

## 8. Anlagen

### 8.1. B<sub>1</sub>- und B<sub>2</sub>-Rezeptorsequenzen

#### Anlage 1

```

1 gggggcgagc cttgagagta ttgtctgcac tgaatgtgt cttcagggcc tgtttgccaa
61 cacacagtac ttaggtgaat cgacaggcgg aaaatgtcag cagagaaagt gcaaaatggt
121 ggtcaaaaga cctcccacta tctatcccta agcaagtgaaggcaatgcc acgccccctc
181 caaacctcag cctcctctgg cttgagagac tcactttttg ggtaatcccc tgtgacatca
241 tgggaacaga ggtggttt
258 at ttaagaccag ccagcgtgtg tccagggagc tgccccagga
      B1N5→
301 cagaaacctc ccaagacagc agtcaccatc aaaaacacag gtgaagctgt gagctctttg
361 cttttctatc cgg
374      gt_aagtc tatagggatc attttctct cagggcttaa attccttaaa
421 tggaaattgt tcatgtctct tagcaaaagga caacaaacag aaagcgttct tttctacata
481 tgcattccag gagagataga cttcagccgt tctgttttaa aggattttta tctgtgtttt
541 ggtctgtttc ggtttgtttc tgggtttggg ggtgggtggg gctttttgtt gttgttttga
601 gacagactct tctctgttac cctaaagtgg tttcaggctc ctcagttctg ggtttgcaag
661 tgtgaaccac tatacccacc tctggttagg ggtttaacaa tccgtgtgtg tgtgtgtgtt
721 gagataggtc tctctaccca gcccttactg tctcggatct cactatatag accagactgg
781 tccagaactc acagagatcg cagctctgcc tgcggagtgc tctgagtaaa ggcctgtgcc
841 accatgctg gcccttctcc cttctacttc aaaactgttt ttgcctctgt gtgatgtag
901 gtgcactgag tacgtgcaat gctgtgggag gacagaagag ggcgtcaggt tccctgggac
961 tggagtogca gatggttcta agtggccttg ttggttgcta aaactcaaac cctggctcctc
1021 cggaaagaca gccggaactt ttaaccaatg agcctactag caccacctcc taccagttcc
1081 cccttttaac ctagaaggtc agtctctctc tcctccaaag gaactgagta gataccatca
1141 gttttgcaag ccacaccgac tgtgctgtgc ccactctggt ctgcccgtcac agcacatgaa
1201 aatcatocca gacgcatctc acacagtcac gtagtaatgt cgtgtgccaa taaaacttta
1261 ttgtcaggct ggaacgggta ggaacactga ctgttcttcc agaggtcctg agttcgattc
1321 ccagcaacca catggcggct caccaaccatc tgaatgggg atccaatacc cttttctggt
1381 atgtgtcaag aaagagtgc actatattca catatagtaa ataaataaat cttttaaaaa
1441 aaacgaaaaa aagaaaaaac tttattgttt ggaac_
1477      RNBIATC→      gacc acagctggat ttgacctcct
1501 gtactgtgtc aa_cgtcaggt cactgtggAT Gg_cgtccgag gtcttgttgg agctccagcc
      Startcodon
1561 ctctaaccga agcctgcagg ccctgcctca cttactctcc tgcgagagtg ccctagaaga
      B1N3←
1621 ctgggaactg ctgtatcggg tgctgccagg gttcgtcctc actatctgct tctttggcct
1681 cttgggggac cttttagctc tgtcctctct ccttttgcct tggcgacagt ggtgtgtgca
1741 gcaacgacag aggcagcagc gcttaaccat agcggaaatc tacctggcta acttggcggc
1801 ttccgatctg gtgtttgtcc tgggctgcc cttctgggca gagaacatcg ggaaccgttt
      MMB18→
1861 caactggccc ttcggaactg acctctgcgg ggtgg_cagc ggggtcatca agggcaac_cct
1921 gtttgtcagc atcttctctg tgggtggctat cagtcaggac cgctacaggc tctgtgtata
1981 ccccatgaca gctgggggta ccggcggcga cggcaagccc aagctacgtg cctgtctatc
2041 tgggtagccg ggggtctctt gagcatcccc acattctctc tacgtctgtg taaagtctc
2101 cccgatctga acgtctctgc ctgcatcctg cttttccccc acgaggcttg gcactttgca
2161 aggatggtgg agttgaacgt tttgggtttc ctctccccc tgactgctat catcttcttc
      MMB12←
2221 aactatcac_ tcttggcctc cctga_gagga cagaaggagg ccagcaggac taggtgtggg
2281 ggtcccagg_ gcagcaagac gacggggctg atcctcacac tggtagctc_ cttctctggtc
2341 tgcgtgtg_ cttaccactt cttcgctttc ctggatttcc tggccaggt_ aagagtgatc
2401 caggactgct cctggaagga gatcacagac ctgggctg_ agctgcctca cttctttg_
2461 tttgtcaaca gtgcttgaa cccactgatt tatgtctctg caggccggct ccttaagacc
      RNBIAT_←
2521 ag_ggttctgg ggactttaTA Aatgatg_
      Stopcodon
2542 caa ccgagaagcc tcatgccc_ atgtggccca_
2581 aggaagggac tcttccaatt atcctgctgg aatccaaaca gcagggagcc aagaagcctg
2641 gcttcttctt gaccaaccaa tctctggtat cataaagacc atctggtcag ctgaccacca
2701 gcc_

```

Promotorregion

Exon 1 (115 bp)

Intron 1 (1103 bp)

Exon 2 (1065 bp)

Anlage 1 Sequenz des B<sub>1</sub>-Rezeptors der Ratte, zusammengesetzt anhand der Sequenzanalyse (4.1.1.) von den bekannten Teil-Sequenzen AF114406 (Shanstra et al., 1998), U66106 (Ni et al., 1998) und U66107 (Ni et al., 1998). Die Exons sind fett gedruckt, die in dieser Arbeit verwendeten Primer eingerahmt, die 5'- und 3'-Spleißstellen sind doppelt unterstrichen und das Start- bzw. Stopcodon in Großbuchstaben dargestellt.

## Anlage 2

1	gagaagcca	ggaatttctg	catctctcac	agccaggcct	agggtagctc	agcttcatgg	
61	atgccaaact	acacccaaac	caaaccaga	gccgtcagca	aggattagga	aaagtgcggc	
121	tgatcttact	caactctgag	cctgcatga	gtcaaaactt	ttcccgaact	cactgtttgt	
181	acaatggggt	ccacactgat	ggattcttgg	ctgtgtgtoc	ttcactgctc	aaattcaaga	
241	tgggttgtcc	tagtgtgctc	ccaagaacct	gtggccaat	cccagacctc	ctggagccaa	
			MMB1E5→				Promotorregion
301	cggggaatca	ggaagcca	tcaactcaaca	tccgcccagg	ggtgagcctt	gagagtattg	
361	gccacactga	aatgtgtctt	cagggcctgt	ttgccaacac	acagcagcta	ggcaaaactca	
421	acaggccaaa	aatgtcagtg	gagaaagtgc	aaaaaggtag	tccaagaacc	tctactatc	
481	cctaagcgag	cgagtgaag	gcggcgccac	ggccccttcc	aaacctcagc	ctcctctggc	
541	ttgaagact	cacttttcgg	gtaatccct	gtgacatcat	gggaaaagag	gtggtttcat	
601	ttaagaccag	ta					
613		tgtgtcca	gagagctgcc	caggacagaa	acctcctaag	acagctgtct	Exon 1 (92 bp)
661	ccatacaaaa	cccagctga	agctgtgagc	tctttgtttt	tctg		
704					tctggg	taagtctata	
721	gcaatctggt	ttcttctcag	gactgttaaa	tggaaaccgta	gagcaggtct	cttagcaaaa	
781	gcaacaaac	agaagtgtt	cttgttgact	tacggcctgg	cagaagagat	aggctcaac	
841	cgttcatttt	aaaagattt	ttatctatg	tctggctctg	ttgggtatgt	ttctgggttt	
901	ggagggggg	ggctttttgt	tgttgttgca	gttttgagac	agactcttcc	ctgttcaacc	
961	ccaaattgct	tacggctcct	cagctctgga	tatgcagtg	tgaaccacta	taccagcct	
1021	ctggttaggg	atttaacaat	ccgtgtgtgt	gtgtgtgtgt	gtgtgtgtgt	gtgagagaga	
1081	gagagagaga	gagagagaga	gagagagaga	gagagagagt	tgagataggt	ctctacctag	
1141	cccttctgtg	cctggaactc	actatgtaga	ccagactggc	ctagaactca	cagagatccc	
1201	atctctcctg	gtgggagtg	tctgtctgac	taaaggtgtg	tgccaccaag	cctgacccgt	
1261	tttgcctgtg	tatatgtatg	tgcactgtat	gcatgcaatg	cctgtggagg	acagaagagg	Intron 1 (946 bp)
1321	acaccagatc	ccctgggact	gaagttacag	atggtttgta	gctaccatgt	ggattgtctg	
1381	cacacaaact	ctggctctct	ggaagagcag	ccggaatttt	taaccaataa	gcgctttctc	
1441	cagctcctac	tagatccctc	ttttaacctc	gaggtcagtc	ctctctttct	ctacagaaac	
1501	tggtagtaaa	tattgtcagt	tttgcagact	agacaggctg	tgctgtgccc	gttctgtctc	
1561	gccatcataa	cgacgaaaa	ctgtcacaga	tgctctatat	ataagcattg	agtatggctg	
1621	tgtccaata	aaactttatt	gtctgggata				
1651			MMB1N5→	gaccacagct	gggcttggcc	tcctatactc	
1681	tctgtcaatt	tcaggttcct	gtggATGcgc	tcccaggcct	cgctgaagct	acagccttct	
			Startcodon				
1741	aaccaaagcc	agcaggcccc	tccaacatc	acctcctcgc	agggcgcccc	ggaagcctgg	
				B1N3←			
1801	gatctgctgt	gtcgggtgct	gccagggttt	gtcatcactg	tctgtttctt	tggcctcctg	
					MMB1N3←		
1861	gggaaccttt	tagtctgtc	cttctctcct	ttgccttggc	gacgatggtg	gcagcagcgg	
1921	cggcagcgcc	taacctgca	agaaatctac	ctggctaact	tggcagcttc	tgatctggtg	
1981	tttgtgctgg	gcctgcctt	ctgggcagag	aacttggga	accgttcoa	ctggcccttt	
			MMB1B→				
2041	ggaagtgacc	tctgcccgg	ggtcagcggg	gtcatcaagg	ccaaacctgct	tatcagcatc	
2101	ttcctgttgg	tgccatcag	tcaggaccgc	tacaggttgc	tggtataacc	catgaccagc	
2161	tgggggaaac	ggcggcgag	gcaagcccaa	gtgacctgcc	tgctcatctg	ggtagctggg	
2221	ggcctcttga	gcacccccac	gttctctctg	cgttccgtca	aagtcgtccc	tgatctgaac	
2281	atctctgctc	gcactctgct	tttccccac	gaagcttggc	actttgtaag	gatggtggag	
					MMB12←		
2341	ttgaacgttt	tgggtttcct	cctcccattg	gctgcccacc	tctacttcaa	ctttcacatc	
	MMB12←						
2401	ctggcctccc	tgagaggaca	gaaggaggcc	agcagaacc	ggtgtggggg	acccaaggac	
2461	agcaagacaa	tggggctgat	cctcacactg	gtagcctcct	tcctggctctg	ctgggcccct	
2521	taccacttct	ttgccttctc	ggatttctctg	gtccaggtga	gagtgatcca	ggactgcttc	
2581	tggaggagc	tcacagacct	ggcctgacg	ctggccaact	tctttgcttt	tgtaaacagc	
2641	tgcttgaacc	cactgattta	tgtctttgca	ggccggctct	ttaagaccag	ggttctggga	
2701	actttaTAAG	t					
		Stopcodon					
2710		gatgcacct	ctttataaaa	tgccggatt	gccagtagg	aaagaactct	
2761	tccaactgtc	ctgctggaat	tgaacagca	ttgagccaag	aagcctggct	tcttgaccac	
2821	ccgtctctgc	tatcataggg	accatctggt	tggctgagcc	acagcccaca	aagatgccgg	
2881	aggacagagt	aatcggagga	cagggtagcc	ggaggacag	gtagccggga	cctcgcagat	
2941	gcacttaata	aggatccgga	gattaggctg	atcctgaagc	ttttcagagg	cagagcgaga	

Anlage 2 *B<sub>1</sub>*-Rezeptor-Sequenz der Maus, zusammengesetzt anhand der Sequenzanalyse von den bekannten Teil-Sequenzen NT\_039553 (Waterston et al., 2002), U47281 (Pesquero et al., 1996) und der Sequenz aus Abb. 4.1. Die Exons sind fett gedruckt, die in dieser Arbeit verwendeten Primer eingerahmt und das Start- bzw. Stopcodon in Großbuchstaben dargestellt.

## Anlage 3

1 gtctctacta aaaatacaaaa attagctggg tgtgggtggg tgtgcctgta atoccagcta  
 61 ctccgggagc tgaggcagga gaatcgcttg aaccaggag gcgaagggtg cagttagccg  
 121 gagatcgctc ccaattgcaat ctacgcttga gccacaagag tgaanaatcag tttcaaaaaa  
 181 aaaagaaaaa aggcaatcga agcctcagaa gagggtcgctc agtgcctacc cacttgtag  
 241 tcccctgcta tottctgcca cactataggg acctgctttt ctttcacaga ttgggggtcc  
 301 cctccccctg cctcagccc cactcccttg gccccagaga cagttaggaga cctctgctc  
 361 ccttgagccc gggcctgtct cgcatttccc gtggagatga gcaacaaggg gaaacgtggg  
 421 tcttgtaaaa gaactttcct tccgcctct caccaccttg gcaaggcagc cagatgatg  
 481 tccgaagtcc agctcactca gggcagctct gttcacagac tgtctccag caagaggcaa  
 541 agcagagatg agacctgcac gtgctctttg tggcagagct ggccttatac gcaactcctg  
 601 gtgaataaac agggagacat ctccaaagaa caaacgcttc tcagaacacag tatagtctaa  
 661 actcactactg aaggagaagt aagccagcca cgggctggag agacccccgc ctacattact  
 721 aagtaacagg aaaggctaag atttggagcc ttccctcggg tcagatctat cccgggagta  
 781 atggaagatg cttgctgtgt gacaattttt ttttattaaa aatccccacc agggaggtctc  
 841 tcttgatagg aggggacat cctatctctt aaggcaaat ccagcttctt cctgaaatg  
 901 tcatccgctc actgagctc agaatgctat ttgttcacc tacttccaca gttttaagg  
 961 cttcagcaac agggagaagac agcaggaaaa cttgaagtgc agttggctcc cgtgagatg  
 1021 tcaactagcag aaaaagggaa cacaagcaaa aggcaagatt ctaaagacag aggtgacacc  
 1081 ttctgctcca aacatttggg gggcaccctt tccagaagtc agactcgaag tctgaaatc  
 1141 tggcatgaat gaggttctct acgtgtaggg ggtggcctgg aaagatctta atttgaagt  
 1201 tgacaggtaa ggggcttcca gttggagaat cttgtcacc gatctcaaa gccaaaaata  
 1261 tcttactgtc taaacatga ggtcttgagt agttcaact gacccatgca gacataatct  
 1321 gagagacgcc aaggaggatt aggaaaaaat gtatctggtc ttaactcaact ctgaacattg  
 1381 catgagtcaa acgttttctt agctctctgt ttgtgtgat ggtccactct gatggattct  
 1441 tggcagatga ttttcatga ccaaaattca aaagaggcca ttcgaaagtg tccccacaaa  
 1501 agctgctgca gagccccaga cattcagaag ccaatagtga aggggcaaaa agccatccct  
 1561 caatgttcc tgcactttg cgagccttgg ggcaagttgg cgatgcaaaa acatgtttt  
 1621 agggcgtgtt ttccaacata caggtcttgg gcaggattgc agacctctg agatggtacc  
 1681 aaagtaaaag gggagatggg agctgaataa tctcttatca tccctaaagt gcaaaagtga  
 1741 atgagagtgg attttctctt ccaaatccac ttggagtggg tcccgaaga ctacttttg  
 1801 cggcaatccc cacaatgaca tcaactggagc ggagggtata taatttaag caaccacatc  
 1861 tccacagcac ttcccaga  
**1879 ca gagaaaactc ctccaaaagc agctctcact atcagaaaac**  
**1921 ccaactacag ttgtgaacgc cttcattttc tgcctgag**  
**1959 ta agtaaatgac cacctttttt**  
 1981 tttctttttt atgaaattac aatatgaaag gaaatctgtg tctcttaaaa aaacaaaaaa  
 2041 ctccccttta cacctaccta tgggcaaaat ttccc  
 -----Intron 1 (4942 bp) -----  
 7021 tagagtttga tcaacttgatc acttctcacc acctgcctcg ctactctccc cagctgtcac  
 7081 ccgccagcat gtttatttag tgtgtgtatt gtttatcaac ttcttctccc tgctaggctt  
 7141 atacgcacac ttagagcagg gatttttgcc tgctgtatcc actgctttgt cctaaatacc  
 7201 tagaacagtg cctggcaacat agtacattct cagtataaac ttgttcagca aataaataac  
 7261 tggaggaaac agtgaaTtat accccgggtg gaataactcc atgtgagtga catgacagaa  
 7321 tgtcagagct agaagggcct cttgaggaca tcatgtcttc cttagatgag gaaagtccag  
 7381 ctcagagaca tgaactgact ctccctgagg acacagccaa atatgctctt ccaaggtaa  
 7441 ttctctgcta cacaatagct tttgttggtg tctgtgagggc ttgcccgggt tgaaggaaatc  
 7501 tcaagtgta cccatttaata acaatcatga cagtgaacac taatgtttgc cacgtgctta  
 7561 caataagta ccaagccctgc caagcaccgg gcgtatatta acctatocaa gctggggaag  
 7621 aatgttttag ctctgaagat tgtctggagc cgcataaatc ccgcagtgta ggcagcTgct  
 7681 cattctgcag atagtattct gtggatccct gaggttggctg tggcccgggt ttgccagcagg  
 7741 agggccacgaa cctcagagca caggatggga tctacccttt gtgggatcgc agagggctgg  
 7801 gagatgcagt cctccctatg gaaagagaca gagctttcta tccctctccc ggtgaaactc  
 7861 agcatggggc catggggagg aggtcagctg cgtggctatg aacatgagct atgggggtgca  
 7921 tgcagaccac gtttcatagt gtacactgta cccaccagct gtactctctc cagcaagcgt  
 7981 gggaggccag tcaagctgat ggtctgagc acggcctctg gggctccatgc agaccaaggt  
 8041 tcttggcgta gcaactgtaac caccacctag gtcttctccg acaagctggt taacttctct  
 8101 gagcctggct ttgtcattca tgcggtgggg acaggtgcag cagaagagag cagacagaag  
 8161 cacaggatct caatcaggct cttgaatcag actgcctggg ttggaatcca ggcctactg  
 8221 accagctgtg tgacctcaga caggcgactc cgggtctaag cactcaattt tctaattggc  
 8281 caactggaga tgaacaatgg ccctaccctg aatggctgcc aggaagatta aatgagaaaa  
 8341 tacttaaatg tgaaacactt agaatggcgc ctggaacaca gacctaat accatctaac  
 8401 agatgttagt tgttaacctt atttattact catgctttcc tttctctttt ttctttctc  
 8461 tctctctctc tctttttttt tttttttttt tgttgtgtgt gttgtgtgtg agacagg  
**8518 HSB151 → gtc**  
**8521 tcagtcctgc gggccagact gaagtgcagt ggcacaatca tagctcctgc cagcctcgac**  
**HSB152 → Anfang HSB1ATC**  
**8581 cttccaggct taaacgattc tcccacctca gctctcagag ttgctgggac cacag**  
 8637 tatg  
 8641 caccaccatg cccagctaat ttttgtattt ttgtaaaga caggatttca ccatgttggc  
 8701 caggctggctc ttgaactcct ggggttcact gatccatctg ccttggcctc ccaaagtact  
 8761 gagattacag gtgtgaacca ccacaccggg ccaatactca tgtttttcaa gctgtgaaga  
 8821 ggaacttctc aggactgtcc ccacccccgc caccacactg gtcccagccc caacaggtca  
 8881 gcttcttttg ctgttcccga gcttcccctc gctctatctc aagccatgac ctctgctctc  
 8941 atgtctgcag ccccatgagg ctggggctgc tctgtctctg atatctccag tgcctggcaa  
 9001 ggggctggca agaggtagag gctcattaaa tgcctgttaa aaccctaata gtaataataa  
 9061 taatggtaca gttgttacta agactaatca ctaccttoca aagtctttcc tctatgcaag  
 9121 gcaaggagct aagcaccctg tagatcctga caacagccct cccgtgatcc caaagagag  
 9181 acacgattct ctccaatggt taaaaaggaa agtaaaagtc aatggttcta agtagctcac  
 9241 actgagtgat ttgaccggga tttggactca ggcaccatcc cttaaaccag aggtcagcaa  
 9301 acttttcccc ctccaggaaca gatggtaaat atcttcaact tgcaagccag acagtctctg  
 9361 ttacaagcgc tcgactcccc cttgtagcat gaacacagct gtagataata cgtccaggaa  
 9421 tgggtgtggc tctgtgcaaa taaaacttta ttgtccaaaa acaggtgaca ggttggtttg  
 9481 gctcataggc tgtagtctgc cacttctgtt tttattctac cttctgttca tttcag

