

9 Sequenzen

9.1 *atPSD1 cDNA*

```

CGGTCACTGGCGCTCACTGACTTCGTCTTCCTCCATCTCCGATCCATTGGTTTAACAAGC
1 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 60

1                                     M G N G N S T E T K E 11
GCGTGAGGGCCAGATAGACCGAGAATCATGGGGAAACGGAAACTCAACGGAGACGAAAGAG
61 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 120

S R R S K M R K K I Q N F R S R R R L S 31
TCGCGCCGATCAAAGATGCGTAAGAAGATTCAAACTTTTCGCAGCCGCCGCGTCTTAGT
121 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 180

R P G S G S V S G L A S Q R S V S A D D 51
CGTCCAGGATCCGGAAGCGTCTCTGGATTGGCTAGTCAGAGATCTGTGAGCGCAGATGAT
181 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 240

F A G I A L L T L I G A E M K F K D K W 71
TTCGCCGGCATTGCTCTTCTCACTCTTATCGGCGCGGAGATGAAGTTCAAGGACAAGTGG
241 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 300

L A C V S F G E Q T F R S E I S D S T E 91
CTCGCCTGTGTTTCCTTCGGGGAACAACTTTCCGTTTCGGAAATTCAGATTCCACAGAG
301 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 360

K P I W N S E K K L L L E K N G P S L A 111
AAGCCGATTTGGAACCTCGGAAAAGAAGCTTCTCCTGGAGAAAAATGGACCAAGTCTGGCT
361 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 420

R I S V F E T N R L L K N N I V G Y C E 131
AGAATCTCTGTATTTGAGACCAATAGACTCTTGAAGAACAATATCGTTGGTTATTGTGAG
421 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 480

L D L L D F V V Q E P D S T C K S F D L 151
CTTGATCTACTTGATTTCGTAGTACAGGAACCTGACTCTACTTGCAAGTCATTTGACCTG
481 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 540

L D P A S S N V V G S M F V S C S V E D 171
TTAGACCCGGCCTCATCTAACGTTGTTGGCAGCATGTTTGTTCATGCTCCGTTGAGGAT
541 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 600

P V E T E T C F A K R I L S I V D Y D E 191
CCTGTTGAAACCGAGACATGTTTCGCGAAGCGTATTTTGTCATAGTGGATTATGACGAA
601 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 660

D G K L S F S E F S D L M N A F G N V V 211
GATGGAAAACCTCTCATTCTCAGAGTTCTCTGATCTGATGAATGCTTTTGGGAATGTAGTG
661 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 720

A A N K K E E L F K A A D L N G D G V V 231
GCTGCTAACAAGAAAGAGGAGTTGTTCAAAGCCGCTGACCTGAATGGGGATGGTGTGTT
721 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 780

T I D E L A A L L A V Q Q E Q E P I I N 251
ACAATTGATGAGTTGGCTGCACTTCTTGCCGTTCAACAGGAACAGGAGCCAATTATAAAT
781 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 840

