#### 2.1 Material

## 2.1.1 Chemikalien und sonstige Materialien

L-Adenin Hemisulfat Sigma-Aldrich (Steinheim)

AgarRoth (Karlsruhe)Agarose (SeaCem)BMA (Rockland, USA)ε-Amino-n-caproic acidSigma-Aldrich (Steinheim)

Ammoniumperoxodisulfat (APS) Roth (Karlsruhe)

L-Arginin-HCl Sigma-Aldrich (Steinheim)

Bacto Proteose Peptone Nr.3 Difco (Sparks, USA)
Bromphenolblau Sigma-Aldrich (Steinheim)

Calciumchlorid-2 hydrat Riedel-deHaien (Seelze)
Casein Hydrolysat (Bactotrypton) Roth (Karlsruhe)

Chromatographie Papier Chr 1 MM und 3MM Whatman (Maidstone, GB)

Coomassie Brillant Blue R250

Cumarsäure (4-Hydroxy-zimtsäure)

Dimethyl Pyrocarbonat (DMPC)

Sigma-Aldrich (Steinheim)

Dimethyl Pyrocarbonat (DMPC)

Dimethylsulfoxid (DMSO)

Sigma-Aldrich (Steinheim)

Roth (Karlsruhe)

dNTP Mix (je 2 mM)

EDTA

MBI Fermentas (Vilnius, Litauen)

Merck (Darmstadt)

Eisessig Merck (Darmstadt)
Elektroporationsküvetten, 1mm, 2mm Biorad (München)
Essigsäure Merck (Darmstadt)
Ethanol Merck (Darmstadt)

Ethidiumbromid Sigma-Aldrich (Steinheim)

Fertiglösung für Proteintest nach Bradford Biorad (München)

Formaldehyd Roth (Karlsruhe)
Formamid Roth (Karlsruhe)

Glucose-Monohydrat Merck (Darmstadt)
Glycerol Roth (Dramstadt)
Gossypol Sigma (Deisenhofen)

HABP Nitrocellulose-Filter Millipore (Eschborn)
Hefeextrakt Difco (Sparks, USA)
Hepes Roth (Karlsruhe)

Heringssperma-DNA Sigma-Aldrich (Steinheim)

L-Histidin-HCl Monohydrat Sigma-Aldrich (Steinheim)

L-Histidin-HCl Monohydrat Sigma-Aldrich (Steinheim)
BioMax Light Film Kodak

L-Isoleucin Sigma-Aldrich (Steinheim)
Isopropanol Merck (Darmstadt)
Kaliumphosphat Merck (Darmstadt)

Kaliumphosphat Merck (Darmstadt)
Kaliumdiphosphat-Trihydrat Merck (Darmstadt)

L-Leucin Sigma-Aldrich (Steinheim)
Lithiumacetat Sigma-Aldrich (Steinheim)
Luminol (3-Aminophthalhydrazid) Merck (Karlsruhe)

L-Lysin-HCl Sigma-Aldrich (Steinheim)

Magermilchpulver (Frema Reform) Finck (Herrenberg)

Magnesiumsulfat-HeptahydratMerck (Darmstadt)MaleinsäureMerck (Darmstadt)MaltoseMerck (Darmstadt)2-MercaptoethanolMerck (Darmstadt)MethanolMerck (Darmstadt)

L-Methionin Sigma-Aldrich (Steinheim)

MOPS (3'Morpholinopropansulfonsäure)

Natriumacetat

Natriumchlorid

Natriumcitrat

Natriumdodecylsulfat (SDS)

Natriumhydrogencarbonat

Di-Natriumhydrogencarbonat

Merck (Darmstadt)

Merck (Darmstadt)

Merck (Darmstadt)

Merck (Darmstadt)

Serva (Haidelberg)

Roth (Karlsruhe)

Roth (Karlsruhe)

Di-Natriumhydrogencarbonat Roth (Karlsruhe)
Natriumphosphat-Monohydrat Roth (Karlsruhe)
Neubauer Zählkammer Roth (Karlsruhe)

L-Phenylalanin Sigma-Aldrich (Steinheim)
Polyethylenglycol 4000 (PEG) Sigma-Aldrich (Steinheim)
Protran BA 85 Nitrocellulose- Membran Schleicher & Schüll (Dassel)

(0,45 µm Porengröße)

Roti-Block Roth (Karlsruhe)
Rotiphorese Gel 30 (30% Acrylamid mit Roth (Karlsruhe)

0,8 % Bisacrylamid, 37,5 :1

N, N, N', N'-Tetramethylethylendiamin Roth (Karlsruhe)

(TEMED)Sigma-Aldrich (Steinheim)L-ThreoninSigma-Aldrich (Steinheim)TrisAppliChem (Darmstadt)TryptonRoth (Karlsruhe)L-TryptophanSigma-Aldrich (Steinheim)

Polyoxyethylen-Sorbitan-Monolaurat Sigma (Deisenhofen)

(Tween 20)
L-Tyrosin Sigma-Aldrich (Steinheim)
L-Valin Sigma-Aldrich (Steinheim)
Wasserstoffperoxid 30% Roth (Karlsruhe)

X-Gal Roth (Karlsruhe)
Yeast Nitrogen Base (ohne Aminosäuren) Difco (Sparks, USA)

#### 2.1.2 Antibiotika

Ampicillin, Natriumsalz Roth (Karlsruhe)

Kanamycinsulfat AppliChem (Darmstadt)
Chloramphenicol Succinat, Natriumsalz Sigma (Deisenhofen)

G418 Sulfat (Geneticin) Calbiochem-Novabiochem

# 2.1.3 Kits für die Molekularbiologie

QIAquick PCR Purification Kit QIAGEN (Hilden)

QIAquick Gel Extraction Kit QIAGEN (Hilden)

QIAGEN PCR Cloning Kit

QIAGEN (Hilden)

QIAGEN Plasmid Mini Kit

QIAGEN (Hilden)

QIAGEN (Hilden)

QIAGEN (Hilden)

QIAGEN RNeasy Mini Kit

QIAGEN (Hilden)

Wizard genomic DNA purification Kit

Promega (Mannheim)

## 2.1.4 Enzyme für die Molekularbiologie

Restriktionsenzyme MBI Fermentas (Vilnius, Litauen)

New England Biolabs (Frankfurt)

Alkalische Phosphatase (CIAP) MBI Fermentas (Vilnius, Litauen)

Ex-Taq Polymerase TaKaRa (Gennevilliers,

Frankreich)

Klenow Fragment MBI Fermentas (Vilnius, Litauen)

M-MLV RT (H-) Promega (Mannheim)

T4 DNA Ligase MBI Fermentas (Vilnius, Litauen)
Taq DNA Polymerase MBI Fermentas (Vilnius, Litauen)

# 2.1.5 Antikörper

Kaninchenserum gegen *D. discoideum* CNB A. Aichem, Konstanz

Kaninchenserum gegen Kälber CNB Dr. T. Kuno, Kobe University,

School of Medicine, Japan

Peroxidase-gekoppeltes Dianova (Hamburg)

Ziege-Anti-Kaninchen-Serum

#### 2.1.6 Proteine

Gereinigtes, rekombinant exprimiertes *D discoideum* Calcineurin B (A. Aichem)

## 2.1.7 Standards für Agarose- und Proteingele

Mass Ruler DNA-Ladder Mix

MBI Fermentas (Vilnius, Litauen)

Protein MW Marker

MBI Fermentas (Vilnius, Litauen)

Prestained Protein MW Marker

MBI Fermentas (Vilnius, Litauen)