Promotorregion 1

Exon 1 (80 bp)

Intron 1 (6559 bp)

Exon 2 (119 bp)

Intron 2 (889 bp)

Promotorregion 2

```

9537 HSB1ATG→ catcatcctg gccccctcta gagctccaat cctccaacca gagccagctc
9541 ctgtgcATGg Startcodon HSB131← HSB1132←
9601 ttccctcaaa atgctacggc ctgtgacaat gctccagaag cctgggacct gctgcacaga
9661 gtgctgccga catttatcat ctccatctgt ttcttcggcc tcctagggaa cctttttgtc
9721 ctgttggtct tcctcctgcc ccggcggcaa ctgaacgtgg cagaaatcta cctggccaac
9781 ctggcagcct ctgatctggt gtttgccttg ggcttgccct tctgggcaga gaatatctgg

HSB1R31←
9841 aaccagttta actggccttt cggagccctc ctctgccgtg tcatcaacgg ggtcatcaag
HSB1R3←
9901 gccaattttgt tcatcagcat cttcctggtg gtggccatca gccaggaccg ctaccgcgtg
9961 ctgggtgcacc ctatggccag cgggaaggcag cagcggcggga ggcaggcccg ggtcacctgc
10021 gtgctcatct gggttgtggg gggcctcttg agcatcccca cattcctgct gcgatccatc
10081 caagccgtcc cagatctgaa catcaccgcc tgcacctctg tcctcccca tgaggcctgg
10141 cactttgcaa ggattgtgga gttaaatatt ctgggtttcc tcctaccact ggtgcgac
10201 gtctttctca actaccacat cctggcctcc ctgcgaacgc gggaggagggt cagcaggaca
10261 agagtgcggg ggccgaagga tagaaagacc acagcgtgta tcctcacgct cgtggttgcc
10321 tcctggtct gctgggcccc ttaccacttc tttgccttcc tggaaatctt attccaggtg
10381 caagcagtc caggctgctt ttggggagac ttcatgacc tgggcctgca attggccaac
10441 ttctttgcct tcaactaacag ctccctgaaat ccagtaattt atgtctttgt gggccggctc
10501 ttcaggacca aggtctggga actttataaa caatgcacc ctaaaagtct tgcctcaata
HSB1TAA←
10561 tcttcatccc ataggaaaga aatcttccaa cttttctggc ggaatTAAa cagcattgaa
Stopcodon
10621 cc
10623 aagaagct tggctttctt atcaattctt tgtgacataa taaatgctat tgtgataggc
10681 taaatgatta ctcccgtaga ttggggggta cctaatacct ggacttgatg aatgttacca
10741 aattaagggt cttgagatgg ggagatgatc ctgaattatc caagtgggcc ctatataatc
10801 acaagggtcc ttataggagg gaggcaggag gctcagatgc aggagatgtg actatggaag
10861 cagaggccag aggaattcag gacggccact acgagccaag gattgcaggc accctctaga
10921 ggctgtaaag ggcaaggaaa tggcttctcc cctggagcct ccagaaggaa tgggtcctgc
10981 caactcctg tcttcagccc agggaaacag atttaggatt tctggcctcc agaactgta
11041 gaggatacat ttgtgttttg ttttgccttg tttgctttgc tttgctttt tttgctttt
11101 tgagatgggg tctcgtctctg tcacccaggc tggagtgcac tggcacaatc acggctcact
11161 gcagcctcaa cttcccagac tcaagggga

```

Exon 3 (1086 bp)

Anlage 3 Sequenz des humanen  $B_1$ -Rezeptor, zusammengesetzt anhand der Sequenzanalyse von den bekannten Teil-Sequenzen AL355102 (Heilig et al., 2001), U48231 (Bachvarow et al., 1996), U48827 (Yang und Polgar, 1996) und U22346 (Yang und Polgar, 1996). Die Exons sind fett gedruckt, die in dieser Arbeit verwendeten Primer eingerahmt und das Start- bzw. Stopcodon in Großbuchstaben dargestellt.

## Anlage 4

```

1   ttgaatcctc ttaagagtgc tctgtggagg tggggctttg agtcttaaat gtttaagcta
61  tgccaagcat ggaacaaatc ctgtcccctt ctgggtgcct cagatcaaga tgtagaactc
121 tgggcctttc cagcaccatg tccgtctgca cgctgctgtg ctccccaca tgatgataat
181 ggactgaacc tctgaaacta taagccagcc ctaattaaat gtttttgctt tataaaagt
241 tccatggcca tgggtgtctc tcatggcaac ggaacccta actaagccac aggggtgttc
301 actttttatc tttgtgtaga gctcaaaaca tagaagaacta cacacattat gtttactctc
361 aggttttgag tgtgtaggtg agcatgcagg taggccagag ggtcaatcat cattatttco
421 tgaaggcac agtacacctt ttgggttttt ttgtttgtt ttgtttgtt tttttcttt
481 tttttggagc tggggaccga acccagggcc ttgcegttgc tagggcaagc ctctaccact
541 gagctaaatc cccaaccccc acotttttgg ttttttttga ggcaagtttt ctcaactagcc
601 tggaaactca caagttagct ggctggctct agagcctcag ggaccacact ttctcctct
661 ccccagcaca gggagtaaaa cacaggcctc gacaacagca tccatctttt tctgggtgat
721 ctctggtaat caaacctctg tcocttatgct tgtggagtaa gtgctttgcc cactgagcca
781 tctcccagac cctgtctgtt atcaggtttt ctacagctgta cctgaacctg gagacacagg
841 gagagactgg ggagtctgac tgggcctcgg agcacagctg ggctattcac atgtgaagac
901 tcatagagca taaggagcct ctctcagctc ccattacctc atccagcttc ctctactgtt
961 gtcaaaaagt caaggggaat cacataacca cctgcttaaa gacaagcatg gtccagagaa
1021 tgcccatacc catgaacaag ggccaaatct gtgtcccata agtcccagca gggctgggta
1081 ggagatccct gtgtgggtagc tggaccccag gccagagata accacctgta gaggcgctga
1141 gtgtcctaca ggggtgacagt cagacaagtc gatagcttga aacctaaaga cttagagtcag
1201 gatggacctt tgcattccaa cacggagttg cttgggtccg atgcaacttt gccacaaatt
1261 agaatcacca gggtagggag tctcaggaga gagtgtgtoac aattgcttta gttaatgtga
1321 gaagaaatgc cccccaaata ggttagccact actggagcag ccagatataa aagaggagtg
1381 tgcgaagaca tgggtggaga aagaccctct tcttggttgg cctcctctct gcctctgggc
1441 caatttacc tttgtctgct gattccttoa atgacatoag acccagaatt tccaggcttc
1501 catagtagac ttagtccaga ggctcttcaa gaactgctgg gtttcagtac cagatgggaa
1561 ctgctaacat acccagctct aaggaccaa caactgctgg gttctcagac tctcaggtg
1621 gtgagagaga gactgggtgt tactatttca atataagcta atttgataaa ttcttctgac
1681 acatgtatata atgtagacag acagctaggt atagatagat gatagataga tagatagata
1741 gatagataga tagatagata gacagataga taggaaggaa gaaagaaaga aagaaagaaa
1801 gaaagaaaga tagataggaa ggaagaaaga aagaaagaaa aagaaagaaa gaaagaaaga
1861 aagaaagaaa gaaagataga tagatagata gatagataga tagatagata gatagataga
1921 tagatagtag acatagatata tccactggta gcttctgtt caaaacctg gatctctgga
1981 caaaagcacc agccagttct tgaagctttg gggatgtctt tctcaccac caaacgtag
2041 agaattgtct ggaatgttgc agcagagtg tggatgtcga tgaatgtgtt ggtattctgt
2101 tccaggctgt cctgtattac ttggtctctc ctcaactcag gttgggtagg ggggactctt
2161 ccttctctca tggggttccc tgettgaggg ttcttagccc actaagaaaa aaaatccata
2221 actgtgtgac aaactgcagg agttgggtgag cacatgtggg atacggtaact agacaagcat
2281 atcgggtgtc cccaacagc ctccagaaa acagggactg ccatcacagc cagtgcaaac
2341 gcccaagtt gaactgtgtc ctgacatact tgtgggtgta gaggacatcc tggggctaag
2401 gcaacagaga ctgagggggc ttggagctgt actagagaga agagtggggc acaggggaaac
2461 ctctgctgtg ggtgtgagg tctctggctgg gtggggaggc tatgggagct tcatagggac
2521 atctgacctc ctccattgct ctctctgaa acagcagagg gctgaaggct ggagtcctgc
2581 cccccaggtt gacttccct ctgagcctt cgcacaagca cacatagtgc taaggacata
2641 agaggcagcc acctcagaga actttcagaa agttgagtca gatttgtcga gagcaaaagc
2701 aggggtgtaa aatcaggcag agccagagag gaccggtaac cagtttgtaa agagtgttt
2761 gaaacggctg cacagccttg ttctgcctg agggactggc ctgacctgca cccatccctt
2821 atgtctgtct gctatgaaat gtctgagatg aaccgggtgg ctggatgaa cagtggtgt
2881 aaggagaaaa ggagaggggtg acaagtgagg gagaagaaag gagagagaag ggggatggag
2941 gaaggagaga aagaggaaga gaggaaagag ccagggagag gtacaaagcc ataggtggct
3001 agatggaaga acggcttgtt attggtgtca ataaacgcgt gtgggtgtct ataaagattc
3061 agattcgtct gacagctgga cacaacgtaa ctccaggtg ctatagatag acactgtctt
3121 ggtgatattc tgtatocagc aagagaagcc tctctctggt gccacactag ggttctgtc
3181 agcaagccag accagttagg acagcttctg taggggtgac atgtgggtg ggctggctaa
3241 cctagggatt atcaactctg agtgctctca tggatagga ctctcagaa ctctgagta
3301 cctggcctca gggctagag tctgatctgt tgccatcagg aaacggagta ggagtaaggg
3361 aatcgtgtgt tccgaatgtg aacggagcct gccactccag gccaacagc actcgcagc
3421 acacacaatg ggacagga ca gttgggcttt gggcttttgt cctctgtttt gactctgggg
3481 agccaggcag acctctgact ctatagcctg cagcctcggt gtctgtggat caccgcccag
3541 ctctctgtc tctctctgac ggttcatgag ggacccttcc ctgtgacct ccccttagt
3601 ctctgtgtga ggttgtggt tccctgtag gagtgggtag gcacaggaca tccgaattca
3661 gccttagtca gatcacagcc tcaactcacc aagtggacct gaggctccag gcctcggaag
3721 ttccctgtgg agtgcagggc cagaggtgca gatggggcca tgggcaact aggtcacaa
3781 agccttgact cactcagtt agatctcggg gcatccatgg ctctccttgg attcacaagc
3841 ttggctgcc cctcctccca ttctgtgtc acggtcaggg ggacagcaat tggagttctg
3901 tctgtgtgca ttcocttagac tttagacttag acttcaactc tgcoctggtc tcoctgacc
3961 ctccacacct ctctcatcag gagaggaag tgcagtatag cattagcaga tctcagaga
4021 aaatgaaaag atccagagct tggaggaga ggaagaaact gcttctaaat cccccgaag
4081 aatccgtgt ctggcagggg cccacacaca gctcaccocaa ggacttggcc agcagtgtg
4141 cctctctgca gatgtatcct agtttctgct acggcaccct tgggatgtgt gcatggcgaa
4201 agcaaaaatac aaaaacactt tgagaacttc ccagcccaac cggctgctt ctgttacat
4261 cctctatgta agtgcctcact gtttgcacca aactctggag caaaaaacte acttcaggag
4321 acccagtagt ggttaacaat gttatgttaa acacaggcat tcatgtggtc cctctggctg
4381 tccggagctgc agggggaaac atttgccacc caaggctccc cggccagacc ttagtctgca
4441 ccaatggagg actacotgtg gctgtggccc tgcacaactg gcctctgagc ctaggagtc
4501 caaaacgacc ccagccagaa gctgctgctg atcccggagc ccggagctga tctaggctg
4561 aagtgagggg gggaggtgcc caggagagtg atgacatcac cggccagccc ttgaaagatg
4621 agcgttccc tgtgccaact ca
4643 gctccgat gctcaggaga gtgagtagta ctggtgggga
4681 cggcgtggca ggcagtctgt agccctggac cgagggactc cctacaacac agaaccggct
4741 ctctagagaa aag
4754 gtgagtg ttccggcaga ggtagctcac tgagagcgca agtgcccag
4801 tccagagagg gcctggccag catctgagac ttagtcttag gctcccagg gttctacgg
4861 cccggggaa tggaggaa -----Intron 1 (insgesamt ca. 25 kb)-----
29961 ttttttaatg tgtctatcta tgaactgtgt gtgtctggtg tcttgagac aagatgggaa

```

Promotorregion

Exon 1 (111 bp)

Intron 1 (ca. 25000 bp)

