

7. Verzeichnisse

7.1 Tabellenverzeichnis

	Seite	
Tab. 1	Tabellarische Gesamtansicht des Stammbaums der Linie 4.1	33
Tab. 2	Tabellarischer Stammbaum der Sublinien der Linie 4.1, in welchen das HPT-Gen stabil exprimiert wird. Koexpression des NOS-Gens und des HPT-Gens in den Nachkommenschaften	34
Tab. 3	Tabellarischer Stammbaum der Sublinie der Linie 4.1, in welcher das HPT-Gen instabil exprimiert wird. Koexpression des NOS-Gens und des HPT-Gens in den Nachkommenschaften	35
Tab. 3a	Kosegregation der Expression des NOS-Gens und des HPT-Gens in verschiedenen Aussaaten von Samen der Pflanze 4.1.6.1.4.3.3	35
Tab. 4	Tabellarische Gesamtansicht des Stammbaums der Linie 9.1	36
Tab. 5	Tabellarischer Stammbaum der Sublinien der Linie 9.1, in welchen das HPT-Gen stabil exprimiert wird. Koexpression des NOS-Gens und des HPT-Gens in den Nachkommenschaften	37
Tab. 5a	Kosegregation der Expression des NOS-Gens und des HPT-Gens in verschiedenen Aussaaten von Samen der Sublinie 9.1, in welcher das HPT-Gen stabil exprimiert wird	37
Tab. 6	Tabellarischer Stammbaum der Sublinien der Linie 9.1, in welchen das HPT-Gen instabil exprimiert wird. Koexpression des NOS-Gens und des HPT-Gens in den Nachkommenschaften	38
Tab. 6a	Kosegregation der Expression des NOS-Gens und des HPT-Gens in verschiedenen Aussaaten von Samen der Sublinie 9.1, in welcher das HPT-Gen instabil exprimiert wird	38
Tab. 7	Segregationsanalyse beider Transgene der Initialtransformanten von <i>Vicia narbonensis</i> nach Selbstungen	39
Tab. 8	Anzahl von m5C-Methylierungen in symmetrischen und asymmetrischen Cytosinen innerhalb der 300bp-Sequenz des Narbonin-Gens (Position +162 bis +461)	44
Tab. 9	Methylierungsmuster in dem analysierten Sequenzausschnitt des Narbonin-Gens transgener homozygoter Nachkommen der beiden <i>Vicia narbonensis</i> -Linien	47

	Seite
Tab. 10 Anzahl von m5C-Methylierungen in symmetrischen und asymmetrischen Cytosinen innerhalb der NOS-Promotorsequenz (Position -250 bis -1) von Pflanzen, welche unter klimatisierten Gewächshausbedingungen wuchsen	51
Tab. 11 Anzahl von m5C-Methylierungen in symmetrischen und asymmetrischen Cytosinen innerhalb der 200bp-Sequenz des 5'-Endes des NOS-Gens (Position +1 bis +200) von Pflanzen, welche unter klimatisierten Gewächshausbedingungen wuchsen	52
Tab. 12 Anzahl von m5C-Methylierungen in symmetrischen und asymmetrischen Cytosinen innerhalb der „core“-Sequenz des 35S-Promotors (Position -297 bis -1) von Pflanzen, welche unter klimatisierten Gewächshausbedingungen wuchsen	56
Tab. 13 Anzahl von m5C-Methylierungen in symmetrischen und asymmetrischen Cytosinen innerhalb der 224bp-Sequenz des 5'-Endes des HPT-Gens (Position +1 bis +224) von Pflanzen, welche unter klimatisierten Gewächshausbedingungen wuchsen	56
Tab. 14 Anzahl von m5C-Methylierungen in symmetrischen und asymmetrischen Cytosinen innerhalb der NOS-Promotorsequenz (Position -250 bis -1) von Pflanzen, welche unter nicht klimatisierten Gewächshausbedingungen wuchsen	63
Tab. 15 Anzahl von m5C-Methylierungen in symmetrischen und asymmetrischen Cytosinen innerhalb der 200bp-Sequenz des 5'-Endes des NOS-Gens (Position +1 bis +200) von Pflanzen, welche unter nicht klimatisierten Gewächshausbedingungen wuchsen	64
Tab. 16 Anzahl von m5C-Methylierungen in symmetrischen und asymmetrischen Cytosinen innerhalb der „core“-Sequenz des 35S-Promotors (Position -297 bis -1) von Pflanzen, welche unter nicht klimatisierten Gewächshausbedingungen wuchsen	70
Tab. 17 Anzahl von m5C-Methylierungen in symmetrischen und asymmetrischen Cytosinen innerhalb der 224bp-Sequenz des 5'-Endes des HPT-Gens (Position +1 bis +224) von Pflanzen, welche unter nicht klimatisierten Gewächshausbedingungen wuchsen	71
Tab. 19 Methylierungsmuster in der analysierten Sequenz des NOS-Promotors und des NOS-Gens transgener homozygoter Nachkommen der beiden <i>Vicia narbonensis</i> -Linien unter klimatisierten Gewächshausbedingungen	86 (A1)
Tab. 20 Methylierungsmuster in der analysierten Sequenz des NOS-Promotors und des NOS-Gens transgener homozygoter Nachkommen der beiden <i>Vicia narbonensis</i> -Linien unter nicht klimatisierten Gewächshausbedingungen	87 (A1)