# 2.1.8 Organismen

# Bakterienstämme

Tab.1: Bakterienstämme

| Stamm      | Relevanter Genotyp/ Eigenschaften                                       | Referenz            |
|------------|---|---------------------|
| E. coli    | <i>recA</i> 1, φ80 <i>lacZ</i> ΔM15                                     | Hanahan, 1983       |
| DH5α       |   |                     |
| E. coli    | end A1, $hsdR17$ , $(r_{k-},m_{k+})$ , $supE44$ , $thi$ , $recA1$ ,     | Bullock, Ferandez & |
| XL1 blue   | gyrA96, relA1, $\Delta$ lac, F' [pro $A^{+}B^{+}$ , lacl <sup>q</sup> , | Short, 1987         |
|            | <i>lacZΔM15</i> , <i>Tn</i> 10 (Tet <sup>R</sup> )]                     |                     |
| E. coli    | F-, ara14, leub6, tonA31, leu41, tsxt8,                                 | Laborkollektion     |
| JCB486     | supE44, galK2, galT22, his64, dcm6,                                     | Hengge              |
|            | dam13Tn9, rpsL136, xyl5, ntl1, thi, hsdR2,                              |                     |
|            | mcrB, mcr;  |                     |
|            | keine Methylierung der DNA  |                     |
| Klebsiella |   | Laborkollektion     |
| planticola |   | Mutzel              |

# D. discoideum Zelllinien

Tab.2: D. discoideum Zelllinien

| Zelllinie       | Relevante Eigenschaften                   | Referenz                              |  |
|-----------------|---|---------------------------------------|--|
| Ax2             | Derivat vom Freilandisolat NC4, enthält   | Watts & Ashworth,                     |  |
|                 | zwei rezessive Mutationen, die es zum     | 1970                                  |  |
|                 | axenischen Wachstum befähigen             |                                       |  |
| pDex-RH-<br>GFP | Zelllinie, die GFP exprimierendes Plasmid | · · · · · · · · · · · · · · · · · · · |  |
|                 | pDex-GFP enthält                          | 1997                                  |  |

# S. cerevisiae Stämme

Tab. 3: Saccharomyces cerevisiae Stämme

| Stamm  | Relevanter Genotyp/Eigenschaften      | Referenz   |
|--------|---------------------------------------|------------|
| INVSc1 | MATa, his3Δ1, leu2, trp1-289, ura3-52 | Invitrogen |

# 2.1.9 cDNA Banken

 $D.\ discoideum\ \lambda_{YES}$  Phagen cDNA Banken von überlassen von Sije Lu vegetativen und sich entwickelnden Zellen (Houston, USA) (konvertiert zu Plasmid cDNA Banken)

# 2.1.10 Oligonukleotide ("Primer")

Alle synthetischen Oligonukleotide wurden von der Firma Metabion (München) oder der Firma Biotez (Berlin) hergestellt.

| CNB - 3' rev BamH I | CGC GGA TCC CTC TTG ATT AAC AAT CAT ATG AAT G              |
|---------------------|--|
|                     | Primer für Amplifikation von Calcineurin B                 |
| oFUM101             | GGG AAG CTT CCC AAT CCG AGA TTT TAG CTC                    |
|                     | Primer für Amplifikation von Calcineurin B                 |
| oFUM107             | CCG AAG ACA ACC CTT ATT TTT GCA ACC                        |
|                     | Primer für Amplifikation von Calcineurin B                 |
| oFUM108             | CC GTC TTC TGA CCA ATT TAC GCT AAG TTT T                   |
|                     | Primer für Amplifikation von Calcineurin B                 |
| oFUM135             | ATG GTT GGT ATG GGT CAA AAG                                |
|                     | Primer für Amplifikation von Actin 15                      |
| oFUM136             | TTA GAA ACA TTT TCT ATG AAC AAT TG                         |
|                     | Primer für Amplifikation von Actin 15                      |
| oFUM174             | CGG TTG TTG CTC AAA TAC ACC                                |
|                     | Primer für Amplifikation von ecmB                          |
| oFUM175             | TAT GGC AAC AGC CAG TTG AG                                 |
|                     | Primer für Amplifikation von ecmB                          |
| oFUM208             | TGA TCA CAT GTC TGT TAT TAA TTT CAC A                      |
|                     | Primer für Amplifikation der Tryptophan-Kassette aus pAS-2 |
| oFUM209             | TGA TCA CCT TTC TTA GCA TTT TTG ACG AA                     |
|                     | Primer für Amplifikation der Tryptophan-Kassette aus pAS-2 |
| oFUM211             | CCG GAT CCA AGC TTA AAG AAC AAT TAG AAC AAA TGA            |
|                     | Primer für cnb400  |
| oFUM212             | CCG TCG ACT CAC CTT CAA TAA TAG TTT TAT CAA CA             |
|                     | Primer für cnb400  |
| oFUM213             | CCC TGC AGA AAG AAC AAT TAG AAC AAA TGA                    |
|                     | Primer für cnb500  |

| oFUM214 | CCG TCG ACT TCT GAC CAA TTT ACG CTA AGT TTT               |
|---------|---|
|         | Primer für cnb500   |
| oFUM231 | CCT GAT CAC ATG TCT GTT ATT AA TAA CAC AGG TAG            |
|         | TTC T   |
|         | Primer für Mutations-PCR (+Stopp) von Tryptophan-Kassette |
| oFUM246 | ATC CAT ATG ATG CCG GTG TTC AAG                           |
|         | Primer für <i>aar</i> -Gen                                |
| oFUM247 | TTG ATG AGA GCA GCA CAA CCT TCA                           |
|         | Primer für <i>aar</i> -Gen                                |
| oFUM248 | ATG GCC CGT ACA AAA CAA ACC GC                            |
|         | Primer für hstH3 (Histon3)                                |
| oFUM249 | TTA TGA TCT TTC ACC TCT GAT ACG TCT G                     |
|         | Primer für hstH3 (Histon3)                                |

# 2.1.11 Plasmide und Konstrukte

Tab.3: Plasmide

| Plasmid                   | Relevante Eigenschaften   | Referenz                   |
|---------------------------|---|----------------------------|
| pDrive                    | Klonierungsvektor für <i>E. coli</i> , Amp <sup>R</sup>   | QIAGEN, Hilden             |
| pUC19                     | Klonierungsvektor für <i>E. coli</i> , Amp <sup>R</sup>   | Yanisch-Perron,<br>1985    |
| pDNeoII                   | Überexpressionsvektor für D. discoideum,  | Witke et al., 1987         |
|                           | Aktin 6 Promotor, Amp <sup>R</sup> , G418 <sup>R</sup>  |                            |
| pYES2                     | Expressionsvektor für <i>S. cerevisiae</i> , GAL1 Promotor, Amp <sup>R</sup> , <i>URA3</i>              | Invitrogen                 |
| pACT2                     | Expressionsvektor für <i>S. cerevisiae</i> , ADH1 Promotor, GAL4 AD tag, Amp <sup>R</sup> , <i>LEU2</i> | BD Sciences,<br>Heidelberg |
| pAS2                      | Expressionsvektor für <i>S. cerevisiae</i> , ADH1 Promotor, GAL4 BD tag, Amp <sup>R</sup> , <i>TRP1</i> | BD Sciences,<br>Heidelberg |
| pAS2-CNB (Hefe)           | cnb aus S. cerevisiae in pAS2   | A. Aichem                  |
| pDNeoII.cnb800-<br>27-TAA | cnbA mit zusätzlichem Stoppkodon in pDNeoII   | A. Aichem                  |
| pBsR479                   | Blas <sup>R</sup> Kassette  | Puta & Zeng, 1998          |
| pBW104                    | cnbA-cDNA in pDrive   | B. Weissenmeyer            |
| pBW108                    | cnbA-cDNA in pDrive mit 5' UTR  | B. Weissenmayer            |
| pBW116                    | cnbA-cDNA in pDrive mit 5' und 3' UTR   | B. Weissenmayer            |
| pKB03                     | pYES2 mit cnbA-cDNA und 5'UTR   | diese Arbeit               |
| pKB04                     | pYES2 mit <i>cnbA</i> -cDNA und 5'UTR + TAA   | diese Arbeit               |

