

2. Materialien

2.1. Benutzte Geräte

Gerät	Typ	Hersteller
Autoklav	300 EP-Z	H+P Labortechnik (Oberschleißheim)
Brutschränke		Heraeus (Osterode)
Elektroporator	Electroporator II	Invitrogen (Leeds, GB)
Feinwaagen		Sartorius (Göttingen)
Analysenwaagen	Analytic	Sartorius (Göttingen)
Fermenter (10 l)		Meredos
French Press		SLM Instruments (Urbana, USA)
BioCAD- Workstation		PerSeptive Biosystems (Freiburg)
BIA-Workstation	BIAcore X	BIAcore (Uppsala, Schweden)
Kühlfalle	Unicryo MC 4L	Uniequip (Martinsried)
Magnetrührer		IKA Labortechnik (Staufen)
Photometer	GeneQuant	Pharmacia (Freiburg)
Photometer	UV-120-02	Shimadzu
Photometer	Spectronic 3000 Array	Milton Roy
Schüttelinkubatoren	G25 Incubator Shaker	New Brunswick Scientific (USA)
Sequenzgel-Apparatur	BioMax STS 45	Kodak
Spannungsquelle	ECPS 3000/150	Pharmacia (Freiburg)
Spannungsquelle	EPS 600	Pharmacia (Freiburg)
Spannungsquelle	EPS 3500	Pharmacia (Freiburg)
Sterilfiltriersystem		Millipore (Eschborn)
Szintillationszähler	1209 Rackbeta	LKB Wallac (Finnland)
Thermozykler	Trio Thermoblock	Biometra (Göttingen)
Tischzentrifuge	5415	Eppendorf (Hamburg)
Tischzentrifuge	Biofuge 13	Heraeus (Osterode)
Tischzentrifuge	Contifuge 17RS	Heraeus (Osterode)
Zentrifuge	RC5B	DuPont (Bad Homburg)
Zentrifuge	Rc5C	DuPont (Bad Homburg)
Ultrazentrifuge	18-50M7E	Beckmann (Palo Alto, USA)
UV-Transilluminator	N 90	Konrad Bender (Wiesloch)
Vortex	Vortex Genie 2	Bender&Hohbein AG (Zürich)
Vakuumpumpe	Vacuumbrand	Brand (Wertheim)

2.2. Bakterienstämme und Plasmide

Stämme und Plasmide	relevanter Genotyp	Quelle
X11-Blue	<i>recA1 hsdR17</i> (rK ⁻ mK ⁻) [F' <i>proAB lacI^fZDM15 Tn10</i>]	Bullock <i>et al.</i> , 1987
DH5 α	<i>deoR, endA1, gyrA96, hsdR17</i> (r _k ⁻ m _k ⁺), <i>recA, relA1, supE44, thi-1, Δ(lacZYA-argFV169), φ80lacZΔM15, F⁻</i>	BRL (Bethesda, USA)
C600	<i>lacY1, leuB6, mcrB⁺, supE44, thi-1, thr-1, tonA21, F⁻</i>	Huynh <i>et al.</i> , 1985
JB3034	Δ <i>rcaA26 lon-100 cpsB10::lac</i> (imm λ) <i>recA</i>	Brill <i>et al.</i> , 1988
BL21	<i>E. coli</i> B F <i>dcm ompT hsdS</i> (r _B - m _B -) <i>gal</i>	Stratagene
DH2	C600 + fd Gen2	Geider und Baldes, 1988
DC283	<i>P. stewartii</i> Wildtyp, Nal ^r	Coplin <i>et al.</i> , 1986
pMalc2	Ap ^r , Expressionsvektor	New England Biolabs
pQE30	Ap ^r , Expressionsvektor	Qiagen
pBluescript KS ⁺	Ap ^r , Klonierungsvektor	Stratagene
pdfA8	Km ^r , fd ori, Klonierungsvektor	Geider <i>et al.</i> , 1985
pEA131	8.9 kb <i>BamHI</i> Fragment mit dem <i>ams</i> -Promotor in pBluescript II KS ⁺ , <i>amsG-I</i>	Bugert und Geider, 1995
pEA101	Cm ^r , 3.6 kb <i>HindIII</i> Fragment mit <i>rcaA_{EA}</i> in pSUP106	Bernhard <i>et al.</i> 1990
pM-RcsA _{EA}	<i>rcaA_{EA}</i> in pMalc2, Ap ^r	Kelm <i>et al.</i> , 1997
pM-RcsA _{PS}	<i>rcaA_{PS}</i> in pMalc2, Ap ^r	Wehland <i>et al.</i> , 1999
pM-RcsA _{EC}	<i>rcaA_{EC}</i> in pMalc2, Ap ^r	Kelm <i>et al.</i> , 1997
pQ-RcsB _{EC}	<i>rcaB_{EC}</i> in pQE30, Ap ^r	Kelm <i>et al.</i> , 1997
pQ-RcsB _{EA}	<i>rcaB_{EA}</i> in pQE30, Ap ^r	Kelm <i>et al.</i> , 1997

