

Tab. 19 Methylierungsmuster in der analysierten Sequenz des **NOS-Promotors** und des **NOS-Gens** transgener homozygoter Nachkommen der beiden *Vicia narbonensis*-Linien unter **klimatisierten** Gewächshausbedingungen

Linie	Pflanze	Klon*	Hyg ^r	Verteilung von Cm5-Methylierungen innerhalb der NOS-Promotorsequenz Position: -250 bis -1	Verteilung von Cm5-Methylierungen innerhalb der Sequenz des 5'-Endes des NOS-Gens Position: +1 bis +200
4.1. 6.2.11.9.6.2	E2	(3)	+		
	E2	(7)	+		
	E2	(9)	+		
4.1. 6.1.4.3.3.1	D1	(1)	-		
	D1	(3)	-		
	D1	(8)	-		
9.1. 19.4.4.21.15.16	B16		-		
Verteilung der gesamten Cytosine innerhalb der Sequenzbereiche					

Klimatisiertes Gewächshaus

- + stabile Expression des HPT-Gens
- keine Expression des HPT-Gens
- ** das HPT-Gen exprimierende Revertante aus der Linie 9.1, in welcher das HPT-Gen instabil bzw. nicht mehr exprimiert wird
- * Mit Ausnahme der Pflanze B16 wurde das PCR-Produkt der einzelnen Pflanzen kloniert. Die Nummer des jeweils sequenzierten Klons steht in den Klammern.

Tab. 20 Methylierungsmuster in der analysierten Sequenz des **NOS-Promotors** und des **NOS-Gens** transgener homozygoter Nachkommen der beiden *Vicia narbonensis*-Linien unter **nicht klimatisierten** Gewächshausbedingungen

Linie	Pflanze	Klon*	Hyg ^r	Verteilung von Cm5-Methylierungen innerhalb der NOS-Promotorsequenz Position: -250 bis -1	Verteilung Methylierungen von Cm5 innerhalb der Sequenz des 5'-Endes des NOS-Gens Position: +1 bis +200
4.1. 6.2.10.14.4	R4	(8)	(+)•		
	R4	(9)	(+)•		
9.1. 19.4.2.11.2	N2	(1)	(+)•		
	N2	(2)	(+)•		
	N2	(9)	(+)•		
9.1. 19.4.4.13.3.9	C9**	(8)	(+)•		
	C9**	(22)	(+)•		
Verteilung der gesamten Cytosine innerhalb der Sequenzbereiche					

Nicht klimatisiertes Gewächshaus

- + stabile Expression des HPT-Gens
- keine Expression des HPT-Gens
- ** das HPT-Gen exprimierende Revertante aus der Linie 9.1, in welcher das HPT-Gen instabil bzw. nicht mehr exprimiert wird
- * Mit Ausnahme der Pflanze B16 wurde das PCR-Produkt der einzelnen Pflanzen kloniert. Die Nummer des jeweils sequenzierten Klons steht in den Klammern.
- Bei diesen Pflanzen erfolgte die DNA-Isolation für die Na-Bisulfit-Modifikation erst nachdem die Pflanzen zwei Monate den nicht klimatisierten Bedingungen im Gewächshaus ausgesetzt waren, während der Test auf Hygromycinresistenz ca. sechs Wochen vorher abgeschlossen wurde.

Fortsetzung nächste Seite

∞ Anhang (A1)

Linie	Pflanze	Klon*	Hyg ^r	Verteilung von Cm5-Methylierungen innerhalb der NOS-Promotorsequenz	Verteilung Methylierungen von Cm5- innerhalb der Sequenz des 5'-Endes des NOS-Gens	
				Position: -250 bis -1	Position: +1 bis +200	
9.1. 19.4.4.21.15.8	M8	(1)	(-)•			Nicht klimatisiertes Gewächshaus
	M8	(2)	(-)•			
	M8	(3)	(-)•			
	M8	(4)	(-)•			
Verteilung der gesamten Cytosine innerhalb der Sequenzbereiche						

+ stabile Expression des HPT-Gens

- keine Expression des HPT-Gens

** das HPT-Gen exprimierende Revertante aus der Linie 9.1, in welcher das HPT-Gen instabil bzw. nicht mehr exprimiert wird

* Mit Ausnahme der Pflanze B16 wurde das PCR-Produkt der einzelnen Pflanzen kloniert. Die Nummer des jeweils sequenzierten Klons steht in den Klammern.

• Bei diesen Pflanzen erfolgte die DNA-Isolation für die Na-Bisulfit-Modifikation erst nachdem die Pflanzen zwei Monate den nicht klimatisierten Bedingungen im Gewächshaus ausgesetzt waren, während der Test auf Hygromycinresistenz ca. sechs Wochen vorher abgeschlossen wurde.

Tab. 21 Methylierungsmuster in der analysierten Sequenz des **35S-Promotors** und des **HPT-Gens** transgener homozygoter Nachkommen der beiden *Vicia narbonensis*-Linien unter **klimatestierten** Gewächshausbedingungen

Linie	Pflanze	Klon*	Hyg ^r	Verteilung von Cm5-Methylierungen innerhalb der „core“-Sequenz des 35S-Promotors Position: -297 bis -1	Verteilung von Cm5-Methylierungen innerhalb der Sequenz des 5'-Endes des HPT-Gens Position: +1 bis +224
4.1. 6.2.11.9.6.2	E2	(4)	+		
	E2	(5)	+		
	E2	(6)	+		
4.1. 6.1.4.3.3.1	D1	(1)	-		
	D1	(3)	-		
	D1	(5)	-		
	D1	(6)	-		
Verteilung der gesamten Cytosine innerhalb der Sequenzbereiche					

Klimatestiertes Gewächshaus

- + stabile Expression des HPT-Gens
- keine Expression des HPT-Gens
- ** das HPT-Gen exprimierende Revertante aus der Linie 9.1, in welcher das HPT-Gen instabil bzw. nicht mehr exprimiert wird
- * Mit Ausnahme der Pflanze B16 wurde das PCR-Produkt der einzelnen Pflanzen kloniert. Die Nummer des jeweils sequenzierten Klons steht in den Klammern.