| pKB05 pUC18 mit 437 bp Fragment von <i>cnbA</i> diese Arbeit pKB06 pKB05 mit 538 bp Fragment von <i>cnbA</i> diese Arbeit pKB07 pDNeoII mit 975 bp <i>BamHI/Pst</i> I-Fragment diese Arbeit von KB06 pKB09 pDrive mit <i>trp1</i> -Kassette von pAS2 diese Arbeit pKB10 pACT2 mit cDNA von <i>cnbA</i> diese Arbeit pKB11 pKB03 mit <i>trp1</i> -Kassette aus pKB09 diese Arbeit pKB14 pKB04 mit <i>trp1</i> -Kassette aus pKB09 diese Arbeit pKB15 pDrive mit <i>trp1</i> -Kassette + Stoppkodon diese Arbeit pKB16 pKB03 mit <i>trp1</i> -Kassette aus pKB15 diese Arbeit pKB17 pKB04 mit <i>trp1</i> -Kassette aus pKB15 diese Arbeit |       |   |              |
|--|-------|---|--------------|
| pKB07 pDNeoII mit 975 bp BamHI/PstI-Fragment diese Arbeit von KB06  pKB09 pDrive mit trp1-Kassette von pAS2 diese Arbeit pKB10 pACT2 mit cDNA von cnbA diese Arbeit pKB11 pKB03 mit trp1-Kassette aus pKB09 diese Arbeit pKB14 pKB04 mit trp1-Kassette aus pKB09 diese Arbeit pKB15 pDrive mit trp1-Kassette + Stoppkodon diese Arbeit pKB16 pKB03 mit trp1-Kassette aus pKB15 diese Arbeit pKB17 pKB04 mit trp1-Kassette aus pKB15 diese Arbeit pKB17 pKB04 mit trp1-Kassette aus pKB15 diese Arbeit  | pKB05 | pUC18 mit 437 bp Fragment von <i>cnbA</i>     | diese Arbeit |
| pKB09 pDrive mit trp1-Kassette von pAS2 diese Arbeit pKB10 pACT2 mit cDNA von cnbA diese Arbeit pKB11 pKB03 mit trp1-Kassette aus pKB09 diese Arbeit pKB14 pKB04 mit trp1-Kassette aus pKB09 diese Arbeit pKB15 pDrive mit trp1-Kassette + Stoppkodon diese Arbeit pKB16 pKB03 mit trp1-Kassette aus pKB15 diese Arbeit pKB17 pKB04 mit trp1-Kassette aus pKB15 diese Arbeit   | pKB06 | pKB05 mit 538 bp Fragment von <i>cnbA</i>     | diese Arbeit |
| pKB10 pACT2 mit cDNA von <i>cnbA</i> diese Arbeit pKB11 pKB03 mit <i>trp1</i> -Kassette aus pKB09 diese Arbeit pKB14 pKB04 mit <i>trp1</i> -Kassette aus pKB09 diese Arbeit pKB15 pDrive mit <i>trp1</i> -Kassette + Stoppkodon diese Arbeit pKB16 pKB03 mit <i>trp1</i> -Kassette aus pKB15 diese Arbeit pKB17 pKB04 mit <i>trp1</i> -Kassette aus pKB15 diese Arbeit   | pKB07 |   | diese Arbeit |
| pKB11 pKB03 mit <i>trp1</i> -Kassette aus pKB09 diese Arbeit pKB14 pKB04 mit <i>trp1</i> -Kassette aus pKB09 diese Arbeit pKB15 pDrive mit <i>trp1</i> -Kassette + Stoppkodon diese Arbeit pKB16 pKB03 mit <i>trp1</i> -Kassette aus pKB15 diese Arbeit pKB17 pKB04 mit <i>trp1</i> -Kassette aus pKB15 diese Arbeit   | pKB09 | pDrive mit trp1-Kassette von pAS2             | diese Arbeit |
| pKB14 pKB04 mit <i>trp1</i> -Kassette aus pKB09 diese Arbeit pKB15 pDrive mit <i>trp1</i> -Kassette + Stoppkodon diese Arbeit pKB16 pKB03 mit <i>trp1</i> -Kassette aus pKB15 diese Arbeit pKB17 pKB04 mit <i>trp1</i> -Kassette aus pKB15 diese Arbeit  | pKB10 | pACT2 mit cDNA von cnbA                       | diese Arbeit |
| pKB15 pDrive mit <i>trp1</i> -Kassette + Stoppkodon diese Arbeit pKB16 pKB03 mit <i>trp1</i> -Kassette aus pKB15 diese Arbeit pKB17 pKB04 mit <i>trp1</i> -Kassette aus pKB15 diese Arbeit   | pKB11 | pKB03 mit trp1-Kassette aus pKB09             | diese Arbeit |
| pKB16 pKB03 mit <i>trp1</i> -Kassette aus pKB15 diese Arbeit pKB17 pKB04 mit <i>trp1</i> -Kassette aus pKB15 diese Arbeit  | pKB14 | pKB04 mit trp1-Kassette aus pKB09             | diese Arbeit |
| pKB17 pKB04 mit <i>trp1</i> -Kassette aus pKB15 diese Arbeit   | pKB15 | pDrive mit <i>trp1</i> -Kassette + Stoppkodon | diese Arbeit |
|  | pKB16 | pKB03 mit trp1-Kassette aus pKB15             | diese Arbeit |
| nKR19 nRW116 mit RsR-Kassette aus nRsR479 diese Arheit   | pKB17 | pKB04 mit trp1-Kassette aus pKB15             | diese Arbeit |
| proble power of the bork redocette due poor tree diese ribert  | pKB19 | pBW116 mit BsR-Kassette aus pBsR479           | diese Arbeit |

## 2.1.12 Medien für E. coli

# LB-Medium

| Bactotrypton            | 10 g   |
|-------------------------|--------|
| Hefeextrakt             | 5 g    |
| NaCl                    | 5 g    |
| H <sub>2</sub> O bidest | ad 1 l |

Der pH wurde auf 7,3 eingestellt. Das Medium wurde 20 min bei 120°C autoklaviert. Für Agarplatten wurden je Liter 20 g Agar hinzugegeben. Für die Herstellung elektrokompetenter Zellen von *E. coli* Stämmen wurde LB-Medium verwendet, das kein NaCl enthielt und als LBon bezeichnet wurde.

## Soc-Medium

| Trypton                 | 20 g   |
|-------------------------|--------|
| Hefeextrakt             | 5 g    |
| NaCl                    | 1,16 g |
| CaCl <sub>2</sub>       | 0,74 g |
| $MgSO_4 x 7 H_2O$       | 4,94 g |
| Glucose                 | 7,92 g |
| H <sub>2</sub> O bidest | ad 1 l |

## 2.1.13 Medien und Puffer für D. discoideum

# Ax-Medium (nach Watts und Ashworth, 1970)

Pepton 14,3 g Hefeextrakt 7,15 g  $Na_2HPO_4 \times H_2O$  1,28 g  $KH_2PO_4$  0,486 g Maltose 18,0 g  $H_2O$  bidest ad 1 l

Der pH wurde auf 6,7 eingestellt. Das Medium wurde 20 min bei 120°C autoklaviert.

# Sørensen Phosphat Puffer (SP-Puffer)

 $KH_2PO_4$  1,997 g  $Na_2HPO_4 \times H_2O$  0,715 g  $H_2O$  bidest ad 1 l

Der pH wurde mit 17 mM KH<sub>2</sub>PO<sub>4</sub> auf 6,0 eingestellt.

# SM-Medium

| Glucose                                | 10 g   |
|--|--------|
| Bactopepton                            | 10 g   |
| Hefeextrakt                            | 1 g    |
| MgSO <sub>4</sub> x 7 H <sub>2</sub> O | 1 g    |
| KH <sub>2</sub> PO <sub>4</sub>        | 2.2 g  |
| $K_2HPO_4 \times 3 H_2O$               | 1.3 g  |
| H <sub>2</sub> O bidest                | ad 1 l |

#### 2.1.14 Medien für S. cerevisiae

## YPD-Vollmedium

Pepton 20 g Hefeextrakt 10 g Glucose 20 g  $H_2O$  bidest ad 1 l

Die Glucose wurde nach dem Autoklavieren zugegeben.