2.3. Medien, Puffer und Lösungen

Lösungen für den b-Galactosidase - Assay	
Z-Puffer	60 mM Na ₂ HPO ₄ •2H ₂ O (10,7 g/l), 40 mM NaH ₂ PO ₄ •H ₂ O (5,5 g/l), 10 mM KCl (0,75 g/l), 1 mM MgSO ₄ •7H ₂ O (0,25 g/l), autoklaviert, pH 7,0
ONPG-Stammlösung	4 mg/ml ONPG in Z-Puffer, Aufbewahrung bei -20 °C
Chloroform	
0,1 % SDS	1 g/l SDS in H ₂ O
ONPG-Stopplösung	1 M Na ₂ CO ₃ , sterilfiltriert

Lösungen für die SDS-PAGE nach Laemmli	
Trenngel-Puffer	0,4 M Tris•HCl; pH 8,8; 0,1 Gew.-% SDS
Sammelgel-Puffer	125 mM Tris•HCl; pH 6,8 ; 0,1 Gew.-% SDS
Elektrophorese-Laufpuffer	25 mM Tris•HCl; pH 8,3; 250 mM Glycin; 0,1 Gew.-% SDS
APS-Stammlösung	10 Gew.-% APS in H ₂ O, Lagerung bei 4 °C
TEMED	
10 × SDS-Probenpuffer	0,5 M Tris•HCl; pH 6,8; 20 Gew.-% SDS; 1% 2-Mercaptoethanol, 10 Vol.-% Glycerin, 1 Gew.-% Bromphenolblau
Coomassie-Färbelösung	0,2 g Coomassie Brilliant Blue G250, 25 ml techn. Ethanol, 17 ml Perchlorsäure, 400 ml H ₂ O

Lösungen für die Agarose-Gelelektrophorese von DNA	
10× TBE	0,89 M Tris; 0,89 M Borsäure; 10 mM EDTA
DNA-Probenpuffer	0,1 Gew.-% Bromphenolblau; 0,1 Gew.-% Xylencyanol; 50 Vol.-% Glycerin in H ₂ O
Ethidiumbromid-Stammlösung	10 mg/ml Ethidiumbromid in TBE, Lagerung bei 4 °C

Lösungen für Protein-DNA-Bindungsassays	
10× Bindungspuffer	0,5 M Tris•HCl; pH 7,5; 1 M NaCl; 0,1 M DTT, 1 mM EDTA
Probenpuffer (nativ)	1× Bindungspuffer mit 20 Gew.-% Saccharose und 100 µg/ml Bromphenolblau
natives PA-gel, 5%	83,3 mL 30% Acrylamid-Bisacrylamid-Stammlösung, 50 ml 10×TBE, mit H ₂ O ad 500 ml, entgasen, bei 4 °C aufbewahren
Ret-Mix (für 100 Ansätze)	200 µl λ-DNA; 200µl 10× Bindungspuffer; 100 µl 10 mg/ml BSA

