

4. Diskussion

In der vorliegenden Arbeit sowie in einem laufenden Genomprojekt konnte gezeigt werden, dass in *Hydractinia echinata* Kontrollgene konserviert sind, die auch in den Hauptsignalwegen der höheren Metazoen die Entwicklung kontrollieren (Plickert et al., 2012). Cnidaria, zu denen *Hydractinia* gehört, bilden gemeinsam mit den Ctenophoren die Basis der Eumetazoen. Deren Abspaltung von allen anderen Eumetazoen muss wohl vor mehr als 500 Millionen Jahren erfolgt sein, was Medusen-Fossilien des späten Kambriums nahelegen (Hagadorn, Dott und Damrow, 2002). *Hydractinia echinata* wird daher zunehmend als Modellorganismus genutzt, um Fragestellungen zur Evolution der Entwicklungskontrolle zu untersuchen. Es war zu erwarten, dass die aus einem gemeinsamen Vorfahren der Coelenterata und Bilateria in *Hydractinia* konservierten Gene auch Entwicklungsprozesse in *Hydractinia* kontrollieren. Aber welche Funktion genau haben diese Gene in diesem basalen Metazoen? Es wurde dieser Fragestellung durch die Entwicklung funktionsanalytischer Verfahren, insbesondere durch die Etablierung transgener Techniken nachgegangen. Des Weiteren konnte ein Ziel dieser Arbeit umgesetzt werden, nämlich einen bislang nicht verfügbaren pantropischen Marker des Nervensystems und der Neurogenese für *Hydractinia* zu charakterisieren. Das ermöglichte den erhofften neuen Blick auf das dynamische Nervensystem von *Hydractinia*. In dieser Arbeit konnten experimentelle Zugänge etabliert werden, Funktionen konservierter Entwicklungskontrollgene durch Transgenese *in vivo* in *Hydractinia* zu untersuchen.

Transgene Methoden sind großartige Hilfsmittel und bieten ein enormes Potential zur Generation experimenteller Systeme zur Funktionsuntersuchung relevanter Proteine der Entwicklungskontrolle. Die Potenz transgener Techniken in der Manipulation von Genen im lebenden Organismus wird auch bei Funktionsanalysen in Cnidariern angewendet. Es gelang durch den Einsatz von *RNA interference* (RNAi) mittels Elektroporation von *double-stranded* (ds) RNA in adulte Polypen von *Hydra* Gene auszuschalten (Lohmann et al., 1999). Auch in *Hydractinia* liessen sich über dsRNAi Genprodukte herunterregulieren. So konnten in frühen Embryonen LWamide als essentielle Vermittler interner Metamorphosesignale weitgehend

depletiert werden. Deren obligate Funktion in der Metamorphose konnte somit gezeigt werden (Plickert et al., 2003). Der Einsatz von Morpholinos war in *Hydractinia* bislang nicht funktionell (Plickert, persönliche Mitteilung). Das Ausschalten endogener mRNA-Transkripte mithilfe von mikroinjizierten Morpholinos ist dagegen erfolgreich in *Clythia* und *Nematostella*. Die Injektion von synthetischen mRNAs (*Gain-/loss-of-function studies*) in diesen beiden Cnidariern ist ebenfalls funktionell (Wikramanayake et al., 2003; Lee et al., 2007; Momose und Houlston, 2007; Momose et al., 2008; Rentzsch et al., 2008; Saina et al., 2009). Ein Nachteil dieser Methoden ist, dass sich mit diesen, aufgrund beispielsweise der kurzen „Lebensdauer“ der mRNA, durch die Injektion in befruchtete Oozyten nur Gene der frühen Entwicklungsstadien untersuchen lassen und keine, die während oder nach der Metamorphose im adulten Tier aktiv sind (Renfer et al., 2010; Technau und Steele, 2011). Mithilfe einer von Uri Frank entwickelten Methode konnte dsRNA über Inkubation in *Hydractinia* gebracht werden und so Gene zu analysieren, die während der Metamorphose sowie nach dieser in Regenerationsversuchen von adulten Polypen eine Funktion übernehmen (Duffy et al., 2010).

Unter dem Begriff Transgenese wird ein Prozess verstanden, dessen Ziel das Einbringen von artfremder oder modifizierter arteigener genetischer Information (Transgen) in das Genom eines Versuchsorganismus ist. Die erzeugten Transgene bieten daher die hervorragende Möglichkeit die Funktion und Regulation von Genen *in vivo* in unterschiedlichen Entwicklungsstadien in einem Organismus zu erforschen.

