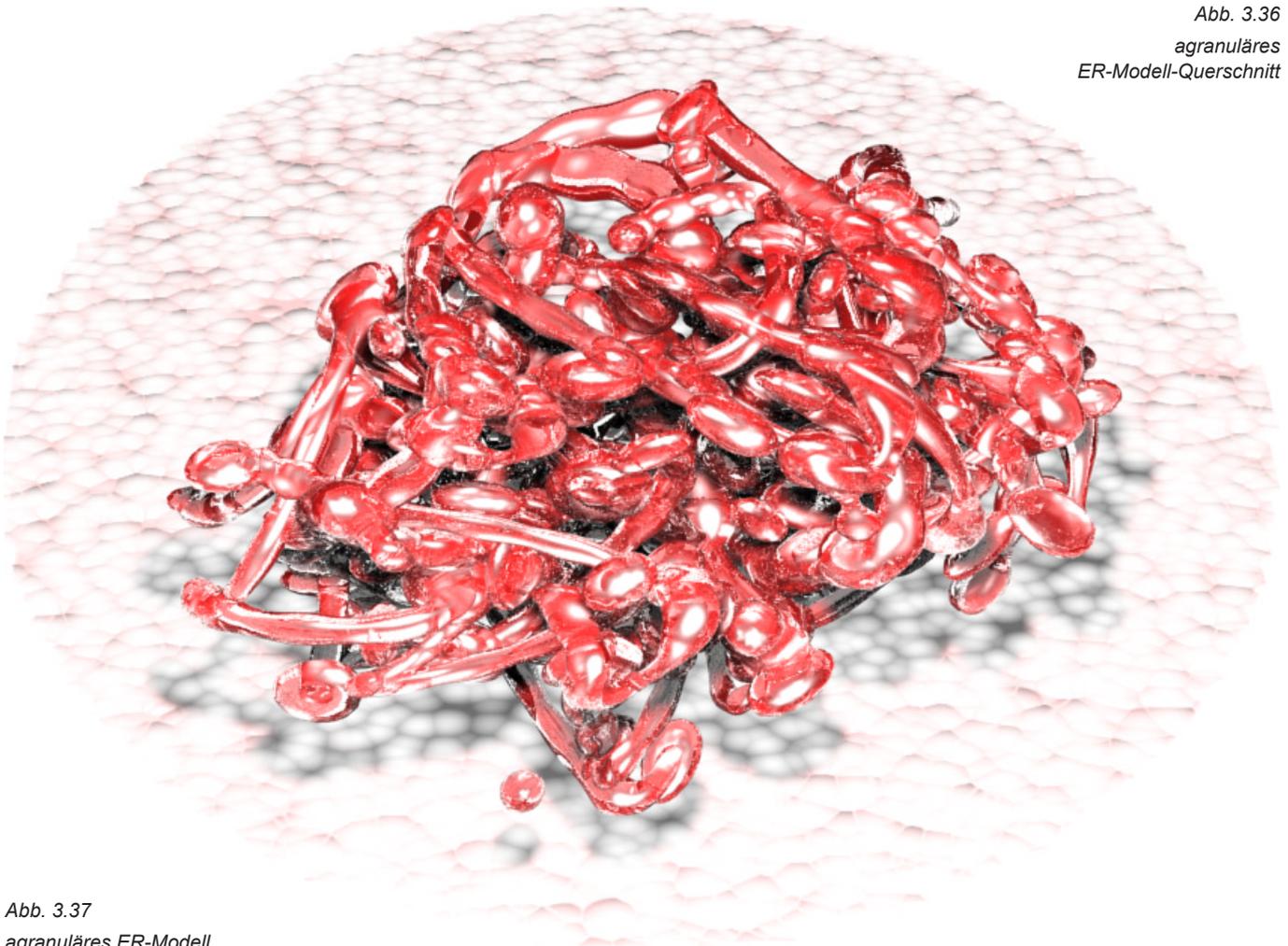


Abb. 3.37  
agranuläres ER-Modell

### 3. ZellenVisualisierung

#### Modellierung

AgranularEndoplasmaticReticulum:

Gruppieren(AERVesicles/AERTubes)/Welle/Verdrehung

AERVesicles/AERTubes :

Spline bearbeiten

AgranularEndoplasmaticReticulumVacuoles:

Streuen(AERVesicle/AERSphere)->editablepoly\_exportallobjects.ms->

„In bearbeitbares Polygon umwandeln“->editablepoly\_changepivot.ms->allselectedobj\_rename.ms

AERVesicle:

Kugel

AERSphere:

Kugel/FFD4x4x4/Welle

AgranularEndoplasmaticReticulumTube:

Schlauch(BoundToObjectPivot of 2 agranularEndoplasmaticReticulumVacuoles)

#### Besonderheiten

Schlauch

Die Grundstruktur des *AgranularEndoplasmaticReticulum* sieht folgendermaßen aus: Das Vesikel wird durch eine Geosphäre dargestellt, da diese eine glattere Oberfläche als eine Kugel liefert, die durch den Scheitelpunktchaosmodifikator des *Streuen*-Objektes zu einer leicht welligen Oberfläche gewandelt werden kann. Diese Vesikel sollen nun miteinander verbunden werden. Hierzu bietet sich der zu den „Erweiterten Grundkörpern“ zählende *Schlauch* an. Dieser kann in zwei Modi versetzt werden: „Freier Schlauch“, der als unabhängiges Objekt im Raum plaziert wird, oder „An Objektschwerpunkt gebunden“. Letztere Option wird angewählt und unter „Objekt binden“ und „Unteres/Oberes Objekt auswählen“ werden nun zwei Vesikel mit dem *Schlauch* verbunden. Da der *Schlauch* eine möglichst tunnelartige, fließende Form haben soll, sind folgende Einstellungen noch von Belang: Die Spannung, die man von der Effektivität mit der Länge einer *Bézier*-Tangente vergleichen kann, sollte maximal 50 betragen, da ansonsten die entstehende Kurve zu weitläufig ist.

Unter „Allg. Schlauchparameter“ sollte die „Segmentanzahl“ um die 50 liegen, damit keine scharfen Kanten entstehen, die „Zyklen“ nicht die Anzahl von 5 überschreiten, da sonst zu unreal wirkende, regelmäßige Wölbungseffekte auftreten, und der „Durchmesser“ im negativen Bereich liegen, um eine Verjüngung zur Mitte hin zu schaffen. Unter den Parametern von „Schlauch-Shape“ sollte der „Durchmesser“ kleiner als der der Vesikel sein und die Anzahl der „Seiten“ um die 20 liegen, damit ein weicher Umriß erzeugt wird.

Scripte

Nun wurde auf diese Weise die Grundstruktur geschaffen. Und nun das Problem: Dieser Vorgang sollte für ungefähr 250 Vesikel durchgeführt werden.

Da alle Vesikel unterschiedliche Formen annehmen sollen, bietet sich erneut das *Streuen*-Objekt an (sh. 3.3.2.3.). Die Vesikel sind also schnell erstellt, nun müssen aber diese mit den Schläuchen verbunden werden. Diese binden aber an die *Schwerpunkte* der Objekte. Und das *Streuen*-Objekt bietet nur einen. Also müssen alle Vesikel aus dem letzteren extrahiert werden, damit sie jeweils ihren eigenen *Schwerpunkt* erhalten.

Da in diesem Objekt nicht jedes einzelne Vesikel angewählt werden kann, muss es zunächst in eine Ansammlung

von Polygonen umgewandelt werden. Dazu wird nach einem Rechtsklick auf das Objekt „In bearbeitbares Polygon umwandeln“ ausgewählt. Während das Objekt ausgewählt bleibt, wird nun folgendes *Script* ausgeführt:

```
-- 3DMAX-Script
-- extract 0..n elements of the same polygon-size
-- contained in the selected editable_poly-object
-- where n = ELEMENTCOUNT, the number of elements in the editable_poly
--
-- this script is useful, if you have a great editable_poly,
-- which contains many elements (e.g. a field of comets) and you
-- want to extract all elements to seperate objects
--
-- please make sure that all elements have the same number of polygons
-- (in general this will be the case, if the editable_poly was converted
-- from a scatter-object) and the object is selected

-- please set the number of elements
ELEMENTCOUNT = 250;

--computes the polygon-size of one element
POLYCOUNT = ($.getNumFaces()/ELEMENTCOUNT);

--changes to subobjectlevel ,element` of the editable_poly
subobjectLevel = 5;

for i = 0 to (ELEMENTCOUNT-1) do (
    --select the ppolygons one element
    $.EditablePoly.SetSelection #Face #{1..POLYCOUNT};
    --use button ,Detach`
    $.EditablePoly.ButtonOp #Detach;
)

-- BSD2004 v.1.0
```

### 3. ZellenVisualisierung

Nun besteht noch ein weiteres Problem: Alle Vesikel haben nun ihren eigenen *Schwerpunkt*, aber: Er hat noch die gleiche Position inne, die er beim *Streuen*-Objekt hatte. Somit liegen alle *Schwerpunkte* auf der gleichen Position. Jeder von ihnen muss aber im Zentrum jedes Vesikels positioniert werden, damit dort der *Schlauch* ansetzen kann. Die Automatisierung dieses Vorganges erfolgt durch folgendes *Script*:

```
-- 3DMAX-Script
-- changes the pivot of all selected editable_poly-objects
-- to the center of its element
-- this script is useful, if you extracted many objects contained
-- in an editable_poly (e.g. a field of comets)
--
-- please make sure that there is only one element (e.g. one edited
-- Sphere) contained in every editable_poly-object

for i in selection do (

  --create array for (x,y,z)
  sumAllPolyPos = #(0,0,0)
  --get the number of all vertices of one object
  numVertices = i.getNumVertices();

  --sum the positions of all vertices of one object
  for j = 1 to numVertices do (
    --get the position of one vertex
    wholePolyPos = polyop.getvert i j;
    sumAllPolyPos[1] = sumAllPolyPos[1] + wholePolyPos[1];
    sumAllPolyPos[2] = sumAllPolyPos[2] + wholePolyPos[2];
    sumAllPolyPos[3] = sumAllPolyPos[3] + wholePolyPos[3];
  )

  --compute the center from those sum
  sumAllPolyPos[1] = sumAllPolyPos[1]/numVertices;
  sumAllPolyPos[2] = sumAllPolyPos[2]/numVertices;
  sumAllPolyPos[3] = sumAllPolyPos[3]/numVertices;
```

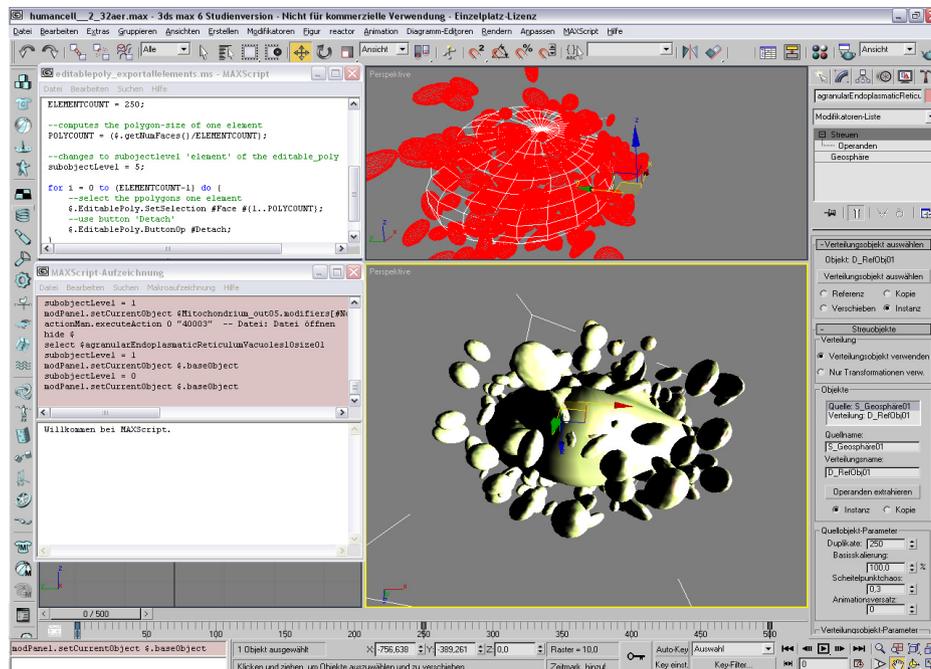
```
--set the pivot to the new position
i.pivot = [sumAllPolyPos[1],sumAllPolyPos[2],sumAllPolyPos[3]]
```

)

```
-- BSD2004 v.1.0
```

Nun sind also alle 250 Vesikel extrahiert und können nun mit Schläuchen verbunden werden. Leider handelt es sich immer noch um ca. 100 Stück, aber es macht wenig Sinn, diesen Vorgang zu Automatisieren, da sie jeweils vernünftig ausgerichtet werden müssen. Ratsam ist es daher, ca. 5 Grundmodelle zu gestalten, die dann jeweils kopiert und mit anderen Vesikeln verbunden werden. Auf diese Weise ist das *AgranularEndoplasmaticReticulum* relativ schnell komplettiert.