30021 tgtcagatcc cctggaactg gagttatagg cacttgtgag ctcccatctg ggtgctggga  
30081 ttgaaacca ggttcttgg aagagcatcc agtgcata atgacttgag tcactctcc  
30141 agcccagata tgtgtgttt gaccgtcaca gctaatagaca tttctctc tgcttccca  
30201 g  
30202 **gacgatcct cactcgtctt tgtcctgagt acaaatgcac tgttcttggga agcgaccctg**  
30261 **gctcctgtcc gtgcatgagc ccatgccac cacagcctct ctggg** **Exon 2 (104 bp)**  
30306 **gtgag** tcaagggttc  
30321 ttcgcctcat tatcgtcac totaggactc caggacaggg agcatcctgt ttggatcat  
30381 ggttgagggg gcattttgt ttaggcccac agaccaaagc ttaacctta gtcccacgg  
30441 tcctatoagg agcagcggga gtgggctttt gtgggactag gggaaaggcag gaggacactt  
30501 cattgcaagg gagggtcca agtcattgtg aagacagggc cactgtggaa ttgacatctg **Intron 1 (1800 bp)**  
30561 ctggaagact gaagactaag gggacgctt ggggaactga gtcagagtag agccatgaga  
30621 cagggcctcc atcctgagg -----insgesamt Intron 2 (1,8 kb)-----  
32061 tcttcataat catgcttga cattattccc actctgctgg ttagg  
32106 ggtcc agaaacta  
32121 agcaactgtc caaggccata ccgtgaccag gacttgacc caggaggact ggtccaaagc  
32181 ctgcctgtgc ctccctcccg gcaccctctg ctacccctct gtgctctgct gcatggacac **Exon 3 (210 bp)**  
32241 aaggctctcc ctctgccca agacacagc **Primer B2RNE35←** tgtcgtggct gtgttctggg gaccaggctg  
32301 ccactctccc acctg  
32316 actac agcgtatgac atcaatgac ttgtcta  
-----Intron 3 (insgesamt 0,8 kb)----- **Primer B2 T5→**  
33021 ctccctgctt tctctcttc cctatccc tcttctccc tcc **ctctctct tgtggccga** **Intron 3 (800 bp)**  
**Primer B2 T5→**  
33081 **gga** tacaact gctcgggtt ctctacttgc tttcag **Startcodon**  
33117 catt **gaaATG**tcca acatcaccac  
**Primer B2 N3←**  
33141 gcaagccctg gggctgtctc ataacgggac **c ttttcagag gtcaactgcc** cagacactga  
33201 gtgggtggagc tgggtcaatg ccacccaggc ccctctctc tgggtctctc tctgtctggc  
33261 cgactgggag aacatctttg tctcagcgt gttctgtctg cacaaaacca actgcactgt  
**Primer B2 T3←**  
33321 **ggctgagatc tacctgggca** acctggcagc cgcggacctc atctggcct gggattacc  
33381 cttctgggccc atcaccatcg ccaataactc cgactggctg ttcggagagg tgcgtgccc  
33441 cgtgggtgaa accatgatct acatgaacct ctacagcagc atctgcttcc tgatgctgt  
33501 gagtatcgac cgatacctgg cgctgggtgaa gaccatgtcc atgggcccga tgcgcccgg  
33561 acgctgggccc aaactgtaca gcctgggtgat ctggagctgt acgctgcttc tgagttacc  
33621 catgttgggtg ttcaggacca tgaaggacta cagggaagag gggcacaacg tcaaggcctg  
33681 cgtcattgtc taaccgtccc gctcctggga ggtgttacc aacatgctgc tgaacctgg  
33741 gggtttctc ctaccctgta gtatcatcac cttctgcacg gtgcgaatca tgcaggtgt  
33801 gaggaaaca gatgtgaaga agttcaagga ggtccagacg gagaagaag ccactgtgt  
33861 ggtgctggct gctcggggc tctttgtgct gtgttgggtt cctttccaga tcagcacct  
33921 cctggacacg ctgctggcgc tggcgtgct gtcgggatgc tggaacgagc gtccctgga  
33981 tattgtcacc cagatcagtt cctacgtggc ctatagcaac agctgctca acccgtggt  
34041 gtagctgatt tggggcaagc gcttccgaaa gaagtcccga gagggtgacc aggcaatag  
34101 ccggaaggga ggtgcatgg gagagctcgt ccagatggag aactccatgg ggactctgag  
34161 gacctctatc tgggtggacc ggcagatcca caagctgcag gattggggcg **stopcodon**  
34221 gtgaacacaa gccatggggc aggacgactg ccgagcgtgt gaggactgct gggaccTGA  
34281 ctctcagcc tgggttcagg aaggagcttg aagcatccta gggaaatcagg cagggtgatc  
34341 cagtctgttc tccagcaca agcgtgctgt ggggatggg gaccctggag catagagggg  
34401 ttgttattac tggctggtgc tctaaaatcc ccatgagtgg agggggtcat ggggtaggga  
34461 tgggagtgac aaagcttctc tccctttggg ggaaggacag atctcctgccc ggttttggcc  
34521 ctgtggctac atgacagtt ggcatggctg cctcatttcc cagtttcaag agtttaagat  
34581 ttattggtct tctgaaggct gaattctaa gagtctctgg taagagocca gagactggga  
34641 ttctgtgggt cctctcacc cttagacaag tggacgtgac aaaagaaga ccccaagca  
34701 tttatgggac acttgcagag tacacagcat tgaacactgt gggcagggag gaagacacac  
34761 atagtgaat gtcttaaagg agccctgacg ttagtgagga aagccaagga ctgacgtct  
34821 ccagaaggct gctgatggcg tgccaaagca aggaactgtg ggagagggga gagcacaggg  
34881 cctaggggaa ccgtaacccc tgaacacggg agcctgatcc ctgctctgct tctctctgct  
34941 gtaatgtgag ggtgtcctgt gcttgaaaa gtggggtgct atatggctgt gaggcgtcag  
35001 aacacacatc actgggtctg gacacacgct acatgcagac gcatcagaac acacatcaca  
35061 tggagatgca ccagaacgca catcactggg tcaggatata catcccgtgc agatgacaca  
35121 gaacgcacat cactagatca agacacacat cacacggaga cacttggcac agagaagcc  
35181 actcaggctt actctgctgc cagggtacaag aggcctctac tccctctac ctttccctcc  
35241 tagtatccca cccctatgca cacacaacaa agcgtttggt acttgggaag ggcgggagaa  
35301 agcaagtgtt tgttttgcaa tgagacaag aaaaagattt ctgggtgggac ctgcccggag  
35301 aatccacacc tcacagcatg gctgcaaat ggtagctgac tgggggagtc taagctgctt  
35361 ccagggtctc tggctcagt gaccaaggga tgccaattag tggtttatct gagagtact  
35421 cacaaagcag ggatgctacc aaagagctga ccatcatccc aaggctactt aactgaggc  
35481 gtcaattcca gcccagctc cctacatggc tgcagggtgc ctctgagtg atgtcagggg  
35541 tgggtagggc tgcctgggccc ctggggaact ctgacaggag aaccaccccc acctggggg  
35601 agaggggaac aacacatctg catattgagc aggtcttcca ccagagatag gatagcctc  
35661 cggatgggtt caggggcagt gggttcccca ttagaacctt tccaggggc ctgggtgag  
35721 ctcaagtgtca ctggagacag ttgcccacgc aacgcatag actcgggtga cagacacat  
35781 actcatagtc cagaatcttc catgggagtt tattttcca cgtgtccga tctgtgata  
35841 aacttaacga caggggccac ttaagggaaa gagaagggtt actttgtctc tcaagtgtcaa  
35901 aaaaaaagc tatggtccag ttagcgggg gctgtgatg taaacagagc agtaaatgga  
35961 gaccgggctg gaaccagggc ggcataatgac cttcaaatg ctgcccctag tgaccttca  
36021 cctactaggt cctcatctt aaagcttcca tgccttca aatatggacc agcagtcagg  
36081 aatgaaggga ggtgcttctc agactcaact ataacaatt cactgccaat tggctggctt  
36141 ctgaggctaa cacactgtca agcccctggg gacatctggg ggcataatca aacaacctcc  
36201 aacaccaaag cacgaggag ctgaccgctc gatagccggg ggctacggag actcaggaaa  
36261 tgggcagagt tcaactgggtt ttctggccag gctggagcca agggagagcc tacatggcaa  
36321 aaggcccctg aatccccacc aatctgactc tgaatttctc aagagagaag accccaggaa  
36381 attctttttt ccaccccac ctccacttgt agccaaaaga aggaaacaga tggcatcgc  
36441 tgagaatgga ctgaccaca cccatactgt gaaggcgaag cagggcccca cctcagagg  
36501 agaagtgtg gggctacggg cgtgagggac cggcctggg tccctcaggg tggctgaagg  
36561 gtctgaaact gggctactgc aggtctctga actaggtctg caggagggaa gccccctgt

```

36621 gcctttcgtc gacaccctga tgagaaacca tgtccattga aggacggaga aagctctgta
36681 ccgtgcagag gaagtggccg acaagggagg agcactctgt gtaagaacac acctcctctg
Poly A Signal
36741 tgcgctggAA TAAAcagatg aattttgcag ggtgtttccc tgtgtcaaac ttctgaacc
36801 tctgagctct gactcgggga cactgccttt ggtagtcaaa agccttggga gatgagggat
36861 gcattccggt cccatggaaa tgatcattgg tctcccgaagc ttttgaatt gagtggcagg
36921 tgggtgggact ggggctgagc aggcaacaca caccacaatt tgcatactga ctaatatgca
36981 ttgaaatatg cgtgaatata tttacaacat agcgttagga ctttctcaga aatgcatttt
37041 gggatatttc tcccacgctg ctttactcca tgacacctga tgaccaagc

```

Anlage 4 Sequenz des B<sub>2</sub>-Rezeptors der Ratte, zusammengesetzt anhand der Sequenzanalyse von den bekannten Teil-Sequenzen X80187, X80188, X80189, X80190 (Bader, 1997), M59967 (McEachern et al., 1994) und AF374005 (Baptista et al., 2001) und nach Pesquero et al., 1994. Die Exons sind fett gedruckt, die in dieser Arbeit verwendeten Primer eingerahmt, das Start- bzw. Stopcodon in Großbuchstaben, die 5'- und 3'-Spleißstellen sind doppelt unterstrichen und das Poly A Signal mit grau ausgefülltem Rahmen dargestellt.

## Anlage 5

1 aagtgtgtca ctgtggaggc ggggcttga ggtcttaaat gttcaagcta tgccaagcat  
 61 ggagcacatc cgatcccttt ctggtgcctt cagatgaaga tgtagaactc tcagctcctc  
 121 ctgcaccatg cctgtctgga tgctgccatg cttcccacca tgatgataat ggactgaacc  
 181 tctgaaactg taagccagcc cagtgaatg tttgggtttt ttgtttttgt ttttgtttct  
 241 aataaaagt tccatggtca tgggtgtctt tcacagaaat gggaaacctc actaagccat  
 301 tgaatatttt tccaattttt atcttatggt agagctcaaa caatagagaa ctacacacat  
 361 tatgtctact ctccagtttt gagtgagtag gtgtgtgcat gcaggtaggc ctgaggtcaa  
 421 tcatcactgc tattttctga aaggcagagt ccatcttttc tttttttcag acaagttttc  
 481 tcaactggctt ggaactcacc aagtaggtta gcctggctag tcttggagcc cgggggacc  
 541 ccacttttcc cctcctttcc agtgcaggga ttaaaacaca ggccatgaca acagcatcca  
 601 tctctttcac acgcatcctg ggtaccaagc tctggtcctt aagcttgtga gacaagtgtc  
 661 ttaccactgc agctgtctcc cagcctctct cagccttoat ttctcatcc agcttccttc  
 721 actgctgtgt aaagatagtg gaatagtgt atcacatgct taaagaagcc ctgggtccgga  
 781 gagtgcccat ctccatgaac aaggaccaac tctgtgtccc ataagtcccc ttcagggttg  
 841 ggccaggagt cctctgtgag tatccaggcc cagagaacca actgtggggg ttgctgaatg  
 901 tgtacaagg tggcaatcag acaaattgat agcttaaacc ctaagatcca aagtcaggac  
 961 cgaccttgc atccgacac agatgtgtgg gtctgatgca acttgccaca aattagaatc  
 1021 accagagtgc agaactcag tggagagtgg gtcccattg ccttaattaa tgggggaaga  
 1081 aactcccccc cctcctttcc caactactgg gcagtccaga ttaaaagagg agttagggg  
 1141 gacatgggca gagaagacc tcttcttgat tggcctccct cgtgctctg ggataattta  
 1201 cctgtttgct gctgattcct tcaatgatat cagaccaga atagaatttc caggcttcca  
 1261 tagtagactg agtccagagg ctcttcaaga accatctggg ttttcagtac cagatggaa  
 1321 ctgctaaggt gcccggtctt aaggagcaaa aactactcag ttctcaggct ctcaagtgtg  
 1381 tgagagagct gttcttacta tttcaacata agctgattta ataaattctt tcaatcatg  
 1441 tacatatgta gatagacagc taagtagaag atatgtgtac atatatgtag atatatgat  
 1500 ggacagacag gtagaagaga tggatagata gatagataga tagatagata gatagataga  
 1560 tagatagata gatagataga tagatatcca gtcacagctt tctggtaaaa acccaaccatt  
 1621 gatttctgga caaaatcaca ggccagttct tgaagctttg gggagctctt tcttcccac  
 1681 caacacagag aatgttctgg aacatgtcag cagagaggtg gacgttccaa aatgtattgg  
 1741 tatcctgctc tatgctggctc tgttttactt ggctctcctc tcacacagtt aggttgggtg  
 1801 gggggactct tccttcttcc attccagtta tgggggtccc acttggcatg ggtgataaat  
 1861 agcagtaaaa gatggggctc cctgctgtgg atcttagccc accaagaaaa accccatggc  
 1921 tgggtcagga gatgcaggag ttggtggaca cacacgggac atggtacctg gacaaacata  
 1981 tggatgtcc ccaaacagcc ttccagaaac cagggactac catccagggc agagatcaca  
 2041 gccagtgcaa aagcccacag ttggatgtga tcctgacaca ctggggagct gagagggcat  
 2101 ctgggggcta aggcacagag gactgaggtg gctggaaact gtactagagg agagtggggc  
 2161 acaggggact ctttgtatgt tgtgtgaaag accccagcta ggtgaggagg ctacaggagt  
 2221 gtcacaggaa cacctggccc cctccattgc cctctctgaa tatagtggag ggctgaaggc  
 2281 tggagccctg cccagactga gcttccctct gcagccccgc cacaagcaca cacagtgcag  
 2341 aggagctcag aggcagccac ctccagagagc tttcagaag agctgagcca gatttgctca  
 2401 gagcaaaaag aaggcgagaa aagcagacaa agccagagag gaccagttac cagctcgtaa  
 2461 ggagagagcc ttgaaatga ctgcacagcc tgcctctgcc tcagggactg gccggagcta  
 2521 cgcccatccc tctttttctg ctgctatgta atgctctgaga tgaacaggtg gctagatgaa  
 2581 ccagtgggtg taagagagaa aggagagggg gacagtggag aaaggagaga ggagagagaa  
 2641 gtggggagga aggagggaga ggagggagaa gagaggaagg aggcagggag tggcataaag  
 2701 acataggtgg ctagtggag gaacagttca ttatagtgt caataaacag ggggtgggtg  
 2761 gctctataagt tttctagatt cgtctgacag ctggacacaa caacataact ccagtgact  
 2821 tacaagagaa gacttctcc agtgcacac tagcgttccac gacagcaagt cagaccagta  
 2881 ggggcagctt ctgtcgggtg gacagatggg gctagctaac ctgggaatta tcaactctga  
 2941 tgttctcgtg gtataggact cttccgagct gctgaggatc tggcttcag gtgaaaaggt  
 3001 caagtgcctc ccatcagaaa acccagcaag aaaagagttt ggaactgtaa cggagtctgt  
 3061 cactccagac caaccagcac tctacagaat gagggcaaga tagtggggct ttgggggagg  
 3121 gggggcattg ttcttggttt tgagtctgct tcccataatg gagagctaag cagacctctg  
 3181 actctagacc ctgcagcctt ggtttctgtg aatcaccaact cagcttctgt ctgctctgca  
 3241 aagctcatga aggaccttcc ccttgtgacc ctccagggct gtggtggttt cccctgcacg  
 3301 agtgggttag cacacagcat catcttagcc agatcacagg ctcaactacc caagtggacc  
 3361 agaggtccca tgcctcgaa gctcctgtg gtcagacagg ccagaggtgc agatggggca  
 3421 atgggacact caggtcacia gagctttgac tcatttcagt cagtctgaag ccaagacagg  
 3481 gttggattca cgaacctctg ccgtgcccca tccctatttg gtccagggagc ggggacagct  
 3541 gctggagctc tctgtgtgtg catctggaga ggaagcgca atgggtctt agcagatctt  
 3601 tcttccctgc atcctcctct catctggaga ggaagcgca atgggtctt agcagatctt  
 3661 caaagaaaaa gaaaaaagac agagcttaga aggagagaa gaaactgctt ctaaatccc  
 3721 cagaggaagt ccogtatctg gcaggggcca gcacacagct cactcaagga ctggccagc  
 3781 agtgtgtccc ttgtctgagt tgtatcctag tttctgcctc agcaccctg ggagtgtgc  
 3841 acggccaaag caaaaataaa aacacgttca gaaacctcc atcccactg gctgcctct  
 3901 atttacatcc tctgtaaatg cccactgttt gcacctaaaa ctcaggagca aacaatcac  
 3961 ttcaggagac cctgtcacgg taaacagtg tgtgttaaac acaggcattc acgtggtctc  
 4021 cgtggctgtt cgagctgacg gggaaacatt taccagccta ggctccggga cccgacctg  
 4081 gtctgcaacc acgggggaca acctgtggcc atcctgatt ggctccgca gctaggaggt  
 4141 caaaaagcac caccgctaag aactgctgct gatccggag ggagcctgga gctgatctgg  
 4201 actagaggtg gaggggggag gtgcccagga gagtgtgac atcaccggcc agcccttgaa  
 4261 agatgagctg ttccccgtgc cactcca  
**4288 gct tcgctctca ggggagtga tagtagggct**  
**4321 gttgggaagg cgtgtcaggc agccgctgaa cctggaccga gggactccct acaacacaga**  
**4381 accggctcgc ttgagaaaag**

Promotorregion

Exon 1 (118 bp)

-----Intron 1 (insgesamt ca. 25 kb)-----

28441 acacacacac tgggtgaattg ggagaacctg ggtgcttttg cgatgtccag aatcttctag  
 28501 cttaggagtg actggtgctt gagtgcgaga cctatagtag acccaactac gtaccccagt  
 28561 tttctacata cttccaggca gggttgtcat gtcacacgga gtcctggaca gtgtggaggt  
 28621 cagatagctt aaaaacacct acagaaaacac ctgagcagag gcgagtttag acagattcac  
 28681 agtttcagcc agttcggctc gtctaggcag aggtcacgca gtaagagcgt gtgacaagga  
 28741 gcagaaagtc actcagaacc agggctgcat atgacctaca agaggcctgt cccaagtgc  
 28801 ccgctctctc gagacatccc ccacccccta aaggttcatg gcatgcaaaa atagctccac  
 28861 cccttgggac cacacattca gaatatgagc ctgtggagga cagctcagag tgaacgtgtg  
 28921 atgtcaacct ttgtaagaac caggctttca cacgagcctc ctggggagac agccaagcca

Intron 1 (ca. 2500 bp)