Der erste Erfolg transgene Cnidaria zu erzeugen, ist in *Hydra* gelungen. Es konnte eine Methode entwickelt werden mit der es möglich war *eGFP* unter der Kontrolle des *Hydra* Aktin-Promoters zu exprimieren. Mithilfe einer Partikelkanone wurden *Hydren* mit Plasmid-DNA beschichteten Goldpartikeln beschossen. Die Expression des Transgens konnte 24h nach dem Beschuss in Epithel- und I-Zellen sowie ausdifferenzierten Nematocyten nachgewiesen werden. Der Nachteil dieser Methode war, dass die *eGFP*-Expression nur transient war und nur erfolgte, wenn ein Goldpartikel mit der Transgen-Plasmid-DNA im Nukleus lokalisiert war (Böttger et al., 2002). Der Durchbruch gelang durch die Methode der Mikroinjektion in Embryonen im zwei bis acht Zellstadiums von *Hydra* (Wittlieb et al., 2006). Ein *eGFP*-Expressionskonstrukt unter der Kontrolle der genregulatorischen Regionen des β -Aktingens aus *Hydra vulgaris* ermöglichte dies. Die Polypen exprimierten *eGFP* stabil in ento- und ektodermalen Epithelstammzellen sowie in der interstitiellen Zelllinie. Untersuchungen zeigten, dass das Transgen an mehreren Stellen in das *H.vulgaris*-Genom integriert

worden war. Des Weiteren ermöglichten Transplantationsversuche mit transgenen Zellstücken die Verfolgung von eGFP-markierten Zellen *in vivo* im transparenten Gewebe der Polypen. Es konnten so Erkenntnisse durch Studien der Migration einzelner Zellen und Zellgruppen sowie die Orientierung von Zellteilungen während der Knospenbildung und Morphogenese von *Hydra* gewonnen werden (Wittlieb et al., 2006).

In Renfer et al. (2010) wurde erstmals über die stabile Erzeugung und Keimbahn-Vererbung von transgenen Linien von *Nematostella* berichtet. Die transgenen Linien exprimierten fluoreszierende Proteine unter der Kontrolle des muskelspezifischen Promotors *Myosin Heavy Chain1* (MyHC1). Bis zu diesem Zeitpunkt war es in keinem Cnidaria gelungen ein Transgen in die Keimbahn zu übertragen. Es war zuvor nur in *Hydra* gelungen, stabile somatische transgene Linien zu erzeugen, die eGFP unter Kontrolle des Aktinpromotors in spezifischen Zelllinien exprimiert haben (Wittlieb et al., 2006). *Nematostella* war somit der zweite Cnidarier in dem es gelungen ist Transgene zu erschaffen.

Die ersten Transgenese-Versuche in *Hydractinia* wurden durch den Einsatz von transgener zirkulärer Plasmid-DNA mittels der Methode der Elektroporation unternommen (K. Hensel, 2009). Diese Methode stellte sich als eine ineffiziente Transfektionsmethode heraus. Wie auch zuvor erfolgreich in *Hydra* und *Nematostella* eingesetzt (Wittlieb et al., 2006; Renfer et al., 2010), gelang mit der Methode der Mikroinjektion auch hier der entscheidende Fortschritt für die Transgenese-Studien in *Hydractinia* (Künzel et al., 2010). Die Transfektionseffizienz konnte durch die Mikroinjektion von linearisiertem, transgendem DNA-Fragment in einer weiterführenden Arbeit erfolgreich verbessert werden (persönliche Mitteilung Bause und Plickert, 2009). *Hydractinia* war der dritte Cnidaria und der erste koloniale Hydrozoe, in dem erfolgreich Transgene erzeugt werden konnten. Auch in *Hydractinia* gelang es, das Transgen (*pAct-I:51Act-eGFP*) stabil in die Keimbahn zu integrieren (Künzel et al., 2010).

Im Unterschied zu anderen klassischen Modellorganismen ist *Hydractinia* nicht transparent. Es ist aufgrund dessen nicht möglich Entwicklungsprozesse *in vivo* genau zu beobachten, wie es beispielsweise beim Vertebraten *Danio rerio* möglich ist (Streisinger et al., 1981). Auch das Verfolgen von Herkunft und Differenzierungsschicksal einzelner Zellen, wie es in *Caenorhabditis elegans* (Abk. *C.elegans*) zur Aufklärung der zellulären Basis der Entwicklung führte (Sulston et al., 1983), ist in den dotterreichen Embryonen der Hydrozoen nicht durchführbar. Die sehr kontrastreichen Zellen und Gewebe von *Hydractinia* stehen *in*

vivo Studien zur Dynamik von Zellbewegungen und der experimentellen Analyse der Morphogenese entgegen. Die meisten Erkenntnisse sind bislang daher aus Mazerations- und Histologischen Studien gewonnen worden. Die in dieser Arbeit explorierten Wege, eGFP als Reporter unter variablen Bedingungen der Expression einzusetzen, ermöglichen erstmalig sowohl bereits bekannte als auch zuvor völlig unbekannte Zellen bzw. Zelltypen in *Hydractinia* *in vivo* nachzuweisen und zu beobachten.