	Seite
Tab. 21 Methylierungsmuster in der analysierten Sequenz des 35S-Promotors und des HPT-Gens transgener homozygoter Nachkommen der beiden <i>Vicia narbonensis</i> -Linien unter klimatisierten Gewächshausbedingungen	89 (A2)
Tab. 22 Methylierungsmuster in der analysierten Sequenz des 35S-Promotors und des HPT-Gens transgener homozygoter Nachkommen der beiden <i>Vicia narbonensis</i> -Linien unter nicht klimatisierten Gewächshausbedingungen	90 (A2)

7.2 Abbildungsverzeichnis

	Seite	
Abb. 1	Schematische Darstellung von zellularen Interaktionen, die zu einem "gene silencing"-Effekt führen können.	6
Abb. 2	T-DNA Region des Plasmids pGV3850	15
Abb. 3	Hygromycinresistenztest von Explantaten transgener homozygoter Pflanzen der Linien 4.1 und 9.1 von <i>Vicia narbonensis</i>	28
Abb. 4	Nachweis der Nopalinsynthaseaktivität homozygoter transgener Nachkommen der Linie 9.1	30
Abb. 5	Nachweis der Nopalinsynthaseaktivität homozygoter transgener Nachkommen der Linie 9.1	30
Abb. 6	Nachweis der Nopalinsynthaseaktivität homozygoter transgener Nachkommen der Linie 4.1	31
Abb. 7	Southern Blot-Analysen von Nachkommen der Initialtransformanten der Linien 4.1 und 9.1	40
Abb. 8	Kontroll-PCR für die Primer zur Amplifikation Bisulfit-modifizierter DANN aus dem Ampicillinresistenz vermitteltem Gen des Plasmids pBluescript II SK+	41
Abb. 9	Orte der Methylierungen in dem analysierten Sequenzausschnitt aus dem Narbonin-Gen transgener homozygoter Nachkommen von <i>Vicia narbonensis</i>	46
Abb. 10a	Amplifikation des 320 bp Kontroll-Fragments aus pBlueskript SK+ Bisulfit-modifizierter Proben	49
Abb. 10b	Reamplifikation des 300 bp Fragments aus dem Narboningen Bisulfit-modifizierter Proben	49
Abb. 10c	Reamplifikation des NOS-Gens und der ersten 200bp des NOS-Gens Bisulfit-modifizierter Proben	49
Abb. 10d	Amplifikation des des 35S-Promotors und der ersten 224bp des HPT-Gens Bisulfit-modifizierter Proben	49
Abb. 11	Orte der Methylierungen in der Sequenz des NOS-Promotors transgener homozygoter Nachkommen von <i>Vicia narbonensis</i> unter klimatisierten Gewächshausbedingungen	53
Abb. 12	Orte der Methylierungen in der analysierten 200bp-Sequenz des 5'-Endes des NOS-Gens transgener homozygoter Nachkommen von <i>Vicia narbonensis</i> unter klimatisierten Gewächshausbedingungen	54