```

```

      S C P V C G E A L Q L D K L N A M I H M      271
      AGTTGTCCGGTTTGCGGTGAGGCTCTTCAACTTGACAAGCTCAATGCAATGATCCATATG
841 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 900

      T L C F D E G T G N Q M T G G F L T D R      291
      ACTCTCTGTTTTGACGAAGGAAGTGGTAATCAAATGACCGGAGGGTTCTTGACTGATAGG
901 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 960

      Q A S Y G M F K L S E W T H L S T Y D V      311
      CAGGCTTCATATGGGATGTTCAAACAAAGTGAATGGACTCATCTATCAACTTATGATGTT
961 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 1020

      G L N T G S S A S H I V V I D R K T K R      331
      GGTGTTGAATACTGGTTCAAGTGCTTCACATATTGTGGTGATTGATAGAAAGACTAAGAGG
1021 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 1080

      L V K E L I D S K I V M S M R A I Y Q S      351
      CTCGTGAAAGAGTTGATTGATTCAAAGATTGTTATGTCTATGAGAGCTATTTACCAGTCA
1081 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 1140

      K I G L R V M D Q G A K E I L Q X L S E      371
      AAAATAGGACTCCGGGTTATGGACCAAGGAGCAAAAGAGATTTTGCAGANCCTTTCTGAG
1141 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 1200

1: K Q G K K M N S V E S A Q N I P S F L E      391
   AAACAGGGGAAAAAATGAACTCAGTTGAATCTGCCCAAAATATTCCCAGCTTTCTCGAG
1201 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 1260

      F F K D Q I N M A E V K Y P L D H F K T      411
      TTTTTCAGGATCAAATAAACATGGCCGAAGTCAAGTATCCTCTGGACCATTTTAAGACG
1261 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 1320

      F N E F F V R E L K P G A R P I A C M D      431
      TTCAATGAATTCTTCGTACGGGAGTTAAAGCCTGGTGCAAGACCAATTGCGTGCAATGGAT
1321 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 1380

      Q D D V A V S A A D C R L M A F Q S V D      451
      CAGGATGATGTTGCTGTATCTGCTGCTGATTGTGCGATTAATGGCATTTCATCGGTTGAT
1381 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 1440

      D S T R F W I K G R K F S I K G L L G N      471
      GATAGCACACGGTTCTGGATCAAGGGCCGTAAGTTTTCAATCAAAGGCCTCCTTGAAAT
1441 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 1500

      D V Q S D A F L D G S L V I F R L A P Q      491
      GATGTGCAGTCGGATGCTTTCCCTTGATGGATCTTTGGTGATATTCCGATTGGCGCCACAG
1501 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 1560

      D Y H R F H S P V S G V I E K F V N V S      511
      GACTATCATCGTTTTTCATTCTCCTGTCTCTGGTGTCATTGAAAAGTTTGTCATATGTTTCT
1561 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 1620

      G S L Y T V N P I A V N S K Y C N V F T      531
      GGAAGCTTATATACGGTTAATCCGATTGCTGTCAATAGCAAGTACTGTAATGTGTTCACT
1621 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 1680

      E N K R T I V I I S T A E F G K V A F V      551
      GAGAATAAACGGACCATCGTAATTATATCAACAGCAGAGTTTGGAAGGTCGCATTTGTT
1681 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 1740

      A I G A T M V G S I S F V R Q E G D H V      571
      GCGATTGGAGCAACAATGGTTGGTAGTATCAGCTTTGTTAGGCAAGAGGGAGACCATGTG
1741 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 1800

```

```

      K K G D E L G Y F S F G G S T V I C V F 591
      AAGAAAGGGGACGAGCTTGGTTACTTTTCATTTGGTGAAGCACAGTTATATGCGTCTTT
1801 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 1860

      E K D S I K I D E D L L A N S A R S L E 611
      GAAAAGGACTCGATTAAAGATTGATGAGGATCTCTTAGCTAACAGTGCTAGGTCCTTGGAG
1861 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 1920

      T L V T V G M Q L G V S F P K L E N C V 631
      ACATTAGTTACTGTTGGAATGCAACTTGGTGTCTCCTTTCCAAARCTGGAAAACTGTGTA
1921 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 1980

      L E P * 634
      CTTGAGCCCTGAAGTCTTCAAACATATGTGAGTTAGTACGAAACGACAGATGATTTTCTA
1981 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 2040

      TGGTTTGGTTTGATTTGATTTAGTTTTCACTTTTCATCAAGAAAGAACTCAATTCCTCTC
2041 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 2100

      TGTTTAATACACAATGACTTTGCTCTGTATATATAAACACCAGTATGTCCCGGGCAGTGA
2101 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 2160

      TACTTGTTAATGTTTACGGTATTTTCGCTTTTTTTGTTGAGTGTTTTTCCTAGGTGACAAT
2161 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 2220

      TTTACATGCAAATAAGGTTA
2221 -----!-----! 2240