Abschließend an dieser Stelle noch ein kleines *Script*, welches zeigen soll, wie einfach einige Arbeitsvorgänge automatisiert werden können. Es benennt alle ausgewählten durchnummerierten Objekte, in diesem Fall z.B. die Kugeln in *AERVesicle*, um:



```
-- 3DMAX-Script
```

```
-- change the names of
all selected objects to
x
```

```
-- where x = NEWNAME +
a number
```

```
-- please set the base-
name of all objects
```

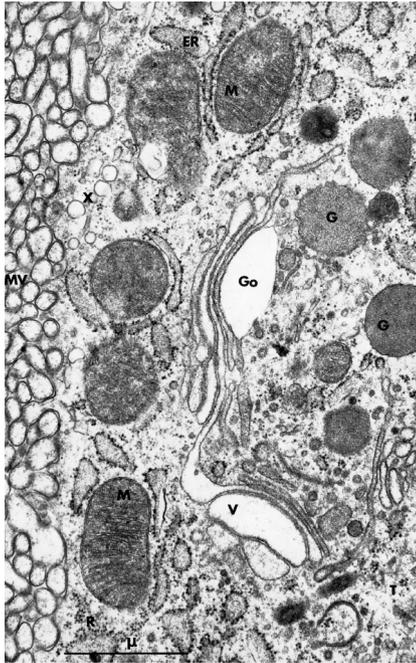
```
NEWNAME = ',AERVesicle';
```

```
for i in selection do
i.name = uniqueness NEW-
NAME;
```

Abb. 3.38

3ds max™: Scripte: Die Elemente eines Streuen-Objektes sollen mit einem Script extrahiert werden

### 3. ZellenVisualisierung



#### 3.3.2.6. Der Golgiapparat

##### Funktion

Der Golgiapparat oder Golgikomplex speichert die synthetisierten Stoffe, bis diese im Organstoff- oder Zellstoffwechsel benötigt werden oder ihre Abgabe als Sekret in die Blutbahn erfolgt. Darüberhinaus werden hier auch Stoffe fertiggestellt, die vom granulären ER unvollständig produziert wurden.

In Zellen, die teilungsfähig sind, sich somit also duplizieren können, findet man im Golgiapparat die beiden Zentriolen. Kommt es zur Teilung, wandern diese zu den entgegengesetzten Enden der Zelle und bilden so zwei Richtungspole. Auf diese Weise werden die genetischen Informationen auf die beiden Zellen gleichmäßig aufgeteilt.

Der Golgiapparat besteht aus einer Ansammlung von mehreren, dicht beieinander liegenden Dictyosomen. Diese wiederum bestehen je aus vier bis acht, selten sogar 30 Zisternen. Das sind flache Membranvesikel (Ø 1000-2000 nm), die meist verdickte oder in Vesikel zerfallende Ränder aufweisen.

Abb. 3.39

Zelle im Huhnmagen. Golgiapparat. ER Granular Endoplasmatisches Retikulum, G Zymogen-Körnchen, Go Golgiapparat, M Mitochondrium, R Rosetten von Ribosomen, MV knollige(bulbous) Microvilli, T Microtubulie, V Golgi-Vakuole, X Tubulovisicles (röhrenförmige Vesikel)

Elektronenmikroskopische Darstellung		Grafische Darstellung	
Gefrierätzmethode	Gefriersubstitution	Recherche	CELLmicrocosmos
- kein geeignetes z.Zt. Bildmaterial vorhanden	Wülste unregelmäßige, ellipsenförmige oder quadratische Wellenform ca. 20 unterschiedlich große weiße Bläschen	mind. vier längliche Wülste längs aneinander geordnet mit tropfenähnlichen Anhängseln tropfenförmige Kugeln rundherum angeordnet	Golgi-Vakuolen: Längliche Wülste, die Dictyosome, längs aneinander geordnet, matt, rot Golgi-Absonderungskörnchen (Lysosomen): tropfenförmige Kugeln, matt, schwarz-grau Golgi-Vesikel: kleine tropfenförmige Kugeln Kugeln, matt, rot Abmessungen: GolgiVakuolen: 50 X 250nm GolgiVesikelØ: ca. 50 nm GolgiKörnchen: ca. 150 nm Position Umgebung Nucleus, Nähe granuläres ER

Jedes Dictyosom hat zwei Seiten: Die der ER zugewandte, konvexe *cis*-Seite und die konkave *trans*-Seite. Erstere wird auch als Bildungsseite, zweitere als Sekretionsseite bezeichnet, an der sich die enzymatisch veränderten Proteine in Vesikel verpackt befinden und abschnüren.

Ein Dictyosom unterteilt sich in fünf Schichten: *CGN* (anwachsendes cis-Golginetwork), darüber die *cis cisternae* (löchrige Membranstapel), die *medial* und die *trans cisternae* (auflösender Membranstapel) und zuletzt das *TGN* (zerfallendes trans-Golginetwork).

Abb. 3.40  
Golgiapparat-Modell  
Querschnitt

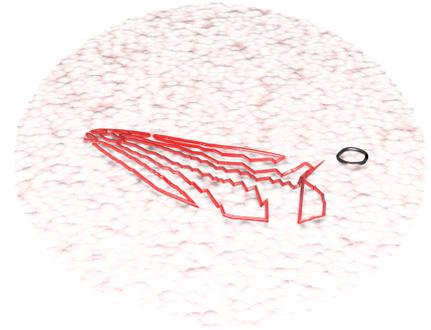
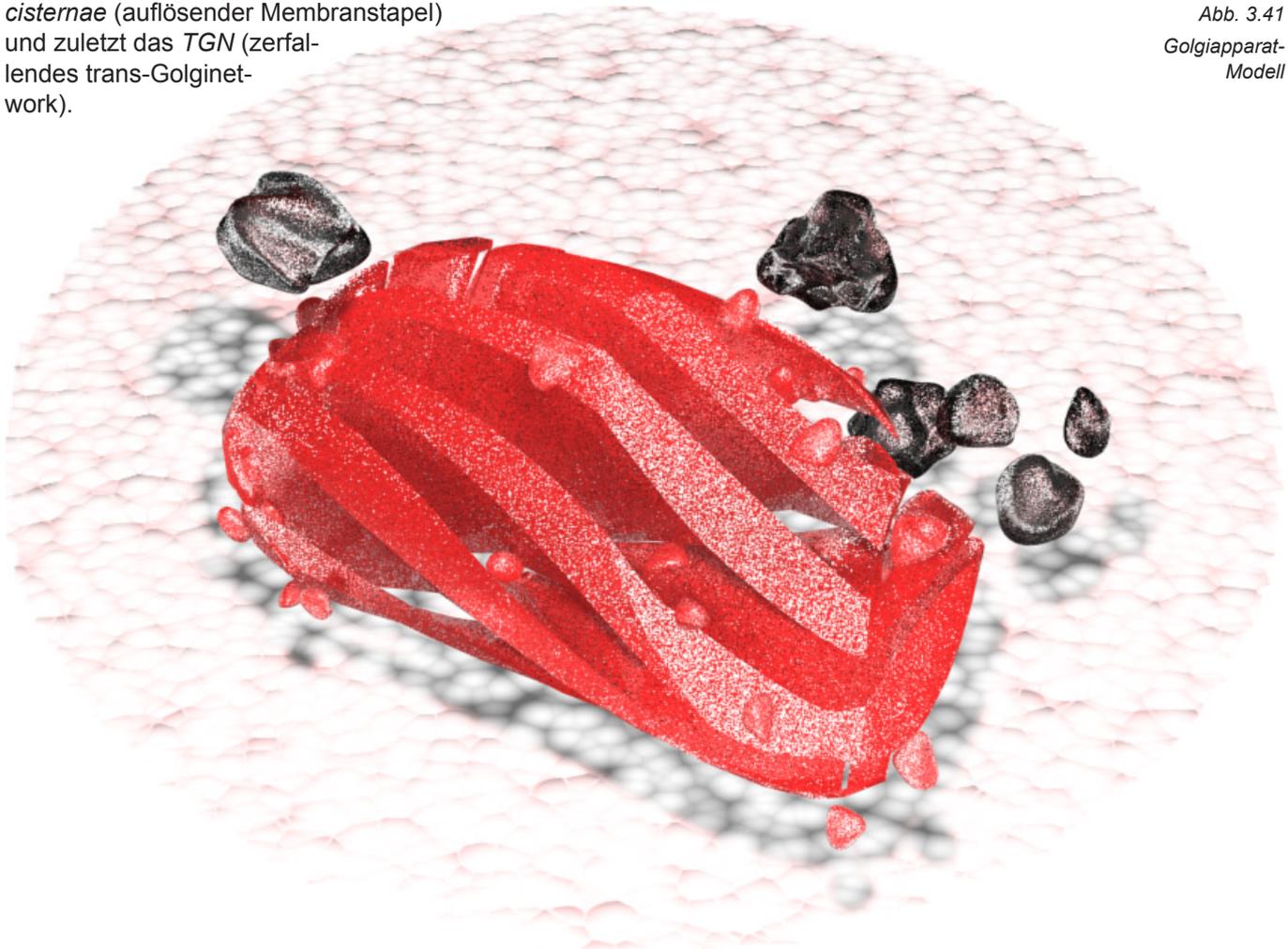


Abb. 3.41  
Golgiapparat-Modell



### 3. ZellenVisualisierung

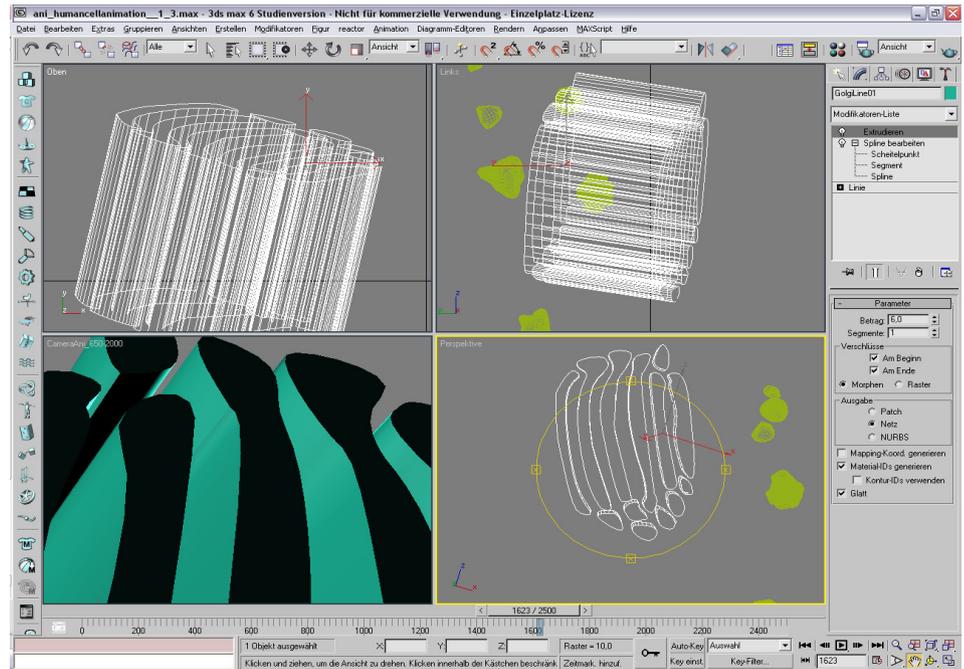


Abb. 3.42

3ds max™: Extrudieren: Diese relativ triviale Form der Umrißlinie der Golgiapparat-Schichten ermöglicht die Anwendung des Extrudieren-Modifikators, welcher eine dreidimensionale Verlängerung des Umrisses erschafft

#### Modellierung

- GolgiVacuolesAndVesicles:
- Streuen(GolgiVesicles/GolgiVacuoles)
- GolgiVacuoles:
- Rauschen/Boolesch(Schnittmenge: GolgiLine/GolgSphere)
- GolgiLine:
- Linie/Spline bearbeiten/Extrudieren
- GolgiSphere:
- Kugel/FFD4x4x4/Welle
- GolgiVesicles:
- Kugel/Rauschen
- GolgiGranule:
- Kugel/Rauschen

#### Besonderheiten

##### Extrudieren

Um die lamellenartigen Schichten zu erzeugen, die aus der *GolgiSphere* später per *Boolesch*-Objekt ausgeschnitten werden, wird der *Extrudieren-Modifikator* angewendet.

Dieser erzeugt einen ähnlichen Effekt wie die *Oberfläche* (sh. 3.3.2.4.), nur das ein einfacher Umriß als Grundobjekt ausreicht. Allerdings darf es sich nur um sehr einfache Umriss handeln, da dieser *Modifikator* ansonsten Darstellungsfehler erzeugt.

Zunächst wird ein Umriss aus einer Linie erzeugt, die anschließend mit dem *Modifikator* „Spline bearbeiten“ versehen wird. Dieser enthält u.a. die Funktion „Linie erstellen“, mit der neue Umrisse hinzugefügt werden können (Näheres sh. 3.3.2.4.).