28981 ttggccttga agttgacatt gggtgggcaa accttggtga ctatttgagt ggcaccccc  
 29041 tctctctctgc agcctgcaag ctttctctgga catagagcgt gcacctgcat ccacctatgtg  
 29101 tgcccacacg ccgacacgggg ccagagaaagg tcccaagacc ccatctttca cctcatatgga  
 29161 gaatgggttt ttttttcaac taattacttt ttaatgtgtg tatctatata tgaatgtgtg  
 29221 gtccaggtgtc ttggaggcaa gaaggggatg tccgatcccc tggaaactgga gttatagaca  
 29281 gttgtaggct cccatgtggg ggctgggatt tgaacctagg tcttctgtaa gagcatccag  
 29341 tgctcttaac cactcagggc atctctccag cccagatcgg tgtgttttga cctctgcccc  
 29401 agctaattgac attctcttct ctgcctcccc ag  
**29433** gaggatcc tcactcctct ttgtccggcg  
**29461** tccaaatgcc ctgctctcgg aagctactcg ggtttctgtc ggtgcaatga gcccatgcca  
**29521** ccgcgccctc ctttgg  
 29538 gtaa gtcaggggat ctccagctca ccatcgggtga ctccagggca  
 29581 ggcagtgctc tgttgggggt catgggtgaa ggggtgtttc aagttaggct caaagaccaa  
 29641 atctttaaca gtccccacag ccccgctcagg agcaaacagga gtggcttttg tgggactggg  
 29701 ggaaggcaca gggacacttc atcacatgtg ggatgtccca gtcattgtga agacagggtc  
 29761 gccatggaat tgacatctgc tggaaagactg aagacgaagg gaagccttgg ggaactgag  
 29821 tcagagtaga gccagggagac agggcctcca tctgagggga ccagtgtctg cagcagagaa  
 29881 aaaggtcct aactgatcct caacatcctc ggcagtgccca ctgggactgt cccacagctc  
 29941 tcagcgtca ctgcagcaga tatgcaccgt ggttcaggctc gacagggcagc ctctgggac  
 30001 cgtctgggtt ctctcagagt ctggccctca gaacaaatag caagtggccc cgggtgtaca  
 30061 ctgagtcctc agtgagcaaaa tacctcccc aaactgtgag ttaagaatat gggctctccc  
 30121 attttttagga aggggcaaa gtgccacact ttggctctcg tctctcttga ttttttttt  
 30181 taagatttat ttatttatat gtaagtatac ttagctgtctc ttccagagcac tccagaagag  
 30241 ggcgtcagat ctgtgtacag atggttgtga gccaccatgt gttgctggga ttggaactcc  
 30301 ggaaccttgg aagagcagtc ggggtgctct acccactgag ccatctcact ttgcccttc  
 30361 ctagaatagg gaacaaaaca cccatgggag gagttaacaga gacaaaattt agagctgtga  
 30421 cgaaggatg gaccatctag tgattgccat atccagggat ccatcccaata atcagctcc  
 30481 aaacgctgac accattgcat acactagcaa gattttctct aaagaccac atatatgctg  
 30541 ctctgtgag actatgctgg ggcctagcaa acacagaagt ggatgctcac agtcagctat  
 30601 tggatgggtc acacggcccc caatggagga gctagagaaa gtaccaagg agctaaggg  
 30661 aactacaacc ctatagtggt aacaacaata tgaactaac agtaccocgg agctctgtc  
 30721 cttagctgca tatgtatcaa aagatggcct agtcagcctc cactggaaaag agaggcccat  
 30781 tggacttga aactttatat gccccagtac aggggaaacgc cagggccaaa aagggggagt  
 30841 ggggtgggtg gggatgggg gggtgggtat gggggacttt tggatagca ttgaaatgt  
 30901 aaacgaggaa aatgcctaat ttaaaaaaaa gagagaatat gggctctcta tgctgcaga  
 30961 aatgtgcca aaggttggaa tgaagacatc tagaagatc caaaagaaga gccaatacca  
 31021 taggtcattg tgtagggcag ccccgaggca gctcatctc gccgctgat gccaggctc  
 31081 atttgaaga cactgagtc tgagagtga aacaacacag gctgatttg agctggcgac  
 31141 tccccctgca cccgaggtg tctgctctcc tgcaagtcca ggaagacat gcaatgcatt  
 31201 taatggcccc acctggaag tcacgtatcc ccacgtccag tggggctcag cagcggttca  
 31261 ctaagtccag cacatccac aggaagaaga gttagactgg gagggatttt ttttttttt  
 31321 ttttttttt tttttggtag caaggtgttt ttccagagca cacagcttac ccttggccc  
 31381 ctccataata tctcagggc aacagtgggg accctctct ctctcctgtc tcagtccatc  
 31441 tcccatatct cctccacac acaccctgctc ataccgggta ccacttga aactttaatc  
 31501 tctcgtgacc ccaaaatgga cttagatgg gtcactactc cagctttgtc tgctttgtc  
 31561 tccccagctt ggaggttttt aaaaatctcc ttgggcccac tccaggatc ctgatgatg  
 31621 tgatggaggt gaggttgggt aggggtggta tgggtggtg ggtggtgat gttggtgatg  
 31681 tgctgtgat agtgatgat atggtggtaa gggaggagg atgctgggtc tgtgccctcc  
 31741 tgaatcacc acctaccag gactcatcac agaggagtcc atgactgta agagaaaaac  
 31801 aagctcctta tccacacag agctacagg gctctagata cctcaggatc caaacatgt  
 31861 caccatgagt cacaggcccc ggctggctc tagggtagcg ccagcccagc agacactccg  
 31921 gggctcttcc tgaaaaacct caggatgctg agcagagcct tctcactcatt ctgcc tagtg  
 31981 cctcctttcc cctgccccgc agtggaaagg tctctccatc cccactctg caggtgacta  
 32041 gtcacacgtg cctgggtgt gcttaggct ttttagtgca tctttataat catgtttcga  
 32101 tattattccc atctactgg ttag  
**32126** gggtcc aaaaacatta agcaacttac caaggccaaa  
**32161** cggtgaccag ctactggccc cagggggacc aagccaaagt ctgccttcc ctcttccag  
**32221** gcaacctgg ctcactctct gtgctttgct gccagtgggc acaggcacia ggttctcct  
**32281** ctgctagaag acacagattg tcaatggaggt ggctgtgctc tggggggcca gactgcagtc  
**32341** tctccacctg  
 32351 gcatggcctc gctgatctgg tctaatttat ggctcacctg tgacccact  
 32401 ctgaggagct gatgggtcac ggtcccacag gggagagcca tgagaaggca gcgagcacat  
 32461 ctcatagtg aggttcaaaa gggctccagg tgtggcattc acgacc attg gagtagccag  
 32521 ggaaggatc ttacagagt cagaccaaga aatatcatgt ccttttggtc ccaggaagat  
 32581 ctctcaagg actggagagt ccaagtcccc tagtgctgctc cacagaccgg agtccccaca  
 32461 cctccccaca ccccactgccc gccgggagtc atcagctgaa caatagactt tctggtccac  
 32701 ctgtctctgt ctctcctctg gccctccacc tctctctctc gctatocctg tttctcttc  
 32761 cctccccctc cctcctctgt gacctgagga taagactgct tcttctctac tttctttcag  
**32811** Startcodon  
 32821 catcgaaATG ttaaacgtca ccacacaagt cctcgggtct gctcttaacg ggacccttc  
 32881 gaaggacaac tgcccagaca ccgagtgggt gagttggctc aatgccatcc aggccccctt  
 32941 cctctgggtc ctctctctgc tggccgact ggagaacctc tttgtctca gcgtgttctt  
 33001 ccctgcacaaa aacagctgca ctgtggccga gatctacctg ggaacctgg cagcggcgga  
 33061 cctcatctct gctcgggggt tacctttctg ggccatcacc atcgccaata actttgactg  
 33121 ggtgttttga gaggtgtgt gccgggtggt gaacaccatg atctacatga acctgtacag  
 33181 cagcatctgc ttctctgatgc tctgtagatc cgaccgctac ctggcgtctg tgaagaccat  
 33241 gtccatgggc cggatgcgcy ggggtgctg ggcacaaactc tacagcctgg tgaatcgggg  
 33301 ctgtacactg ctctctgagtt caacatggt gggttccag acctgagg aatacagcga  
 33361 agagggccac aatgtcaccg cctcctaccg tcccgttctc gggaggtgtt  
 33421 caccacagct ctgctgaaac ttgggtgggtt cctcctgccc ctgagcgtca tcactctctg

Exon 2 (104 bp)

Intron 2 (2588 bp)

Exon 3 (235 bp)

Intron 3 (460 bp)

Exon 4 (3712 bp)

```

33481 cacggtgctc atcttgccagc tgctgaggaa caacgagatg aagaagtcca aggaggtcca
33541 gacggagagg aaggccaccg tgctagtgtc ggccgtcctg gggctctttg tgctgtgttg
33601 ggtgcctttc cagatcagca ccttcctgga cacgctgctg gcctcggcgg tgctgtccgg
33661 atgctgggac gagcacgcgc tagacgtcat cacgcagatc agttcctacg tggcctacag
33721 caacagcggc ctcaaccacac tgggtgactg gatcgtgggc aagcgccttc ggaagaagtc
33781 ccgagaggtg taccgggtgc tgtgccagaa aggaggctgc atggggagaac ccgtccagat
33841 ggagaactcc atgggggactt tgagaacctc gatctccgtg gaacggcaga tccacaagct
33901 gcaggactgg gcagggaaga aacagtgaac agaagccacc aggcaggact actgccaagt
  Stopcodon
33961 gtgTAGgatt ggtgggaccg gagctcctca gcctgggttc aggaaggagc ttgaagcatc
34021 ctaggcagcc ccagggaatc aggcaggtga ctccagcctt gtctcatggc ataagcatgc
34081 tgtggggaat ggttaccctg gggcacagca gggctattct tactgactga cgctctaatt
34141 ctccatgagt ggaggggctc tgggtatggg tgggagtgcac agagcttccc tcccttttg
34201 gggaaaggaca gatctcctgc cagctttggc cctgtggcta catgcacagt aggcattggc
34261 gcctcatttc ccagtttcaa gggataaaga tttattggtc ttctgaaggt taaattctat
  Primer MMB231←
34321 ggtaaagagc cagggactgg ttctgtggct cctttcactt gtagacaagg tggacagcac
34381 aaaagaagag ccccaaaagc atttatggag cacttgttga atacacaccg ttatacactg
34441 agggcaagag gaaagaactg catagtttaa tgtcttatag gagccctgac atttagcggag
34501 aataccgaga aggtctgtgc tgggtgtgcca aagcaaggaa ctgtgggata cgggagagta
34561 cagggcccag gctagccagt aaccccgaac acggtagcct catccctgcc tctgcttctt
34621 cggttgtaat ctgaggggtg cctgggcttt gaaagtgggg tgttatatgg ctgtcaggca
34681 ttgttaccca caccaccaca tgcagacgca ttgggactct tggcacagag aaagccactc
  Primer MMB232←
34741 aggctgaaga gctactctgt ggggacactt agtattggaa ggcaccagta ctgcctgcgt
34801 gtctgcggcc ctccagtcctc tctatctttc cctcctagta ttccaccctt atgcacacaa
34861 agcacaaagc atttgtcca caggaagggc aagggcggga gacagcagat gtttgttttg
34921 cagggaaaaa aagaaaaagg aattctgatg ggacctgccc agggaatcca cacctcacag
34981 cctggctaca aattggtagc tgtccaggag agtctaagct gcttcacaga gtccctgtct
35041 cagtgaccaa gggctgcaat gagtggtttt atttgagag tggctcacia agcaggggac
35101 ggactactac agagcagctg acccatccaa ggtcacttaa cccaggggtg taattctggg
35161 ctaatccccct gaatggccac agagtgatag cctcatgagt gatgggtggg ggagctgcct
35221 gcaccagagg aactatgaca tgagactcaa accaccccca cctctggggg acagcacacg
35281 tgcataattg gcaggctctc catcagggat atgaggatag cctctcggat agcttcaggg
35341 coactgggtt ctccgttaga accttctcag ggtccttagg tgagctcagg tgcagtggga
35401 gcagattgcc ccaccaactc tgccagagct caggtgacag tcaccatact cgtagttcca
35461 gaactctcca tgggagttaa tttttccatg cgtccatata ggttactttc taggactctg
35521 cacaaaactc ttgacagagg ccacttaagg gaaagagaag ggtattttgt ctctcagtg
35581 caagaaagcc tttgtccagg tgcagcagga acttatggta aacagagtgc ctgacagaag
35641 catcactact cagagatgac cagttaaagg agacacagct ggaaccaggg gaggcctatg
35701 actgtcaaat gtctgccccct agtgaccttt cactataaag gtccctacatc ctaaaaggtt
35761 ctatcacttt ccaaaatagg gccagcagcc aggaacgaag ggaagcgcac ttcagactca
35821 accattacaa tgtcgctaca aactggctgg cccctggggc atatgaggag catatcaaac
35881 agcctcctac accaagccac ttaggagctc tccacttgac agccagaggg tacggagact
35941 ggggaaatg aagcagagtt cactggactt tctggccagg cttggagcca agggagagcc
36001 tatgtggcaa agagcccata aatcccacc aatctgactt tgaatttctt aacagagtga
36061 ccccagggaa ttgttttttc accccatctt cccggacact agtcaacaag cacacaggca
36121 ctgtagcccag aagaaggaaa caaatgacac acccactatg tgaaggagaa gcaggggccc
36181 ttctcagaag aggagctggg gggctacaag tgcaagggtc acggctggcc acacgtgggt
36241 ccctcggggg ggtggaaggg tctggaactg ggtccctgca ggtctgcaac taggactgtg
36301 ggagggaagc ccccttgtgc cttgtgtcag catcctgatg acaaatcgtg tccagtgaag
36361 gatgcagaga gctctgtact gtgcagagga agtggccagg gtaccaacga gggaggagcg
  Poly A Signal
36421 ctctgtgaaa gcacacgact ctccgtgca ctggAATAAA cagatgaatt ctgcatagtg
36481 tttccctgtg tcaaaacttc tgaacctctg agctctgact ccgggacact ggctttggta
36541 gtcaaaagcc ttgggaggtg agggacacat tgggttccaa ggtttctgtc acggaaaaga
36601 ccaacggact ccaagctttt gcaatggtgc atcccttagg ggttagatgg ggatgtggtg
36661 gtggtggtgg tgggtggcaa cacacaacac aggatactca gtttgcataa ttattaatat
36721 tcattgaaat atgcgatgact atgttaaaca aatagcatta ggacttttca gaaaatgcat
36781 tttgggtatc cccaccccco catgctactt tactccatag acagctcatt cccaaacctc
36841 tttcagatgc tcatatcata gtgtcagaga cggccaagtc cagctcgtca catttataaa
36901 actcttccat tcaaccttca cctcaaatca agagcactct gtacaatgtg tctcccagc
36961 catgggtctc tgtgcttccac attcaggtct catgtccact ctccattccac tctg

```

Exon 4 (3712 bp)

Anlage 5  $B_2$ -Rezeptor-Sequenz der Maus, zusammengesetzt anhand der Sequenzanalyse von den bekannten Teil-Sequenzen NT\_039553 (Waterston et al., 2002), AF411045 (Saifudeen und El-Dahr, 2001), L27595 (Ma et al., 1995) und der Sequenz aus Abb. 4.5. Die Exons sind fett gedruckt, die P in dieser Arbeit verwendeten rimer eingerahmt, das Start- bzw. Stopcodon in Großbuchstaben, die 3'- und 5'-Spleißstellen sind doppelt unterstrichen und das Poly A Signal mit grau ausgefülltem Rahmen dargestellt.

## Anlage 6

1 actatatgac agagatggat ggagatgtgt gcagatggac agatgtcttt tagagatttc  
 61 tgtcaatgat atttacagaa gcatcaacat tggattcaga tccttgagga ttttcaactc  
 121 atagatacag agctctacaa tatctaagtt ggaagagact tcagagggtc tctggacgct  
 181 catgcaggtc tcaatatggt gtggatctca gagctcttca atatttttagt gaaagctata  
 241 gatgaggctc cataggggat aaagcacaga cacacctttt cagagggctt gtggactctg  
 301 ggcagcctgt ccatagacct ctgtccccc aaagcaagtc aggaaaactcc agattaagga  
 361 gccccaatgt ggttgaacag ccagggtgac agatgagtca accacacagc caggccaggg  
 421 agggccttca ctcaagagcc tacagccagt tcacagccaa gccagggcta gcgccaggc  
 481 caccataaaa ctgatctgag actctgtttc cctgtctcca tgatgatggg atcaggcttg  
 541 attgctgggt tgtaggcttg ttatgaatca agtcacaggg aagaggagct gatgggctgg  
 601 ggggacgtcc tctggccctc ctgtctcttc cccagatcca ctggggccac tcttatctgt  
 661 tctctctgta aggaagggtt ttaaggcttc aaaaaaaaaa gttttgaaag tccctgccct  
 721 ttccagctcc taccgtctca gccctgggag tgtaaaagtgc tgcatagatg tagtaagtct  
 781 ttgagcaaaa ctgagaaaagc cagcctgagc cttgacatgg gagaaaactc cgcatacat  
 841 ctccgaagaa acggcccgct gtctcagggg agcgcaaaaca cccgtacca ggaaacagga  
 901 cagctctctc caactctgccc cttgggagcc gtacgtggca tacaagaaga tcccaggact  
 961 ccgctgccc acctggccac cctctgttta caccttccgc gtaaacgccc actgtttaca  
 1021 tccaaaactc agacacaaaa taaccacctc aagaagataa ataataataa gaaataaatg  
 1081 ttacgcgagg caaatttatt cacatggggc ttcccaggcc acttttgggt cagccgggag  
 1141 ggacgttttt gccctccac gactccaacg ggcagccggg ctacgcaaac atggaaatct  
 1201 tccaagagcc tccctggccc ccagggtcga gagggtggca gagcggagag cgaaggtggc  
 1261 cgccagcttc ccggccccc acgcagcctg gctccagctg ggcaggagtg cagagctcag  
 1321 ctggagggcg agggggaagt gcccaggagg ctgatgacat cactaccag ccctgaaag  
 1381 atgagctgtt cccgcccga ctccag  
**1407** ctct ggcttctggg ctccaggag ggggtgggac  
**1441** ggtggggagc gtggggacat caggctgccc cgcagtacca gggagcgact gaa<sup>HSB251</sup>gtgcca  
**1501** <sup>HSB251</sup>tgccgcttgc tccggagaag  
 1521 gtgggtgccc ggcaggggct gctccagccg cctcactctc  
 1561 gctgggagga caaactgtcc cagcacagag ggcagggagg agggcaggca gcggggagaa  
 1621 gtttccctgt ggtcgtgggg agttgggaaa agttcccttc cttccggagg ggaggtctga  
 1681 caggcgatgg ggagaagggg tcccagcagg aggaatcgcc ctgtttgtct gtgttaggtt  
 1741 tctctctctt gaatcaaggt gacagacagg cttgtgtgtg tccagtgtgt gagggatctc  
 1801 gtctattgat tttcacatac tttgagtggg cacctgggag taaggcagcg aggtgtgtgt  
**-----Intron 1 (insgesamt 31,876 kb)-----**  
 31021 gtcgaagcta atgggctaac tggctcctgc ttcactccta cccccactgc agtctgact  
 31081 tcttgagcag cagccagggc ctaatccata ttcacaccaa gcgccttctc gactgagata  
 31141 tctctctgca ccatcatccc tccaccctgt ttagttctgc taccctcag tttctctc  
 31201 aataatccac tcgcccctac aggcgcgttt gggaccctat gttctatgct ctccaggac  
 31261 ctctttgtctg atttttcact gtaactcaggt cagtttgcag ttattaagtg actgagcaat  
 31311 gctctgcttc tccagtagac tgtcagctcc tagccattgt atccctagca ccgctgtgtg  
 31381 ggagcacttc acaaagctcc attgagttag ggaactcagca gtctccattt ctctc  
**31437** cctg  
**31441** ctggagaatg cgtgtatttt gcaatcccca gccctctgtc catctaacca tcttttcttc  
**31501** tctgttcagc ccagggtgag cctcactcac atccactctc gagtccaaat gtctctccc  
**31561** tggaaagata caatgtttct gtctgttctg gaggactccg tgcccaccac ggcctcttc  
**31621** aggtgagtca aagggttcc tcagttcact agttagggga g  
 31666 gtgggcaga caccctggag  
 31681 aactccctgg aaagctcaac tctcatgccc cggacaacag ttgaaggaa cagtgatgtt  
 31741 aagcccaaa acaaaacctc tcaggtgtcc aagtcctctg aggcctgttg ggagcagagg  
 31801 gaatttctg cggaaactaga ggaagagggg ctacgggaga agaaggccac atctctggtt  
 31861 gtcataatgt atctatccca gatgaacttg gaagtgaagg gaagagagtt aaacattaaa  
**-----Intron 2 (insgesamt 3150 bp)-----**  
 34501 ataaggaag aatgtgaatc ctccatcac ggaagcttca aggaggtcaa ggtccaaca  
 34561 cttgagattg ttagtgcgtg tgggtgatac tggccaagga aatatccag tggagcctcg  
 34621 agatgaagaa catgaggccc ccgtttagat ccaaggatca gggggggctc tgaagacc  
 34681 aggggagtoa ggtgcaactg agcgcgggct gcagaaaaca gctgagctc cacctcggct  
**HSB2I3A**→  
 34741 tctccttgcc ctggctggtt gtcottaacc <sup>HSB2I3A</sup>cctgtctcct tctggaccag tttttgtcct  
**HSB2I3B**→  
 34801 tcccttgta <sup>HSB2I3B</sup>ccctgaggg <sup>HSB2I3B</sup>g taacagcctc <sup>HSB2ATG</sup>cctgctcct <sup>HSB231</sup>ctctcct  
**34820** <sup>HSB2ATG</sup>g taacagcctc <sup>HSB231</sup>ctctcct <sup>HSB2ATG</sup>cctgctcct <sup>HSB231</sup>ctctcct  
**34861** <sup>HSB2ATG</sup>caatgtcacc <sup>HSB231</sup>ttgcaagggc <sup>HSB232</sup>ccactcttaa cgggaccttt gccagagca aatgccccca  
**34921** agtggagtgg ctgggctggc tcaacacat ccagcccc tctctctggg tgctgtctg  
**HSB23**←  
 34981 cttggccacc ctgagaaca tctttgtcct cagcgtcttc tgctgcaca agagcagctg  
 35041 cagcgtggca gagatctacc tggggaacct ggcgcagca gacctgatcc tggcctgcgg  
 35101 gctgccttc tgggccaatca ccatctcaa caactctgac gctctttggg gagacgctct  
 35161 gccgctggtt gaatgccatt atctccatga acctgtacag cagcatctgt tgttctgat  
 35221 gctggtgagc atgcagcct acctggccct ggtgaaaacc atgtccatgg gccgatgag  
 35281 cggcgtgccc tggcccaagc tctacagctt ggtgatctgg ggggtgacgc tgctctgag  
 35341 ctaccaccatg ctgggtgtcc ggaccatgaa ggagtacagc gatgagggcc acaacgtcac  
 35401 cgcttgtgta atcagctacc catcctctat ctgggaagtg ttcaccaaca tgctctgaa  
 35461 tctcgtgggc tctcgtgctc cctcagtggt catcaccttc tgcacgatgc agatcatgca  
 35521 ggtgctgccc aacaacagga tgcagaagtt caaggagatc cagacagaga ggaggccac  
 35581 ggtgctagtc ctggtgtgct tgctgtatt catcatctgc tggctgacct tccagatcag  
 35641 cacttctctg gatacagctc atcgcctcgg catcctctcc agctgcccag acgagcgc  
 35701 catcgatgta atcacacaga tgcctcctct catggcctac agcaacagct gcctcaacc  
 35761 actggtgtac gtgatctgag gcaagcgtt ccgaaagaag tcttgggagc tgcaccagg  
 35821 agtggctgac aaagggggct gcaggtcaga acccattcag atggagaact ccatgggac