## SD-Minimalmedium

| Yeast Nitrogen Base     | 6,7 g  | 10 x Aminosäuregemisch:   |         |
|-------------------------|--------|---------------------------|---------|
| 10 x Aminosäuregemisch  | 100 ml | L-Isoleucin               | 300 mg  |
| Glucose                 | 20 g   | L-Valin                   | 1500 mg |
| H <sub>2</sub> O bidest | ad 1 l | L-Adenin Hemisulfat       | 200 mg  |
|                         |        | L-Arginin-HCI             | 200 mg  |
|                         |        | L-Histidin-HCl Monohydrat | 200 mg  |
|                         |        | L-Leucin                  | 1000 mg |
|                         |        | L-Lysin-HCI               | 300 mg  |
|                         |        | L-Methionin               | 200 mg  |
|                         |        | L-Phenylalanin            | 500 mg  |
|                         |        | L-Threonin                | 2000 mg |
|                         |        | L-Tryptophan              | 200 mg  |
|                         |        | L-Tyrosin                 | 300 mg  |
|                         |        | L-Uracil                  | 200 mg  |
|                         |        | H <sub>2</sub> O bidest   | ad 1 l  |

Der pH wurde auf 5,7 eingestellt. Das Aminosäuregemisch ohne die selektionierenden Aminosäuren und die Glucose wurden sterilfiltriert nach dem Autoklavieren zugegeben. Um die Proteinexpression zu induzieren wurden statt Glucose 14 g Galaktose und 6 g Raffinose eingesetzt.

## 2.1.15 Puffer für biochemische Methoden

# 2 x Gel Probenpuffer für Proteingele (2 x GSB)

| 1 x upper gel buffer         | 300 ml |
|------------------------------|--------|
| 0,1 % Bromphenolblau in EtOH | 15 ml  |
| Glycerol                     | 150 ml |
| SDS                          | 30 g   |
| H <sub>2</sub> O bidest      | ad 1 l |

Vor Gebrauch wurde 2 % 2-Mercaptoethanol zugeben.

# 4 x lower gel buffer (pH 8,8)

Tris-HCl 182 g SDS 4 g  $H_2O$  bidest ad 1 l

# 4 x upper gel buffer (pH 6,8)

Tris-HCl 61 g SDS 4 g  $H_2O$  bidest ad 1 l

# 10 x running buffer

Tris-HCl 30,3 g Glycin 144 g SDS 10 g  $H_2O$  bidest ad 1 I

Aus der Stammlösung wurde mit H<sub>2</sub>O bidest 1 x Puffer hergestellt.

# Anode 1 (pH 10,4)

 $\begin{array}{lll} \text{Tris} & 36,34 \text{ g} \\ \text{Methanol} & 200 \text{ ml} \\ \text{H}_2\text{O bidest} & \text{ad 1 I} \\ \end{array}$ 

# Anode 2 (pH 10,4)

Tris 2,3 g Methanol 200 ml  $H_2O$  bidest ad 1 l

# Kathode (pH 9,4)

Tris 3,02 g  $\epsilon$ -Amino-n-caproic acid 5,2 g Methanol 200 ml  $H_2O$  bidest ad 1 l

#### Coomassie Entfärber

 $\begin{array}{ll} \text{Methanol} & 300 \text{ ml} \\ \text{Essigs\"aure} & 100 \text{ ml} \\ \text{H}_2\text{O bidest} & 600 \text{ ml} \end{array}$ 

# TBS I (pH 7,4)

Tris 1,212 g NaCl 8,766 g Tween 20 500  $\mu$ l H<sub>2</sub>O bidest ad 1 l

#### ECL I

Lösung A: 0,5 M Luminol (3-Aminophtalhydrazid) in DMSO (Stickstoff begast)

Lösung B: 0,18 M p-Cumarsäure in DMSO

Lösung C: 1 M Tris-HCl, pH 8,5

450 ml H<sub>2</sub>O bidest und 50 ml Lösung C mit Stickstoff entgasen. Dann unter

Rühren tropfenweise 2,5 ml Lösung A und 1,11 ml Lösung B zugeben.

## ECL II

Wasserstoffperoxid (H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>) 30%

Zugabe von 6 µl ECL II zu 1 ml ECL I

# Lysepffer für D. discoideum Zellen

Tris pH8,5 10 mM KCI 50 mM MgCl<sub>2</sub> 2,5 mM Nonidet 0,45 % Tween20 0,45 %

# Lysepuffer für Hefezellen

 NaCl
 100 mM

 Tris pH 8,0
 10 mM

 EDTA
 1mM

 SDS
 0.1%

# 2.1.16 Puffer für molekularbiologische Methoden

## 50 x TAE

Tris 121 g Eisessig 28,55 ml EDTA 9,31 g  $H_2O$  bidest ad 1 l

# 5x Probenpuffer für DNA Gele

EDTA 55,84 g
Tris 3,03 g
Glycerin 250 ml
Bromphenolblau 500 µl

# 10 x RNA Laufpuffer

MOPS 0,4 M Natrium-Acetat 0,5 M EDTA 0,01 M

mit NaOH auf pH 7,0 eingestellt und mit DMPC behandelt

# RNA Formaldehyd Ladepuffer

EDTA, pH 8,0 1mM

Bromphenolblau 0,25% (w/v) Xylen Cyanol 0,25% (w/v)

Glycerol 50%

autoklaviert und in Aliquots bei -20°C eingefroren

## 20 x SSC

NaCl 3 M Natriumcitrat 0.3 M

pH 7.0, mit 0,2% DMPC behandelt

# Waschpuffer

Maleinsäure 100 mM NaCl 150 mM

pH 7.5 mit 6 N NaOH eingestellt, dann Zugabe von 0.3% Tween 20

## **Blockpuffer**

Waschpuffer mit 1% blocking reagent

## Detektionspuffer

Tris-HCl, pH 9.5 100 mM NaCl 100 mM

pH 9.5

# "High-SDS" Hybridisierungs-Puffer

SDS 3,5 g
deionisiertes Formamid 25 ml
20 x SSC 12,5 ml
10% blocking reagent 10 ml
Na-Phosphatpuffer, pH 7.0 2,5 ml
N-Lauroylsarcosin 0,05 g

## Träger-DNA

Heringsperma-DNA 200 mg TE-Puffer, pH 8,0 100 ml

Die Lösung wurde 2-3 h gerührt, bis sich die DNA vollständig gelöst hatte und dann in Aliquots bei -20°C eingefroren.

#### 1 x Te/LiAc

Tris-HCI 10 mM

EDTA 1 mM

Lithiumacetat 100 mM

Der pH wurde auf 7,5 eingestellt.

## 2.1.17 Medienzusätze

Die Medienzusätze wurden, wenn erforderlich in folgenden Konzentrationen zugegeben:

Ampicillin 100 μg/ml Kanamycin 25 μg/ml

G418 20 mg/ml oder 100 μg/ml

Blasticidin 10  $\mu$ g/ml X-Gal 20  $\mu$ g/ml

# 2.2 Zellbiologische Methoden

#### 2.2.1 Anzucht von E. coli

Alle *E. coli* Stämme und Transformanten wurden mit 150 rpm in LB-Medium oder auf LB-Agarplatten bei 37°C angezogen. Zellen wurden in LB mit 15% (v/v) Glycerol oder mit 7% (v/v) DMSO bei -70°C gelagert.

# 2.2.2 Präparation elektrokompetenter *E. coli* Zellen

Eine *E. coli* Übernachtkultur wurde 1:100 in 250 ml LBon-Medium verdünnt und bei einer Temperatur von 37°C bis zu einer  $OD_{600}$  von 0,5 angezogen. Die Zellen wurden mit einem GSA-Rotor bei 6000 rpm für 5 min pelletiert. Das Pellet wurde zweimal mit 30 ml MQ-H $_2$ O gewaschen (für SG 13009 dreimal) und jeweils mit einem SS34-Rotor bei 10 000 rpm 10 min lang pelletiert. Das Pellet wurde nun in 30 ml einer kalten 10%igen Glycerol Lösung resuspendiert und abermals bei 10000 rpm für 10 min pelletiert. Das erhaltene Pellet wurde in 6 ml der 10%igen Glycerollösung resuspendiert und in Aliquots von 100  $\mu$ l bei -70°C gelagert.