```

9.2 *atPSD2 cDNA*

```

      M G N G N S R E A K E S R R S R L R H K 20
      ATGGGAAACGGAACTCAAGGGAGGCTAAGGAATCGAGACGGTCAAGGCTACGACATAAG
1 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 60

      L Q K F R I H R R H L R S S R N S A G M 40
      CTACAAAAGTTTTCGCATTACCGTCGTCATCTTCGTAGTTCTCGAAACTCGGCAGGAATG
61 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 120

      V I Q R T V S A E D F S G I A L L T L I 60
      GTGATACAACGAAGTGTTCGCGCGAGGATTTCTCCGGCATTGCGCTTCTCACTCTCATT
121 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 180

      G A E M K F K D K W L A C V S F G E Q T 80
      GGCGCGGAAATGAAGTTTAAGGACAAGTGGCTCGCTTGTTGTTTCTTTCCGTGAACAGACT
181 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 240

      F R T E I S D T T Q K P I W N S E K K L 100
      TTCAGAACTGAAATCTCAGATACTACACAGAAGCCAATTTGGAAGTCAAGAGAAGAAGCTT
241 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 300

      L L E K N G P S L A R V S V F E T N R V 120
      TTGTTGGAGAAAAATGGACCAAGTCTTGCTAGGGTCTCAGTATTTGAGACCAATAGGGTA
301 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 360

      A R N K I I G Y C E L D I F D F V V Q E 140
      GCGAGGAACAAAATCATCGGTTATTGTGAGCTTGATATATTGATTTTGTAGTGCAGGAA
361 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 420

      P E S T C K S F N L L D P T S S N V V G 160
      CCCGAGTCGACTTGTAAGTCATTTAACTTGTTAGATCCACATCATCCAATGTTGTTGGC
421 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 480

```

```

S I F L S C A I E D P V E T E R R F A K 180
TCCATTTTCTTTCTTGCCTATTGAGGATCCTGTTGAAACTGAGAGGCGGTTTGCAAAG
481 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 540

R I L S I V D Y N E D G Q L S F S E F S 200
CGTATCTTGTCCATAGTGGACTACAATGAAGATGGACAACTCTCGTTTTCGGAGTTCTCT
541 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 600

D L I K A F G N L V A A N K K E E L F K 220
GATCTAATAAAGGCTTTTGGAACTTAGTGGCTGCGAACAAGAAAAGAGGAGTTGTTTAAA
601 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 660

A A D L N G D G V V T I D E L A A L L A 240
GCTGCTGACCTGAATGGGGACGGTGTGTGACGATTGACGAGTTAGCTGCGCTTCTTGCT
661 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 720

L Q Q E Q E P I I N N C P V C G E A L Q 260
CTTCAACAAGAACAAGAGCCAATTATAAACAATTGTCCGGTGTGTGGTGAGGCTCTTCAG
721 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 780

V S D K L N A M I H M T L C F D E G T G 280
GTCTCTGACAAGCTCAACGCGATGATTCATATGACTCTTTGTTTTGACGAAGGAACGGGT
781 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 840

N Q V M T G G F L T D R Q A S Y G W M F 300
AATCAAGTGATGACCGGAGGGTTTTTGTACTGATAGACAAGCTTCTTATGGATGGATGTTT
841 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 900

K L S E W T H L S T Y D V G L N T G S S 320
AAACTAAGTGAATGGACACACTTATCAACTTATGACGTTGGTTTGAATACTGGTTCAAGT
901 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 960

A S Y I V V I D R K S K R L V E E L I D 340
GCTTCATATATTGTGGTAATTGACCGGAAGAGTAAAAGACTTGTGGAAGAGTTGATTGAT
961 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 1020

S K I V L S M R A I Y Q S K I G L R L M 360
TCAAAGATTGTTCTGTCCATGAGAGCTATTTACCAGTCAAAAATTGGACTAAGACTTATG
1021 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 1080

D Q G A K E I L Q R L S E K Q G K K M S 380
GATCAAGGGGCAAAGGAGATTCTGCAGAGACTTTCTGAGAAGCAGGGGAAGAAAATGAGC
1081 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 1140

S V E S A Q K I P R F L E F F K G Q I N 400
TCAGTTGAATCCGCACAAAAAATACCACGCTTTCTCGAGTTCTTTAAGGGTCAAATAAAC
1141 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 1200

M A E V K Y P L Q H F K T F N E F F I R 420
ATGGCTGAAGTCAAGTATCCTCTGCAGCATTTTAAGACGTTCAATGAGTTCTTTATCCGA
1201 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 1260

E L K P G A R P I A C M N R N D V A V C 440
GAGTTGAAACCTGGTGCAAGACCAATTGCTTGATGAACCGCAATGATGTTGCTGTATGT
1261 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 1320

A A D C R L M A F Q S V E D S T R F W I 460
GCCGCTGATTGTCGATTAATGGCATTTTCTGAGTGGTGAAGATAGTACCAGATTCTGGATC
1321 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 1380

K G K K F S I R G L L G K N V N P N A F 480
AAGGGCAAAAAGTTTTCAATAAGAGGCCTCCTTGGGAAGAATGTGAATCCAAATGCCTTC
1381 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 1440