Anschließend wird der *Modifikator Extrudieren* angewählt. Über „Betrag“ wird die dem Objekt zuzuweisende Tiefe festgelegt. Damit die Oberfläche kontinuierlich ist, muss unter „Verschlüsse“ „Am Beginn“, „Am Ende“, „Morphen“ aktiviert werden und als „Ausgabe“ „Netz“ gewählt werden. Zuletzt sollte „Glatt“ selektiert werden, um eine gleichmäßige Oberfläche zu erzeugen.

### 3. ZellenVisualisierung

#### 3.3.2.7. Das Mitochondrium

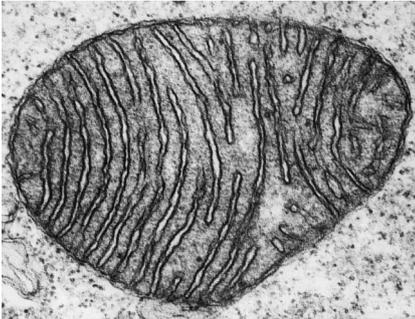
##### Funktion

Das Mitochondrium ist der Energielieferant der Zelle und ist für die Atmung und die Regulation des Ionenhaushalts zuständig. Die Energiegewinnung erfolgt größtenteils durch die *Oxydative Phosphorylierung*, bei welcher der aus aufgenommenen Nährstoffen gewonnene Wasserstoff mit Sauerstoff zu Wasser oxidiert wird.

Die bei dieser Reaktion gewonnene Energie wird in mehreren Schritten in Form von ATP gebildet.

Der Stoffwechsel findet in der Matrix statt, deren Zwischenräume als Cristae bezeichnet werden. In letzteren läuft die *Atmungskette* und die ATP-Synthese ab.

Zwei Membranen schließen den Intermembranraum ein. Die äußere Membran dient dem Import von Molekülen,

Elektronenmikroskopische Darstellung		Grafische Darstellung	
Gefrierätzmethode	Gefriersubstitution	Recherche	CELLmicrocosmos
<p>länglicher Wulst mittig leicht eingeschnürt unregelmäßig Oberfläche, rauh</p>	<p>länglicher Wulst auch mehrere nebeneinander, gleiche Ausrichtung nebelähnlicher, wirbelnder, grauer Inhalt Matrix: Cristae: längliche Höhlen zwischen den Matrizen liegend mtDNA: fadenähnliches Gebilde, ringförmig verkettet Doppelmembran als Außenwand, die an einigen Stellen sich berühren</p>	<p>Gefaltete, teilweise zusammenhängende Wülste innerhalb einer ellipsenförmigen Hülle teilweise sind die inneren Hohlräume mit kleinen Kugeln versehen</p>	<p>Doppelmembran Innerhalb der zweiten Membran liegt die Mitochondrienmatrix (das Mitochondriumplasma), mit flachen röhrenförmigen Einstülpungen(Cristae/Tubuli) Ribosomenaufsatz auf der inneren Membran: rauhe Oberfläche wellig-hochfrequente Membranbewegung Außenmembran glänzend, durchsichtig rot in der Zelle verteilt, auch im ER Abmessungen: MitochondriumØ: 500 nm, 2.000 X 500 nm Äußere Membran: 7 nm dick Intermembranraum: 8-10 nm breit</p>
 <p>Abb. 3.43 Mitochondrium. Elektronenmikroskopische Aufnahme.</p>			

### 3. ZellenVisualisierung

die innere der Aufrechterhaltung des für die *Atmungskette* relevanten *Protonengradienten*. Proteine werden an den Stellen importiert, an denen der Intermembranraum minimal ist. Darüber hinaus enthält das Mitochondrium eigene Ribosomen, die einige spezielle Proteine synthetisieren.

Abb. 3.44  
Mitochondrium-Modell-  
Querschnitt

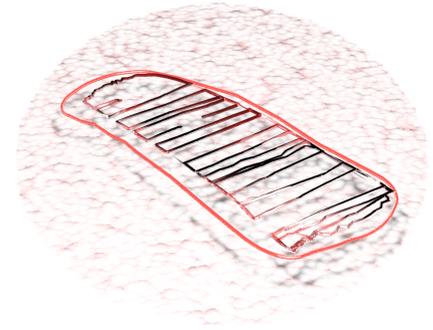
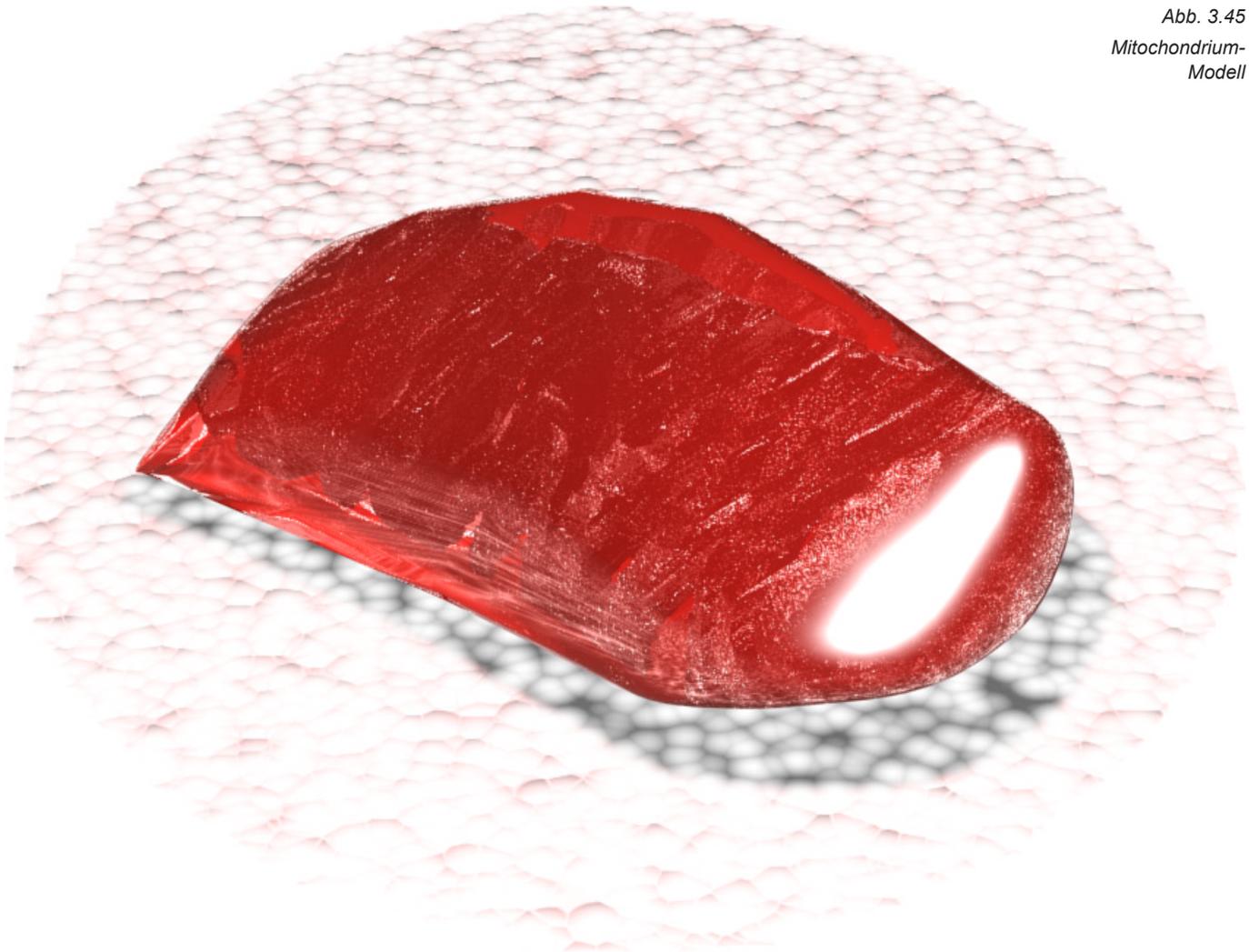


Abb. 3.45  
Mitochondrium-  
Modell



### 3. ZellenVisualisierung

#### Modellierung

Mitochondrium:

Gruppieren(Mitochondrium\_out/Mitochondrium\_in)

Mitochondrium\_out:

Kapsel/FFD4x4x4/Rauschen

Mitochondrium\_in:

Boolesch(Schnittmenge: Mitochondrium\_out/Cristae\_top)/Welle/Rauschen

Cristae\_top:

Linie/Spline bearbeiten/Extrudieren

#### Besonderheiten

Instanzieren

Eine oft benutzte Möglichkeit, um Effekte oder ganze Objekte zu kopieren, ist das Instanzieren. Dabei wird die Kopie mit dem Original verknüpft, und zwar in der Form, dass sich eine spätere Modifizierung auf beide Objekte auswirkt.

Auf *Mitochondrium\_in*, den Cristae, und *Mitochondrium\_out*, der äußeren Membran, soll ein Welleneffekt gelegt werden. Dieser wird wieder durch den *Rauschen-Modifikator* geschaffen. Nun soll aber auf beiden Objekten der gleiche Effekt liegen.

Hierzu wählt man das erste Objekt aus, auf dem sich der *Modifikator* bereits befindet, wählt diesen an und kopiert ihn (über die rechte Maustaste).

Dann wird das andere Objekt selektiert, in der *Befehlspalette* wird nun auf das oberste Element ein Rechtsklick ausgeführt und „Instanz einfügen“ ausgewählt. Durch die Kursivschrift ist nun sichtbar, dass es sich um eine Instanz handelt.

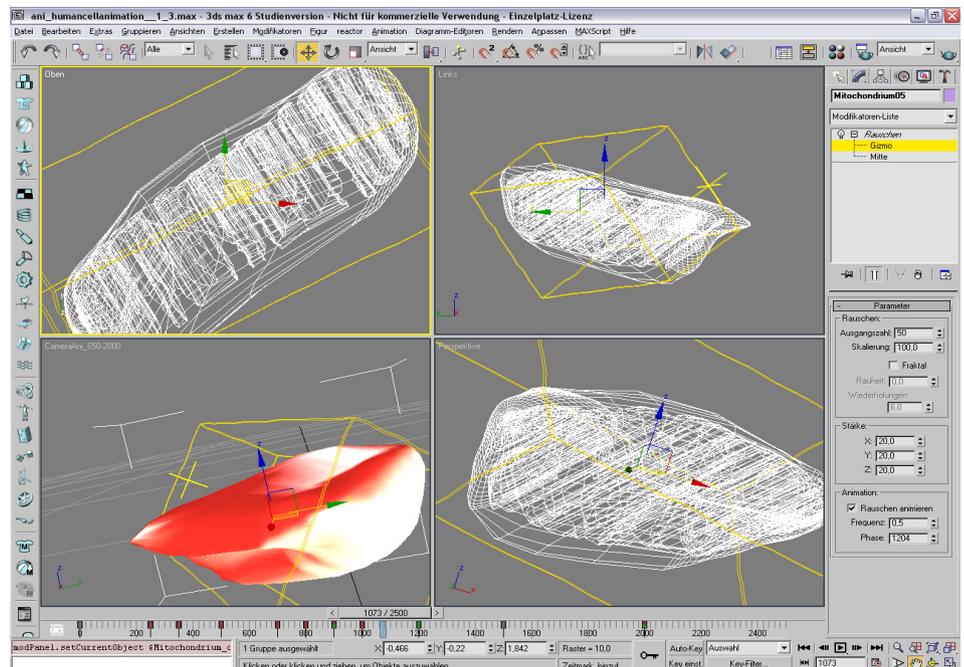


Abb. 3.46

3ds max™:

*Instanzieren: Gut sichtbar sind die Oberflächen des Mitochondrium\_in und Mitochondrium\_out, denen beiden der gleiche Rauschen-Modifikator zugewiesen wurde, woraufhin die kleinen Wellen*

## 3.3.2.8. Die Vakuole

### Funktion

Die Vakuolen weisen die gleiche enzymatische Aktivität wie die Zellmembran auf.

Kleine Vakuolen, die durch Einfaltungen der Zellmembran oder durch Microvillis geformt werden, dienen der Speicherung von Ionen, Proteinen, organischen Verbindungen, der Verdauung (Lysosome, sh. 3.3.2.6.) und sind wichtig für Wachstums- und Bewegungsvorgänge, die durch die osmotische Aufnahme von Wasser vorangetrieben werden.