## 2.2.3 Anzucht von *D. discoideum* Wildtyp AX2 und Lagerung der Sporen

Die Zellkulturen wurden wöchentlich aus frischen Vorkulturen mit einer Zelldichte von 1 x 10<sup>4</sup> Zellen/ml angeimpft und bis zu einer Zelldichte von 1-5 x 10<sup>6</sup> Z/ml angezogen. Alle Kulturen wurden im Dunkeln bei 22°C mit 150 rpm auf einem Orbitalschüttler geschüttelt. Vorkulturen wurden aus Sporen angeimpft.

Für die Lagerung der Sporen wurde mit einer sterilen Impföse die Fruchtkörper von jeweils einer halben Agarplatte abgeerntet, in 1 ml SP-Puffer aufgenommen und bei -70°C gelagert.

#### 2.2.4 Anzucht von D. discoideum Transformanten

Die Transformanten wurden wie der Wildtyp AX2 axenisch, aber mit 100 μg/ml Ampicillin und 20 μg/ml G418 oder 10 μg/ml Blasticidin S angezogen.

Nach der Transformation (siehe 2.4.10) wurden die Zellen über Nacht bei 22°C in AX-Medium ohne Antibiotika im Dunkeln inkubiert. Dann wurde das AX-Kulturmedium gegen AX-Medium mit Ampicillin und G418 bzw. Blasticidin S ausgetauscht. Alle drei bis vier Tage wurde das Medium gewechselt. Nach 1-2 Wochen konnten Transformanten isoliert werden.

Die isolierten Klone wurden zunächst in 96-er Mikrotiterplatten in je 100  $\mu$ l AX-Medium mit Antibiotika pro Loch übertragen. Die Zellen wurden in 11 Schritten je 1:2 verdünnt. Die Mikrotiterplatten wurden in einer feuchten Kammer bei 22°C im Dunkeln bis zu einer Trübung des Bodens inkubiert. Die Transformanten im letzten Loch galten als monoklonale Transformanten. Diese Zellen wurden in einer Ø 5 cm Petrischale mit 4 ml AX-Medium und Antibiotika überführt und erneut bis zu einer Trübung des Bodens in einer feuchten Kammer inkubiert. 3 ml dieser Zellkulturen wurden in einem Kolben mit 30 ml AX-Medium und Antibiotika überführt und bei 150 rpm und 22°C im Dunkeln bis zu einer Zelldichte von 1-5 x  $10^6$  Zellen/ml angezogen.

Vegetative transformierte *Dictyostelium* Zellen wurden mit 8% (v/v) DMSO bei -70°C gelagert. Sporen von Transformanten wurden in 1 ml SP-Puffer ebenfalls bei -70°C gelagert.

#### 2.2.5 Differenzierung von *D. discoideum* Zellen

Zum Einleiten der Differenzierung wurden Zellen der jeweiligen Hauptkultur sedimentiert. Das Zellsediment wurde in 5 ml eiskaltem SP-Puffer resuspendiert und der Waschvorgang zweimal wiederholt. Anschließend wurden die Zellen auf 2 x 10<sup>7</sup> Z/ml eingestellt. Dieser Zeitpunkt wird im Folgenden als t0 bezeichnet. Die Zeitpunkte der späteren Differenzierungsstadien wurden dementsprechend als tx bezeichnet, wobei x die Anzahl der Stunden nach dem Entfernen des Mediums bezeichnet. 5 ml der Zellsuspension wurden auf Ø 9 cm SP-Platten und 1 ml auf Ø 5 cm SP-Platten gegeben. Fand die Differenzierung auf HABP Nitrocellulose Membranen statt, wurde 1 ml Zellsuspension auf einen Membran ausgebracht, die auf drei mit SP-Puffer getränkten Filtern lag. Nach einer halben Stunde wurde der Überstand abgesaugt und die Platten für 1-3 Tage bei 22°C

inkubiert.

## 2.2.6 Differenzierung von Chimären

AX2 Wildtyp- und Mutanten-Zellen wurden in AX Medium kultiviert, zwei Mal in SP-Puffer gewaschen und auf 2 x 10<sup>7</sup> Zellen/ml eingestellt. Die Zellen wurden dann in unterschiedlichen Verhältnissen gemischt und auf jeweils 1 ml auf HABP-Filtern ausgebracht. Die Filter wurden im Dunkeln bei 22°C inkubiert.

## 2.2.7 Plaque Assay mit *Dictyostelium* Transformanten

Es wurden je 200 (oder 100) Zellen aus Kulturen auf NA-Platten oder 1/3 SM-Platten pipettiert. Die Agar-Platten wurden wie folgt vorbereitet: 1,5 ml SP Puffer und 100 µl einer bakteriellen Übernachtkultur (NA für *E. coli* B/r oder 1/3 SM für *Klebsiella planticola*) wurden auf die Agar-Platten pipettiert. Die Mischung aus Puffer, Bakterien und Dictyostelien wurde durch horizontales Schwenken der Platten in Form einer Acht (30-40 mal) homogen verteilt. Danach trockneten die geöffneten Platten ca. 2 Stunden unter der Sterilbank. Die Inkubation erfolgte bei 22°C im Dunkeln. Nach 3-4 Tagen wurden jeden Tag die Plaques gezählt.

## 2.2.8 Analyse der Fruchtkörpergröße und der Sporen-Lebensfähigkeit

Wildtyp- und Mutanten-Zellen wurden in AX Medium kultiviert, zwei Mal in SP-Puffer gewaschen und auf 4 x 10<sup>6</sup> Zellen/ml eingestellt. Jeweils 100 µl der Zellsuspensionen wurden in mit 200 µl SP-Agar gefüllte Löcher einer 96 Mikrotiterplatte gefüllt. Nachdem die Organismen sich entwickelt hatten, wurden die Fruchtkörper abgenommen, in SP-Puffer resuspendiert und bei -70°C eingefroren. Nach einem Tag wurden die Sporen auf 1/3 SM Agar mit *Klebsiella planticola* ausgebracht, für drei Tage bei 22°C inkubiert und dann die Anzahl der Plaques gezählt.

#### 2.2.9 Messung von Stiellängen

Stiele wurden mit einem Spatel platt auf die Oberfläche gedrückt und davon mit einem Nikon SMZ8000 Mikroskop und mit einer Nikon DN100 Digitalkamera

Aufnahmen angefertigt. Diese Fotos wurden stark vergrößert, die Stiellängen darauf mit einem Lineal ausgemessen und über die Vergrößerungsfaktoren wurde dann die reale Stiellänge ermittelt.

#### 2.2.10 Präparation der Schnitte für die Mikroskopie

Der Kulturschalen-Boden (inkl. "Filter") wurde mit Fixativ I getränkt (2-3ml 2,5% Glutaraldehyd (GA) in 0,1M Na/K-Phosphat-Puffer (PB 100) pH7,0). In der abdeckelten und zusätzlich feucht gestellten Kulturschale (Kulturschale in "feuchter Kammer") wirkte das Fixativ 3d bei RT als Lösung und Dampf auf die Präparate ein.

Durch Aufsetzen von Tropfen einer 3%igen wässrigen und 40°C warmen low melting-Agarose wurden die noch immer senkrecht stehenden "Stiele mit Fruchtkörpern" unter Binokular-Beobachtung in ausgewählten Bezirken der Schale vorsichtig mit gelierender Agarose umwallt und schließlich vollständig u. unversehrt mit dieser benetzt. Die einhüllende Agarose wurde bei 0°C weiter verfestigt. Agaroseblöckchen mit ausgewählten Präparaten wurden mit einem feinen Spatel von der Kulturschale abgehoben und mit Fixativ II (2% Paraformaldeyd, 2,5% GA, 0,2% Tannin in PB100 pH7,0) für 2,5h bei RT nachfixiert. Nach Auswaschen des Fixativs mit PB100 pH7,0 (3x20 min) wurden die Präparate 12h bei RT nachträglich mit Osmium fixiert (1% Osmiumtetroxyd in PB50 pH7,0) und anschließend mit PB50 pH7,0 mehrfach gewaschen.