```

```

      L D G S L V I F R L A P Q D Y H R F H V 500
      CTTGATGGATCTTTGGTTATATTCAGACTAGCACACAGGATTATCATCGGTTTTCATGTC
1441 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 1500

      P V S G V I E Q F V D V S G S L Y T V N 520
      CCTGTCTCTGGAGTCATTGAACAGTTTGTGGATGTTTCTGGAAGCTTATATACAGTTAAT
1501 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 1560

      P I A V N S K Y C N V F T E N K R T V A 540
      CCAATTGCGGTCAATAGCAAGTACTGTAATGTATTACGGAATAAAACGAACCGTTGCA
1561 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 1620

      I I S T A E F G K V A F V A I G A T M V 560
      ATTATATCAACAGCAGAATTTGGAAAGGTTGCTTTTGTGCAATCGGTGCAACAATGGTT
1621 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 1680

      G S I N F V R K E G E H V K K G D E L G 580
      GGTAGCATAAATTTTGTAGAAAGGAAGGAGAGCATGTGAAGAAAGGAGATGAACTTGGT
1681 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 1740

      Y F S F G G S T V I C V F E K D A I G I 600
      TATTTTTCGTTTGGTGGAAAGCACAGTTATATGTGTCTTTGAAAAGGACGCGATCGGGATC
1741 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 1800

      D N D L L V N S G R S L E T L V S V G M 620
      GATAATGATCTCTTGGTTAACAGTGGTAGGTCTTTAGAGACATTAGTGAGTGTGGAATG
1801 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 1860

      Q L G V S T R T F A R S T L I * 635
      CAATTAGGTGTCTCCACAAGGACATTTGCTAGGTCTACATTGATCTGA
1861 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 1908

```

9.3 *atPSD3* cDNA

```

                                     M K P R F P Q N 8
      GAGCAAAGGCGGTGTCACTGCCACCGGAAAGACGCCATGAAACCTCGTTTTCTCAAAAT
1 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 60

      V Y F L A R Y S Y L R R F Q H S Q R R T 28
      GTCTATTTTTTGGCTCGCTATTTCATATCTCCGCCGCTTTCAGCATAGTCAACGTCGAACC
61 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 120

      F S S F L N N I R S N Y S G A R A S P L 48
      TTCAGCTCTTTTCTCAACAATATCCGTTTCAATTATTCGGTGCTCGTGCTTCGCCTCTC
121 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 180

      G G S S G A G A G A G G G G T G D S K G 68
      GGCGGCAGCAGCGGAGCCGGAGCCGGAGCCGGAGGAGGTGGAACCGGAGATTCCAAAGGC
181 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 240

      N A F L V P G A T M A T I L M L G A L H 88
      AATGCTTTTCTTGTGCCCGGAGCAACAATGGCTACTATCCTTATGCTTGGAGCTCTTCAT
241 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 300

      A R R L Y E D K K I E E K R E K G I E L 108
      GCTCGCCGCTCTATGAAGACAAGAAGATCGAAGAGAAACGGGAGAAGGAATCGAACTT
301 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 360

      E F H P D I K A S F L G V L P L R S I S 128
      GAGTTCCACCCAGATATCAAAGCCTCGTTTCTTGGAGTTCTGCCTCTGCGATCAATCTCA
361 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 420