Tab. 22 Methylierungsmuster in der analysierten Sequenz des **35S-Promotors** und des **HPT-Gens** transgener homozygoter Nachkommen der beiden *Vicia narbonensis*-Linien unter **nicht klimatisierten** Gewächshausbedingungen

Linie	Pflanze	Klon*	Hyg ^r	Verteilung von Cm5-Methylierungen innerhalb der „core“-Sequenz des 35S-Promotors Position: -297 bis -1	Verteilung von Cm5-Methylierungen innerhalb der Sequenz des 5'-Endes des HPT-Gens Position: +1 bis +224
4.1. 6.2.11.12.3	T3	(3)	(+)•		
	T3	(8)	(+)•		
	T3	(10)	(+)•		
	T3	(12)	(+)•		
4.1. 6.2.10.14.4	R4	(4)	(+)•		
	R4	(11)	(+)•		
Verteilung der gesamten Cytosine innerhalb der Sequenzbereiche					

Nicht klimatisiertes Gewächshaus

- + stabile Expression des HPT-Gens
- keine Expression des HPT-Gens
- ** das HPT-Gen exprimierende Revertante aus der Linie 9.1, in welcher das HPT-Gen instabil bzw. nicht mehr exprimiert wird
- * Mit Ausnahme der Pflanze B16 wurde das PCR-Produkt der einzelnen Pflanzen kloniert. Die Nummer des jeweils sequenzierten Klons steht in den Klammern.
- Bei diesen Pflanzen erfolgte die DNA-Isolation für die Na-Bisulfit-Modifikation erst nachdem die Pflanzen zwei Monate den nicht klimatisierten Bedingungen im Gewächshaus ausgesetzt waren, während der Test auf Hygromycinresistenz ca. sechs Wochen vorher abgeschlossen wurde.

Fortsetzung nächste Seite

Linie	Pflanze	Klon*	Hyg ^r	Verteilung von Cm5-Methylierungen innerhalb der „core“-Sequenz des 35S-Promotors Position: -297 bis -1	Verteilung von Cm5-Methylierungen innerhalb der Sequenz des 5'-Endes des HPT-Gens Position: +1 bis +224
9.1. 19.4.2.11.2	N2	(3)	(+)•		
	N2	(4)	(+)•		
	N2	(9)	(+)•		
9.1. 19.4.4.13.3.9	C9**	(2)	(+)•		
	C9**	(4)	(+)•		
	C9**	(6)	(+)•		
	C9**	(10)	(+)•		
Verteilung der gesamten Cytosine innerhalb der Sequenzbereiche					

Nicht klimatisiertes Gewächshaus

- + stabile Expression des HPT-Gens
- keine Expression des HPT-Gens
- ** das HPT-Gen exprimierende Revertante aus der Linie 9.1, in welcher das HPT-Gen instabil bzw. nicht mehr exprimiert wird
- * Mit Ausnahme der Pflanze B16 wurde das PCR-Produkt der einzelnen Pflanzen kloniert. Die Nummer des jeweils sequenzierten Klons steht in den Klammern.
- Bei diesen Pflanzen erfolgte die DNA-Isolation für die Na-Bisulfit-Modifikation erst nachdem die Pflanzen zwei Monate den nicht klimatisierten Bedingungen im Gewächshaus ausgesetzt waren, während der Test auf Hygromycinresistenz ca. sechs Wochen vorher abgeschlossen wurde.

Fortsetzung nächste Seite

Linie	Pflanze	Klon*	Hyg ^r	Verteilung von Cm5-Methylierungen innerhalb der „core“-Sequenz des 35S-Promotors Position: -297 bis -1	Verteilung von Cm5-Methylierungen innerhalb der Sequenz des 5'-Endes des HPT-Gens Position: +1 bis +224
9.1. 19.4.4.21.15.8	M8	(1)	(-)•		
	M8	(3)	(-)•		
	M8	(4)	(-)•		
Verteilung der gesamten Cytosine innerhalb der Sequenzbereiche					

Nicht klimatisiertes Gewächshaus

- + stabile Expression des HPT-Gens
- keine Expression des HPT-Gens
- ** das HPT-Gen exprimierende Revertante aus der Linie 9.1, in welcher das HPT-Gen instabil bzw. nicht mehr exprimiert wird
- * Mit Ausnahme der Pflanze B16 wurde das PCR-Produkt der einzelnen Pflanzen kloniert. Die Nummer des jeweils sequenzierten Klon steht in den Klammern.
- Bei diesen Pflanzen erfolgte die DNA-Isolation für die Na-Bisulfit-Modifikation erst nachdem die Pflanzen zwei Monate den nicht klimatisierten Bedingungen im Gewächshaus ausgesetzt waren, während der Test auf Hygromycinresistenz ca. sechs Wochen vorher abgeschlossen wurde.