Abb. 3.47  
Vakuolen-Modell-  
Querschnitt

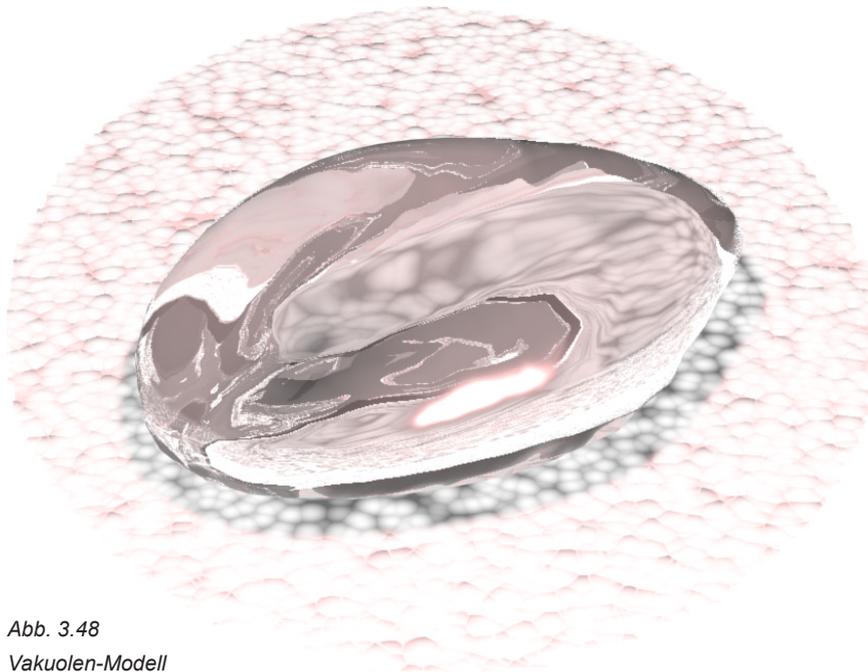
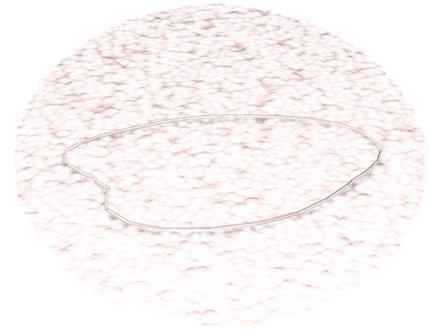


Abb. 3.48  
Vakuolen-Modell

### Modellierung

Kugel/FFD4x4x4/Welle/Rauschen

Besonderheiten:

Es gibt keine.

Elektronenmikroskopische Darstellung		Grafische Darstellung	
Gefrierätzmethode	Gefriersubstitution	Recherche	CELLmicrocosmos
blasenförmig glatt	blasenförmig glatt weiß	Über die gesamte Zelle unregelmäßig verteilt tropfenähnliche Form	Umriß: rund bis leicht kantig glänzend durchsichtig weiß/grau in der Zelle verteilt Abmessungen: Vakuole: ca. 100 nm



## 4. ZellenAnimation

Nachdem alle Zellkompartimente durchgestaltet und naturgetreu plaziert waren, galt es, eine Animation zu entwickeln. Um einen dynamischen Eindruck zu vermitteln, durften diese nicht starr an ihrer Position verharren und mussten sich bewegen.

Um gleichzeitig einen guten Überblick über der gesamten Zelle bieten zu können, wurde eine Kamerafahrt erstellt, die alle Zellbestandteile erst in ihrer Gesamtheit und dann im Detail zeigt.

### 4.1. Kompartimentbewegung

Die Kompartimente wechseln nicht nur ihre Position, sondern auch ihre Oberfläche ist in Bewegung. Dabei ist die Funktionalität zweier *Modifikatoren* unter 3ds max™ besonders gut einsetzbar:

Welle

Zum einen ist das die *Welle*, deren Beschaffenheit man besonders gut durch die Drehung des *Gizmo* animieren kann. Auf diese Weise wird die Position der Wellen verändert.

Um eine Bewegung zu erzeugen, muss lediglich an zwei verschiedenen Zeitpunkten die einzelnen Werte festgelegt werden, während z.B. die „Auto-Key“-Option unter der *Zeitleiste* aktiviert ist .

Rauschen

Noch einfacher ist die Animation des *Rauschen-Modifikators*. Es reicht, die „Rauschen animieren“-Option zu aktivieren und eine entsprechende „Frequenz“ einzustellen.

Während also der *Modifikator Welle* genutzt wird, die wellige Grundform der Zellen nur langsam zu ändern, wird *Rauschen* benutzt, um eine unregelmäßige Form bei einer regelmäßigen Formänderung zu schaffen, die ein leichtes, energetisches Vibrieren der Oberfläche erzeugt.

### 4.2. Kamerabewegung

Abb. 4.1 - 4.8

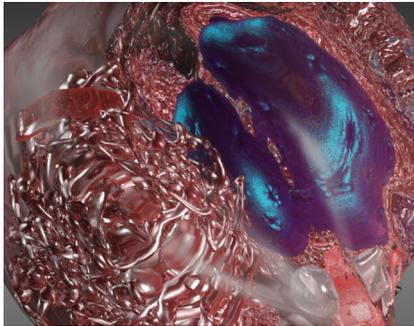
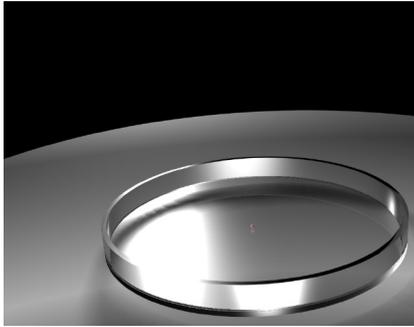
Acht Ausschnitte aus der Zell-Animation:

Aufsicht;  
Petrischale;  
Gesamtzelle;  
Vakuole;  
granuläres ER;  
granuläres ER;  
Golgiapparat;  
Nucleus

Die Animation enthält eine durchgängige Kamerafahrt, die zum einen das durch Tisch und Schattenspiel gebildete Logo zeigt, die Zelle als ganzes mitsamt der Petrischale umfliegt und alle Zellkompartimente von nahem zeigt und zum Schluß den Nucleolus umfliegt.

Um diese Kamerafahrt zu realisieren, mussten beide Typen von Kameras benutzt werden:

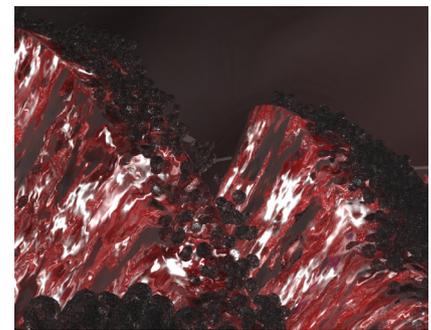
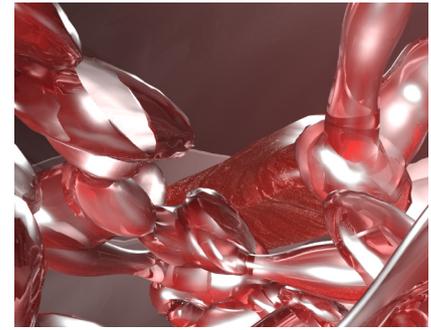
Für den Flug auf den Tisch zu und den durch die Zelle wird eine Freie Kamera verwendet. Sie bewegt sich entlang eines Pfades (sh. Abb. 4.12), der vorher durch das Gestalten einer



*Bézier-Linie* erstellt wurde. Anschließend wurde er der Kamera als *Bewegungs-Controller* zugewiesen, d.h., sie kann sich nur noch auf diesem Pfad bewegen. Nun setzt man den Anfangs- und Endpunkt der Kamerafahrt fest, indem man „Auto-Key“ aktiviert, den *Zeitschieber* an die entsprechende Position bewegt und die Kamera entsprechend positioniert.

Für den Flug um die Zelle und um den Nucleolus wird eine Zielkamera benutzt. Auch diese bewegt sich entlang eines Pfades, der allerdings als Ausgangsform einen leicht manipulierten Kreis hat. Das Ziel der Kamera wird in der Mitte des zu umfliegenden Objektes plaziert, also mittig der Zelle oder des Nucleolus.

An den Stellen, an denen die Kamerafahrten ineinander übergehen, muss die Ansicht der Kameras aufeinander abgeglichen werden. Dazu muss man zunächst den Zeitpunkt wählen, an dem die beiden Kameras sich an der gleichen Position befinden. Anschließend wählt man die Freie Kamera aus und öffnet in einem *Ansichtsfenster* die Ansicht der Kamera, die als Referenz benutzt werden soll. Nun wird im Menü „Ansichten“ die Option „Kamera an Ansicht anpassen“ (Strg+C) ausgewählt. Daraufhin sind die Ansichten der beiden Kameras identisch. Es ist problematisch, Zielkameras an einer anderen Kamera auszurichten, da sie perspektivisch an ihr Ziel gebunden sind.



### 4.3. Rendervorgang

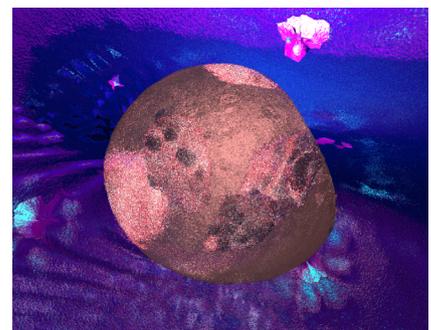
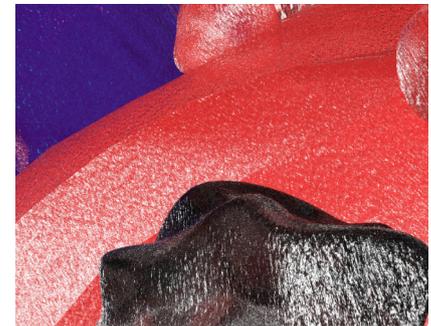
Da bei der Modellierung teilweise sehr rechenintensive Maps auf die 3D-Objekte gelegt werden, nimmt das *Rendern* der Bilder, insbesondere ganzer Animationen, viel Zeit in Anspruch.

Um die Renderzeit zu verkürzen, wurde die Strahlentiefe der Raytracer reduziert. Bei einer Verringerung von dem standardmäßigen Wert 9 auf 3 wird optisch nur ein geringer Unterschied sichtbar, aber die Zeitersparnis ist enorm.

Ein Test-Frame, der von einem 2X3GHz-Prozessor in 1.05 Stunden berechnet wurde, war bei einer Wertänderung auf 6 in 19 Minuten fertig, bei einer Änderung auf 3 in 6 Minuten. Dabei wurde die Ausgabe lediglich ein bisschen dunkler, andere Unterschiede sind kaum sichtbar.

Die Strahlentiefe bezieht sich auf die Anzahl an Reflexionen, bestimmt somit, wie häufig ein Lichtstrahl von einem Objekt abprallt, bevor er verschwindet. Da die durchsichtigen und glänzenden Oberflächen der Zellkompartimente sehr stark reflektieren und sehr viele kleine Flächen aufweisen, ist der enorme Zeitgewinn durchaus erklärbar.

Um die Zeit zu Verkürzen, wurde eine kleine *Renderfarm* eingerichtet. Dabei wird ein Rechner, auf dem 3ds max™ installiert ist, als ServerRechner benutzt, der den übrigen Client-Rechnern die Frames zuteilt und somit selber entlastet wird.



## 4. ZellenAnimation

Der Aufbau der *Renderfarm* wird im Einzelnen folgendermaßen durchgeführt:

Die Voraussetzungen sind zunächst eine Anzahl von relativ schnellen Rechnern, auf denen Microsoft® Windows 2000® incl. ServicePack 3 oder Windows XP® installiert sind. Zusätzlich benötigt 3ds max™ 6.0 zum Ausführen des Installationsprogramms den Microsoft® Internet Explorer 6.0. Auf dem ServerRechner wird 3ds max™ 6.0 komplett installiert. Normalerweise sollte die Position der Programme folgendermaßen aussehen:

Das Hauptprogramm:  
c:\Programme\3dsmax6

Das Renderprogramm  
*backburner*.  
c:\Programme\backburner2

In dem Verzeichnis den Renderprogramms befinden sich folgende Dateien:

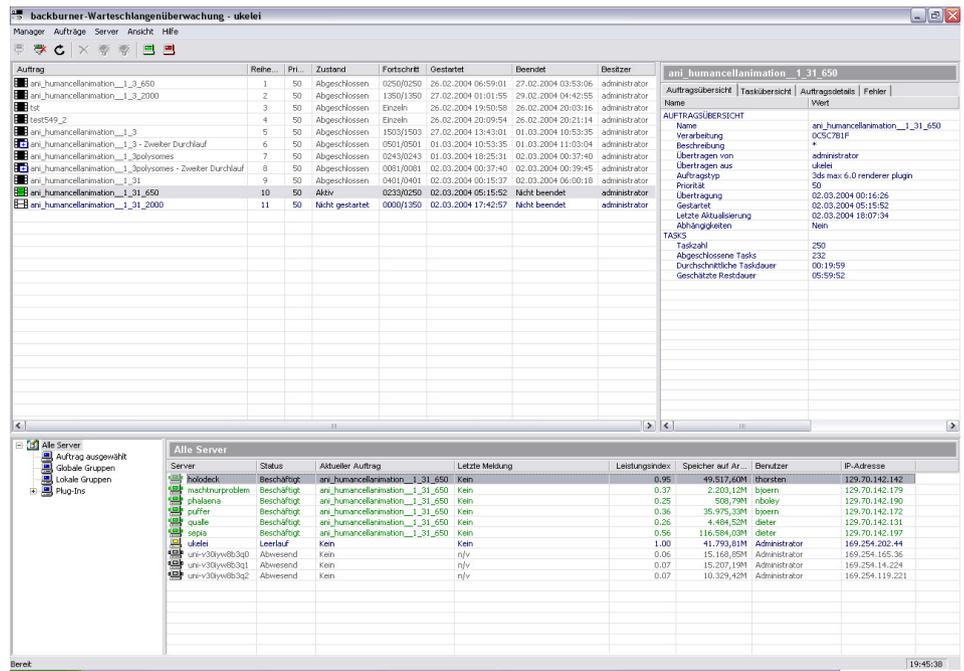
Der Manager von *backburner*.  
manager.exe