```

```

R A W G S F M S L E I P V W M R P Y A Y 148
AGAGCTTGGGGCTCCTTTATGAGTCTGGAAATTCCGGTGTGGATGCGTCCATATGCTTAT
421 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 480

K A W A R A F H S N L E E A A L P L E E 168
AAAGCCTGGGCTCGAGCTTTCCATTCAAATCTTGAAGAAGCAGCTCTGCCTCTTGAAGAA
481 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 540

Y T S L Q D F F V R S L K E G C R P I D 188
TATACTTCATTGCAGGATTTCTTTGTTTCGTAGCTTGAAAGAAGGTTGCAGGCCTATCGAC
541 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 600

P D P C C L V S P V D G T V L R F G E L 208
CCTGATCCTTGTGTCTGGTTAGTCCTGTGGATGGCACCGTTCTAAGGTTTGGGGAGTTA
601 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 660

K G N R G M I E Q V K G H S Y S V P A L 228
AAAGGGAATAGAGGGATGATCGAGCAAGTTAAAGGACATTCTTACTCGGTACCAGCTCTT
661 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 720

L G N N S L L P M E P E G K N E S K E E 248
CTAGGAAATAACTCTCTGCTTCCCATGGAACCTGAAGGTAAGAATGAGTCTAAGGAAGAA
721 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 780

A V G D K S D K S W L R V S L A S P K L 268
GCTGTTGGAGATAAGAGCGACAAATCTTGGTTGAGAGTCTCTTTGGCATCTCCAAAATTA
781 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 840

R E N V S A S P M K G L Y Y C V I Y L K 288
CGGGAGAACGTCTCAGCCAGTCCAATGAAGGGGCTCTATTATTGTGTAATATACCTAAAA
841 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 900

P G D Y H R I H S P A D W N A T V R R H 308
CCAGGGGATTATCATCGAATACACTCTCCGGCTGACTGGAATGCAACTGTTTCGTCGACAC
901 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 960

F A G R L F P V N E R A T R T I R N L Y 328
TTTGCAGGCCGGTTGTTTCCTGTGAACGAGCGTGCTACAAGAACGATAAGGAATCTCTAT
961 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 1020

V E N E R V V L E G I W K E G F M A L A 348
GTCGAGAATGAAAGGGTTGTGCTAGAAGGGATATGGAAGAAGGTTTTATGGCACTTGCT
1021 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 1080

A V G A T N I G S I E L F I E P E L R T 368
GCTGTAGGCGCGACCAACATTGGATCCATTGAGCTTTTCATTGAACCTGAGCTAAGAACA
1081 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 1140

N K P K K K L F P T E P P E E R V Y D P 388
AACAAGCCAAAGAAGAAGCTATTTCTACAGAGCCACCAGAGGAGCGGGTGTATGATCCA
1141 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 1200

E G L G L R L E K G K E V A V F N M G S 408
GAAGGTCTTGGCTTAAGGCTCGAGAAGGGGAAAGAGGTAGCTGTATTCAACATGGGATCA
1201 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 1260

T V V L I F Q A P T A N T P E G S S S S 428
ACCGTAGTGCTCATTTTTCAAGCACCAACCGCAAACACACCCGAGGGTTCAAGCAGTTCT
1261 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 1320

S D Y R F C V K Q G D R V R V G Q A L G 448
TCAGATTACAGATTCTGTGTCAAACAAGGAGACAGAGTCCGCGTTGGACAAGCATTGGGA
1321 -----!-----!-----!-----!-----!-----! 1380