Zur Einbettung in Kunstharz wurden sie zunächst dehydratisiert (Äthanol-Reihe) und nach Einwirkung von Propylenoxyd (2h) und 50%igem ERL (Epoxid-Harz) in Propylenoxyd (12h) in reines ERL überführt (Spurr, 1969). Die Polymerisation des ERL erfolgte bei 60°C für 2d.

Mit dem Ultramikrotom erzeugte 1µm dicke Serien-Semidünnschnitte der Präparate wurden mit einer Azur II und Methylenblau enthaltenden Farblösung\* für 2 min bei 60°C gefärbt (Richardson et al., 1960). Die Schnitte wurden mit einem Leitz Ortholux II- Mikroskop (mit Gelbgrünfilter u. Blaufilter CB 16,5 im Strahlengang) unter Verwendung einer Nikon Digital-Kamera Cool PIX 990 fotografiert.

\*Azur II (1% in H<sub>2</sub>O) und Methylenblau (1% in 1% Borax); gleiche Volumen-Anteile frisch vermischt u. filtriert

#### 2.2.11 Anzucht von S. cerevisiae

Alle Stämme und Transformanten wurden mit 150 rpm in YPD- bzw. dem jeweiligen Selektionsmedium oder auf Agarplatten bei 28°C angezogen. Das Selektionsmedium "Synthetic Dropout" (SD) enthält neben Stickstoff- und Kohlenstoffquelle einen definierten Aminosäure/Nukleotid-Mix. Für die Selektion wird die Aminosäure weggelassen, die die Transformanten durch Erwerb des Plasmids selbst synthetisieren können. Zur Lagerung von Stämmen und Klonen wurden Kulturen mit 25% Glycerin bei -70°C eingefroren.

#### 2.3 Biochemische Methoden

# 2.3.1 Herstellung von Zellextrakten für die SDS-Polyacrylamid-Gelelektrophorese

#### D. discoideum Zellextrakte

# Zellextrakte aus Flüssigkultur

1 ml der jeweiligen Kultur wurden mit einer Eppendorftischzentrifuge mit 2000 rpm für 2 min sedimentiert. Anschließend wurden die Zellen mit SP-Puffer auf eine Zellzahl von 1 x 10<sup>7</sup> Zellen/ml eingestellt. Die Suspension wurde mit der entsprechenden Menge heißem 2 x GSB, 2 % 2-Mercaptoethanol versetzt und für 5 min gekocht. Anschließend wurden die Proben für 5 min auf Eis gestellt und danach 5 min mit 14500 rpm in einer Eppendorf Tischzentrifuge zentrifugiert.

## Zellextrakte von differenzierenden Zellen

Jeweils 1 ml der gewaschenen Zellen wurden auf einen angefeuchteten HABP Filter ausgebracht. Zu den gewünschten Entwicklungszeiten wurden die Zellen eines Filters mit 5 ml kaltem SP-Puffer durch Vortexen abgewaschen, in einem Eppendorfgefäß sedimentiert, in 200 µl SP-Puffer aufgenommen und mit 200 µl heißem 2 x GSB, 2% 2-Mercaptoethanol für 10 min gekocht.

### S. cerevisiae Zellextrakte

12 ml der jeweiligen Kultur ( $OD_{600}$ =3) wurden mit 3000 rpm für 5 min

sedimentiert. Anschließend wurden die Zellen mit SP-Puffer gewaschen und in 100  $\mu$ l SP-Puffer resuspendiert. Die Suspension wurde mit 100  $\mu$ l heißem 2 x GSB, 2 % 2-Mercaptoethanol versetzt und für 10 min gekocht. Anschließend wurden die Proben für 5 min auf Eis gestellt.

#### 2.3.2 Proteinbestimmungen

Proteinbestimmungen wurden wie bei Bradford (1976) beschrieben durchgeführt.

## 2.3.3 SDS-Polyacrylamid-Gelelektrophorese

SDS-Polyacrylamid Gelelektrophoresen wurden nach der Methode von Laemmli (1970) mit 15%-igen Gelen, die 0,1% SDS enthielten durchgeführt. Als Proteinstandard wurde der vorgefärbte "HMW" Proteinstandard von MBI Fermentas eingesetzt.

#### 2.3.4 Coomassie Blue Färbung von SDS-Polyacrylamidgelen

Proteinbanden in SDS-Polyacrylamidgelen wurden mit Coomassie Blue R250 für 30 min angefärbt. Anschließend wurden die Gele in Coomassie Entfärber mehrmals entfärbt, bis die Proteinbanden deutlich sichtbar waren.

#### 2.3.5 Western Blot

Die auf SDS-Polyacrylamidgelen aufgetrennten Proteine wurden nach der "Semidry" Methode von Kyhse-Andersen (1984) elektrophoretisch auf Nitrocellulose-Membranen übertragen. Der Transfer erfolgte über 30 min bei 15 V.

#### 2.3.6 Immunfärbung von Western Blots

Die Membranen wurden nach dem Blotten 2 x 10 min in TBS I gewaschen und anschließend in Roti-Block Lösung (1:10 in  $H_2O$  bidest) 1h bei RT abgesättigt. Dann wurde die Membran über Nacht bei 4°C mit einer 1:5000 verdünnten Antikörperlösung gegen CNB inkubiert. Anschließend wurde 3 x 10 min mit TBS I und 5 x 10 min in TBS I mit 5% Magermilchpulver (Frema Reform) gewaschen.

Die darauf folgende einstündige Inkubation (RT) mit 1:5000 verdünnten, Peroxidase gekoppelten Ziege-anti-Kaninchen sekundären IgG Antikörpern erfolgte jeweils in TBS I mit 5% Magermilchpulver. Vor der ECL Detektion wurde der Blot 3 x 10 min in TBS I mit 5% Magermilchpulver, 2 x 10 min in TBS I und 2 x 10 min in 10 mM Tris-HCI, pH 7,4 gewaschen. Je Membran wurden 1 ml ECL I Lösung mit 6 µl ECL II Lösung gemischt. Die Membran wurde für 1 min mit der Mischung inkubiert und die Lumineszenz auf einem Röntgenfilm dokumentiert.

#### 2.3.7 Saccharomyces Colony-Blot

Zellen wurden auf Agarplatten mit Galaktose angeimpft und zwei Tage bei 28°C inkubiert. Auf die Agarplatten wurden dann BA85 Nitrocellulosefilter gelegt und deren Position mit einer Nadel markiert. Der Filter wurde abgezogen und 1 h bei RT auf mit Lysepuffer getränktem Filterpapier inkubiert. Darauf folgte das Abschwemmen der Zellreste mit TBS I. Weiterhin wurden die Filter wie ein klassischer Western Blot behandelt (siehe 3.5 und 3.6).

#### 2.3.8 Berechnung der CNB-Konzentration in einer Zelle

Für die Bestimmung der CNB-Konzentration wurde eine CNB Verdünnungsreihe und Gesamtprotein aus 5 x 10<sup>5</sup> Zellen auf Nitrocellulose geblottet. Nach Detektion mit Antikörpern gegen *Dictyostelium* CNB wurde über den Vergleich der CNB Banden des Zellextrakts mit den Banden der bekannten CNB Konzentrationen die Konzentration im aufgetragenen Extrakt ermittelt. Daraus wurde die CNB Konzentration in einer *Dictyostelium*zelle berechnet.

#### 1. Volumen einer Dictyostelium Zelle mit Radius von 10µm

$$V = \frac{4}{3}r^{3}\pi = \frac{4}{3} \cdot 10^{-15} m^{3} \cdot 3,41$$
$$= 4,2 \cdot 10^{-6} \mu l = 4,2 pl$$

#### 2. Abschätzung der CNB-Masse pro Zelle mittels Western Blot

Es wurden 10  $\mu$ l eines WT-Proteinextraktes mit 5 x 10 $^7$  Zellen/ml und zum Vergleich 10  $\mu$ l verschiedener Extrakte bekannter CNB Konzentration

aufgetragen.