Promotorregion

Exon 1 (114 bp)

Intron 1 (31876 bp)

Exon 2 (229 bp)

Intron 2 (3150 bp)

Exon 3 (4093 bp)

```

35881 actgcgggacc tccatctccg tggaacgcc a gattcacaaa ctgcaggact gggcagggag←
      HSB2TGA←
35941 cagacagtga gcaaacgcca gcagggtgc tgtgaattg tgtaaggatt gagggacagt
36001 tgcctttcag catgggcca ggaatgcaa ggagacatct atgcacgacc ttgggaaatg
36061 agttgatgtc tccggtaaaa caccggagac taattctctg cctgcccaat ttgcaggga
36121 gcatggctgt gaggatgggg TGAactcacg cacagccaag gactccaaaa tcacaacagc
      Stopcodon
36181 attactgttc ttatttgctg ccacacctga gccagcctgc tccttcccag gagtggagga
36241 ggctggggg caggagagg agtgactgag cttccctccc gtgtgttctc cgtccctgcc
36301 ccagcaagac aacttagatc tccaggagaa ctgccatcca gctttggtgc aatggctgag
36361 tgcacaagtg agttgttgcc ctgggtttct ttaatctatt cagctagaac ttgaaggac
36421 aatttcttgc attaataaag gttaagccct gaggggtccc tgataacaac ctgggacca
36481 ggattttatg gctcccctca ctgatggaca aggaggtctg tgccaagaa gaatccaata
36541 agcacatatt gagcacttgc tgtatatgca gtattgagca ctgtaggcaa ggggagaa
36601 agagaaggag ccactccat cttgaaggaa ctcaaagact caagtggaa cgactggca
36661 ctgccaccac cagaagctg ttcgacgaga cggctcagca ggtgtctgtg ggtgatatgg
36721 acagcagaag ggggagacca aggttccagc tcaaccaata actattgac aacctctgt
36781 ccctgctca gttccctctt ctgtaacatg aagtcgttgt gaggggtaaa ggcagtaaca
36841 ggtataaagt acctagaaaa gcaagggtg ctacgtacat gtgaggcatc attacgcaga
36901 cgtaaactgg atatgtttac tataaggaaa agacactgag gtctagaat agctccgtg
36961 agcagaatca gtattgggag ccggtggcgg tgtgaagcac cagtgtctgg cacacagtg
37021 gtgctcattg gctcccctcc acctgtcatt cccaccacc tgaggccca accgccac
37081 acacaggagc atttggagag aaggccatgt cttcaaagtc gtatttga tgaggcag
37141 gaagatattt ctaatcgttc ttgcccagag gatcacagtc ctgagacccc ccaccaccg
37201 ccggtaccctg ggaaggggga gagtgcaggc ctgctcaggg actgttctg tctcagcaac
37261 caaggatgt tctctgtcaa tcaatggttt attggaaggt ggcccagtat gagccctaga
37321 agagtgtgaa aaggaaatggc aatgggtgtc accatcgcca gtgccagggc agcactcatt
37381 cacttgataa atgaatattt attagctggt tggagagcta gaacctggag agctagaacc
37441 tggagaacta gaacctggag ggctagaact ggagaggcta gaaccaagaa gggctagaac
37501 ctggaggggc tagaacctag agaagctaaa acctgagcta gaagctggag gactagaacc
37561 tggagggctg gaatctggag agctagaacc tggagggcta gaacctggag ggctagaatc
37621 tggagagcta gaacctggag ggctagaatc tggagagcta gaacctggag ggctagaacc
37681 tggagagcta gaacctagaa gggctagaac ctggagggct ggaatctgga gagctagaac
37741 ctggagggct agaacctgga gggctagaac ctagaagggc tagaacctgg agggctgaa
37801 tctggagagc tagaacctgg agggctagaa cctggagggc tagaacctag aaggctaga
37861 acctggaggg ctagaacctg gcagggttaga acctagaagg gctagaacct ggagaccag
37921 aacctggagg gctagaacct ggaagggcta gaacctgtag agctagaaca tggagagcta
37981 gaaccggca gactagaacc tggcaagcta gaacctggag ggaatgaacc tggagggcta
38041 gaacctggag aatgagaaaa atttacatgg caaagagccc ataaatcctg accaatccaa
38101 ctctgaattt taaagcaaaa gcgtcaaaaa aaagattccc tccttaccoc caaccactc
38161 ttttttcca ccaccactc tctctgcct cagtaagtat ctggggaag aaaacaggtg
38221 aaagaagaag taaaaacat ttagtattag tattagaatg aagtcaaact gtgccacaca
38281 tggatgaatg aaaaaaaaa aagaggctgt gttttgtcac acagggcagt cattcagcac
38341 cagagcagct gatggtctga gactctctta ggagcagagc tctgccgcaa tggccatgtg
38401 gggatccaca cctgtctctg ggggcaactg agtctgctgg agaagagcgg cctatgcat
38461 ggtgtagatg ccctgataaa gaacatctgt cctgtgaaag actcaatgag ctgttatgtt
38521 gtaaacagga agcattttcac atccaaacga gaaatcatg taaacatgtg tcttttctgt
      Poly A Signal
38581 agagcatAAT AAAtgatga ggtttttgca tagctctagc atttgttaca actcccga
38641 cccccagtt tggctccctg ggtaccgctc tgcacactca gaagcctttg ggaaggggtg
38701 ctattcaatt ctgctcaatc tgtaaacagg cttctggcat gtagatcagt ggtctccaag
38761 cttttgtgat tgtatattcc tataggaaaa aaagaattga ttatgcatac ccagtatgta
38821 tacttattaa tctgtatgaa gatgtacatt ctaaaatata atcaaccagt agaaatntaa
38881 gaaagaagat gtaaaaaaaa aaaatattaa cagtgtctga atatttctc coatottaca
38941 tttctgcagg gataactcat taccagttc ccactacatg aatgtgagac cctcatgagg
39001 cctagaatca taggcgcagc agcgattcaa tcattttatc atgcaatata gacttactga
39061 gtgcctacca cttgacttcc cttcaaatca ggagtatctt ctacaatata ctgatgaaa

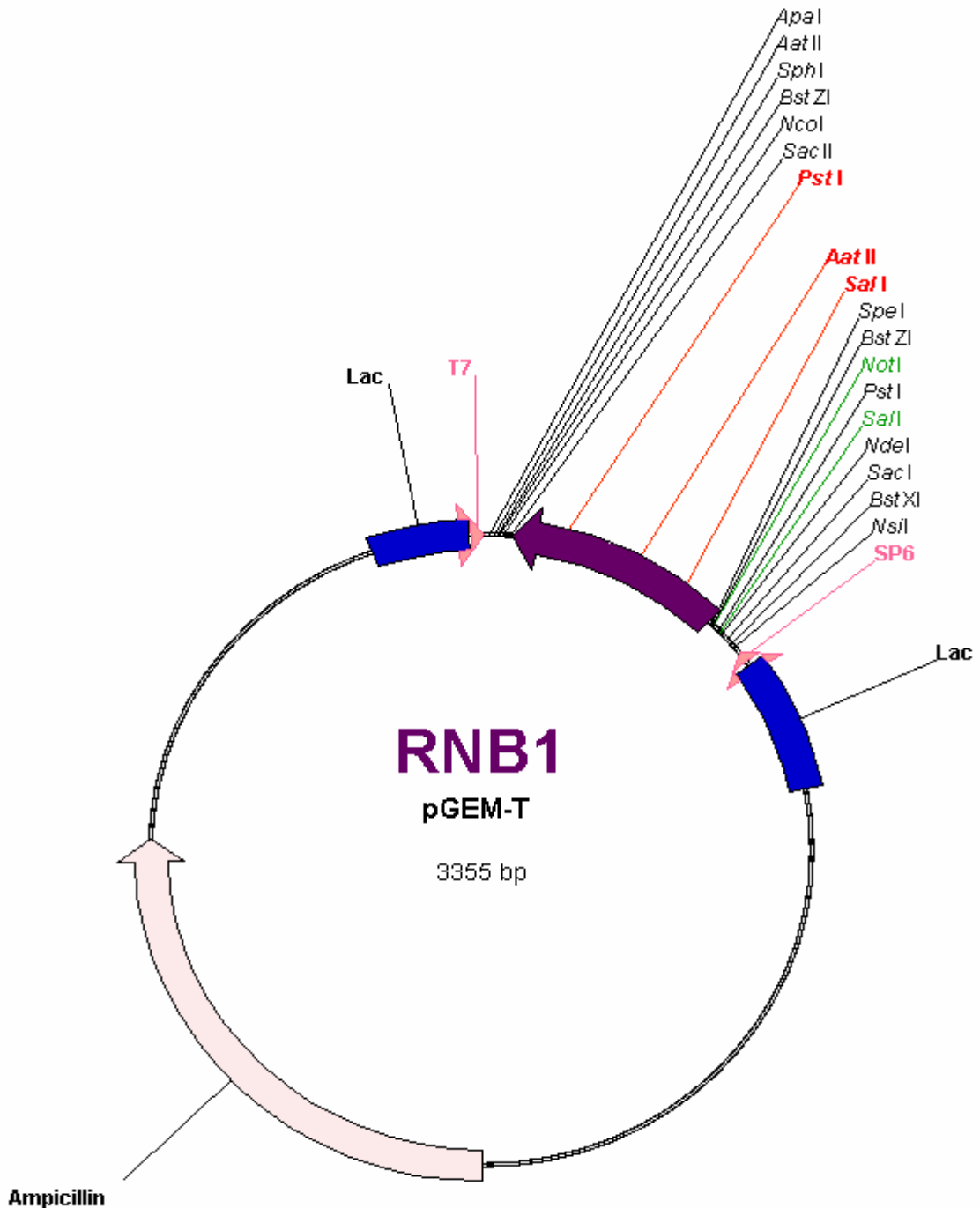
```

Exon 3 (4093 bp)

Anlage 6 Sequenz des humanen B<sub>2</sub>-Rezeptor, zusammengesetzt anhand der Sequenzanalyse von den bekannten Teil-Sequenzen AL355102 (Heilig et al., 2001), X86173 (Kammerer et al., 1996), X86169 (Braun, 1997), S56772 (Powell et al., 1993), NM\_000623 (Eggerickx et al., 1999). Die Exons sind fett gedruckt, die in dieser Arbeit verwendeten Primer eingerahmt und das Start- bzw. Stopcodon in Großbuchstaben und das Poly A Signal mit grau ausgefülltem Rahmen dargestellt.

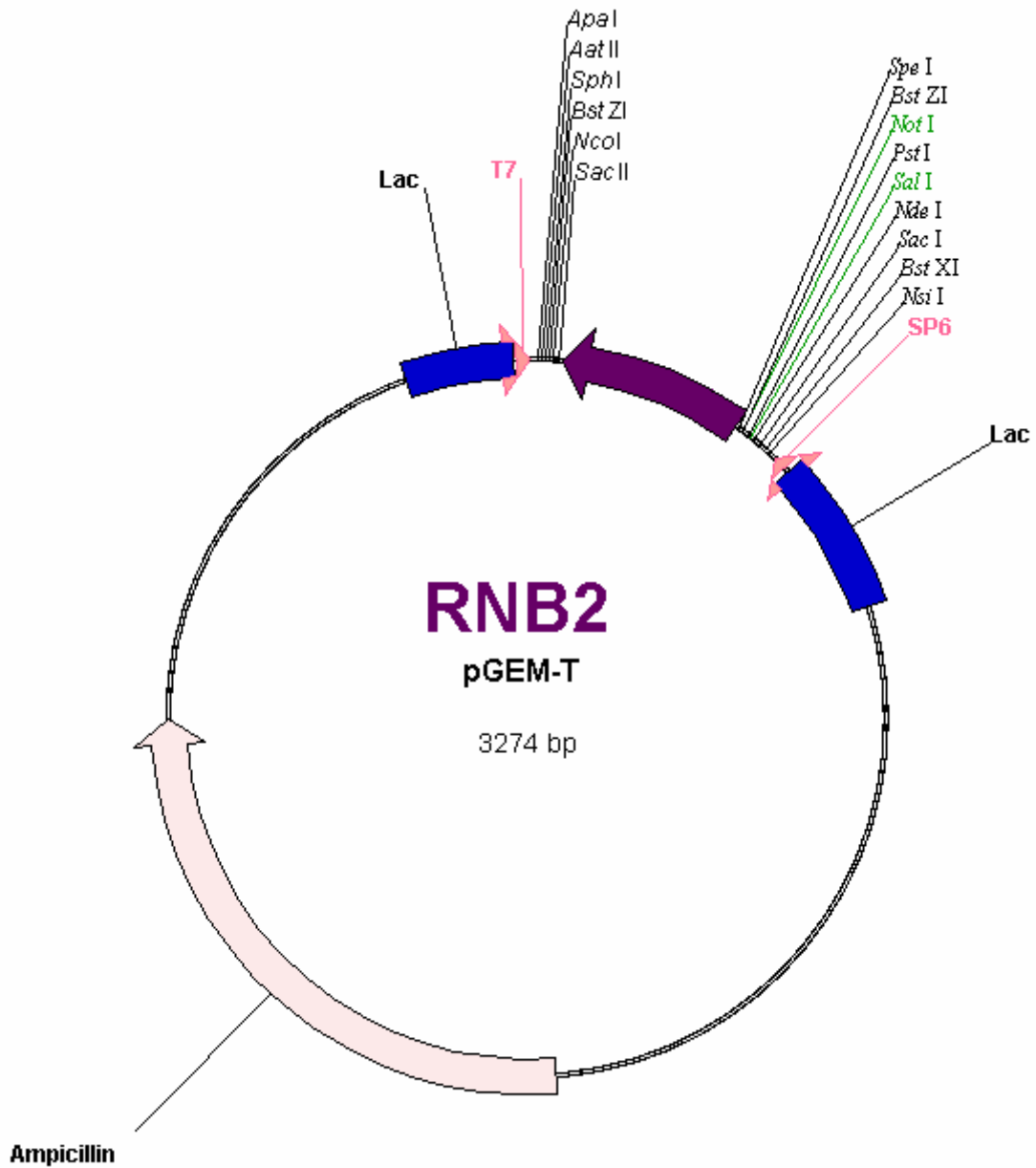
## 8.2. Karten der RPA-Sonden-tragenden Plasmide

### Anlage 7



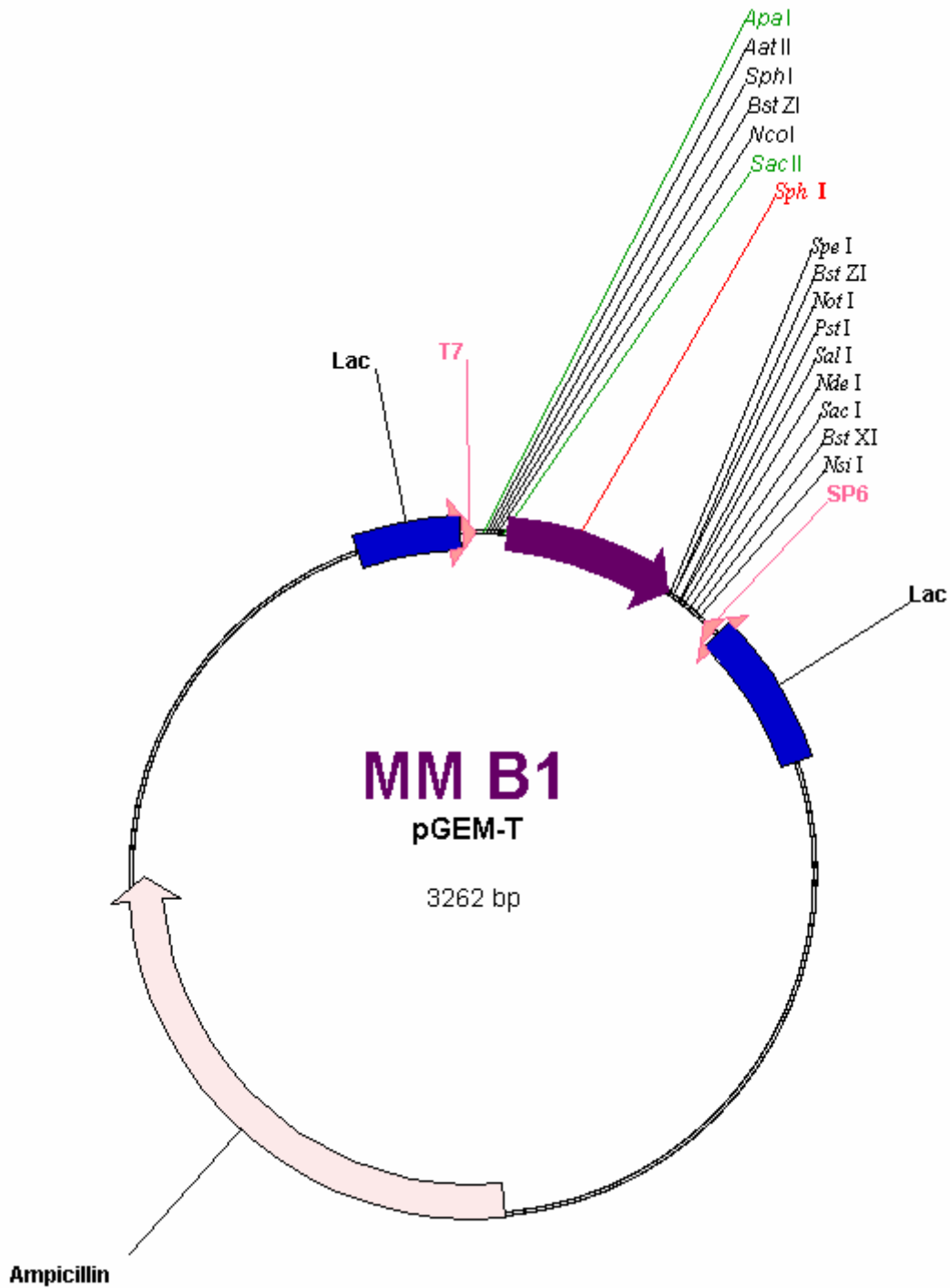
Anlage 7 Karte des Plasmids mit der RPA-Sonde-tragenden Sequenz zum Nachweis der  $B_1R$ -mRNA der Ratte. Der pGEM<sup>®</sup>-T-Vektor (Promega, Madison, USA) umfasst 3000 bp, das Fragment 355 bp. Das Fragment ist violett, das LacZ-Gen blau, das Ampicillinresistenz-Gen rosa und der SP6- sowie der T7-Promotor sind pink ausgefüllt. Die Restriktionsenzyme, die sowohl das Plasmid als auch das Fragment schneiden sind rot dargestellt, die zum Linearisieren grün.