Das Warteschlangenüberwachung von *backburner*.  
monitor.exe

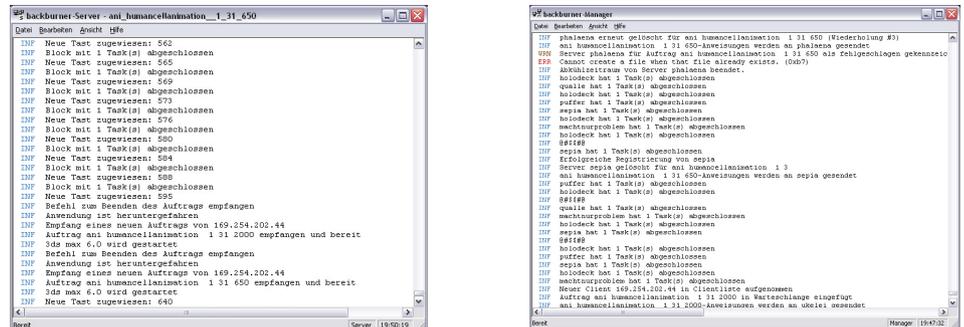
Das Serverprogramm von *backburner*.  
server.exe

Auf allen anderen Rechnern, die nur zum *Rendern* genutzt werden sollen (RenderRechner), wird nur 3ds max™ 6.0 installiert. Nachdem der Demozeitraum von einem Monat abgelaufen ist, werden diese Programme nicht mehr als Standalone ausführbar sein.

Bei der Installation sollte darauf geachtet werden, dass die Wahl des Hauptprogramm- und Renderprogrammverzeichnisses der des ServerRechners gleicht. Eigenen Erfahrungen nach ist es zwar größtenteils unproblematisch, eine andere Verzeichnisstruktur oder gar andere Laufwerke zu verwenden, aber trotzdem kann auf diese Weise eine mögliche Fehlerquelle gleich ausgeschlossen werden.



Auftrag	Reihe...	Pl.	Zustand	Fortschritt	Gestartet	Beendet	Benutzer
ari_humancellanimation_1_31_650	1	50	Abgeschlossen	0250/0250	26.02.2004 06:19:01	27.02.2004 03:53:06	administrator
ari_humancellanimation_1_31_2000	2	50	Abgeschlossen	1360/1360	27.02.2004 01:01:55	29.02.2004 04:42:55	administrator
ari_humancellanimation_1_31_2000	3	50	Abgeschlossen	Einzel	26.02.2004 19:50:58	26.02.2004 20:03:16	administrator
ari_humancellanimation_1_31_2000	4	50	Abgeschlossen	Einzel	26.02.2004 20:09:54	26.02.2004 20:21:14	administrator
ari_humancellanimation_1_31_2000	5	50	Abgeschlossen	1503/1503	27.02.2004 12:43:01	01.03.2004 10:53:35	administrator
ari_humancellanimation_1_31_2000	6	50	Abgeschlossen	0501/0501	01.03.2004 10:53:35	01.03.2004 11:03:04	administrator
ari_humancellanimation_1_31_2000	7	50	Abgeschlossen	0243/0243	01.03.2004 18:25:31	02.03.2004 03:37:40	administrator
ari_humancellanimation_1_31_2000	8	50	Abgeschlossen	0081/0081	02.03.2004 00:37:40	02.03.2004 00:39:45	administrator
ari_humancellanimation_1_31_2000	9	50	Abgeschlossen	0401/0401	02.03.2004 00:15:37	02.03.2004 00:16:10	administrator
ari_humancellanimation_1_31_650	10	50	Aktiv	0233/2500	02.03.2004 05:15:52	Nicht beendet	administrator
ari_humancellanimation_1_31_2000	11	50	Nicht gestartet	0000/1350	02.03.2004 17:42:57	Nicht beendet	administrator



Server	Status	Aktueller Auftrag	Letzte Meldung	Leistungsgr...	Speicher auf Ar...	Benutzer	IP-Adresse
blodeck	Beschäftigt	ari_humancellanimation_1_31_650	Kein	0.95	49,517,60M	thorsten	129.70.142.142
machturproblem	Beschäftigt	ari_humancellanimation_1_31_650	Kein	0.37	2,203,12M	boern	129.70.142.179
phibstera	Beschäftigt	ari_humancellanimation_1_31_650	Kein	0.25	500,79M	robey	129.70.142.190
puffer	Beschäftigt	ari_humancellanimation_1_31_650	Kein	0.36	35,975,33M	boern	129.70.142.172
quale	Beschäftigt	ari_humancellanimation_1_31_650	Kein	0.26	4,494,52M	deter	129.70.142.151
seppa	Beschäftigt	ari_humancellanimation_1_31_650	Kein	0.56	116,594,20M	deter	129.70.142.197
uetele	Leerlauf	Kein	Kein	1.00	41,793,81M	Administrator	169.254.202.44
ure-v30(yw@b3a0)	Abswesend	Kein	n/v	0.06	15,168,85M	Administrator	169.254.165.36
ure-v30(yw@b3a1)	Abswesend	Kein	n/v	0.07	15,571,09M	Administrator	169.254.14.224
ure-v30(yw@b3a2)	Abswesend	Kein	n/v	0.07	10,329,42M	Administrator	169.254.119.221

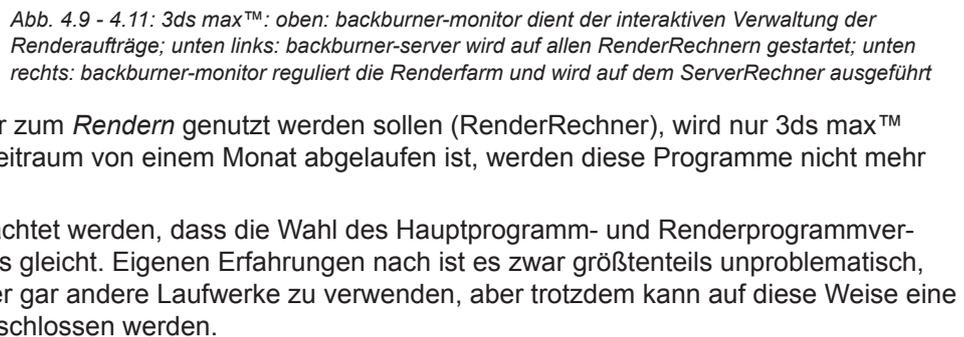


Abb. 4.9 - 4.11: 3ds max™: oben: *backburner-monitor* dient der interaktiven Verwaltung der Renderaufträge; unten links: *backburner-server* wird auf allen RenderRechnern gestartet; unten rechts: *backburner-monitor* reguliert die Renderfarm und wird auf dem ServerRechner ausgeführt

Nun müssen sich alle Rechner in einem funktionierendem Netzwerk befinden. D.h., sie müssen alle ähnliche IP-Adressen aufweisen, bei denen mind. die ersten beiden Triplets übereinstimmen, und sie müssen sich alle in der gleichen Arbeitsgruppe befinden.

Anschließend muss auf dem ServerRechner ein Verzeichnis vollständig freigegeben werden (*Verzeichnisfreigabe*).

Nun muss das Verzeichnis als *Netzlaufwerk* eingerichtet werden.

Das Gleiche muss anschließend auf allen RenderRechnern getan werden. Hierzu muss zunächst der ServerRechner in der Netzwerkumgebung gefunden werden. Am schnellsten ist das mit einem Rechtsklick auf die „Netzwerkumgebung“ im Explorer und die Auswahl von „Computer suchen...“ zu bewerkstelligen.

Wichtig ist es nun, den Namen und das Passwort des Benutzers, der auf dem ServerRechner das *Monitor*-Programm ausführt, parat zu haben. Wurde der ServerRechner gefunden und die Anmeldung ist erfolgt, navigiert man im Explorer zu dessen freigegebenen Verzeichnis (s.o.) und richtet dies dann erneut als lokales *Netzlaufwerk* ein.

Damit sind die Grundvoraussetzungen für die *Renderfarm* geschaffen. Nun muss nur noch der Renderjob ausgeführt werden:

Auf allen RenderRechnern im Netzwerk wird „server.exe“ gestartet (Position s.o.). Dieses Programm sucht in regelmäßigen Abständen das Netzwerk nach einem *Manager* ab, der dem *Server* Aufträge erteilt. Der Ausdruck *Server* bezieht sich in dem Fall eines RenderRechners auf die Eigenschaft, selbstständig Frames *rendern* zu können und diese dann in dem vorgegebene Verzeichnis abzulegen. Er verwaltet aber keiner Aufträge.

Nun muss auf dem ServerRechner der *Manager*, „manager.exe“ gestartet werden.

Nun beginnt die Kommunikation zwischen dem Server- und den RenderRechnern. Letztere beginnen, sich beim *Manager* zu registrieren. Wenn sie das nicht tun, liegt ein Problem vor und es sollte entweder die Anleitung von 3ds max™ zu Rate gezogen oder der Netzwerkadministrator belästigt werden.

Nun ist es ratsam, das *Monitor*-Programm, „monitor.exe“ zu starten. Dabei handelt es sich um die Warteschlangenüberwachung, über die alle Renderjobs und registrierten Rechner angezeigt und verwaltet werden können. Zunächst muss das Programm sich noch mit dem *Manager* verbinden, wozu im Menü *Manager* die Option „Verbinden...“ ausgewählt wird. Wenn die Subnet-Maske „255.255.255.255“ ist, sollte eigentlich jeder Rechner im Netzwerk gefunden werden.

Unter „Alle Server“ im *Manager*-Fenster sollten jetzt alle RenderRechner aufgeführt werden.

Allerdings sind noch keiner Aufträge vorhanden. Dieses wird nun geändert:

Auf dem ServerRechner wird 3ds max™ 6.0 gestartet. Anschließend wird das zu *rendernde* Modell geladen. Nun wird das Rendermenü geöffnet (z.B. „F 10“ drücken). Darin werden nun alle Einstellungen vorgenommen, die für die Rendereausgabe benötigt werden. Nur zwei weitere Punkte sind zu beachten:

Unter „Rendereausgabe“ muss „Datei speichern“ aktiviert werden. Hierzu muss die Render-Ausgabedatei definiert werden, welche sich zusätzlich im *Netzlaufwerk* befinden muss. Also wird im Dialogfenster der „Arbeitsplatz“ ausgewählt, das *Netzlaufwerk* geöffnet und der Name der Datei festgelegt.

Bevor man den Renderjob durch klicken auf „Rendern“ losschickt, muss unter „Rendereausgabe“ zusätzlich „Auf Netz rendern“ aktiviert werden.

Es erscheint die „Netzwerk-Auftragszuweisung“. Zu oberst wird ein eindeutiger Auftragsname festgelegt.

## 4. ZellenAnimation

So dann wird „Verbinden“ angeklickt. Findet das Programm den Manager nicht auf Anhieb, können die Einstellungen überprüft werden. Nutzt man die automatische Suche, ist es öfter ratsam, „255.255.255.255“ als Subnet-Maske zu verwenden; dieses ist aber von der Netzwerkkonfiguration abhängig. Ist die Suche immer noch erfolglos, kann auch die „Automatische Suche“ deaktiviert werden und die IP-Adresse oder der Name des Rechners, auf dem der *Manager* läuft, direkt definiert werden. Daraufhin sollten unter „Alle Server“ alle Rechner erscheinen.

Alle mit einem grünen Punkt versehenen *RenderRechner* stehen sofort zum *Rendern* zur Verfügung. Gelbe Punkte signalisieren, dass der Rechner temporär beschäftigt ist, aber neue Aufträge annehmen, also sie in die Warteschlange einfügen kann, graue die Abwesenheit.

Nun können alle *ServerRechner* explizit diesem Auftrag zugewiesen werden, indem sie unter „Alle Server“ ausgewählt werden, oder es wird einfach „Alle Server verwenden“ aktiviert.