Lösungen für die analytische Plasmid-DNA-Isolierung	
Lösung 1	50 mM Tris•HCl; pH 8,0; 10 mM EDTA
Lösung 2	0,2 M NaOH; 1 Gew.-% SDS
Lösung 3	3M KOAc•AcOH, pH 4,8; 4°C
Chloroform/Isoamylalkohol 24:1	4 Vol.-% Isoamylalkohol in Chloroform
Ethanol	

Lösungen für die präparative Plasmid-DNA-Isolierung	
Lösung 1	50 mM Tris•HCl; pH 8,0; 10 mM EDTA
Lösung 2	0,2 M NaOH; 1 Gew.-% SDS
Lösung 3	3M KOAc•AcOH, pH 4,8; 4°C
QBT (Äquilibrierungs-) Puffer	50 mM MOPS; pH 7,0; 0,75 M NaCl, 15 Vol.-% Ethanol, 0,15 Gew.-% Triton X-100
QC (Wasch-) Puffer	50 mM MOPS; pH 7,0; 1M NaCl; 15 Vol.-% Ethanol
QF (Elutions-) Puffer	50 mM Tris•HCl; pH 8,5; 1,25 M NaCl, 15 Vol.-% Ethanol

Lösungen für den Southern-Blot	
Nicking-Lösung	0,25 M HCl
Denaturierungs-Lösung	0,5 M NaOH; 1,5 M NaCl
Neutralisierungs-Lösung	1M Tris•HCl; pH 7,4; 1,5 M NaCl
20× SSC	3M NaCl; 0,3 M Natriumcitrat; pH 7,0
Hybridisierungs-Lösung	5× SSC; 0,1 Gew.-% N-Laurylsarcosin, Na-Salz; 0,02 Gew.-% SDS, 1 Gew.-% Milchpulver
Waschlösung 1	2× SSC; 0,1 Gew.-% SDS
Waschlösung 2	0,1× SSC; 0,1 Gew.-% SDS
Detektionspuffer 1	100 mM Tris•HCl; pH 7,5; 150 mM NaCl
Detektionspuffer 2	0,5 Gew.-% Milchpulver in Detektionspuffer 1
Detektionspuffer 3	100 mM Tris•HCl; pH 9,5; 100 mM NaCl; 50 mM MgCl ₂
Detektionspuffer 4	10 mM Tris•HCl; pH 8,0; 1 mM EDTA
Färbelösung	45 µl NBT-Lösung (75mg/ml in 70 % DMF); 35 µl 5-Brom-4-Chlor-3-Indolyl-Phosphat (50 mg/ml in DMF) in 10 ml Detektionspuffer 3

Lösungen für die SPR	
HBS	10 mM HEPES pH 7,4, 150 mM NaCl, 3 mM EDTA, 0.005% v/v Surfactant P20
1M NaCl	63,5 g NaCl in 1 l H ₂ O
Bindungspuffer	50 mM Tris•HCl; pH 7,5; 0,1 M NaCl; 10 mM DTT, 0,1 mM EDTA
Regenerationslösung	0,05% SDS in HBS
Eluent-Puffer (Me-Chelat)	0,01 M HEPES; 0,15 M NaCl; 50 µM EDTA; pH 7,4
Nickel-Puffer	500 µM NiCl ₂ in Eluent-Puffer
Stripping-Puffer	10 mM HEPES, 0,15 M NaCl, 0,35 M EDTA, pH 8,3

Lösungen für die DNA-Markierung durch Fill-in	
dATP-Stammlösung	keine nähere Angabe
dCTP-Stammlösung	keine nähere Angabe
dGTP-Stammlösung	keine nähere Angabe
dTTP-Stammlösung	keine nähere Angabe
α -[³² P]-dATP-Stammlösung	40 MBq in 100 μ l, 3000 Ci/mmol spezifische Aktivität
Reaktionspuffer	keine nähere Angabe
Klenow-Enzym	1 unit / μ l in 50 mM K-Phosphat pH 6,5, 10mM 2-Mercaptoethanol, 50% Glycerin.