Die Transgenese konnte im Rahmen der vorliegenden Studie mit der neu entwickelten Methode („Schnelle Amplifikation und Präparation von DNA-Fragmenten mit überhängenden DNA-Enden“; s. 2.2.2.10.2 u. 3.1) optimiert werden (Künzel et al., 2010). Dies trug entscheidend zur erfolgreichen Umsetzung der Zielvorgaben dieser Arbeit bei. Es gelang wie im Falle des Kontraktes *ELAV:eGFP* eine räumliche und zeitliche *in vivo*-Visualisierung endogener Genaktivität. Darüber hinaus wurde für mehrere Gene untersucht, wie sich eine ektopische Aktivität oder in der Quantität überdimensionierte Expression auf die Entwicklung von *Hydractinia* auswirkt. Mit der *in vitro*-Mutagenese von β -Catenin konnte erstmals auch ein Ansatz der Funktionsanalyse durch konstitutive Aktivierung eines Signalwegs exploriert werden.

Voraussetzung für diese Funktionsanalysen war die Isolierung eines ubiquitär exprimierten Gens aus *Hydractinia*. Mithilfe der Splinkerette-Methode gelang es die 5`- und 3`regulatorischen Genregionen von verschiedenen *housekeeping genes* aus dem Genom von *Hydractinia* zu isolieren. Erstmalig konnten mit nativen regulatorischen Genregionen Transgene in *Hydractinia* erzeugt werden.

In *Hydractinia* sind die untersuchten Aktingene und auch das *HeUbiquitin* nicht wie für sogenannte *housekeeping genes* erwartet ubiquitär, sondern spezifisch in *Hydractinia* exprimiert. Die Auswertung der Expressionsstudien der Reportergenkonstrukte mit dem *HeActI*-Promotor konnte zeigen, dass die Aktivität des *AktinI* von *Hydractinia* während der Entwicklung zur Planula ausgeprägter im Entoderm und nur schwach im Ektoderm zu finden ist. Dazu war es im Vergleich zu den anderen beiden Aktingenen expressionsschwächer. Dies konnte auch anhand der Realtime-PCR dokumentiert werden (persönliche Mitteilung W. Tilmann, 2011). Es gelang die Kreuzung adulter transgener Kolonien. Die Nachkommen der F1-Generation ermöglichen die Untersuchung der nativen zygotischen Expressionskinetik des *AktinI*-Promotors. Es zeigte sich, dass die zygotische Aktivität nach 20-24Std.

Entwicklung beginnt und dies mit der Kinetik der Transgenexpression nach der Injektion übereinstimmt. Die Expression ist gradientenförmig entlang der anterior-posterioren Achse, wobei die Stärke vom posterioren zum anterioren Teil der Larve abnimmt. Des Weiteren erbrachten die Studien der Expression den Nachweis, dass dies ein epithelspezifisches Gen ist (Plickert, 2009; Künzel et al., 2010). Es gelang außerdem die Erzeugung von chimären Tieren bestehend aus histokompatiblen Wildtyp und transgenen Bereichen, die sich in den Stolon-region befanden in denen zwei Kolonien miteinanderfusioniert waren. Die nicht-fluoreszierenden Stammzellen eines transgenen Tieres unter der Kontrolle des epithelspezifischen *AktinI*-Promotors wanderten in das Wildtyp-Gewebe ein, beendeten die Migration und differenzierten in eine epithiale Zelle, die dann mit der *eGFP*-Expression begann. Dieses Ergebnis erbrachte den Nachweis, dass die migratorischen Stammzellen in *Hydractinia* pluripotent sind und nicht nur Keimzellen, Nematozyten und Nervenzellen hervorbringt, sondern ebenso Epithelzellen (Plickert, 2009; Künzel et al., 2010). In der Arbeitsgruppe Frank (Galway) wurde das Konstrukt *pAct-I:5IAct-eGFP* modifiziert und das Gen eines POU-Domänen-Transkriptionsfaktor unter die genregulatorische Kontrolle des epithelspezifischen *AktinI*-Promotors gebracht. Die Expression dieses Transkriptionsfaktors bewirkte die Transformation der transgenen Epithelzelle in eine Stammzelle (Millane et al., 2011). Das Gen *AktinIII* wurde ebenfalls nicht ubiquitär in *Hydractinia* exprimiert. Es konnten in den untersuchten Transgenen in keinem Entwicklungsstadium Nervenzellen nachgewiesen werden. Einzig das *AktinII*-Gen wird ubiquitär in *Hydractinia* exprimiert. Es konnte die *eGFP*-Expression in den Transgenen sowohl in den I-Zellen als auch in allen I-Zellderivaten identifiziert werden. Darunter konnten u.a. auch die Existenz der sog. *giant bipolar neurons* in *Hydractinia* beobachtet werden (Künzel et al., 2010).