## Anlage 8



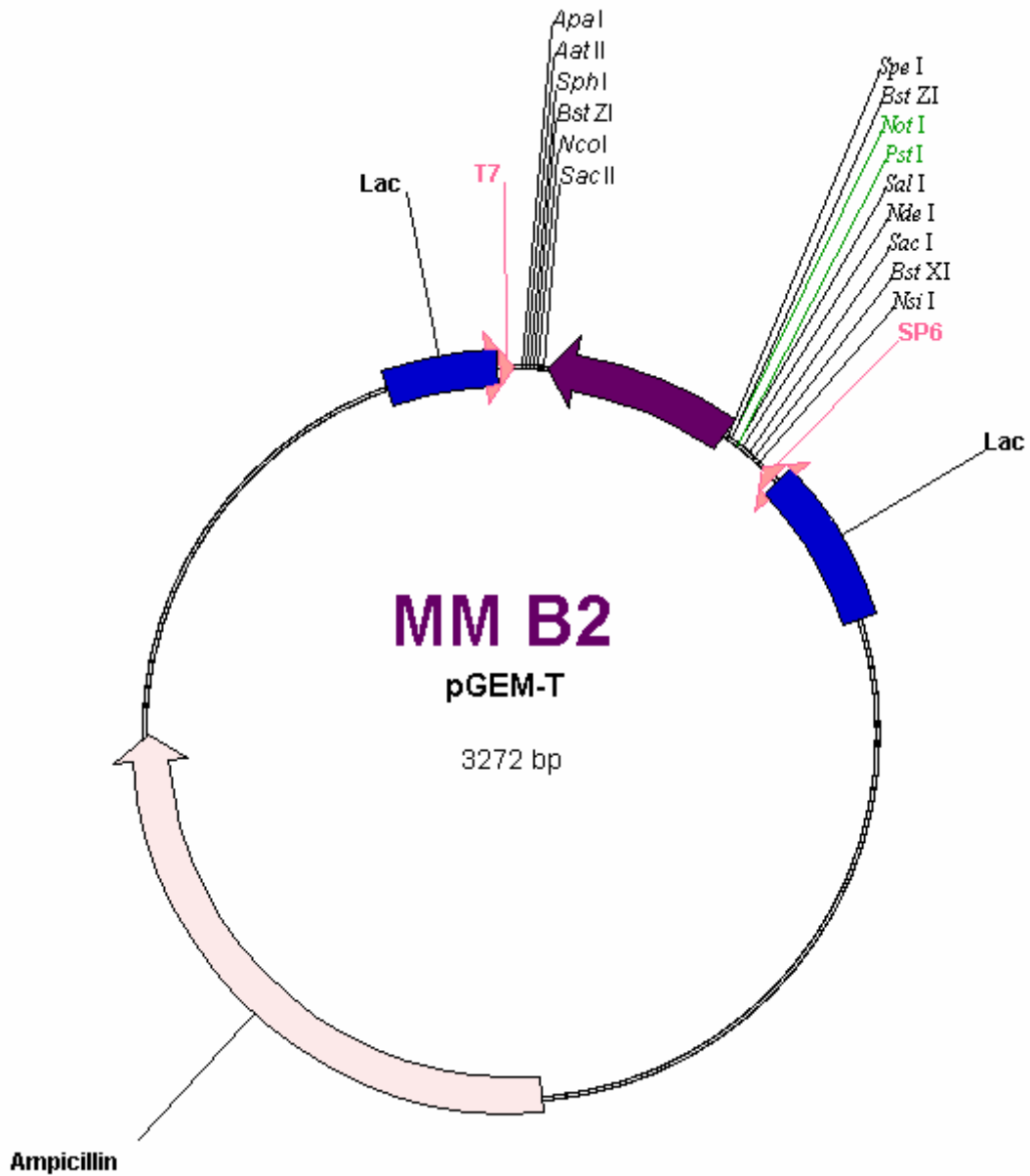
Anlage 8 Karte des Plasmids mit der RPA-Sonde-tragenden Sequenz zum Nachweis der B<sub>2</sub>R-mRNA der Ratte. Der pGEM<sup>®</sup>-T-Vektor (Promega, Madison, USA) umfasst 3000 bp, das Fragment 274 bp. Das Fragment ist violett, das LacZ-Gen blau, das Ampicillinresistenz-Gen rosa und der SP6- sowie der T7-Promotor sind pink ausgefüllt. Die Restriktionsenzyme zum Linearisieren wurden grün dargestellt.

## Anlage 9



Anlage 9 Karte des Plasmids mit der RPA-Sonde-tragenden Sequenz zum Nachweis der  $B_1R$ -mRNA der Maus. Der pGEM<sup>®</sup>-T-Vektor (Promega, Madison, USA) umfasst 3000 bp, das Fragment 262 bp. Das Fragment ist violett, das LacZ-Gen blau, das Ampicillinresistenz-Gen rosa und der SP6- sowie der T7-Promotor sind pink ausgefüllt. Die Restriktionsenzyme, die sowohl das Plasmid als auch das Fragment schneiden sind rot dargestellt, die zum Linearisieren grün.

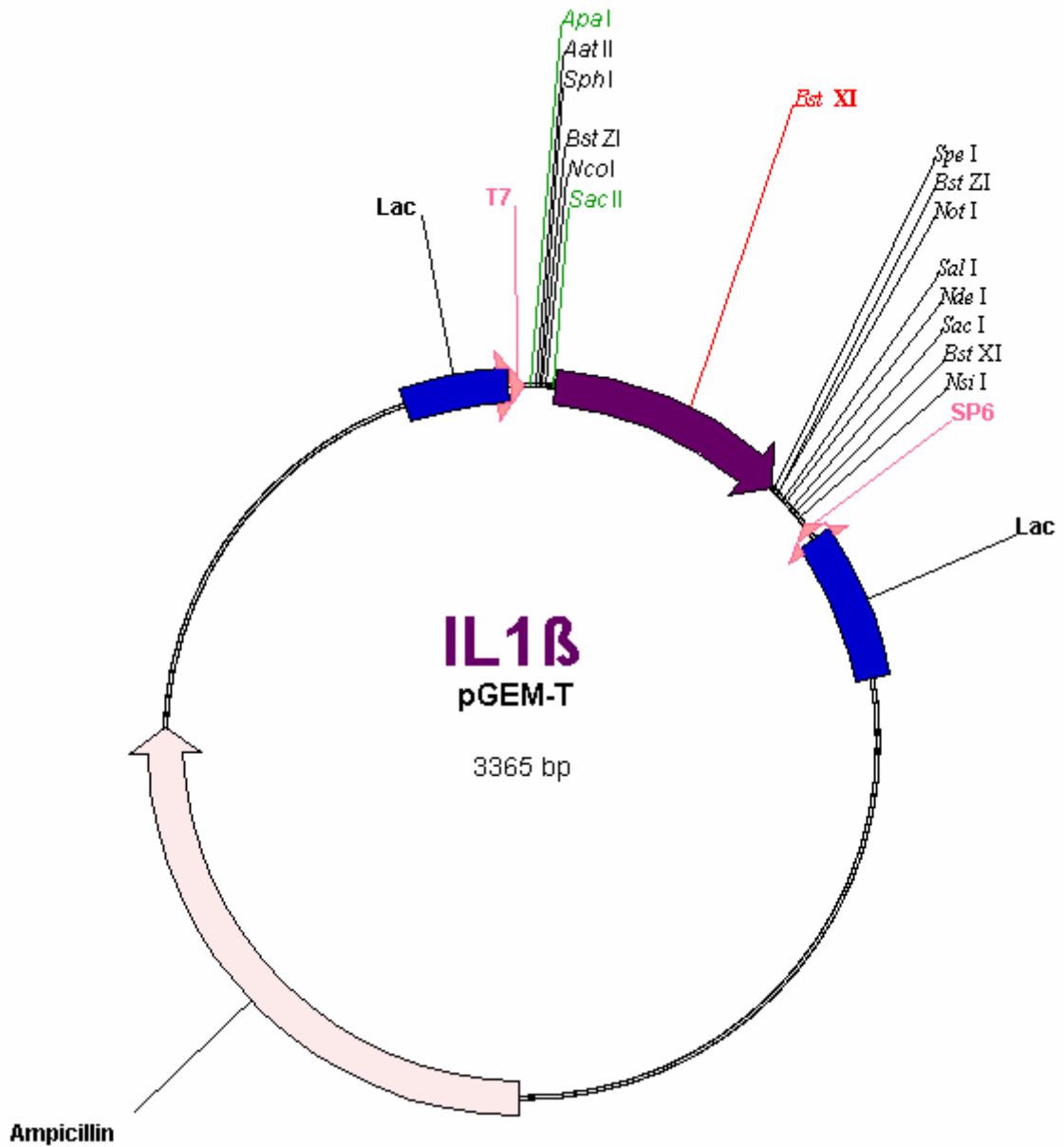
## Anlage 10



Anlage 10 Karte des Plasmids mit der RPA-Sonde-tragenden Sequenz zum Nachweis der  $B_2R$ -mRNA der Maus. Der pGEM<sup>®</sup>-T-Vektor (Promega, Madison, USA) umfasst 3000 bp, das Fragment 272 bp. Das Fragment ist violett, das LacZ-Gen blau, das Ampicillinresistenz-Gen rosa und der SP6- sowie der T7-Promotor sind pink ausgefüllt. Die Restriktionsenzyme zum Linearisieren wurden grün dargestellt.

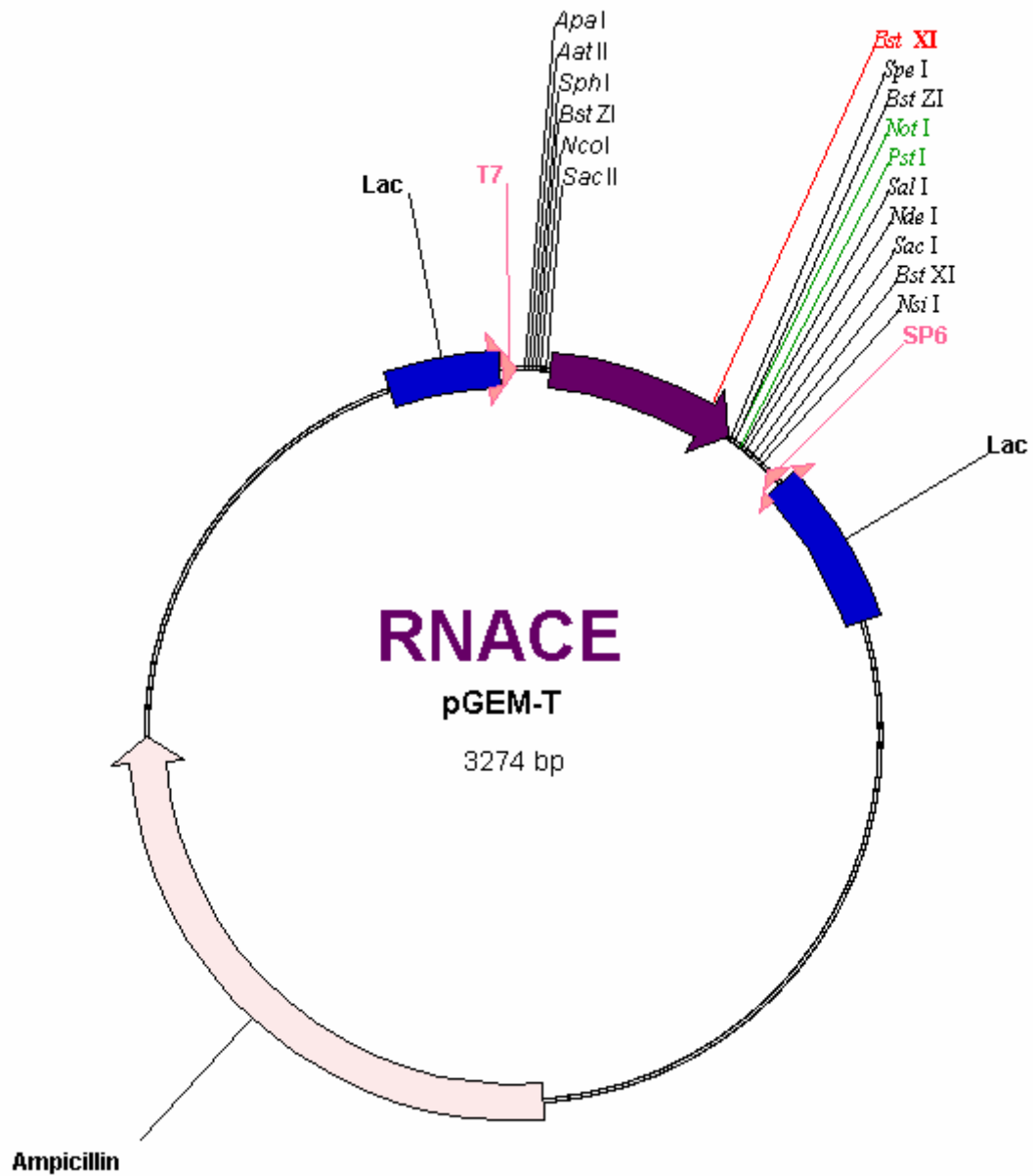


## Anlage 11



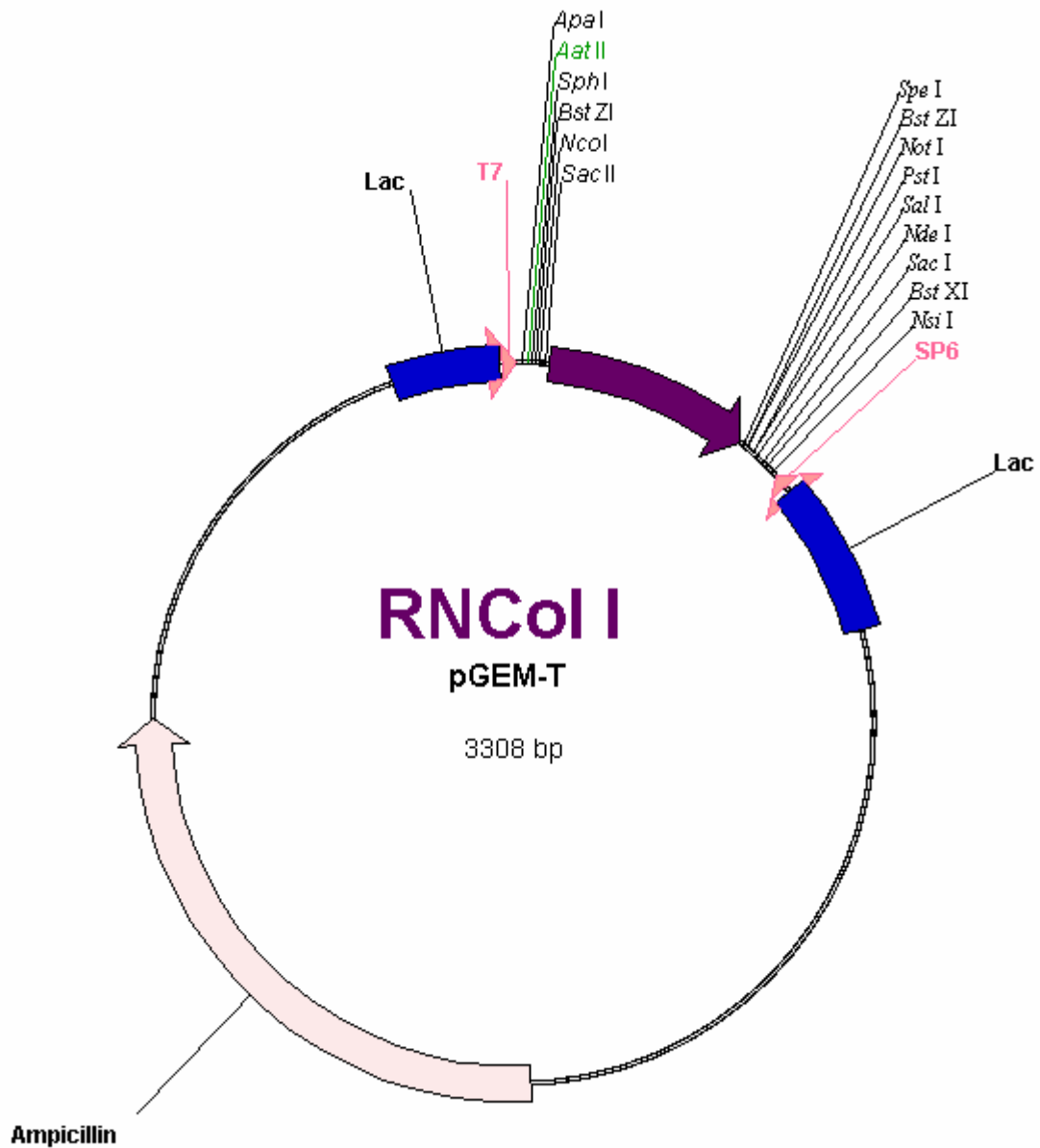
Anlage 11 Karte des Plasmids mit der RPA-Sonde-tragenden Sequenz zum Nachweis der IL1 $\beta$ -mRNA der Ratte. Der pGEM<sup>®</sup>-T-Vektor (Promega, Madison, USA) umfasst 3000 bp, das Fragment 365 bp. Das Fragment ist violett, das LacZ-Gen blau, das Ampicillinresistenz-Gen rosa und der SP6- sowie der T7-Promotor sind pink ausgefüllt. Die Restriktionsenzyme, die sowohl das Plasmid als auch das Fragment schneiden sind rot dargestellt, die zum Linearisieren grün.