Lösungen für die Reinigung radioaktiv markierter DNA-Fragmente	
Puffer PN	enthält chaotrope Salze
Puffer PE (Konzentrat)	wird mit Ethanol rekonstituiert
Puffer EB	10 mM Tris•HCl, pH 8,5

Lösungen für die DNA-Extraktion aus Agarose-Gelen	
Lösung A1	enthält NaClO ₄ ; TBE-Solubilisierer und NaCl
Lösung A2	wird mit Ethanol rekonstituiert, enthält NaCl, EDTA und Tris•HCl
JETSORB Suspension	Glasmilch-Suspension mit einer Bindungskapazität von 7,5 μ g DNA / 10 μ l Suspension

Lösungen zur Isolation bakterieller chromosomaler DNA	
TE 20/1	20 mM Tris•HCl pH 7,5, 1mM EDTA
Lysozym-Stammlösung	5 mg/ml Lysozym
10 % SDS	10 g SDS in 100 ml H ₂ O
Phenol mit TE gesättigt	
Chloroform / Isoamylalkohol	4 Vol.-% Isoamylalkohol in Chloroform
5 M NaCl	317,5 g NaCl in 1 l H ₂ O

Lösungen zur EPS-Extraktion und zum Anthron-Test	
Suspensionslösung	0,7 % NaCl in deionisiertem Wasser
Anthron-Reagenz	200 mg Anthron in 100 ml konz. H ₂ SO ₄
Glucose-Stammlösung	10 mg/ml Glucose in deionisiertem Wasser

Lösungen für die Polymerase Kettenreaktion (PCR)	
10 × ThermoPol-Puffer	100 mM KCl; 20 mM Tris•HCl pH 8,8; 100 mM (NH ₄) ₂ SO ₄ ; 2 mM MgSO ₄ ; 1 % Triton X-100
Formamid-Stammlösung	100 % Formamid
MgSO ₄ -Stammlösung	100 mM MgSO ₄
Nukleotid-Mix	je 25 mM dATP, dTTP, dGTP, dCTP
Vent-Polymerase	1.000 units in 100 mM KCl; 10 mM Tris•HCl pH 7,4; 1 mM DTT; 0,1 mM EDTA; 0,1 % Triton X-100; 50 % Glycerin

Lösungen für die DNA-Sequenzierung	
5× Reaktionspuffer	200 mM Tris•HCl, pH 7,5; 100 mM MgCl ₂ , 250 mM NaCl
T7-Sequenase-Aufbewahrungspuffer	20 mM Natriumphosphatpuffer, pH 7,4; 1 mM DTT; 0,1 mM EDTA; 50 % Glycerin
Enzym Verdünnungspuffer	10 mM Tris•HCl, pH 7,5; 5 mM DTT
Labeling-Mix	7,5 μM dGTP; 7,4 μM dCTP; 7,5 μM dTTP
Terminations-Mix	alle vier Lösungen enthalten je 80 μM dATP, 80 μM dCTP, 80 μM dGTP, 80 μM dTTP und 50 mM NaCl. Zusätzlich enthält der „A“-Mix 8 μM ddATP, der „C“-Mix 8 μM ddCTP, der „G“-Mix 8 μM ddGTP und der „T“-Mix 8 μM ddTTP
Stop-Lösung	95 % Formamid; 20 mM EDTA; 0,05 % Bromphenolblau; 0,05 % Xylencyanol

Lösungen für die in-vitro-Protein-Phosphorylierung	
10× Phosphorylierungspuffer	500 mM Tris•HCl pH 7,0; 200 mM MgCl ₂ ; 1 mM DTT; 200 mM Acetylphosphat

Lösungen für die DNA-Elution aus Polyacrylamidgelen	
Elutionspuffer	50 mM Tris•HCl pH 7,4; 0,5 M Natriumacetat