Diese Beobachtungen stehen im Gegensatz zur ursprünglichen Definition von Haushaltsgenen in der Literatur nach welcher diese ubiquitär in allen Gewebe- und Zelltypen konstitutiv und zur Erhaltung von grundlegenden zellulären Funktionen exprimiert werden (Butte et al., 2001; Zhu et al., 2008). Die Ergebnisse zwingen zur Folgerung, dass in *Hydractinia* auch diese drei Aktingene der Genregulation unterliegen müssen um eine spezifische Expression und Funktion in *Hydractinia* ausüben zu können. Das passt zu neueren Untersuchungen, nach denen diese frühere Begriffsbestimmung revidiert werden musste. In Studien zur Eignung von *housekeeping genes* als Referenzgenen für quantitative Genexpressionsanalysen konnte nachgewiesen werden, dass diese Definition nicht für alle der üblicherweise verwendete

housekeeping genes zutreffend ist. Es konnte der Beweis erbracht werden, dass auch Haushaltsgene reguliert werden (Huggett et al., 2005; Zhou et al., 2014). Die Mehrheit dieser Gene zeigen von einer zur anderen Gewebeart beachtliche veränderliche Expressionsniveaus und ein unverwechselbares Expressionsmuster für jeden spezifischen Gewebetyp (Hsiao et al., 2001). Ihr Transkriptionsniveau variiert beträchtlich zwischen den verschiedenen Individuen, verschiedenen Zelltypen, verschiedenen Entwicklungsstadien und unter verschiedenen experimentellen Bedingungen (Thellin et al., 1999; Suzuki et al., 2000; Glare et al., 2002; Silver et al., 2006).

Anders verhält es sich bei den Genen *HeAktinII* und *HeEF1alpha*, die beide offensichtlich die anfängliche Auslegung des Kriteriums für ein Haushaltsgen erfüllen. Konstrukte, die als Promotor den von *AktII* enthielten, wurden offensichtlich in allen Geweben und Zellen von *Hydractinia* exprimiert. Das gleiche konnte für den *pEF1alpha* beobachtet werden. In der Literatur werden für *housekeeping genes* weitere Kriterien angeführt, darunter das Fehlen von oftmals sowohl der TATA-Box als auch der CAAT-Box (Dynan, 1986; Briggs et al., 1986; Araki et al., 1987; Kageyama et al., 1989; Somma et al., 1991; Tang et al., 1997; Meier und Schindler, 2011). Diese beiden genregulatorischen Elemente fehlen in den 5`regulatorischen Regionen von *HeAktinII* und *HeEF1alpha*.

Bei der Untersuchung einer „draft“genomischen *Hydractinia*-DNA-Bank konnte mithilfe eines Blast-N ein *scaffold* (23657) identifiziert werden auf dem die Aktingene *HeActI* und *HeActIII* direkt hintereinander angeordnet sind. Das bedeutet, dass die beiden angrenzenden Gene auf demselben Chromosom liegen. Es ist möglich, dass in der Evolution der Multigenfamilie Aktin durch eine Tandem-Duplikation aus dem Ursprungs-Aktingen diese zwei verschieden exprimierten Aktine entstanden sein könnten. Eine Multigenfamilie besteht aus einer Reihe von Genen, die sich durch Duplikation und Artbildung aus einem gemeinsamen ancestralen Gen entwickelt haben. Diese teilen eine ähnliche Sequenz oder gewöhnlich eine ähnliche Funktion. Die Mitglieder einer Genfamilie sind im Genom in Genclustern auf dem Chromosom angeordnet. Diese im Tandem hintereinander angeordneten Gene (engl. *tandemly arrayed genes*) bilden einen großen Anteil in vielen Genomen und spielen eine wichtige biologische Rolle. *Tandemly arrayed genes* werden gewöhnlich als Gene definiert, die im Tandem auf dem Chromosom dupliziert sind. Diese Genen sind durch ungleiche Rekombination entstanden, durch welche duplizierte Gene neben dem ursprünglichen liegen (bezeichnet als Tandem Duplikation) (Bertrand et al., 2008; Pan und Zhang, 2008). Der

Prozess der Tandem Duplikation ist einer der primären Genduplikations-Mechanismus in Eukaryonten um neue Gene in Form von Genclustern auf einem Chromosom zu erzeugen, wie an der Häufigkeit von Genfamilien-Clustern veranschaulicht (Zhang et al., 2003; Fan et al., 2008). Es konnte in Analysen der Genome von Mensch und *C.elegans* gezeigt werden, dass Gene, die in den meisten Geweben (wie *housekeeping genes*) und mit hohen Expressionsraten exprimiert werden, dazu neigen in Genclustern auf einem Chromosom angeordnet zu sein. Im Unterschied zu diesen sind gewebespezifische Gene in der Regel im Genom nicht in Clustern auf den Chromosomen gruppiert (Lercher et al., 2002; de Laat und Grosveld, 2003; Pauli et al., 2006; Shoguchi et al., 2008).