Abschließend wird „Erteilen“ ausgewählt, und der *Renderjob* wird vom *Manager* an die anderen Rechner übertragen. Zum Schluß noch ein paar praktische Tips:

Das *Monitor*-Programm eignet sich hervorragend dazu, den Fortschritt des Auftrages zu überprüfen. Jederzeit kann ein Auftrag angehalten, fortgesetzt, gelöscht, anderen Rechnern zugewiesen werden, etc. Es ist ebenfalls möglich, für die *ServerRechner* eine Wochenplanung zu erstellen, um sie zu bestimmten Zeiten automatisch vom *Rendern* auszuschließen und so den kollegialen Frieden zu wahren.

Natürlich ist es auch möglich, den *ServerRechner* zusätzlich als *RenderRechner* zu nutzen, indem man einfach „server.exe“ startet. In diesem Fall sollte der Rechner aber schon ziemlich leistungsstark sein. Auf diese Weise ist es übrigens natürlich auch möglich, nur den *ServerRechner* ohne weitere Rechner im Netzwerk zum *Rendern* zu benutzen; der Vorteil: Während des *Rendervorganges* ist das Weiterarbeiten an der aktuellen Szene möglich. Der Grund dafür ist, dass auf allen *ServerRechnern* eine lokale Kopie der gesamten Szene erstellt wird, was bei einem normal-lokalen *Rendervorgang* nicht der Fall ist.

Sehr ungeeignet zum *Rendern* sind die grauen Punkte, die abwesende *RenderRechner* darstellen. Damit ein Rechner kontinuierlich verfügbar ist, müssen einige Kleinigkeiten beachtet werden:

Der Nutzer, unter dem die *Serverversion* von 3ds max™ installiert wurde, darf sich nicht abmelden, da in diesem Falle die Verbindung zum *Netzlaufwerk* getrennt wird. Er kann allerdings den Computer sperren, so dass kein anderer Benutzer auf diesen Zugreifen kann.

Die meisten Windows®-Rechner haben heutzutage *EnergyManagement* standardmäßig aktiviert. So kann es dann schon mal passieren, dass ein Rechner plötzlich nicht mehr reagiert, wenn ihm ein Auftrag erteilt werden soll, weil er bereits in den *StandBy-Modus* versetzt wurde. Aus diesem Grund ist es ratsam, das *EnergyManagement* stark einzuschränken oder gar zu deaktivieren.

Es kann schon mal vorkommen, das leistungsschwächere Rechner einen Auftrag mit folgender Fehlermeldung abbrechen: „Der Arbeitsspeicher reicht nicht zur Berechnung der Beschleunigungsdatenstrukturen für das *Raytracing* aus.“

Wenn diese Rechner trotzdem benutzt werden sollen, bietet 3ds max™ 6.0 eine sehr praktische Funktion beim *Netzwerk-Rendern* an: „Scanlinien aufteilen“. Auf diese Weise kann ein Bild in mehrere zu definierende Segmente unterteilt werden, wodurch die Anforderungen an den Arbeitsspeicher erheblich sinken.

Zu beachten ist aber, dass bis zu diesem Zeitpunkt 3ds max™ immer einen kleinen Teil der aufgeteilten Bereiche doppelt rendert, weshalb die evtl. Zeitersparnis leicht verringert wird.

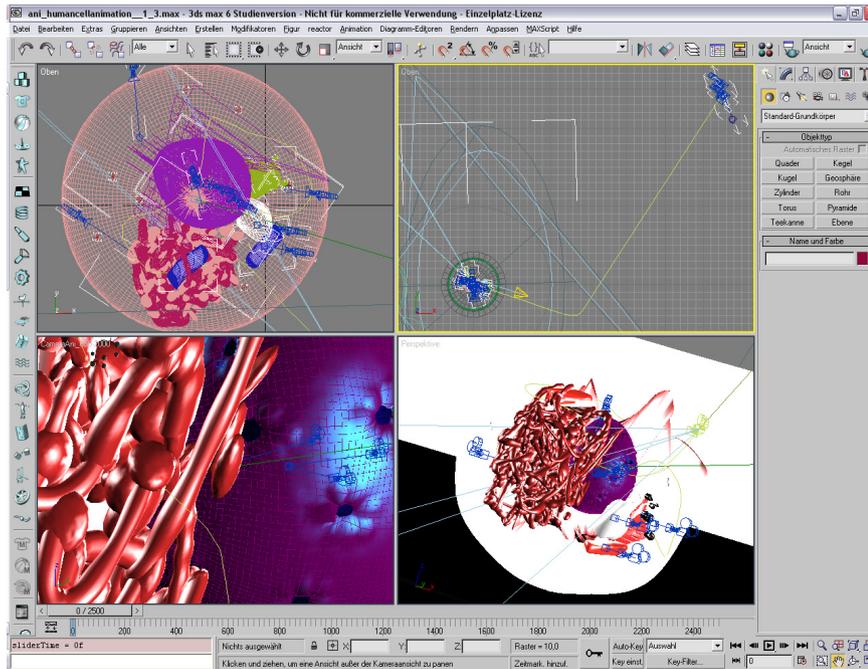


Abb. 4.12: 3ds max™: Die Pfade der Kameras: rechts oben der Anflugspfad der ersten Kamera, der bei der zweiten Kamera endet, die einmal die Zelle gegen den Uhrzeigersinn umkreist; links oben die Pfade der restlichen zwei Kameras, von denen der erste durch das agranuläre ER führt, über das granuläre ER, am Golgiapparat vorbei und schließlich im Nucleus endet, in dem der letzte Pfad um den Nucleolus angeordnet ist, den die letzte Kamera im Uhrzeigersinn umkreist

## 5. Ausblick

### 5.1. Optimierung

Bei der Arbeit mit 3ds max™ sind einige Probleme aufgetreten, die teilweise relativ viel Zeit beansprucht haben. Diese sollen nun nachfolgend kurz angesprochen und mögliche Lösungsansätze wiedergegeben werden.

Eines der Probleme, die beim *Rendern* aufgetaucht sind, war die standardmäßige Ordnerfreigabe unter Windows 2000/XP®-Rechnern. Es dürfen maximal zehn Rechner gleichzeitig mit einem Verzeichnis verbunden sein. Das führte schon dazu, das es bei genau zehn Rechnern ab und zu Probleme gab, weil ein Rechner ein Bild im freigegebenen Verzeichnis nicht speichern konnte.

Sollte zukünftig die *Renderfarm* noch weiter ausgebaut werden, sollte die Freigabe in Verbindung mit der Einrichtung eines *Netzlaufwerkes* auf jedem Serverrechner nicht mehr genutzt werden. Stattdessen wäre es angebracht, ein Skript zu schreiben, dass sich in regelmäßigen Abständen mit dem freigegebenen Verzeichnis per FTP verbindet und die neu gerenderten Dateien hochlädt.

Außerdem war ursprünglich vorgesehen, die *Server*-Programme als Dienste einzurichten. Auf diese Weise hätte der jeweilige Benutzer nicht immer den *Server* manuell starten müssen. Sie arbeiteten hervorragend, nur hatten sie keine Berechtigung, im zugewiesenen *Netzlaufwerk* zu schreiben. Es gab einige Konzepte, wie das geändert werden hätte können, aber aus zeitlichen und praktischen Gründen wurde die Idee wieder verworfen. So kann der Benutzer am *RenderRechner* jederzeit selbst entscheiden, wann dieser zum *Rendern* freigegeben werden soll.

Die *Services* würden vor allen Dingen dann Sinn machen, wenn es fest geregelte Arbeitszeiten geben würde, da in diesem Fall mit Hilfe des *Monitor*-Programmes der Wochenzeitplan genau hätte festgelegt werden können.

Auch Probleme bei der Kameraführung gab es unter 3ds max™: Da es sich um vier verschiedene Kameras handelt, die eine durchgängige Kamerafahrt simulieren, ist es besonders schwer, sauber gleitende, ruckelfreie Übergänge zu schaffen. Daher ist es ratsam, die zwei Freien und die zwei Zielkameras zu einer zu kombinieren. Zur Erstellung einer solchen Kamera ist ein Trick vonnöten, den ich erst nach der Erstellung der Kamerafahrt herausgefunden habe. Leider ist es nicht möglich, die *Keyframes* einer Kamera zu übertragen, weshalb ich nicht auf die Schnelle die *Rotationseinstellungen* einer bereits erstellten Kamera auf die kombinierte Kamera übertragen konnte. Also hätte man alle Einstellungen erneut vornehmen müssen, was zeitlich indiskutabel war.

Bei der Einbindung des *Agranulären Endoplasmatischen Retikulums* in die *Animation* gab es noch ein Problem: Alle *Zellkompartiment-Modelle* sind *herunterskaliert*, damit sie in die Umgebung passen. Leider war das in diesem spezifischen Fall nicht ohne weiteres möglich. Da das Modell sich u.a. aus einem *Geflecht von Schläuchen* zusammensetzt, diese sich aber bei der *Runterskalierung* in unerwünschter Weise *verformen* und nicht mehr vernünftig einsetzen lassen, musste das Objekt in ein „*Bearbeitbares Netz*“ *umgewandelt* werden.

Um solche Probleme in Zukunft zu vermeiden, sollte immer mit einer *Standard-Skalierung* von 100% gearbeitet werden.

### 5.2. Chancen

#### Animation

Die hier gezeigten Modelle sind die *Grundobjekte*. Die *Erstellungsweise* ist hier beschrieben, so können sie in beliebiger Größe produziert, *dubliziert* und *farblich variiert* werden.

Die dieser Dokumentations-Version zugrunde liegende *Animation* enthält zwar alle *Zellkompartimente*, jedoch füllen

sie noch nicht die gesamte Zelle aus. Aus zeitlichen Gründen war es nicht mehr möglich, eine realistisch ausgefüllte Zelle zu erstellen. Zum Anderen sind bei dieser reduzierten Zelle die einzelnen Modelle deutlich besser erkennbar. So fern die Hardware schnell genug ist, stellt es natürlich kein Problem dar, die Bestandteile zu kopieren und mit kleinen Modifizierungen zu versehen. Allerdings würde das *Rendern* des Szenarios deutlich länger dauern.

### Modelle

Die Modelle sind in ihrer jetzigen Form natürlich schon vollständig einsetzbar. Das soll natürlich nicht heißen, dass die nicht weiterentwickelt werden sollen. Sie können vielmehr zusätzlich als Diskussionsgrundlage dienen, um den Realitätsgrad der Modelle zukünftig noch weiter zu erhöhen.

Zumal in dieser Arbeit schon viele Formen der Zellvisualisierung untersucht wurden, gibt es noch einige andere interessante Verfahren, z.B. die „X-Ray Microanalyse“. Auch diese sollten evaluiert werden und die jeweiligen Resultate zukünftig in die Modellierung miteinfließen.

### VR

Wie bereits in der Einleitung erwähnt, werden die 3D-Modelle zukünftig in die Amira®-Umgebung integriert werden.

Hierfür müssen zunächst die programmier-technischen Voraussetzungen geschaffen werden. So ist es relativ einfach, die Modelle in geeigneter Form zu exportieren. Hingegen ist es nicht so einfach möglich, visuell anspruchsvolle Oberflächen zu schaffen, die in Echtzeit dargestellt werden können.

Eine weitere weitreichende Problematik ist der Einsatz von Detailleveln. Bei den hier gezeigten Modellen handelt es sich nur um *Grundobjekte*. Ein gutes Beispiel ist die Zellmembran:

So wird sie mit einer Doppellipidschicht versehen werden, die aber aus weiter Entfernung noch nicht sichtbar sein muss. Erst beim Anflug auf die Zelle sollen die Lipide sichtbar werden.

Nun wird der Benutzer der VR-Anwendung sich entscheiden können, ob er einfach durch die Schicht durchfliegen oder die Lipide explorieren möchte. Hierzu würde er einfach noch näher an ein Lipid heranfliegen, wobei die atomare Struktur sichtbar werden würde.

Diese kann z.B. aus *PDB-Dateien* bestehen, von denen eine sehr große Anzahl im Internet frei verfügbar ist.