Lösungen für die Digoxigenin-Markierung einzelsträngiger Oligonukleotid-Sonden	
5 × Reaktionspuffer	1 M Kaliumkacodylat; 125 mM Tris•HCl pH 6,6; 1,25 mg/ml BSA
CoCl ₂ -Lösung	25 mM CoCl ₂
DIG ddUTP-Stammlösung	100 mM DIG ddUTP
Terminale Transferase	25 Einheiten/μl in 200 mM Kaliumkacodylat; 200 mM KCl; 1 mM EDTA; 4 mM 2-Mercaptoethanol; 50 Vol.-% Glycerin; pH 6,5

Lösungen für DNA-Restriktionsverdaue	
10 × NEBuffer 1	100 mM Bis Tris Propan•HCl, pH 7,0; 100 mM MgCl ₂ ; 10 mM DTT
10 × NEBuffer 2	500 mM NaCl; 100 mM Tris•HCl , pH 7,9; 100 mM MgCl ₂ ; 10 mM DTT
10 × NEBuffer 3	1 M NaCl; 500 mM Tris•HCl, pH 7,9; 100 mM MgCl ₂ ; 10 mM DTT
10 × NEBuffer 4	500 mM NaOAc; 200 mM Tris•Acetat, pH 7,9; 100 mM MgCl ₂ ; 10 mM DTT
10 × <i>Eco</i> RI-Puffer	500 mM NaCl; 1 M Tris•HCl, pH 7,5; 100 mM MgCl ₂ ; 0,025 % Triton X-100
10 × <i>Bam</i> HI-Puffer	1,5 mM NaCl; 100 mM Tris•HCl, pH 7,9; 100 mM MgCl ₂ ; 10 mM DTT
100 × BSA-Stammlösung	10 mg/ml BSA

2.4. Primer für die PCR bzw. zur Rekonstitution von Promotorfragmenten

Primer	Sequenz	Restriktionsstelle
Pwz _{a485} -up	CGGGATCCGTCAACCTAAAGAAACTCCTAAAAACC	BamHI
Pwz _{a485} -low	CGGAATTCATCAATTTTCATTTTGGATTTCATCATTG	EcoRI
Pwz _{a72} -up	CGGGATCCGTCAACCTAAAGAAACTCCTAAAAACC	BamHI
Pwz _{a72} -low	CGGAATTCGGTAATTGGCTATTTTAAAG	EcoRI
Pwz _{a55} -up	CGGGATCCGTCAACCTAAAGAAACTCCTAAAAACC	BamHI
Pwz _{a55} -low	AAGAATTATATTAAGTGTCATTC	
Pwz _{a48} -up	CGGAATTCACCATATTGAATGACACTTAATA	EcoRI
Pwz _{a48} -low	GGTAATTGGCTATTTTAAAG	
Pwz _{a41} -up	CGGGATCCGTCAACCTAAAGAAACTCCTAAAAACC	BamHI
Pwz _{a41} -low	GTGTCATTCAATATGGTTTTTAGGAGTT	
Pwz _{a38} -up	CGGGATCCGTCAACCTAAAGAAACTCCTAAAAACC	BamHI
Pwz _{a38} -low	TCATTCAATATGGTTTTTAGGAGTTTCTTTAGG	
Pwz _{a27} -up	AACTCCTAAAAACCATATTGAATG	
Pwz _{a27} -low	TGTCATTCAATATGGTTTTTAGGAGTT	
Pwz _{a72} (G ₋₁₁₂)-up	CGGGATCCGTCAACCGAAAGAAACTCCTAAAA	BamHI
Pwz _{a72} (C ₋₁₁₀ T ₋₁₀₈ C ₋₁₀₆)-up	CGGGATCCGTCAACCTACATACACTCCTAAAA	BamHI
Pwz _{a72} (G ₋₁₀₉)-up	CGGGATCCGTCAACCTAAGGAAACTCCTAAAA	BamHI
Pwz _{a72} (G ₋₁₀₉ A ₋₁₀₈)-up	CGGGATCCGTCAACCTAAGAAAACCTCCTAAAA	BamHI
Pwz _{a72} (C ₋₉₈ C ₋₉₆)-up	CGGGATCCGTCAACCTAAAGAAACTCCTACAC	BamHI
Pwz _{a72} (G ₋₁₁₂ C ₋₁₀₉ T ₋₁₀₈ C ₋₁₀₇)-up	CGGGATCCGTCAACCGAACTCAACTCCTAAAA	BamHI
Pwz _{a72} (G ₋₉₁ C ₋₉₀)-up	CGGGATCCGTCAACCTAAAGAAACTCCTAAAA	BamHI
Pwz _{a72} (C ₋₇₀ G ₋₆₉ G ₋₆₈ A ₋₆₇)-low	ACCAGC GATT	BamHI EcoRI
P _{MW31} -up	CGCTGCAGAGATCTGTCAACCTAAAGAAACTCCTA AAA	PstI, BglII
P _{MW29} -up	GCAGATCTGTCAACCGAACTCAACTCCTAAAAACC ATATTGAATG	BglII
P _{MWΔ} -up	GCAGATCTACCATATTGAATGACACTTAATAT	BglII
P _{wza} rek-low	GCCTGCAGCTTTAAAGGTCAGTTCGTTCAACT	PstI
P _{tviA} -up	TTGTAACAGATTATTTCAAATACGATTAGGAATATTC	