Das Strukturprotein Aktin ist das *housekeeping gene*, das in allen eukaryotischen Zellen am häufigsten vorhanden ist (Stossel et al., 1985). Es existiert in den Vertebraten in sechs verschiedene Aktin-Isoformen. Vier von diesen sind in den Muskelzellen in Form von drei α -Aktin-Isoformen und einer γ -Aktin-Isoform zu finden. In den Nicht-Muskelzellen existieren die beiden ubiquitär exprimierten zytoplasmatischen β - und γ -Aktin-Isoformen (Rubenstein, 1990; Herman, 1993; Bunnell et al., 2011). Diese Isoformen unterscheiden sich in der Proteinsequenz nicht weniger als 93% (Perrin und Ervasti, 2010). Die Klassifizierung der Aktin-Isoform erfolgt in zehn Aminosäureresten der N-terminalen Region. Die drei Gene *HeActI*, -*II* und -*III* konnten als zytoplasmatische *Beta-Aktin* (β -Aktin) von *Hydractinia* charakterisiert werden (s. dazu im Detail 3.2 und s. Abb. 3; Perrin und Ervasti, 2010). Diese drei Aktine aus *Hydractinia* sind eine zytoplasmatische Aktin-Isoform, die in der Literatur auch als ein Nicht-Muskelaktin gekennzeichnet wird. Diese Bezeichnung ist in *Hydractinia* dahingehend irreführend, da alle gefundenen Aktin-Gene in Zellen exprimiert werden, die kontraktile sind (Epithelmuskelzellen der Gastro- und Epidermis), aber zum Teil auch in Stammzellen und deren Nicht-Muskel-Derivaten (Nerven- oder Nesselzellen). In *Hydractinia* existieren multiple Gene, die alle für ein und dasselbe Aktin-Protein codieren, allein die regulatorischen Regionen sind verschieden und damit die Expressionsdomänen. Daher hier möglicherweise eine Momentaufnahme der Evolution von kontraktilen Proteinen. Spezifische Expression vor Spezialisierung der Proteinfunktionen.

Aktine werden, wie viele der Gene von kontraktilen Proteinen, auch durch eine Multigenfamilie codiert. Der hohe Grad der Konservierung der Sequenz unter den Aktin-Proteinen legt den Schluss nahe, dass diese Multigenfamilie durch Divergenz aus einem einzelnen gemeinsamen ancestralen Gen entstanden ist. Ausgehend von den Daten der Gen-Strukturen, der

Sequenzen von Nukleotid- und Aminosäuren sowie der gewebespezifischen Expression, wird in Miwa et al. (1991) ein Modell für die Evolution der Aktin-Gene vorgeschlagen. Ihre Erkenntnisse lassen sie postulieren, dass die modernen Aktin-Isoformen ein gemeinsames ancestrales Aktingen haben und aus dem diese sich entwickelt haben. Ausgehend von einem ancestralen Aktingen sind die beiden cytoplasmatischen Aktingene direkt durch den Verlust zweier Introns und der Deletion zweier Aminosäurereste hervorgegangen. Aufgrund von Duplikation des ancestralen Aktingens mit Veränderungen in vielen Aminosäuren entstand der Prototyp eines Muskel-Aktingens. Aus diesem dann die Aktingene für die gestreifte und die glatte Muskulatur, durch den Verlust eines sowie die Ergänzung eines neuen Introns, hervorgegangen sind.

Die Unterschiede der genregulatorischen Regionen spiegelten sich auch in den *in vivo*-Expressionsstudien wieder. Die Analyse der drei zytoplasmatischen Beta-Aktine zeigte eine unterschiedliche gewebespezifische Expression. Einzig das *HeActII* wurde ubiquitär exprimiert.

Da das Ziel dieser Arbeit war, die regulatorischen Regionen eines ubiquitär exprimierten Gens aus *Hydractinia* zu isolieren, wurde im weiteren Verlauf nur mit *HeActII* zur Erreichung der gesetzten Fragestellungen gearbeitet.

Entwicklungskontrollgene in der Muster- und Gestaltungsbildung

Der Wnt-Signalweg spielt bereits in der reifen Oozyte von *Hydractinia* eine wesentliche Rolle für die spätere Achsenfestlegung. Die maternale *Wnt3*-mRNA befindet sich in einem lokalen Depot am Polkörperpol der Ootide von *Hydractinia* (Plickert et al., 2006). Es konnte nachgewiesen werden, dass ausgehend von dieser Eiregion der posteriore Pol der larvalen Körperachse und somit auch der spätere Oral-Pol im adulten Polypen ausgebildet wird. Versuche mit pharmakologischen Inhibitoren der GSK3 β wie Lithium oder mit Paullonen zeigten, dass diese Agenzien zu einem sehr frühen Zeitpunkt der Embryonalentwicklung die Entstehung multipler Achsen mit oraler Identitätsfestlegung induzieren können. Es wurde demzufolge postuliert, dass die Hemmung der GSK3 β die Phosphorylierung des β -Catenins, dem zentralen Elements des kanonischen Wnt-Signalwegs, verhindert und so durch aktives β -Catenin die Wnt3-Zielgene angeschaltet werden (Plickert et al., 2006). Der Einsatz von

pharmakologischen Inhibitoren ist dahin gehend schwierig, da Inhibitoren durchaus bevorzugte Ziele haben, aber dennoch keinesfalls über eine uneingeschränkte Spezifität in der Wirkung verfügen.