Bandenstärke des WT-Extrakts zwischen 1 ng/ $\mu$ l und 300 pg/ $\mu$ l  $\approx 500$  pg/ $\mu$ l. Also sind in 5 x 10<sup>4</sup> Zellen 500 pg CNB und in einer Zelle 1 x 10<sup>-2</sup> pg CNB.

## 3. Berechnung der Stoffmenge an CNB pro Zelle

Molekulargewicht von CNB: 20 kD = 20 pg/fmol = 20 fg/amol = 0,02 pg/amol

Stoffmenge pro Zelle:

$$n = \frac{m}{M}$$

$$= \frac{0.01pg}{0.02pg/amol}$$

$$= 0.5amol$$

$$= 5 \cdot 10^{-19}mol$$

## 4. CNB-Konzentration in einer Zelle

$$c = \frac{n}{V} = \frac{5 \cdot 10^{-19} \, mol}{4.2 \cdot 10^{-12} \, l}$$
$$\approx 10^{-7} \, M$$
$$= 0.1 \, \mu M$$

# 2.4 Molekularbiologische Methoden

#### 2.4.1 Standardmethoden

Enzymatische Verdaus von DNA mit Restriktionsendonukleasen, Dephosphorylierungen von DNA 5' Enden mit "Calf" alkalischer Phosphatase, Ligationen von DNA-Fragmenten mit der T4 DNA Ligase, Ethanol Fällungen von DNA, Agarose Gelelektrophoresen zur Auftrennung von DNA-Fragmenten und Transformationen von *E. coli* Zellen mittels Elektroporation wurden nach Standardmethoden durchgeführt (Sambrook, Fritsch & Maniatis, 1989). Die Isolation von Plasmid DNA aus *E. coli* Zellen wurde mit dem "QIAGEN Mini Kit" der Firma QIAGEN (Hilden) nach den Angaben des Herstellers isoliert. Für große

Mengen wurde die Plasmid-DNA mit dem "QIAGEN Plasmid Midi Kit" der Firma QIAGEN (Hilden) nach den Angaben des Herstellers isoliert.

Für Klonierungen wurden die *E. coli* Stämme DH5α, XL1-blue und JCB468 verwendet. DNA Sequenzanalysen wurden von der Firma Agowa (Berlin) durchgeführt.

## 2.4.2 Polymerasekettenreaktion (PCR)

Zur Vervielfältigung von DNA-Stücken wurde die Polymerase-Kettenreaktion (PCR) verwendet. Routinemäßig wurden 500 pg DNA und je 2,5 μM der beiden Primer eingesetzt. Die Reaktion erfolgte im Reaktionspuffer des Herstellers und in Gegenwart einer Mischung aus dNTP's, wobei die Endkonzentration jedes einzelnen dNTP 2,5 mM betrug. Das Endvolumen der Ansätze umfasste 50 μl, wenn Ex-Taq-Polymerase oder 25 ml, wenn Taq-Polymerase verwendet wurde. In einem programmierbaren Heizblock ("Cycler") durchlief die Probe dann ein Temperaturprogramm mit üblicherweise 30 Zyklen. Die Temperaturschritte betrugen in der Regel 45 sec bei 95°C, 45 sec bei 56°C und 3 min bei 72°C.

Die erhaltenen PCR-Produkte wurden mit dem "QIAquick PCR Purification Kit" von QIAGEN (Hilden) nach den Angaben des Herstellers gereinigt.

#### 2.4.3 "Whole Cell"-PCR

D. discoideum Zellen wurden nach Transformation mit pKB19 wie in Kapitel 2.2.4 angezogen. Aus den kleinen Petrischalen wurde für jeden Klon 40 μl Zellsuspension entnommen, mit 10 μl Lysepuffer gemischt und 5 min bei 95°C gekocht. 2 μl wurden entnommen und für eine PCR weiterverwendet. Der PCR-Ansatz hatte ein Endvolumen von 40 μl und enthielt neben den 2 μl Template Mastermix, Oligonukleotide in der Endkonzentration von 0,5 μM. Die Temperaturschritte betrugen 45 sec bei 95°C, 45 sec bei 56°C und 3 min bei 72°C. 35 Zyklen wurden gefahren.

#### 2.4.4 Extraktion von DNA aus Agarosegelen

Aus Agarosegelen wurde die DNA mit dem "QIAquick Gel Extraction Kit" der Firma QIAGEN (Hilden) nach Angaben des Herstellers gereinigt.

## 2.4.5 Quantifizierung und Reinheitsbestimmung von DNA und RNA

Reinheit und Konzentrationen der DNA-Lösungen wurden durch Vergleich der Ethidiumbromid Fluoreszenz mit einem DNA-Standard quantifiziert.

## 2.4.6 RNA-Isolierung aus D. discoideum Zellen

Für die Extraktion von Gesamt-RNA aus *D. discoideum* Zellen mit dem RNeasy Mini Kit (QIAGEN) wurden die Zellen nach dem Waschen auf 2 x 10<sup>7</sup> Z/ml in SP Puffer eingestellt und je 1 ml dieser Zellen für eine Probe verwendet. Für Proben von vegetativen Zellen (t0) wurden die Zellen direkt aus der gewaschenen Flüssigkultur entnommen und sedimentiert. Für Proben von differenzierenden Zellen wurden diese nach dem Waschen auf HABP Nitrocellulose-Filter ausgebracht. Nach der gewünschten Entwicklungszeit wurden die Zellen mit 5 ml SP-Puffer von den Filtern abgelöst und sedimentiert. Die RNA Extraktion wurde nach den Angaben des Herstellers durchgeführt.

# 2.4.7 Herstellung von Digoxigenin-markierten DNA Sonden für Northern Blots

Die Markierung von DNA mit Digoxigenin wurde mit dem "DIG DNA Labeling Kit" von Roche (Mannheim) durchgeführt. Der Nachweis der markierten DNA erfolgt, indem Antikörper (Fab-Fragmente) gegen Digoxigenin, an die alkalische Phosphatase gekoppelt ist, an Digoxigenin binden. Durch Zugabe des Chemilumineszenz-Substrats CSPD wird ein Lichtsignal erzeugt, welches auf einem Röntgenfilm dokumentiert werden kann. Verwendet wurde jeweils gereinigtes PCR Produkt. Die *cnbA*- und *actin15*-Sonden wurden aus cDNA hergestellt, *ecmB* aus gDNA. Um die Qualität der Sonden zu testen, wurden Verdünnungen von 1 ng/μl bis 1 pg/μl in Verdünnungspuffer ("DIG DNA Labeling Kit") hergestellt. 1 μl der jeweiligen Verdünnung wurde auf eine Nylon-Membran aufgetropft und die Membran 10 min unter UV-Licht fixiert. Alle folgenden Schritte

wurden bei RT durchgeführt. Die Membran wurde 1 min in Waschpuffer inkubiert und anschliessend 30 min in Block-Puffer abgesättigt. Der Block-Puffer wurde gegen frischen Puffer ausgetauscht, der mit 1:5000 verdünnten Anti-Digoxigenin-AP Fab Fragmenten versetzt war. Nach 30 min wurde die Membran 2 x 15 min in Waschpuffer und 2-5 min in Detektionspuffer gewaschen. Für die Detektion wurde 200 µl NBT-Lösung in 10 ml Detektionspuffer verdünnt, die Membran übernacht im Dunkeln darin inkubiert und die Reaktion dann durch Waschen in TE-Puffer gestoppt.