Primer	Sequenz	Restriktionsstelle
<i>PtviA</i> -low	TGCTAAGCCATTCCTCAAAAATAAGAATATTCCTA	
<i>Pgalf</i> -up	GCTGAATAACCTGAACGAAAATAAGATTATTCTCA	
<i>Pgalf</i> -low	CCCCCTTTTACCAACAGTCAGAAGTGAGAATAAT	
<i>PrcsA</i> _{EC277} -up	CGGAATTCCATGTTATCCTAAGGATTATCCGAAAA AT	<i>EcoRI</i>
<i>PrcsA</i> _{EC277} -low	CATGGCATAACCCTCACTCAATGCG	
<i>PrcsA</i> _{EC34} -up	CATGTTATCCTAAGGATTATCCGAAAAAT	
<i>PrcsA</i> _{EC34} -low	GTATTATTTTTTCGGATAATCCTTAGGATA	
<i>PrcsA</i> _{ECM} -up	CGGAATTCCATGTTATCCTAATTCTTATCCGAAAA TAATAC	<i>EcoRI</i>
<i>PrcsA</i> _{ECM} -low	CATGGCATAACCCTCACTCAATGCG	
<i>PrcsA</i> _{KP} -up	TCATTTGAAGTAAGGAAATTCTG	
<i>PrcsA</i> _{KP} -low	TACTTTCAGAATTTCTTACTTC	
<i>PrcsA</i> _{EA} -up	TGGCTAAATTTAAGAATAGTCCTATC	
<i>PrcsA</i> _{EA} -low	CAATGATAGGACTATTCTTAAATTT	
<i>PrcsA</i> _{ST} -up	CCTGTTTTACTAAGGTTTATCCG	
<i>PrcsA</i> _{ST} -low	TATTTTCGGATAAACCTTAGTAAAACAGG	
<i>PrcsA</i> _{WT} -up	CGGGATTCCGCATTAATATAATTCCGTAACGTTTAT CATG	<i>BamHI</i>
<i>PrcsA</i> _{WT} -low	CGAAGCTTTTAGCGCATGTTGACAAAAATACCATT AGTC	<i>HindIII</i>
<i>PrcsA</i> _{M4} -up	CCGAATTCTTATCCGAAAAATAATACCTACGAAC	<i>EcoRI</i>
<i>PrcsA</i> _{M4} -low	CCGAATTCGGATAACATGATAAACGTTACGGA	<i>EcoRI</i>
<i>Pfha</i> -up	AGGGTTTGATGGTTTGACTAAGAAATTTCTTACA	
<i>Pfha</i> -low	ATATTTATAACAAGACTTGTAGGAAATTTCTTAGT	
<i>PbvgA</i> _{BP} -up	GGGTGCCAGCGCAGGAATTCAGACTTTTCCTAT	
<i>PbvgA</i> _{BP} -low	CAGTATCCTATAACAAAATAGGAAAAGTCTGAA	
<i>PbvgA</i> _{BA} -up	GGGCGCCAGCGCGGGAATTCAGAATTTTCCTAT	
<i>PbvgA</i> _{BA} -low	CGGTATCCTACGCCAAAATAGGAAAATTCTGAA	
<i>PamsG</i> ₁₈₃ -up	CGGAATTCCTTGCAAAGCTATTTTCATGC	<i>EcoRI</i>
<i>PamsG</i> ₁₈₃ -low	GCGGATCCCACCTACCCCTCGTTTTAGC	<i>BamHI</i>
<i>PamsG</i> ₂₈ -up	TATATTGAGAATAATCTTAATTTGAGT	
<i>PamsG</i> ₂₈ -low	TTTTACTCAAATAAGATTATTCTCAATATA	
<i>PamsG</i> ₂₃ -up	TATATTGAGAATAATCTTAATTT	
<i>PamsG</i> ₂₃ -low	AAATTAAGATTATTCTC	
<i>PamsG</i> ₂₃ (A ₁ C ₂ T ₄ G ₅ C ₈)-up	ACTTGTGCGAATAATCTTAATTT	
<i>PamsG</i> ₂₃ (A ₁	AAATTAAGATTATTCTC	