Nachdem in dieser Arbeit die Etablierung transgener Techniken für *Hydractinia* gelang, war eine Modifikation der β -Catenin-Aktivität praktikabel. Da die Überexpression von nativem β -Catenin aufgrund der zellulären Aktivitätskontrolle ineffektiv sein dürfte, zielte der Versuchsansatz auf die Deletion der für die Inaktivierung durch die GSK3 β erforderlichen Phosphorylierungsstellen ab.

Nur eins von drei Überexpressions-Konstrukten bewirkte in *Hydractinia* eine signifikante Umgestaltung in der Körpergrundgestalt des Polypens. Übereinstimmend ist bei allen sichtbaren Veränderungen, dass sie eine Überproportionierung oraler Strukturen einschließen. Es konnten verschiedene Abwandlungen beobachtet werden, die sowohl die Entwicklung der Kopf- und Tentakelregion als auch irreguläre ektopische Polypen- und Tentakelanlagen entlang der Körpersäule betrafen. Die Transgene bildeten Kopf-Duplikate aus, aber auch Knospen bis hin zu zusätzlichen Körperachsen mit vollständig entwickeltem Polypen-Oberteil mit Körpersäule, Kopf- und Tentakelregion. Des Weiteren wiesen die Tiere Veränderungen in der Bildungszone der Tentakel auf. Die Anordnung der Tentakel war abweichend von der typischen Anlage. Die Tentakel waren unsymmetrisch und zufällig angelegt sowie ektopisch an Körperpositionen unterhalb der Tentakelbildungszone. Diese Effekte hätten auf die Metamorphose beschränkt sein können, bspw. durch die Wirksamkeit von mutiertem β -Catenin-Protein, das in einzelnen für die Musterkontrolle entscheidenden larvalen Zellen vorhanden gewesen war. Demgegenüber konnten dem Gesamtbild entsprechende orale Überproportionierungen ebenso bei einem Sekundärpolypen beobachtet werden, der in einem zeitlich vom Metamorphose-Ereignis unabhängigen Musterbildungsprozess entstanden ist. Die Beobachtungen von Überschussbildungen wie Köpfen oder überzähligen Tentakeln sind übereinstimmend mit der Beschreibung der durch den Einsatz der pharmakologischen Inhibitoren Alster- und Azakenpaullone erzielten Umgestaltungen (Plickert et al., 2006). Aufgrund dessen führen die hier erzielten Resultate zur zwingenden Schlussfolgerung, dass

- das mutierte β -Catenin-Protein für die Modulationen verantwortlich ist und zur Nachahmung des Wnt-Signals führt

- und, dass offenbar die Mutationen der für die Phosphorylierung bedeutsamen Aminosäurereste auch im Protein des basalen Metazoen *Hydractinia* bereits essentiell für die Aktivitätskontrolle des β -Catenin-Proteins im Wnt-Signalweg der Cnidarier sind.

Die Ergebnisse, die im Rahmen meiner Dissertation erzielt wurden, bestärken die in Plickert et al. (2006) gemachte Hypothese der Ursprünglichkeit des Wnt-Signals aufgrund der Konservierung des Mechanismus der Weiterleitung des Signals über das Schlüsselprotein β -Catenin und die Aktivierung von Wnt-Zielgenen im Zellkern.

Es waren drei Konstrukte im Versuchseinsatz von denen allerdings zwei weder eine *eGFP*-Expression noch einen erkennbaren Effekt durch das mutierte β -Catenin bewirkten. Die Ursachen hierfür sind nicht bekannt. Der Unterschied der beiden wirkungslosen Überexpressions-Konstrukte liegt in der Anordnung des *eGFP* C-terminal zum Funktionsprotein. Das einzige funktionelle Überexpressions-Konstrukt war das mit dem *eGFP* N-terminal zum Funktionsprotein im Konstrukt *eGFPHe β -Cat^{mut}*. gewesen. Vermutlich, weil die C-terminale Region des β -Catenin-Proteins „frei“ ist und so die Aktivierung von potentiellen Zielgenen ermöglicht. In der C-terminalen Region des β -Catenins befindet sich die Transaktivationsdomäne. Es konnte gezeigt werden, dass diese allein erforderlich und ausreichend ist für die Aktivierung von Wnt-Zielgenen (Vleminckx et al., 1999; Akiyama, 2000).