Abb. 5.1  
Die Zelle  
eingefärbt mit  
unterschiedlichen  
Farbtönen aus  
der Histologie

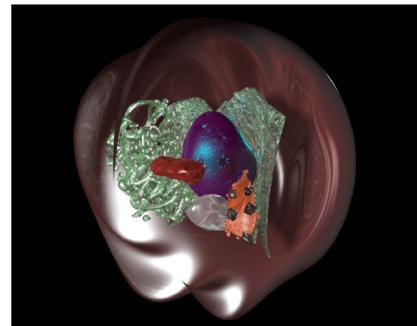


Abb. 5.2  
Die Zelle im  
VRML-Format  
unter Cortona

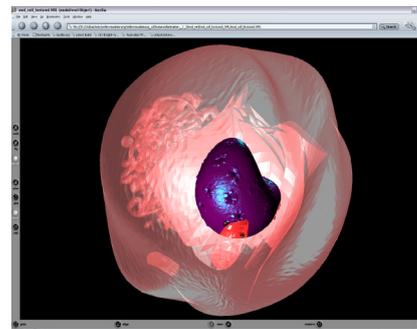


Abb. 5.3  
Das Nucleus-  
Modell in einem  
sehr frühen  
Entwicklungs-  
stadium

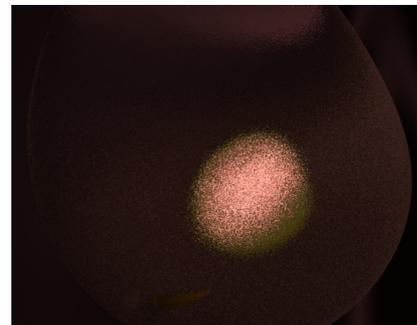
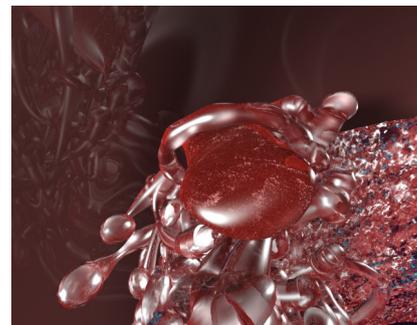


Abb. 5.4  
Zellästhetik



# 6. Anhang

## 6.1. Technik

### 6.1.1. Hardware

- 1 X 3 GHz X 2 Tower 2GB
- 2 X 3 GHz Tower 2GB
- 3 X 1,3 GHz Tower 512MB
- 1 X 800 MHz Tower 768MB
- 3 X 1,3 GHz Laptops 256MB

### 6.1.2. Software

#### 6.1.2.1. 3D Studio Max™

3ds max™ oder auch 3D Studio Max™ ist ein weit verbreitetes Windows®-basiertes Programm zur Modellierung von dreidimensionalen Modellen. Dabei kann es sich sowohl um Architektur, Fahrzeuge oder Personen handeln. Neben der Modellierung ist es ebenso möglich, die Objekte zu animieren, ihr Verhalten untereinander physikalischen Gesetzen folgen oder sie aber *rendern* zu lassen.

##### 6.1.2.1.1. Die Versionen

Zur Modellierung wurde discreet™ 3ds max™ 5.1 verwendet. Auf diese Weise blieb die max-Datei kompatibel zu der noch weiter verbreiteten 5.0/5.1-er Version von 3D Studio Max™.

Zum *Rendern* wurde 3ds max™ 6.0 verwendet, welches zum Zeitpunkt dieser Arbeit erst wenige Monate auf dem Markt war. Der große Vorteil lag in den Render-Routinen. Bei der 6-er Version ist es möglich, die Strahlentiefe des Raytracers einzustellen.

##### 6.1.2.1.2. Begriffe Deutsch- Englisch

Leider gibt es von 3ds max™ mehrere Sprachversionen, die getrennt voneinander ausgeliefert werden. Da die englische Version wohl am häufigsten Verwendung findet, die für dieses Projekt genutzte Version aber deutsch ist, wird hier eine Übersetzung der verwendeten Objektnamen und Effekte aufgeführt, welche sich leider nicht immer logisch erschließen lassen:

3D-Versch.	Displace
Auf Netz rendern	Net Render
Bearbeitbares Poly	Editable Poly
Bearbeitbares Netz	Editable Mesh
Bewegung	Motion
Boolesch	Boolean
Ecke	Corner
Extrudieren	Extrude
FFD4x4x4	FFD4x4x4
Geosphäre	Geosphere
Glatt	Smooth

Gruppieren	Group
Kamera an Ansicht anpassen	Match Camera to View
Kapsel	Capsule
Kugel	Sphere
Linie	Line
Modifikator	Modifier
Normale	Normal
Oberfläche	Surface
Rauschen	Noise
Rendern	Render
Schlauch	Hose
Schnittmenge	Intersection
Spline bearbeiten	EditSpline
Streuen	Scatter
Verdrehung	Twist
Welle	Wave
Zeitleiste	time ruler
Zeitschieber	time slider

#### 6.1.2.2. Amira®

Leider sind die max-Objekte inkompatibel zur TGS Amira® 3.0-Software, weshalb sie im *VRML*-Format exportiert werden müssen. Dieses Format unterstützt zwar die Darstellung der 3D-Struktur und auch Transparenz, die eigentlichen Maps können aber nicht übernommen werden. Daraus folgt, dass die Darstellung unter Amira® noch einmal komplett angeglichen werden muss.

#### 6.1.2.3. Cortona

Der Cortona VRML Client v.4.2 (r.93) von ParallelGraphics ([www.parallelgraphics.com](http://www.parallelgraphics.com)) stellt *VRML*-Dateien mit Hilfe eines Browsers dar und ist für persönliche und nicht-kommerzielle Zwecke frei nutzbar.

## 6.2. Masseinheiten

1 MicroMeter ( $\mu$ /micron) = 1/1.000.000 Meter

1 NanoMeter (nm) = 1/1.000.000.000 Meter

1 Angstrom ( $\text{Å}$ ) = 1/10.000.000.000 Meter

## 6.3. Fachbegriffe

### Animation

Die A. ist die Erzeugung einer dynamischen Darstellung eines zunächst statischen Objektes. Die Zelle, die anfangs statisch an einer Position verharrt, wird von einer Position zu einer anderen bewegt, während sich die Oberfläche des Objektes ebenfalls ändern kann. Die zeitliche Festlegung der Positionen und aller anderen Veränderungen des Objektes werden als A. bezeichnet.

## 6. Anhang

### Ansichtsfenster

Das A. wird unter 3ds max™ die meiste Zeit gearbeitet. Es kann sowohl zwei- als auch dreidimensionale Ansichten enthalten. Auch sind verschiedene Ansichtsmodi möglich, wie z.B. das „Drahtgittermodell“ oder flächen-überzogene Modelle.

### Atmungskette

sh. *Oxydative Phosphorylierung*

### Bézier

Eine B.kurve zeichnet sich durch Tangenten aus. Es handelt sich um eine *Linie*, deren Kurven mit Hilfe der Tangenten gestaucht oder auseinandergezogen werden können. Sie werden benutzt, um detaillierte und komplizierte Formen zu erzeugen, so z.B. für Kamerafahrten oder Faltungen.

### backburner

b. wird standardmäßig mit 3ds max™ ausgeliefert und ist seit Version 5.0 in der Version 2 beigefügt. Es wird genutzt, um Rendereaufträge über das Netzwerk an andere Rechner weiterzuleiten.

### basophil

b. (basenliebend) bezieht sich auf eine hohe Säurenkonzentration bzw. einen niedrigen pH-Wert. In dem Zusammenhang mit *H&E* bedeutet b., dass der negativ geladene Nucleus das Haematoxilin aufgrund seiner positiven Ladung bindet. Das Eosin ist wiederum negativ geladen und färbt die positiv geladenen, acidophilen (säureliebenden) Proteine des Zytoplasmas rot.

### Befehlspalette

Unter B. wird unter 3ds max™ das Fenster bezeichnet, die sich standardmäßig am rechten Rand der Bedienoberfläche befindet. In ihr werden vorher im *Ansichtsfenster* angewählte Objekte modifiziert.

### Bewegungs-Controller

Über den B. lassen sich die Bewegungs-Eigenschaften eines Objektes einstellen. Man erreicht ihn über die *Befehlspalette* über „Bewegung“. Ist ein Objekt angewählt, gibt es die Option, einen Controller zuzuweisen. In dem kleinen Fenster kann man die Position, Drehung oder Skalierung des Objektes einem Controller zuweisen. Um z.B. einem Objekt einen Bewegungspfad zuzuweisen, wählt man „Position“ aus, klickt auf den kleinen Button mit einem „?“ oberhalb des Fensters und wählt „Pfadbeschränkung“ aus. Anschließend klickt man unter „Pfadparameter“ „Pfad hinzufügen“ an und wählt den als Beschränkung festzulegenden Pfad, z.B. eine *Linie*, aus.

### Gizmo

Der G. wird unter 3ds max™ für viele *Modifikatoren* benutzt, die auf Objekte angewendet werden. Es handelt sich dabei um einen Kasten, der effektabhängig ein Objekt einrahmt oder an einer Stelle des Objektes anlagert, und die Form durch den *Modifikator* zugewiesen bekommt. Ist der *Modifikator* z.B. die *Welle*, so hat der G. die entsprechende Wellenform. Diese wird wiederum auf das Objekt angewendet.

Auf diese Weise ist der Effekt, den der *Modifikator* erzeugt, besser sichtbar und kann so praktikabler animiert werden.

### Gliom

Das G. ist ein Neuroepithelialer Hirntumor.

### Grundobjekte

Als G. werden hier 3ds max™-Objekte bezeichnet, die von einfacher Form sind; also z.B. eine Kugel, ein *Schlauch*

oder eine Kapsel. Sie haben eine einfache Form und die meisten *Modifikatoren* sind auf die G. anwendbar.

#### Hauptsymboleiste

Die H. befindet sich standardmäßig im oberen Bereich der 3ds max™-Bedienoberfläche. Dort werden die wichtigsten Kurzbefehle und Werkzeuge angewählt, die im *Ansichtsfenster* zur Anwendung kommen.

#### metabolisch, Metabolismus

Der M. ist die lateinische Bezeichnung für Stoffwechselforgänge, zu denen z.B. die Photosynthese gehört. Sie dient also der Speicherung oder Weiterverarbeitung aufgenommener wachstumsfördernder Stoffe.

#### Modifikator

Der M. ist unter 3ds max™ ein Effekt, der einem Objekt zugewiesen werden kann. Er verändert die Grundform eines Objektes. Große Vorteile sind, dass das Grundobjekt erhalten bleibt, der M. jederzeit ausgeblendet, entfernt, animiert und auf andere Objekte kopiert werden kann.

Ausgewählt wird er über das DropDown-Menü der *Befehlspalette*, nachdem das dem M. zuzuweisende Objekt selektiert wurde.

#### Netzlaufwerk

Das N. wird unter Windows® als ein Laufwerksbuchstabe festgelegt. Um es einzurichten, wählt man unter dem Explorer die Netzwerkumgebung an und „Netzlaufwerk verbinden...“ aus (über die rechte Maustaste). Es ist i.d.R. irrelevant, welchen Laufwerksbuchstaben man dem N. zuordnet. Deshalb reicht es, nach der Ordnerauswahl „Fertig stellen“ anzuklicken.

#### Oxydative Phosphorylierung

Bei der O.P. (bzw. *Atmungskette*) wird Wasserstoff zu Wasser oxidiert. Bei dieser Reaktion wird ATP (Adenosintriphosphat) erzeugt. Dieses wird durch eine Reihe von in der Mitochondrienmembran stattfindenden Reaktionen von Wasserstoffionen und Elektronen aus ADP (Adenosindiphosphat) gebildet.

#### PDB

Protein Data Base: Im Internet frei verfügbare 3D-Modelle von Protein- oder Nukleinsäure-Molekülen. Sie enthalten sämtliche Daten eines bestimmten Moleküls, welches über komplexe Suchfunktionen unter [www.rcsb.org](http://www.rcsb.org) gefunden werden kann. Sie enthalten neben den dreidimensionalen Positionierungsangaben auch Daten, mit deren Hilfe z.B. das elektrostatische Potenzial oder die Wasserstoffbrücken berechnet werden können.

#### Phagocytose

Die P. ist die Aufnahme von Nahrungspartikeln, ganzer Zellen oder Fremdkörpern in das Zellinnere.

#### Pinocytose

Bei der P. handelt es sich um die Aufnahme kleiner Flüssigkeitsmengen in das Zellinnere, welche in Vesikeln mit einem maximalen Durchmesser von 150 nm erfolgt.

#### Protonengradient

Der P. beschreibt bei der Oxydativen Phosphorylierung das Konzentrationsgefälle von Protonen zwischen dem MitochondriumInnenraum und der MitochondrienMembran. Die dadurch erzeugte Energie wird zur Umwandlung des ADP in ATP verwendet.

#### Rendern, rendern

Das R. (von engl. to render) ist der Verarbeitungsvorgang von Rohdaten, aus denen durch unterschiedliche Verfahren neue Daten erzeugt werden.

## 6. Anhang

In diesem Fall handelt es sich um die Verarbeitung der dreidimensionalen Modelle und ihrer Umgebung, die in 3ds max™ erzeugt wurden, zu zweidimensionalen Abbildungen. So wurden z.B. im Falle dieser Arbeit aus einer Datei, die dreidimensionale Informationen enthält und ca. 60MB groß ist, Bilddaten von 5 GB erzeugt, welches Filmmaterial von 1.30Minute lieferte.

### Renderfarm

Die R. setzt sich aus mehreren Computern zusammen, die über ein Netzwerk miteinander verbunden sind. Dabei gibt es einen zentralen Rechner, auf dem eine zu *rendernde* Version einer Datei liegt und der die übrigen Rechner verwaltet und ihnen Rendereaufträge erteilt. Wenn es z.B. gilt, 2.500 Frames zu berechnen, gibt es 2.500 Rendereaufträge, die er den einzelnen Rechnern zuteilt. Sobald ein Rechner einen Auftrag abgeschlossen hat, bekommt er den nächsten zugeteilt.