Primer	Sequenz	Restriktionsstelle
C ₂ T ₄ G ₅ C ₈)-low	AAATTAAGATTATTCGC	
<i>PamsG</i> ₂₃ (G ₂₀)		
G ₂₁ C ₂₂ A ₂₃)-up	TATATTGAGAATAATCTTAGGCA	
<i>PamsG</i> ₂₃ (G ₂₀)		
G ₂₁ C ₂₂ A ₂₃)-low	TGCCTAAGATTATTCTC	
<i>PamsG</i> ₂₃		
(G ₁₈)-up	TATATTGAGAATAATCTGAATTT	
<i>PamsG</i> ₂₃		
(G ₁₈)-low	AAATTAACATTATTCTC	
<i>PamsG</i> ₂₃		
(A ₁₇ G ₁₈)-up	TATATTGAGAATAATCAGAATTT	
<i>PamsG</i> ₂₃		
(A ₁₇ G ₁₈)-low	AAATTCTGATTATTCTC	
<i>PamsG</i> ₂₃		
(Konsensus)-up	ACTTGTGCGAATAATCTGAGGCA	
<i>PamsG</i> ₂₃		
(Konsensus)-low	TGCCTCAGATTATTCGC	
<i>PcpsA</i> -up	AACATGGAATAAATCTGATTTTTCTCTT	
<i>PcpsA</i> -low	AAGAGAAAAATCAGATTTATTCC	
<i>PcpsA</i>		
(G ₉)-up	CAACATGGGATAAATCTGATTTTT	
<i>PcpsA</i>		
(G ₉)-low	TTAAAAATCAGATTTATCCCATGTTG	
<i>RcsA</i> _{PS} -up	GGGGATCCATGCCAACGATTATTATGGATTCC	<i>Bam</i> HI
<i>RcsA</i> _{PS} -low	GGAAGCTTCTATCTTACGTTACGTAAATACCAG	<i>Hind</i> III
<i>PwcaA</i> -up	CGGAATTCTAACGACGCCTGCATTCGCACCGC	<i>Eco</i> RI
<i>PwcaA</i> -low	CGGAATTCCATAGGTTGTTCTCCCGGGCTTATG	<i>Eco</i> RI
<i>PmanB</i> -up	CGGAATTCTAAACGTCGCATCAGGCAATG	<i>Eco</i> RI
<i>PmanB</i> -low	CGGAATTCCATATCGTTACCCTTTTTTCAGGC	<i>Eco</i> RI
<i>PwcaK</i> -up	CGGAATTCTGAGTTGCTGTTTTTCGGTTCCGAC	<i>Eco</i> RI
<i>PwcaK</i> -low	CGGAATTCCATTTTTTCCTCATAAATTTGATG	<i>Eco</i> RI
<i>PamsH</i> -up	CGGAATTCAACGAGGGAGCGAAGGATAGTG	<i>Eco</i> RI
<i>PamsH</i> -low	CGGAATTCTCTGGTTCATCGTCATCGGTAATTTG	<i>Eco</i> RI
<i>PamsB</i> -up	CGGAATTCCTAGCTGCCGTGCGGAACCTTTTG	<i>Eco</i> RI
<i>PamsB</i> -low	CGGAATTCTATGCAGGTATGACAACCGAAAAG	<i>Eco</i> RI
<i>PamsD</i> -up	CGGAATTCTTAGCTGACTGGATAAAAGGTCGTG	<i>Eco</i> RI
<i>PamsD</i> -low	CGGAATTCATCAATAAGGATTAACAACCTTGTAC	<i>Eco</i> RI
<i>PamsF</i> -up	CGGAATTCACAAGAATCATTATTCTACATATGAAC	<i>Eco</i> RI