Das nachweislich funktionelle Überexpressions-Konstrukt resultierte in den Transgenen in keiner erkennbaren Veränderung der Gestalt der Embryonen. In diesem Kontext muss in die Überlegungen mit einbezogen werden, dass der Einsatz von Paullonen nur dann Phänotypen mit Multiplen-Achsen bewirkte, wenn dieser vor der Gastrulation ab ca. 4 Stunden nach Befruchtung erfolgte (Plickert et al., 2006). Es konnte nachgewiesen werden, dass die im Überexpressions-Konstrukt verwendete regulatorische Region des AktinII frühestens 10 Stunden nach der Befruchtung angeschaltet wird (Bachelorarbeit D. Gerads, 2010). Aufgrund dessen könnte das Ausbleiben eines frühen Effekts in der Entwicklung von *Hydractinia* darauf zurückzuführen sein, dass zum Zeitpunkt der Achsenfestlegung durch Wnt-Signale noch kein mutiertes β -Catenin-Protein vorhanden war.

Die ektopisch ausgeprägten Strukturen konnten nur sporadisch in den Transgenen beobachtet werden. Dabei darf nicht außer Acht gelassen werden, dass die transgene Expression nicht in allen Zellen eines Embryos vorhanden war, sondern immer nur in einem Mosaik aus vielen

WT-Zellen und wenigen transgenen Zellen. Nur, wenn das Transgen in eine Zelllinie gelangt aus der später eine aktiv signalisierende Zelle hervorgeht, kann auch ein Effekt erwartet werden. Dieser kann dann sehr lokal ausgeprägt sein. Darüber hinaus ist außerdem nicht bestimmt, was für eine Größe ein transgener Zellbereich mindestens haben muss, um so den Organisator-Effekt mithilfe des mutierten β -Catenins nachahmen zu können.

Neben der Rolle von β -Catenin in der Gestaltungskontrolle war auch ein weiteres Ziel dieser Arbeit die molekulare und funktionelle Untersuchung eines anderen funktionsrelevanten Gens in *Hydractinia*. Dafür wurde das Gen *Goosecoid* gewählt, das indirekt über den Wnt-Signalweg reguliert wird. Die Regulation von *Gsc* wird mittels zweier „*Growth-factor-responsive-elements*“ gesteuert. Die Aktivierung der *Gsc*-Genexpression wird an einem distalen Element durch ein *transforming growth factor-β*(TGF- β)-Signal der *Activin/vegetalising factor-1* (Vg-1)/*nodal-related*-Familie und an einem proximalen Element durch ein β -Catenin/Wnt-Signal vermittelt (Watabe et al., 1995). Die Bindung des Homöodomänproteins Siamois, welches ein Zielgen des β -Catenins ist, vermittelt das β -Catenin/Wnt-Signal (Laurent et al., 1997; De Robertis, 2004).

Bislang lagen keine Erkenntnisse zu einer möglichen Funktion von *Gsc* in *Hydractinia* vor. Einen ersten Einblick ergaben die Analysen der *HeGsc*-Expression mithilfe von *in situ*-Hybridisierung und *in vivo*-Expressionsstudien in der Embryonalentwicklung bis hin zum post-metamorphen Stadium. Deren Untersuchungen zeigten, dass die Expression von *HeGsc* regional- und zelltypspezifisch ausgeprägt ist. Offenbar wird *HeGsc* im Hypostom-, im Tentakel- und Stolonbereich des Polypen sowie in allen Regionen der Larve exprimiert. *HeGsc* ist in der Epidermis im apikalen Bereich von Larve und Polyp in sensorischen Nervenzellen lokalisiert. Neben den sensorischen Nervenzellen waren bei der Entwicklung zur Larve auch transgene *eGFP*-exprimierende Zellen vorhanden, die sich nicht typisieren ließen. Im Polypen konnten neben dieser Nervenzellart auch *eGFP*-markierte Epithelzellen im Stolon identifiziert werden.

Das Nervensystem der Planulalarve wird im Zuge der Metamorphose umgestaltet. Es konnte gezeigt werden, dass innerhalb der ersten 10 Stunden nach Eintritt der Metamorphose die Nervenzellen, wie die RFamid-Zellen und LWamid-Zellen mit einer nachweislich larvalen Funktion, absterben oder zumindest die nervenzellspezifische Expression vollständig einstellen (Plickert, 1989; Schmich et al., 1998; Martin, 2000; Plickert et al., 2003). Eventuell