## Anlage 12



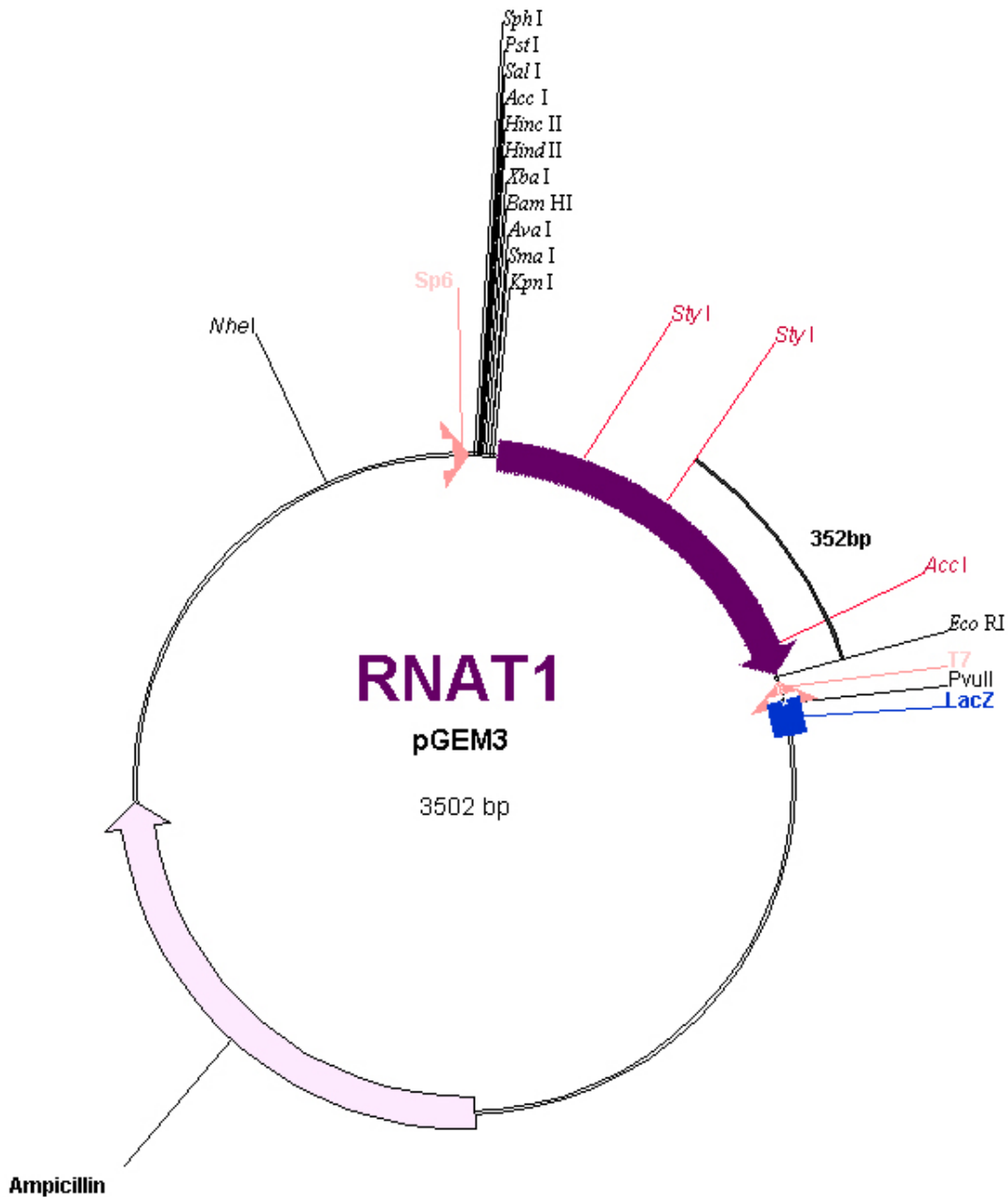
Anlage 12 Karte des Plasmids mit der RPA-Sonde-tragenden Sequenz zum Nachweis der ACE-mRNA der Ratte. Der pGEM<sup>®</sup>-T-Vektor (Promega, Madison, USA) umfasst 3000 bp, das Fragment 274 bp. Das Fragment ist violett, das LacZ-Gen blau, das Ampicillinresistenz-Gen rosa und der SP6- sowie der T7-Promotor sind pink ausgefüllt. Die Restriktionsenzyme, die sowohl das Plasmid als auch das Fragment schneiden sind rot dargestellt, die zum Linearisieren grün.

## Anlage 13



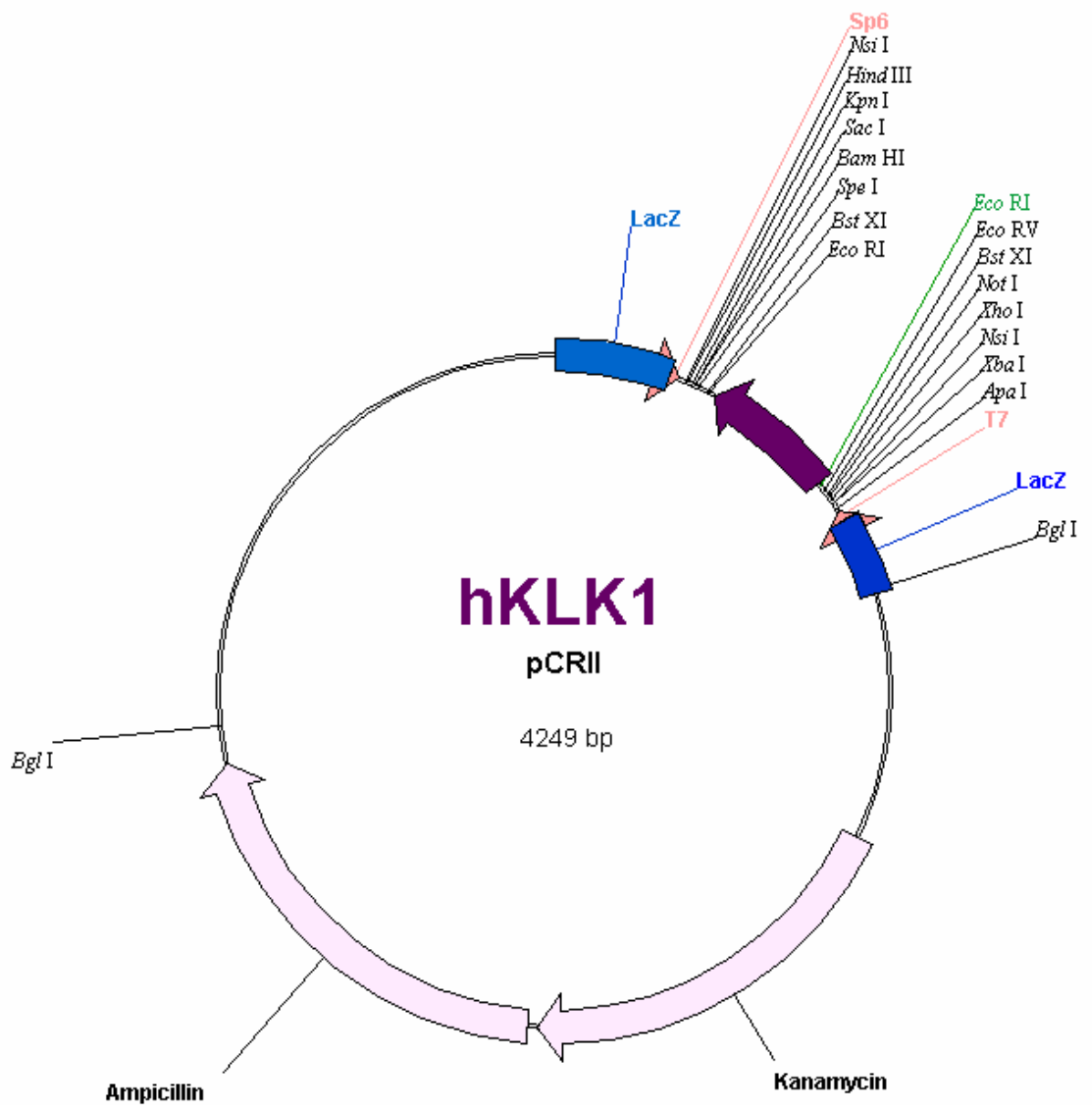
Anlage 13 Karte des Plasmids mit der RPA-Sonde-tragenden Sequenz zum Nachweis der Kollagen I-mRNA der Ratte. Der pGEM<sup>®</sup>-T-Vektor (Promega, Madison, USA) umfasst 3000 bp, das Fragment 308 bp. Das Fragment ist violett, das LacZ-Gen blau, das Ampicillinresistenz-Gen rosa und der SP6- sowie der T7-Promotor sind pink ausgefüllt. Die Restriktionsenzyme zum Linearisieren wurden grün dargestellt.

## Anlage 14



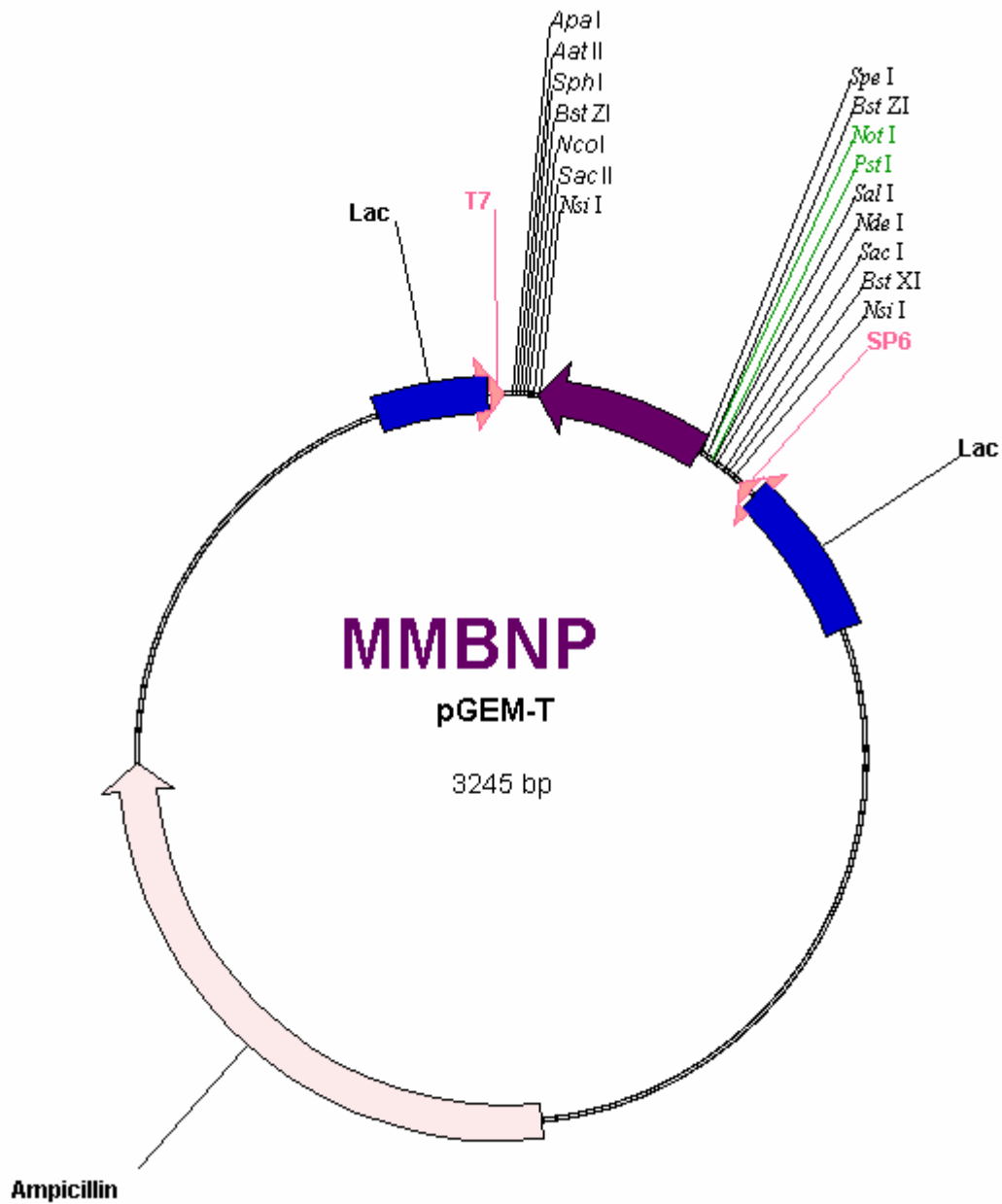
Anlage 14 Karte des Plasmids mit der RPA-Sonde-tragenden Sequenz zum Nachweis der  $AT_1R$ -mRNA der Ratte. Der pGEM<sup>®</sup>-3-Vektor (Promega, Madison, USA) umfasst 2867 bp, das Fragment 635 bp. Durch das Schneiden mit dem Restriktionsenzym *StyI* entsteht die 352 bp große Sonde für den RPA. Das Fragment ist violett, das LacZ-Gen blau, das Ampicillinresistenz-Gen rosa und der SP6- sowie der T7-Promotor sind pink ausgefüllt. Die Restriktionsenzyme zum Linearisieren wurden rot dargestellt.

## Anlage 15



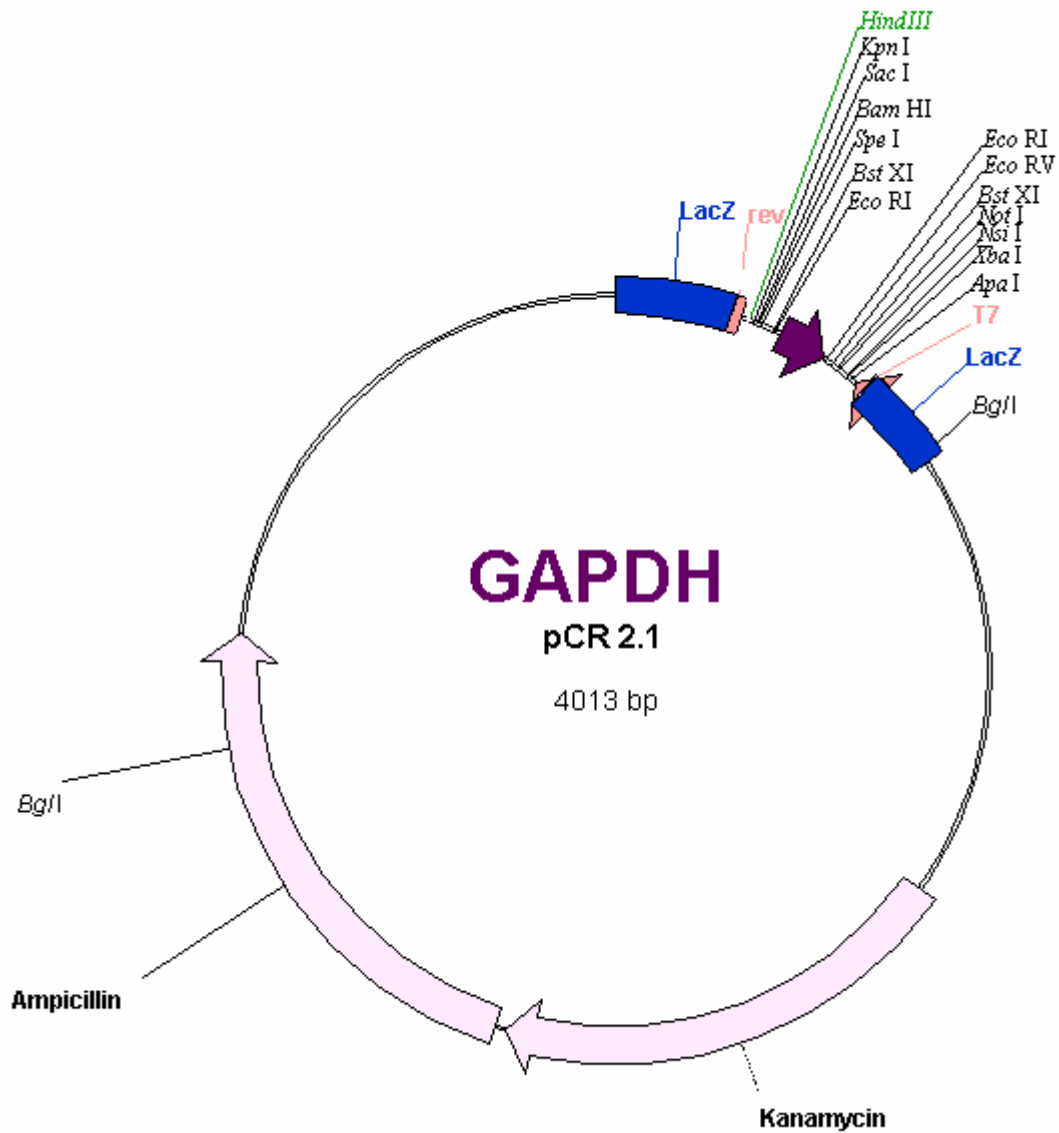
Anlage 15 Karte des Plasmids mit der RPA-Sonde-tragenden Sequenz zum Nachweis der humanen Kallikrein-mRNA. Der pCR<sup>®</sup>II-Vektor (Stratagene, La Jolla, USA) umfasst 4000 bp, das Fragment 249 bp. Das Fragment ist violett, das LacZ-Gen blau, das Ampicillinresistenz-Gen rosa und der SP6- sowie der T7-Promotor sind pink ausgefüllt. Die Restriktionsenzyme zum Linearisieren wurden grün dargestellt.

## Anlage 16



Anlage 16 Karte des Plasmids mit der RPA-Sonde-tragenden Sequenz zum Nachweis der BNP-mRNA der Maus. Der pGEM<sup>®</sup>-T-Vektor (Promega, Madison, USA) umfasst 3000 bp, das Fragment 245 bp. Das Fragment ist violett, das LacZ-Gen blau, das Ampicillinresistenz-Gen rosa und der SP6- sowie der T7-Promotor sind pink ausgefüllt. Die Restriktionsenzyme zum Linearisieren wurden grün dargestellt.