Primer	Sequenz	Restriktionsstelle
<i>PamsF</i> -low	CGGAATTCAGCGCCGCTGTTGCCACGATAG	<i>EcoRI</i>
<i>PamsJ</i> -up	CGGAATTCCTGATGACTGGCGGGATCATTCCC	<i>EcoRI</i>
<i>PamsJ</i> -low	CGGAATTCCCGCATGTGTGATTGCCAACTCCA	<i>EcoRI</i>
<i>RcsB</i> ₁₀ -up	CGGTCGACCATCCTATTGTTCTGTTTCGGCA	<i>SalI</i>
<i>RcsB</i> ₁₀ -low	CGGTCGACGGCAATAATGACATTCAGATTA	<i>SalI</i>
<i>RcsB</i> ₁₁ -up	CGCACTAGTTCTGTTTCGGCATTTCGTAAGTCACTCG	<i>SpeI</i>
<i>RcsB</i> ₁₁ -low	CGCACTAGTGGATGGGCGTCGGCAATAATGACAT TCAGATTATTC	<i>SpeI</i>
<i>RcsB</i> ₅₆ -up	GCACCGGTCTTTCGATGCCTGGCGAAAAATACGG	<i>AgeI</i>
<i>RcsB</i> ₅₆ -low	GCACCGGTGACCAGCACGTTAGCATCGAGTTTGG	<i>AgeI</i>
<i>SelA</i> -up	GCAAGCTTAAATTAAGATTATTCTCAANNNNACG GCCAGTGAGCGCGCGTAATACG	<i>HindIII</i>
<i>SelB</i> -up	CGAAGCTTAAATTAAGATTATTCNNNNNTATAACG GCCAGTGAGCGCGCGTAATACG	<i>HindIII</i>
<i>SelC</i> -up	GCAAGCTTAAATTAAGATTANNNTCAATATAACG GCCAGTGAGCGCGCGTAATACG	<i>HindIII</i>
<i>SelD</i> -up	CGCTGCAGCGGTATATTGAGAANNNNCTTAATTT GGCGAGTTACAGTATCCCCCATGTTG	<i>PstI</i>
<i>SelE</i> -up	CGCTGCAGCGGTATATTGAGAATAATNNNNATTTG GCGAGTTACATGATCCCCCATGTTG	<i>PstI</i>
<i>SelF</i> -up	CGCTGCAGCGGTATATTGAGAATAATCTTANNNNG GCGAGTTACATGATCCCCCATGTTG	<i>PstI</i>
<i>SelABC</i> -up	CCGAATTCCTGCAGCCCGGG	<i>EcoRI</i>
<i>SelABC</i> -low	GCAAGCTTAAATTAAGATTA	<i>HindIII</i>
<i>SelDEF</i> -up	CGCTGCAGCGGTATATTGAGAA	<i>PstI</i>
<i>SelDEF</i> -low	CGGGATCCCACTATTCTCAGAATGACTTGGTGG	<i>BamHI</i>