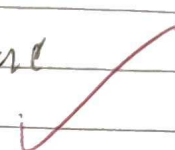
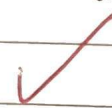


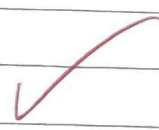
zu Ich weiß nicht wie, aber <sup>das</sup> ein 145.1 Modell  
hat bei Argon ersetzt, ich habe so gemacht,  
mit das hantwische von massen betrage zu,  
genau das hantwische zwischen Lysin und Argonin,  
die zwei Aminosäuren stehen dessen C-termini-  
funktion. Tryptophan spgltt. Das war an  
Riesengröße. Zusatz: Antwort: L=0 Z. 59. 69.

25 Ich gehe aus. Ich habe keine Ahnung  
worüber dieses Buch spricht

26 Massenspektrometrie ( $m/z \neq 11$ )  
Kernspinresonanzspektroskopie. 

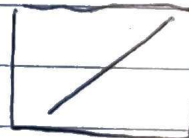
27 AVRYSR 

~~28 Ich weiß nicht warum, aber~~ <sup>entweder Ordnung</sup> ~~Carbonat oder das selbe~~  
~~bedeutet;~~

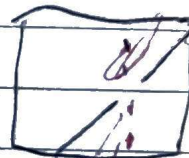
28 ~~EP~~ ~~Wasser~~ SYKLS <sup>↙</sup> IFTMSWSL <sup>↘</sup> 


das Buch stimmt nicht zu?

29 Wenn keine Disulfidbrücke:  
weil das zweite Schritt ist genau  
das erste.



Wenn Disulfidbrücke:



~~Ich weiß nicht genau, aber man kann das~~  
~~den Kern-Overhauser-Effekt nutzen.~~   
Nutz diese Punkte Massenspektrometrie, dann  
weiß man welche Cytosin Basen beteiligt waren.