## Anlage 17



Anlage 17 Karte des Plasmids mit der RPA-Sonde-tragenden Sequenz zum Nachweis der GAPDH-mRNA der Ratte und der Maus. Der pCR<sup>®</sup> 2.1- Vektor (Stratagene, La Jolla, USA) umfasst 3900 bp, das Fragment 113bp. Das Fragment ist violett, das LacZ-Gen blau, das Ampicillinresistenz-Gen rosa und der SP6- sowie der T7-Promotor sind pink ausgefüllt. Die Restriktionsenzyme zum Linearisieren wurden grün dargestellt.







CTGTACAGCCTGGTGATCTGGAGCTGTACGCTGCTTCTGAGTTCACCCATGTTGGTGTTCAGGACCATGAAGGACTACAGGGAAGAGGGGC  
 ACAACGTCACGGCCTGCGTCATTGTCTACCCGTCGCCCTCTGGGAGGTGTTCCACCAACATGCTGCTGAACCTGGTGGGTTTCCCTCTACC  
 CCTGAGTATCATCACCTTCTGCACGGTGCGAATCATGCAGGTGCTGAGGAACAACGAGATGAAGAAGTTCAAGGAGGTCAGACCGGAGAAG  
 AAGGCCACTGTGCTGGTGTGGCTGTCCGGGGCTCTTTGTGCTGTGTTGGTTCCTTTCCAGATCAGCACCTTCCTGGACACGCTGCTGC  
 GGCTTGGCGTGTCTGCGGGATGCTGGAACGAGCGTGCCTGGATATGTACCCAGATCAGTTCCTACGTGGCCTATAGCAACAGTGCCT  
 CAACCCGCTGGTGTACGTGATTGTGGGCAAGCGCTTCCGAAAGAAGTCCCGAGAGGTGTACCAGGCAATATGCCGGAAGGGAGGCTGCATG  
 GGAGAGTCCGTCAGATGGAGAATCCATGGGGACTCTGAGGACTCTATCTCGGTGGACCGGCAGATCCACAAGCTGCAGGATTGGGCGG  
 GGACAAGCAGTGAACACAAGCCATCGGGCAGGACGACTGCCGAGCGTGTGAGGACTGCTGGGACCTGAGCTTCTCAGCCTGGGTTCAGGA  
 AGGAGCTTGAAGCATCCTAGGGAATCAGGCAGGTGATTCCAGTCTTGTCTCACGGCATAAGCGTGTGTGGGGGATGGGGACCCTGGAGCA  
 TAGAGGGTTGTTATTACTGGCTGGT**GCTCTAAAT**CCCATGAGTGGAGGGGTCATGGGGTAGGGATGGGAGTGACAAAGCTTCCCTCC  
 CTTTGGGGGAAGGACAGATCTCCTGCCGTTTTGGCCCTGTGGCTACATGCACAGTTGGCATGGCTGCCTCATTCCAGTTTCAAGAGTT  
 TAAGATTTATTGGTCTTCTGAAGCTGAATTCTAAGGAGTCTCTGGTAAGAGCCAGAGACTGGGATTCTGTGGTTCCTCTCACCCCTAGA  
 CAAGGTGGACGGTACAAAAGAAGAACCCCAAAGC**TTTATGGAGC**ACTTGCAGAGTACACAGCATTGAACACTGTGGGCAGGAGGGAAGAC  
 ACACATAGTGAATGTCTTAAAGGAGCCCTGACGTTAGTGGAGAAGCCAAAGACTTGCAGTCTCCAGAAGGCTGTGATGGCGTGCCAAA  
 GCAAGGAACTGTGGGAGAGGGGAGAGCACAGGGCCTAGGGGAACCGGTAACCCCTGAACACGGTAGCCTGATCCCTGCCCTCTGCTTCTCTG  
 CTGTAATGTGAGGGTGTCTGTGCTTTGAAAAGTGGGGT**GCTATATGGC**TGTGAGGCGTCAGAACACACATCACTGGGTGACACACAGT  
 CACATGCAGCGCATCAGAACACACATCACATGGAGATGCACCAAGCAGCATCACTGGGTGAGGATACACATCCCGTGCAGATGCACCA  
 GAACGCACATCACTAGATCAAGACACACATCACACGGAGACACTTGGCACAGAGAAAGCCACTCAGGCTTACTCTGCCTGCAGGTACAAGA  
 GGCCCTCACTCCCTCCTACCTTTCCCTCCTAGTATCCCACC**CCTATGCACA**CACAACAAAGCGTTTGGTACTTGGGAAGGGCGGGAGAAAG  
 CAAGTGTGTTGTTGCAATGAGACAAAGAAAAGATTTCTGGTGGGACCTGCCCGGAGAATCCACACCTCAGCATGGTGCAAATTGGT  
 AGCTGACTGGGGGAGCTAAGCTGCTTCCAGGGCTCTTGGCTCAGTGACCAAGGGATGCCAATTAGTGGTTTATCTGAGAGTGACTACA  
 AAGCAGGGATGCTACCAAAGAGCTGACCCATCATCCAAGGTCACTTAACGAGGGCGTCAATTCCAGGCCAGCTCCCTACATGGCTGCAG  
 GGTGCCCTCGTAGTGTGATGTCAGGGGTGGGTAGGGCTGCCTGGGCCCTGGGGAACTCTGACAGGAGAACCACCCCACTTGGGGGAGAGGG  
 GAACAACACATCTGCATATTGAGCAGGTCTTCCACCAGAGATAGGATAGCCTTCCGGATGGTTTCAGGGCCAGTGGGTTCCCATTAGAAC  
 CTATTCAGGGGGCTTGGGTGAGCTCAGTGTGAGTGGAGACAGTTGCCCCAGCAAGCCATAGACTCGGGTGACAGACACCATACTCATAG  
 TCCAGAATCTTCCATGGGAGTTTATTTTTCCACGTGTCCGCATCTGTGATAAACTTAACGACAGGGGCCACTTAAGGGAAGAGAAAGGT  
 TACTTTGT**CTCTCAGTGTCAAAAAAAGGCTATGGTCCAGTGTAGCCGGGTCTGTAT**TGGTAAACAGAGCAGTAAATGGAGACCCGGCTG  
 GAACCAGGGCGGCATATGACCTTCAAATGTCTGCCCTAGTACCTTTCACCTACTAGGTCTTACATCTTAAAGCTTCCATCGCCTTTCAA  
**AATAGGAC**CAGCAGTCAAGAAATGAAGGGAGTGCCTTTCAGACTCA**ACTATAACAA**TTTCACTGCCAATTGGCTGGCTTCTGAGGTAACA  
 CACTGTCAAGCCCTGGGGACATCTGAGGGA**CATATCAAAC**AACCTCCAACACCAAGCCACGCAGGAGCTGACCGCTCGATAGCCGGGGC  
 TACGGAGACTCAGGAAATGGGCAGAGTTCAGTGTGTTTCTGGCCAGGCTGGAGCCAAGGGAGAGCCTACATGGCAAAGGCCCGTGAATC  
 CCCACCAATCTGACTCTGAATTTCCCTAAGAGAGAAGACCCAGGAAATCTTTTTTCCACCCATCCTCCACTTGTAGCCAAAAGAAGGAA  
 ACAGATGGCATAACGATGAGATGGACTCAGCCACCCCTACTGTGAAGCGAAGCAGGGCCCCACCCTCAGAGGAGAAGTGTGGTGGGCTA  
 CGGGCGTGAAGGACCGGGCTGGGTCCCTCAGGGTGGCTGAAGGTCTGAAACTGGGTCACTGCAGGGTCTGCAACTAGGTCTGCAGGAGG  
 GAAGCCCTTGTGCTTTCTGTCGACACCCTGATGAGAAACCATGTCCATTGAAGGACGGAGAAAGCTCTGTACCGTGCAGAGGAAGTGGC  
 CGACAAGGGAGGAGCACTCTGTGTAAGAACACACCTCCTCTGTGCGCTGGAATAAACAGATGAATTTTGCATGGTGTTCCTGTGTCAA

Anlage 19 *B<sub>2</sub>R-Sequenz der Ratte (Anlage 4) mit den identifizierten, möglichen Promotorregionen. Fettgedruckt – Exons; größere Schriftart – Transkriptionsstart; blau unterlegt – gefundene TATA-Boxen mit Hctata; grau unterlegt – Suchergebnisse GC-reicher Promotorregionen mit DRAGON GC+PROMOTER FINDER; gelb unterlegt – Promotor- und TSS-Suchergebnisse mit Neural Network Promoter Prediction.*

## 8.4. Blutzucker und Körpergewicht der diabetischen Ratten

### Anlage 20

#### Blutzucker und Körpergewicht der diabetischen Wildtypmatten

Tier Tage	Tier 1		Tier 2		Tier 3		Tier 4		Tier 5		Tier 6		Tier 7	
	BZ [mg/dl]	KG [g]	BZ [mg/dl]	KG [g]	BZ [mg/dl]	KG [g]	BZ [mg/dl]	KG [g]	BZ [mg/dl]	KG [g]	BZ [mg/dl]	KG [g]	BZ [mg/dl]	KG [g]
vor STZ-Gabe	87	316	87	315	90	306	90	320	92	325	88	327	98	329
1	434	310	427	309	378	304	246	309	216	319	215	311	304	320
2	346	290	342	309	300	291	264	297	400	315	288	308	372	319
3	380	284	265	311	305	293	346	293	367	312	311	309	332	321
4	378	294	286	310	270	287	342	278	364	301	265	307	256	317
5	277	294	428	302	265	278	449	282	371	301	285	301	273	313
6	344	296	347	304	306	277	400	270	378	304	354	298	298	309
7	280	273	292	302	270	269	345	262	283	293	386	296	270	301
8	329	286	314	299	301	259	276	256	460	286	361	294	298	301
9	327	285	481	293	315	241	362	253	402	282	370	292	336	296
10	337	275	253	293	364	241	366	248	442	282	397	288	386	290
11	452	277	302	285	354	215	347	241	468	284	384	283	396	290
12	468	263	420	270	430	207	442	241	500	285	459	280	396	301
13	437	255	455	251	>500	203	374	236	416	277	416	279	398	292
14	>500	245	>500	247	>500	203	386	228	481	274	427	274	451	288
15	>500	244	>500	255	>500	207	>500	231	>500	277	>500	270	500	283
16	>500	244	>500	267	>500	207	>500	232	>500	263	>500	267	419	275
17	>500	231	>500	262	>500	202	>500	232	>500	261	>500	266	500	284
18	>500	227	>500	258	>500	195	>500	226	>500	268	>500	268	431	280
19	>500	228	>500	250	>500	190	>500	230	>500	269	>500	268	>500	274
20	>500	232	>500	256	>500	191	>500	238	>500	267	>500	270	>500	261
21	>500	229	>500	262	>500	190	>500	241	>500	262	>500	269	>500	258
22	>500	230	>500	259	>500	188	>500	237	>500	256	>500	264	>500	260
23	>500	230	>500	259	>500	193	>500	236	>500	261	>500	258	>500	260
24	>500	228	>500	253	>500	190	>500	240	>500	260	>500	260	>500	259
25	>500	227	>500	255	>500	190	>500	230	>500	258	>500	254	>500	258
42	>500	228	>500	257	>500	191	>500	230	>500	257	>500	256	>500	259

Anlage 20 *Blutzuckerspiegel und Körpergewicht von Wildtypmatten vor und nach der Injektion von STZ. Der Blutzucker wurde in mg Glukose pro dl Blut [mg/dl] und das Körpergewicht in [g] angegeben. STZ – Streptozotizin, BZ – Blutzucker, KG – Körpergewicht.*

## Anlage 21

## Blutzucker und Körpergewicht der diabetischen TGR(hKLK1)-Ratten

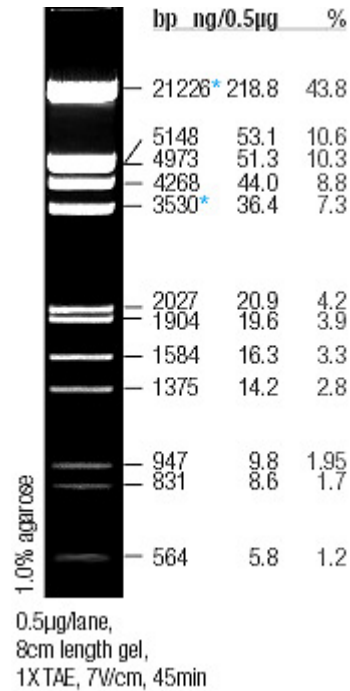
Tier Tage	Tier 1		Tier 2		Tier 3		Tier 4		Tier 5		Tier 6		Tier 7	
	BZ [mg/dl]	KG [g]	BZ [mg/dl]	KG [g]	BZ [mg/dl]	KG [g]	BZ [mg/dl]	KG [g]	BZ [mg/dl]	KG [g]	BZ [mg/dl]	KG [g]	BZ [mg/dl]	KG [g]
vor STZ-Gabe	95	315	90	320	92	325	87	307	89	329	90	321	95	322
1	366	316	277	308	216	310	439	301	314	321	427	315	228	314
2	300	297	264	297	415	315	352	305	372	319	346	295	288	308
3	315	291	346	293	367	312	269	311	332	321	385	294	311	309
4	283	278	342	278	364	301	288	308	256	317	378	294	265	307
5	255	278	449	282	371	301	421	302	273	313	287	291	285	301
6	326	277	400	270	378	304	357	301	298	309	346	292	354	298
7	280	263	345	262	283	293	294	301	270	301	298	274	386	296
8	300	259	276	256	460	286	319	299	298	301	329	279	361	294
9	315	241	362	253	402	282	471	295	336	296	327	285	370	292
10	353	241	366	248	442	282	263	294	386	290	347	275	397	288
11	354	212	347	241	468	284	301	275	396	290	442	279	384	283
12	435	207	442	241	500	285	420	274	396	301	478	273	459	280
13	>500	203	374	236	416	277	475	261	398	292	457	267	416	279
14	>500	204	386	228	481	274	>500	257	451	288	490	243	427	274
15	>500	204	>500	231	>500	277	>500	257	500	283	>500	245	>500	270
16	>500	207	>500	232	>500	263	>500	269	419	275	>500	244	>500	267
17	>500	203	>500	232	>500	261	>500	264	500	284	>500	237	>500	266
18	>500	189	>500	226	>500	268	>500	259	431	280	>500	227	>500	268
19	>500	190	>500	230	>500	269	>500	260	>500	274	>500	228	>500	268
20	>500	191	>500	238	>500	267	>500	256	>500	261	>500	222	>500	270
21	>500	190	>500	241	>500	262	>500	261	>500	258	>500	230	>500	269
22	>500	187	>500	237	>500	256	>500	259	>500	260	>500	230	>500	264
23	>500	193	>500	236	>500	261	>500	259	>500	260	>500	228	>500	258
24	>500	190	>500	240	>500	260	>500	253	>500	259	>500	228	>500	260
25	>500	190	>500	230	>500	258	>500	256	>500	258	>500	227	>500	254
42	>500	192	>500	230	>500	257	>500	257	>500	259	>500	228	>500	256

Anlage 21 Die Blutzuckerspiegel und das Körpergewicht von TRG(hKLK1)-Ratten vor und nach der Injektion von STZ. Die Blutzuckerwerte wurden in mg Glukose pro dl Blut [mg/dl] und das Körpergewicht in [g] angegeben. STZ – Streptozotizin, BZ – Blutzucker, KG – Körpergewicht.

## 8.5. Dimensionierung der Elektrophorese-Marker

### Anlage 22

$\lambda$ -Marker (Lambda DNA/EcoRI+HindIII Marker, 3) (MBI Fermentas GmbH, BRD)



Range: 13 Fragments (bp): 21226\*, 5148, 4973, 4268, 3530\*, 2027, 1904, 1584, 1375, 947, 831, 564, 125

Concentration : 0.5 µg/µl

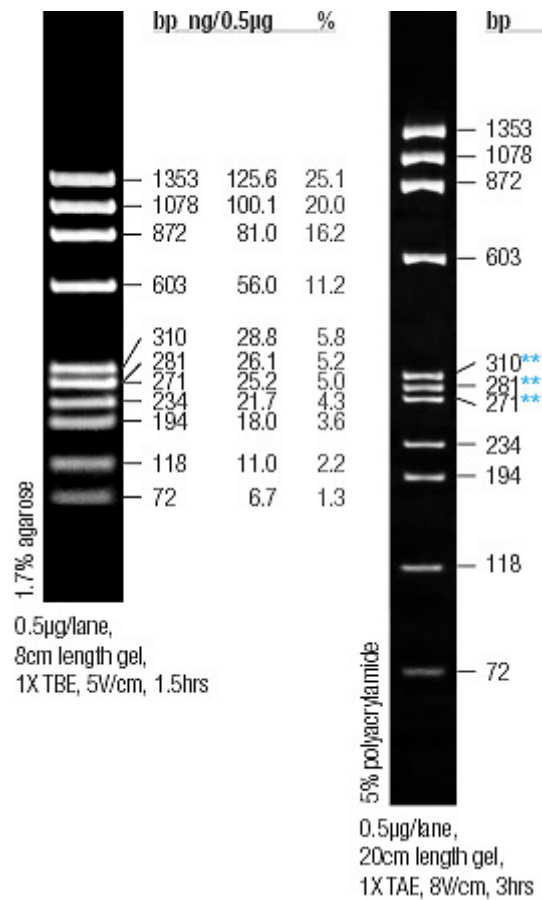
Loading amount 0.5 µg/lane; 1 µl/lane

Agarose: 1.0 %

*Anlage 22 Dimensionierung des  $\lambda$ -Markers zur Größenbestimmung elektrophoretisch getrennter Fragmente. Der Marker beinhaltet 13 Fragmente mit einer Reichweite von 125-21226 bp.*

## Anlage 23

### Φ-Marker (PhiX174 DNA/ BsuRI (HaeIII) Marker, 9) (MBI Fermentas GmbH, BRD)



Range: 11 Fragments (bp): 1353, 1078, 872, 603, 310\*\*, 281\*\*, 271\*\*, 234, 194, 118, 72.

Concentration : 0.5 µg/µl  
Loading amount 0.5 µg/lane; 1 µl/lane  
Agarose: 1.7 %

*Anlage 23 Dimensionierung des Φ-Markers zur Größenbestimmung elektrophoretisch getrennter Fragmente. Der Marker beinhaltet 11 Fragmente mit einer Reichweite von 72-1353 bp.*

## **Eidesstattliche Erklärung**

Hiermit erkläre ich, dass ich die vorliegende Dissertation selbstständig und nur unter Zuhilfenahme der angegebenen Literatur und Hilfsmitteln angefertigt habe.

Berlin, 20. Juni 2006

Christine Altmann