### Schwerpunkt

Der S. unter 3ds max™ bildet das Zentrum eines Objektes. Dieses dient als Orientierung bei der Drehung, Skalierung eines Objektes und der Anwendung einiger *Modifikatoren*. Er lässt sich verschieben, indem in der *Befehlspalette* unter „Hierarchie“ „Nur Schwerpunkt beeinflussen“ angewählt wird.

### VRML

V. (Virtual Reality Modeling Language) wird genutzt, um 3D-Modelle im Internet darstellen zu können. Dieses Dateiformat mit der Endung „.wrl“ (für world) wurde von Silicon Graphics® initiiert und wurde seitdem von unterschiedlichen Institutionen und Firmen weiterentwickelt. Es liegt in zwei Versionen vor: 1.0 und 2.0 bzw. 97. In naher Zukunft wird V. wohl durch das auf XML basierende X3D-Format (eXtensible 3D) ersetzt werden.

### Verzeichnisfreigabe

Die V. unter Windows® reguliert die Rechte, die andere Rechner in einem Netzwerk beim Zugriff auf einen lokalen Rechner haben und wird am besten über den Explorer konfiguriert. Man navigiert zum entsprechenden Verzeichnis, wählt seine Eigenschaften (über die rechte Maustaste) aus und stellt unter „Freigabe“ den Namen für das freizugebene Verzeichnis ein, welcher später für die externen Computer im Netzwerk sichtbar sein wird. Anschließend müssen noch die Berechtigungen eingestellt werden, die externe Nutzer beim Zugriff auf das Verzeichnis haben sollen. Damit *backburner* ein Verzeichnis vollständig verwalten kann, muss ihm der Vollzugriff gewährt werden. Deshalb muss ein Verzeichnis für alle Nutzer freigegeben werden, indem man unter Berechtigungen den Benutzer „Jeder“ hinzufügt und „Vollzugriff Zulassen“ anwählt.

### Zeitleiste

Die Leiste unterhalb des *Zeitschiebers*.

### Zeitschieber

Der Schieber oberhalb der *Zeitleiste* ;-)

### Zellzyklen

Mitose (0.15 - 4.00h)

Metaphase: Je zwei Centriolen lagern sich an den entgegengesetzten Zellpolen an, der Spindelapparat vergrößert sich und kontaktiert die Chromosomen

Anaphase: Zweichromatidchromosomen teilen sich, die so entstandenen Einchromatidchromosomen werden von den Zugfasern des Spindelapparates an die entgegengesetzten Pole gezogen

Telophase: Nucleus und Nucleolus bilden sich wieder, die Einchromatidchromosomen entspiralisieren sich, der

Spindelapparat löst sich auf und die Zelle wird durch eine Membran in zwei Tochterzellen zerteilt

Interphase

G1-Phase: Zuwachs auf das ursprüngliche Zellvolumen, bis zu 3h

G0-Phase: Die Zelle setzt die Zellteilung aus und nimmt eine Funktion im Organismus an und die Chromosomen verdoppeln sich nicht mehr

oder:

S-Phase: Verdopplung des Erbmaterials (Einchromatid- werden zu Zweichromatidchromosomen), bis zu 14h

G2-Phase: Vorbereitung der Mitose

Zusammengesetztes Objekt

Ein Z. besteht meist aus mindestens zwei *Grundobjekten*, die miteinander in Verbindung gesetzt werden. Dazu zählen z.B. das *Streuen*-Objekt, welches die Duplikate eines Objektes um ein anderes Objekt herum anordnet, oder das *Boolesch*-Objekt, das zwei Objekte miteinander in Bezug setzt, die Schnittmenge oder Vereinigung bildet.

## 6.4. Das Team

Idee, Konzept & Leitung

Dr. Dieter Lorenz

Programmierung

Dipl.-Inform. Med. Thorsten Schneider

Konzept, Logo- & 3D-Design

Björn Sommer

## 6.5 Danksagung

Vielen Dank an alle, die mich bei meiner Arbeit unterstützt haben!

Besonderer Dank gilt:

Dr. Dieter Lorenz für die sehr gute Zusammenarbeit, Betreuung und interessante Aufgabenstellung, welche genug Freiraum für eigene Ideen bot;

Dipl.-Inform. Med. Thorsten Schneider für die guten Ratschläge und die Bereitschaft, die Arbeit als Zweitgutachter zu betreuen;

Nadine Boley, für die konstruktive Kritik und das Korrekturlesen;

Susana Lin, für die kompetente Beratung zum Thema Histologie und Zellendarstellung;

Tanja Möller, für die guten Tips und das Catering;

Meiner Familie für die gute Unterstützung während meines Studiums;

... und natürlich all denen, deren Rechner Tag und Nacht für meine Animationen schufteten mussten ;-)

Auf das sich das so schnell nicht ändern möge!

Björn Sommer, Bielefeld den 05.03.2004

# 7. Quellen

## 7.1. Literatur

Cell and Molecular Biology (2nd edition); Gerald Carp; 1999; John Willey & Son, Inc. New York (S. 312)

Cell Structure; Peter G. Toner, Katharine E. Carr; 1971; Churchill Livingstone Edinburgh & London (S. 31, 132, 150, 153, 157, 159, 184, 209)

Die Zelle: Atlas der Ultrastruktur; Joachim Ude, Michael Koch; 1982; Gustav Fischer Verlag Stuttgart (S. 13, 27, 31, 34f, 41, 55, 69, 73)

Lehrbuch der Molekularen Zellbiologie; B. Alberts, D. Bray, A. Johnson, J. Lewis, M. Raff, K. Roberts, P. Walter; 1999; Wiley-VCH Weinheim

Struktur und Funktion der Zelle; Wolrad Vogell; 1973; Universitätsverlag GMBH, Druckerei und Verlagsanstalt Konstanz (S. 10ff, Abb. 3b)

The Cell - A Molecular Approach; Geoffrey M. Cooper; 1997; ASM Press Washington

The Membranes (Ultrastructure In Biological Systems Volume 4); Albert J. Dalton, Françoise Haguénau; 1968; Academic Press Inc. New York (S. 78, 93, 132)

## 7.2. Software

Die Zelle CD 1 bis 4; Jürgen Bereiter-Hahn, Winfried S. Peters; 1999-2003; IWF Göttingen

Brockhaus Enzyklopädie (Der große Brockhaus); F.A. Brockhaus GmbH; 1988; Mannheim  
Enzyklopädische Bibliothek Lexikodisc System; Enzyklopädische Bibliothek Verlagsgesellschaft;

## 7.3. Webadressen

<http://www.jcb.org>

<http://www.net-lexikon.de>

<http://www.wissen.de>

## 7.4. Abbildungsquellen und Zusatzinformationen

Bei den nachfolgend wiedergegebenen Zusatzinformationen handelt es sich teilweise um die originalen Bilduntertitel, teilweise in gekürzter Form.

Abb. 3.1: Th cell displayed here were processed using formaldehyde fixation and stained with rhodamine-conjugated antibodies to wheat germ agglutinin to view the Golgi apparatus. A fluorescently stained image of a cultured epithelial showing the nucleus (green) and golgi apparatus (red). Quelle: [www.itg.uiuc.edu](http://www.itg.uiuc.edu)

Abb. 3.2: Utilizing a double fluorescent label, Dr. Paddock has managed to capture dynamic endoplasmic reticulum structures in living plant cells with the confocal laser scanning microscope. Quelle: [www.microscopyu.com](http://www.microscopyu.com)

Abb. 3.3: Tangential angeschnittener Zellkern, wobei die Kernporen als kreisförmige Gebilde in der Kernperipherie erkennbar sind, die Kernmembran ist durch den flachen Anschnitt entfernt worden. Elektronenmikroskopische Aufnahme. 18.000 X. Quelle: Struktur und Funktion der Zelle

Abb. 3.4: Quergebroschene Hefezelle in der Übersicht (Bildbreite 12,8µm). Quelle: [www.uni-ulm.de/elektronenmikroskopie/](http://www.uni-ulm.de/elektronenmikroskopie/)

Abb. 3.5: Quelle: Brockhaus-Enzyklopädie

Abb. 3.6: Quelle: The Cell - A Molecular Approach

Abb. 3.7: A fluorescently stained image of a cultured epithelial showing the nucleus (yellow) and actin (red). All cells were processed using gluteraldehyde fixation and stained with rhodamine-conjugated phalloidin to visualize actin and sytox green, a DNA specific dye, to view the nucleus. Quelle: [www.itg.uiuc.edu/technology/](http://www.itg.uiuc.edu/technology/)

Abb. 3.8: A fluorescently stained image of cultured epithelial cells showing the endoplasmic reticulum (green). All cells were processed using a gluteraldehyde fixation with an ER specific dye, 3,3'-dihexyloxacarbocyanine iodide (DiOC6(3)). Quelle: [www.itg.uiuc.edu/technology/](http://www.itg.uiuc.edu/technology/)

Abb. 3.9: The cell was processed using formaldehyde fixation and stained with rhodamine-conjugated antibodies to wheat germ agglutinin to view the Golgi apparatus. A fluorescently stained image of a cultured epithelial cell showing the Golgi complex (red). Many individual vesicles are clearly seen. Rhodamine-conjugated wheat germ agglutinin, specific for immature and mature N-linked polysaccharides, was used for visualization. Quelle: [www.itg.uiuc.edu/technology/](http://www.itg.uiuc.edu/technology/)

Abb. 3.10: Mitochondria in glioma cells stained with TMRE. This dye enters cell in a form of an ester which is subsequently hydrolysed and the product, tetramethylrhodamine, is accumulated in mitochondria due to a high membrane potential. © A. Szewczyk & J. Dobrucki. Quelle: [helios.mol.uj.edu.pl](http://helios.mol.uj.edu.pl)

Abb. 3.11: A fluorescently stained image of a cultured epithelial cell showing the nucleus (blue) and microtubules (green). Cells were processed using gluteraldehyde fixation and stained with fluorescein-conjugated antibodies to tubulin to see microtubules and a chromamycin stain specific for DNA to view the nucleus. Quelle: [www.itg.uiuc.edu/technology/](http://www.itg.uiuc.edu/technology/)

Abb. 3.12: Leber-Zelle einer Maus gefärbt mit Haematoxilin und Eosin: blau/violette Nuclei erscheinen in einer rot/rosa Zellumgebung. Quelle: [nhs.polyu.edu.hk/nhs](http://nhs.polyu.edu.hk/nhs)

Abb. 3.13: Plasmacell. Tissue Human small intestine. Osmium fixation, lead staining. 32.000 X. Quelle: Cell Structure

Abb. 3.14 + 3.15: Zellen der erythropoetischen Reihe aus dem blutbildenden Gewebe der Maus. GefrierbruchTechnik. 10.000 X. Quelle: Die Zelle; Aufnahmen von Dr. H. Meyer, Jena

Abb. 3.18: Negativ gefärbt mit Phosphotungstate bei geringer Temperatur. Quelle: The Membranes

Abb. 3.21: Gefrierätztechnik. 15.000 X. Quelle: Struktur und Funktion

Abb. 3.26: Quelle: Die Zelle

Abb. 3.29: Tissue Human small intestine. Osmium fixation, lead staining. 78,000 X. Quelle: Cell Structure

Abb. 3.30: An Ribosomen findet die Translation der Erbinformation von sich anlagernder messenger RNS und damit Proteinsynthese statt. Quelle: [www.uni-mainz.de/FB/Medizin/Anatomie/](http://www.uni-mainz.de/FB/Medizin/Anatomie/)

Abb. 3.34: Intestinal Absorptive Cell. Tissue Human small intestine. 33.000 X. Quelle: Cell Structure

Abb. 3.35: 59.400 X. Quelle: Die Zelle

Abb. 3.39: Tissue Hen proventriculus, Glutaraldehyde fixation, uranium and lead staining. 45.000 X. Quelle: Cell Structure

Abb. 3.43: Quelle: Die Zelle

## 7.5. Typogramm

Arial Regular 10/12;  
Arial Bold 10/12;  
Bauhaus Regular 18 pt;  
links- / rechtsbündiger Flattersatz  
Satzbreite 184,6 / 182,1 mm

## 7.6. Warenzeichen

3D Studio MAX, 3ds max, discreet sind entweder eingetragene Marken oder Marken der Autodesk, Inc. in den USA und/oder anderen Ländern.

Amira ist eine eingetragene Marke des Konrad-Zuse-Zentrum für Informationstechnik Berlin.

backbuner ist entweder eine Marke der Autodesk Canada Inc. in den USA, Kanada und/oder anderen Ländern.

Das BSD-Zeichen ist eine eingetragene Marke von Björn Sommer.

Google ist eine eingetragene Marke von Google, Inc..

Silicon Graphics ist eine eingetragene Marke von Silicon Graphics, Inc. in den USA.

Windows, Windows 2000, Windows XP sind entweder eingetragene Marken oder Marken der Microsoft Corporation in den USA und/oder anderen Ländern.