	Seite	
Abb. 13	Orte der Methylierungen in der Sequenz des 35S-Promotors ausgewählter transgener homozygoter Nachkommen von <i>Vicia narbonensis</i> unter klimatisierten Gewächshausbedingungen	57
Abb. 14	Orte der Methylierungen in der analysierten 224bp-Sequenz des 5'-Endes des HPT-Gens transgener homozygoter Nachkommen von <i>Vicia narbonensis</i> unter klimatisierten Gewächshausbedingungen	58
Abb. 15	Northern Blot Hybrdisierung von Gesamt-RNA transgener homozygoter Nachkommen der beiden <i>Vicia narbonensis</i> -Linien zum Nachweis der m-RNA des NOS-Gens. Als Sonde wurde $\alpha^{32}\text{P}$ -markierte DNA des NOS-Gens verwendet.	60
Abb. 16	Northern Blot Hybrdisierung von Gesamt-RNA transgener homozygoter Nachkommen der beiden <i>Vicia narbonensis</i> -Linien zum Nachweis der m-RNA des HPT-Gens. Als Sonde wurde $\alpha^{32}\text{P}$ -markierte DNA des HPT-Gens verwendet.	61
Abb. 17	Orte der Methylierungen in der Sequenz des NOS-Promotors transgener homozygoter Nachkommen von <i>Vicia narbonensis</i> unter nicht klimatisierten Gewächshausbedingungen	66
Abb. 18	Orte der Methylierungen in der analysierten 200bp-Sequenz des 5'-Endes des NOS-Gens transgener homozygoter Nachkommen von <i>Vicia narbonensis</i> unter nicht klimatisierten Gewächshausbedingungen	67
Abb. 19	Orte der Methylierungen in der Sequenz des 35S-Promotors ausgewählter transgener homozygoter Nachkommen von <i>Vicia narbonensis</i> unter nicht klimatisierten Gewächshausbedingungen	73
Abb. 20	Orte der Methylierungen in den analysierten 224bp-Sequenz des 5'-Endes des HPT-Gens transgener homozygoter Nachkommen von <i>Vicia narbonensis</i> unter nicht klimatisierten Gewächshausbedingungen	75

7.3 Abkürzungsverzeichnis

Abb.	Abbildung
Accession No	(engl.), Zugangsnummer
AMT-Linie	transgene <i>Arabidopsis</i> -Linie mit einem antisense MTase-Gen
AT	Adenin-Thymin
bp	Basenpaar
bzw.	beziehungsweise
ca.	zirka
CaMV	cauliflower mosaic virus (engl.); Blumenkohlmosaikvirus
cDNA	complementary DNA (engl.); Bezeichnung für die einzel- bzw. doppelsträngige DNA-Kopie eines RNA-Moleküls
CG	Cytosin-Guanin
Cluster	(engl.); Gruppe; Bezeichnung für die Integration von mehreren Genkopien in einem Locus
CMT	Chromomethyltransferase
2,4-D	Dichlorphenoxysäure
DDBJ	DNA Data Bank of Japan
DNA	Desoxyribonucleic acid (engl.); Desoxyribonukleinsäure
Dnmt1	DNA-Methyltransferase 1 aus der Maus
Dnmt2	DNA-Methyltransferase 2 aus der Maus
Dnmt3	DNA-Methyltransferase 3 aus der Maus
dsRNA	double-stranded RNA (engl.); doppelsträngige RNA
<i>E. coli</i>	<i>Escherichia coli</i> (lat.)
EMBL	European Molecular Biology Laboratory
HPT	Hygromycinphosphotransferase
IR	inverted repeat (engl.); invertierte Sequenzwiederholungen
iRNA	interfering RNA (engl.); störende RNA
Masc1	Methyltransferase 1 aus <i>Ascobolus</i>
MET1	Methyltransferase 1 aus <i>Arabidopsis</i>

MIP	methylation induced premeiotically processes (engl.); Methylierungen von Sequenzwiederholungen während der sexuellen Phase in <i>Ascobolus immersus</i>
mRNA	messenger RNA (engl.); Boten-RNA
MS	Murashige-Skoog
Mtase	Methyltransferase
„N“	steht für ein beliebiges Nucleotid
NIR	Nitritreduktasegen aus Tabak
NOS	Nopalinsynthase
NPT-II	Neomycinphosphotransferase
OCS	Oktopinsynthase
PCR	Polymerase Chain Reaction (engl.); Polymerase-Kettenreaktion
pH	negativ dekadischer Logarithmus der Wasserstoffionenkonzentration
PTGS	post-transcriptional gene silencing (engl.); Geninaktivierung nach der Transkription
REED	reduced expression of endogenous duplications (engl.); reduzierte Expression, hervorgerufen durch die Verdoppelung eines endogenen Gens
RIP	repeat-induced point mutation (engl.), durch Sequenzwiederholungen induzierte Punktmutationen in <i>Neurospora crassa</i>
RNA	Ribonucleid acid (engl.); Ribonukleinsäure
RNAi	RNA-Interference (engl.); durch spezifische dsRNAs induziertes PTGS
RNase	Ribonuklease
siRNA	small interfering RNA (engl.); kleine störende RNA
SAM	S-Adenosyl-L-Methionin
T-DNA	transferred DNA (engl.); von einem Ti-Plasmid (tumor-inducing) stammende DNA, welche ins pflanzliche Genom integriert werden kann
TGS	transcriptional gene silencing (engl.); Geninaktivierung auf transkriptioneller Ebene resultiert in einer starken Verminderung bis hin zu keiner detektierbaren Transkription
VIGS	virus-induced gene silencing (engl.); durch Viren induzierte Geninaktivierung