# 2.4.8 RNA Agarose Gelelektrophorese und Northern Blot

## RNA Agarose Gelelektrophorese

RNA Agarosegele enthielten 0,9% Agarose, 1 x RNA Laufpuffer und 18 ml der 37%-igen Formaldehydlösung bei einem Gelvolumen von 100 ml. Die Formaldehydlösung wurde erst nach Aufkochen der Agarose-Puffer-Mischung und wieder Abkühlen auf 65°C zugegeben. 10-20 µg Gesamt-RNA wurde mit Wasser auf 15 µl Probenvolumen angeglichen und mit 6 µl 10 x RNA Ladepuffer, 10 µl 37% Formaldehyd und 25 µl deionisiertes Formamid versetzt und während 15 min bei 65°C denaturiert. Dann wurde 10 µl RNA Ladepuffer zugegeben und die Gelelektrophorese bei 100 Volt in 1 x RNA Laufpuffer durchgeführt. Um das Formaldehyd zu entfernen, wurden die Gele nach dem Lauf für 20 min in DMPC behandelten 20 x SSC Puffer geschwenkt. Der Transfer auf Nytran Nylon-Membranen erfolgte durch Kapillarität über Nacht. Als Laufpuffer wurde DMPC-behandelter 20 x SSC Puffer verwendet.

## Hybridisierung und Detektion

Nach dem Transfer wurde die RNA auf der Membran per *Crosslinking* (10 min unter UV-Licht) fixiert und anschließend in 30 ml "High" SDS-Hybridisierungs-Puffer 2-3 h bei 50°C und leichtem Schütteln vorinkubiert. Dann wurde der Puffer gegen 20 ml frischen Puffer ausgetauscht und die zuvor ermittelte Menge an Digoxigenin-markierter Sonde zugegeben. Die Sonde wurde dazu mit 100 µl 2 mg/ml Heringssperma DNA gemischt, 10 min bei 100°C denaturiert und auf Eis abgekühlt. Die Hybridisierung erfolgte ebenfalls bei 50°C unter leichtem Schütteln für 18-20 h.

Um unspezifisch gebundene Sonde zu entfernen, wurde die Membran

anschließend zweimal 5 min bei RT in 2 x SSC, 0.1% SDS und zweimal 15 min bei 50° C in 0.5 x SSC, 0.1% SDS gewaschen. Alle weiteren Schritte (Absättigen der Membran sowie Detektion) erfolgten bei RT wie unter "Herstellung von Digoxigenin-markierten DNA Sonden für Northern Blots" beschrieben. Um ein deutliches Signal zu erhalten, wurde der Röntgenfilm für 30 s - 1 h aufgelegt.

#### 2.4.9 Transformation von E. coli

Für die Elektroporation von E. coli und D. discoideum wurde der "Genepulser Xcell" der Firma Biorad (München) verwendet. 100 µl elektrokompetenter E. coli Zellen (Herstellung 2.2.7) wurden 2 µl des durch Dialyse entsalzten Ligationsansatzes zugegeben und in eine 0,2 cm Elektroporationsküvette überführt. Gepulst wurde einmal 2,5 kV und 25 μF. bei Transformationsansatz wurde mit 500 µl Soc-Medium aus der Küvette gespült und für 30 min bei 37°C unter Schütteln inkubiert. Dann wurde der Transformationsansatz auf LB-Platten mit den entsprechenden Zusätzen ausplattiert und über Nacht bei 37°C inkubiert.

#### 2.4.10 Transformation von D. discoideum Zellen

Für die Transformation von D. discoideum Zellen mittels Elektroporation wurden Kulturen mit einer Zelldichte von ca. 5 x 10<sup>6</sup> Zellen/ml verwendet. Die Zellen wurden zweimal mit eiskaltem H-50 Puffer gewaschen und auf eine Dichte von 2 x 10<sup>7</sup> Zellen/ml eingestellt. 0,1 ml dieser Zellsuspension wurde in eine eiskalte 0,1 cm Elektroporationsküvette pipettiert. Nach Zugabe von 5-10 µg Plasmid-DNA wurde zweimal mit je 5 Sekunden Abstand bei 25 µF und 0,85 kV mit dem "Genepulser Xcell" der Firma Biorad (München) gepulst. Transformationsansätze wurden für 5 min auf Eis inkubiert und anschließend in Petrischalen (Ø 9 cm), die 10 ml AX-Medium enthielten, pipettiert. Diese Transformationsansätze wurden über Nacht bei 22°C im Dunkeln inkubiert. Am nächsten Tag wurde das Medium gegen 10 ml AX-Medium mit 100 mg/ml Ampicillin und 20 µg/ml G418 ausgetauscht. Nach 1-2 Wochen waren Transformanten sichtbar.

## 2.4.11 Präparation von genomischer D. discoideum DNA

Die Präparation von genomischer *D. discoideum* DNA wurde mit dem Wizard Genomic DNA Purification Kit (Promega, Mannheim) nach Angaben des Herstellers durchgeführt. Je Präparation wurde 1 ml einer 1-5 x 10<sup>6</sup> Zellen/ml *Dictyostelium* Kultur, 2 x mit SP-Puffer gewaschen, verwendet.

#### 2.4.12 Transformation von S. cerevisiae

Am Vortag der Transformation wurde eine Übernachtkultur des Hefestamms in 30 ml Medium angesetzt und bei 28°C schüttelnd inkubiert. Am nächsten Tag wurde die Kultur auf OD600=0,2 in 100 ml YPD-Medium verdünnt und bei 28°C inkubiert, bis eine OD<sub>600</sub>=0,8 erreicht wurde. Die Kultur wurde dann 10 min bei 1000 g bei 4°C abzentrifugiert; das Pellet wurde in 40 ml kaltem H<sub>2</sub>O resuspendiert und erneut 10 min bei 1000 g abzentrifugiert. Die Zellen wurden nun in 1xTE/LiAc resuspendiert; an einen weiteren Zentrifugationsschritt unter gleichen Bedingungen schloss sich ein Aufkonzentrieren der Hefezellen in 1 ml 1xTE/LiAc an. Diese transformationskompetenten Zellen wurden bis zur Verwendung auf Eis gehalten. Je Transformationsansatz wurden dann 100 µl kompetente Zellen, 1 µg Plasmid-DNA und 50 µl Heringssperma-DNA (2 mg/ml) mit 240  $\mu$ l 50% PEG, 36  $\mu$ l 1 M LiAc und 32  $\mu$ l H<sub>2</sub>O vermischt und 30 min bei 28°C im Wasserbad inkubiert. Danach wurden die Zellen 15 min bei 42°C einem Hitzeschock unterzogen, die Zellen wurden dann schnell auf Eis heruntergekühlt. Nach 3 min Zentrifugieren bei 8000 rpm in einer Eppendorf-Zentrifuge wurde das Zellpellet in 100 ml 0,9% NaCl resuspendiert. Der Transformationsansatz wurde dann auf Minimalmedium-Platten ausplattiert und bei 28°C mehrere Tage inkubiert.

#### 2.4.13 Präparation von Plasmid-DNA aus S. cerevisiae

Von einer Übernachtkultur wurden 3 ml 5 min bei 2500 rpm zentrifugiert. Das Pellet wurde in 200 µl Lysepuffer resuspendiert und mit 200 µl Glaskugeln mindestens 1 min gevortext. Dann wurde 200 µl Phenol/Chloroform (1:1) zugegeben und ~ 30 s gevortext. Nach 3 min Abzentrifugieren bei 6000 rpm wurde der Überstand ein frisches Reaktionsgefäß überführt, 200 µl Chloroform

zugegeben und erneut gevortext. Die obere Phase wurde in ein neues Reaktionsgefäß überführt und 20 μl Na-Acetat und 500 μl 99% Ethanol zugegeben. Nach Inkubation bei -70°C wurde die Probe 20 min bei 14000 rpm zentrifugiert. Der Überstand wurde verworfen und 200 μl 70% Ethanol zugegeben. Dann wurde 10 min bei 14000 rpm zentrifugiert, der Überstand verworfen, die DNA getrocknet und in 20 μl Wasser resuspendiert. 5 μl der isolierten Plasmid-DNA wurde in *E. coli* DH5α Zellen transformiert und daraus mit dem QIAquick Mini Kit von QIAGEN präpariert (siehe 2.4.1).