```

R W K E E *

1381 AGATGGAAAGAGGAATGAGTACATGGCGTTATGCACTAACAACATATACCACACTGTTGT 1440

1441 TTTTCTTTTGTTAGATCTGACCAAATCTTCAATCAGTTATTAAAATTATTTATGCATGTC 1500

1501 TCTACTTGAGAGTCGAGGCTACTTATAAACAGATTTTGTAATTGCCCTAATCCTACCTAT 1560

1561 TGAATCCCATATCTA 1575

10 Abkürzungsverzeichnis

Abb.	Abbildung
BCIP	5-Bromo-4-Chloro-3-Indolyl Phosphat
BLAST	<i>Basic Local Alignment Search Tool</i> (Computeranwendung zum Vergleichen von Sequenzdaten)
BSA	Rinderserumalbumin
CaMV	<i>Cauliflower Mosaic Virus</i>
cDNA	<i>complementary</i> DNA (durch reverse Transkription aus RNA erhaltene, komplementäre DNA)
CDP-Star	diSodium 2-chloro-5-(4-methoxyspiro[1,2-dioxetane-3,2'-(5'-chloro) - tricyclo[3.3.1.1 ^{3,7}]decan]-4yl)phenyl phosphat (Chemoluminiszenzreagenz)
CTAB	Hexadecyltrimethyl-ammonium Bromide (Kationisches, chaotropes Detergenz)
DC	Dünnschichtchromatographie
dCTP	Deoxycytidintriphosphat
DEPC	Diethylpyrocarbonat
DGDG	Digalactosyldiacylglycerol
DIG-dUTP	Digoxygenin-markiertes Deoxyuraciltriphosphat
dNTP	Desoxyribonukleosid-Triphosphat
dTTP	Deoxythymidintriphosphat
EDTA	Ethylendiamintetraessigsäure Natriumsalz
EST	<i>Expressed Sequence Tags</i>
GFP	<i>Green Fluorescent Protein</i>
Hz	Herz
IPTG	Isopropyl- β -D-thiogalactopyranosid
LB	Luria Bertani Medium (Wachstumsmedium für <i>E. coli</i>)
MEN	Puffer aus 4,19 g/l MOPS-NaOH; 0,41g/l Natriumacetat; 0,372g/l EDTA pH 7
MGDG	Monogalactosyldiacylglycerol
MS	Murashige – Skoog-salzhaltiges Wachstumsmedium für <i>A. thaliana</i>
NBT	<i>Nitro Blue Tetrazolium Chloride</i> (Substrat zur Immunodetektion)
NBY	Wachstumsmedium für <i>E. coli</i>
NCBI	<i>National Center for Biotechnology Information</i>
Nickel-NTA	<i>Nickel-Nitrilotriacetic acid</i>
OD	Optische Dichte
ORF	<i>Open Reading Frame</i>
PC	Phosphatidylcholin
PCR	<i>Polymerase Chain Reaction</i> (Verfahren zur Amplifikation spezifischer DNA-Fragmente)
PE	Phosphatidylethanolamin
PMP	paramagnetische Partikel zur mRNA-Isolation

PMT	Photomultiplier Tube (Bestandteil des konfokalen Laserscanning Mikroskops)
PS	Phosphatidylserin
PSD	Phosphatidylserin Decarboxylase
psi	<i>Pounds per square inch</i>
PSL	Photostimulierte Luminiszenz (Maß bei der Autoradiographie mit dem Phosphorimager)
px	Pixel
RACE	<i>Rapid Amplification of cDNA Ends</i> (Verfahren zur Vervollständigung von cDNA)
RT-PCR	<i>Real Time Polymerase Chain Reaction</i> (Verfahren zur mRNA Quantifizierung)
SDS	Natriumdodecylsulfat
SSC	Puffer aus 87,65 g/l Natriumchlorid; 44,1 g/l Natriumcitrat pH 7,0
TA-Vektor	linearisiertes Plasmid mit ungepaarten Thymidinresten an den Enden
TBE	Puffer aus 45 mM Tris-Borat, 1 mM EDTA, pH 8
TBS	Puffer aus 10 mM Tris, pH 7,4; 0,9 % NaCl, 1 % BSA
TBSTXSB	Puffer aus 10 mM Tris, pH 7,4; 0,9 % NaCl, 0,1 % BSA, 0,1 % Triton X-100, 0,05 % SDS
T-DNA	in das Genom nach Transformation eingebautes DNA-Fragment
TEMED	1,2-Bis-Dimethylaminoethan
T _m	Schmelztemperatur des Oligonukleotids
TNE	Puffer aus 0,01 M Tris-HCl, pH 8, 0,1 M NaCl, 1 mM EDTA, pH 8
UPM	<i>Universal Primer Mix</i> (universelles Oligonukleotidgemisch für die RACE)
URA3	Selektionsmarker von <i>S. cerevisiae</i>
v/v	<i>volume per volume</i> (Prozent bezogen auf Volumen pro Volumen)
Vol	Volumen
w/v	<i>weight per volume</i> (Prozent bezogen auf Gewicht pro Volumen)
wt	Wildtyp
X-Gal	5-bromo-4-chloro-3-indolyl-beta-D-galactopyranosid
YPD	Wachstumsmedium für <i>S. cerevisiae</i>
YT	Wachstumsmedium für <i>E. coli</i>
Z6	Puffer aus 20 mM MES-NaOH, pH 7, 20 mM EDTA, 8 M Guanidinium-HCl