betrifft das sogar alle Nervenzellen in der Larve (Seipp et al., 2010), doch das ist nicht bewiesen. Die neu gebildeten Nervenzellen entstehen schnell im Verlauf der Metamorphose (Seipp et al., 2010), könnten also aus schon kommitierten Vorläuferzellen differenzieren. Die zuallererst entwickelten Zellen des Polypen sind solche mit der größten Nähe zur Mundöffnung, genau im Bereich, indem die *HeGsc*-exprimierenden Zellen lokalisiert sind. Bei diesen Zellen könnte es sich entweder um larvale *HeGsc*-exprimierenden Zellen handeln, die aus der Larve in den Polypen mitgenommen worden sind oder es könnten solche sein, in denen in der Metamorphose, also aufgrund der eingeleiteten Entwicklungsprozesse der Metamorphose, *HeGsc* aktiviert wurde und folglich zu Nervenzellen werden. Es ist aus Studien (Plickert et al., 2003; Seipp et al., 2010) nachgewiesen, dass die anterioren Nervenzellen der Planulalarve absterben. In einer tiefgreifenden Umgestaltung entwickelt sich der orale Pol des Polypen aus dem ehemals posterioren Teil der Larve heraus (Plickert et al., 2006), indem ja die *HeGsc*-Expression nicht in den typischen Nervenzellen beobachtet werden konnte. Folglich spricht das gegen ein Mitschleppen während der Metamorphose. Es kann allerdings nicht ausgeschlossen werden, dass unter den übrigen *HeGsc*-exprimierenden Zellen der Larven auch Interstitielle-Zellen sind. Diese konnten ja in anderen Arbeiten dort gezeigt werden (Plickert und Kroher, 1988; Plickert et al., 1988). Das drängt zu der Schlussfolgerung, dass die beobachteten *HeGsc*-exprimierenden Zellen am Mund neu ausdifferenzierte, post-metamorphose Zellen sind, in denen *HeGsc* exprimiert wurde bzw. nun wird. Gegen das Mitschleppen durch die Metamorphose und für die *de novo*-Differenzierung spricht außerdem die ersichtliche Einbindung dieser Zellen als ein funktioneller, integraler Bestandteil des neuen Polypen-Nervensystems. Die *HeGsc*-exprimierenden Zellen zeigen nämlich mit ihren neuronalen Schaltelementen eine Projektion in basale Richtung, so wie es für das peptiderge Nervensystem von *Hydractinia* und andere Hydrozoen bekannt ist (Grimmelikhuijzen, 1985; Plickert, 1989). Die *HeGsc*-exprimierenden sensorischen Nervenzellen sind im apikalen Bereich von Larven und Polyp lokalisiert. In anderen Modellorganismen können dem Gen *Gooscoide* eine mitwirkende Funktion bei der Bildung des anterioren Nervensystems von Vertebraten und auch bei *Drosophila* zugesprochen werden (Blum et al., 1992; Izpisúa-Belmonte et al., 1993; Gaunt et al., 1993; Thisse et al., 1994; Goriely et al., 1996; Hahn und Jäckle, 1996; Filosa et al., 1997; Seiliez et al., 2006). Das Homolog von *Gsc* in *H.vulgaris* wird in den sensorischen Nervenzellen im Apex vom Hypostom des Polypen exprimiert und übernimmt eine Rolle in der Differenzierung der anterioren Nervenzellen (Broun et al., 1999).

Im Rahmen dieser Arbeit wurde mithilfe von verschiedenen funktionsanalytischen Verfahrensansätzen versucht das Gen *HeGsc* zur Überexpression zu bringen. Der Einsatz von gecappter mRNA war nicht funktionell und von den vier eingesetzten Genüberexpressionskonstrukten war lediglich nur das Tandem-Expressionskonstrukt *HeActII51ASActeGFP-HeActIIHeGsc* erfolgreich in *Hydractinia*. Die Ergebnisse zeigten, dass der Aufbau dieses Genkonstruktes offenbar ermöglicht den Transkriptionsfaktor HeGsc ungebunden vom Reportergen eGFP funktionell aktiv im Zellkern zu exprimieren. Die ektopische Expression von *HeGsc* führte unverkennbar in der embryonalen- und larvalen Entwicklung, aber auch in der Folge im post-metamorphen Stadium, zu erheblichen Abwandlungen der Morphologie von *Hydractinia*. Die Veränderungen der typischen Gestalt der Planulalarve betrafen die Ausbildung der anterior-posterioren Polarität als auch die der apikalen und terminalen Region. Im adulten Stadium zeigten sich morphologische Effekte, die die typische Anlage der Tentakelregion des Polypen betrafen sowie die ektopische Ausbildung von Tentakeln.

Es ist aus den Modellsystemen der Vertebraten bekannt, dass den Genen mit einer Goosecoid-Homöobox eine wesentliche Rolle während der Achsenbildung zugeschrieben wird. Die *Gsc*-Gene werden während der Gastrulation im Organisator oder seinen Äquivalenten im Frosch, Huhn, Zebrafisch und der Maus exprimiert wird (Blum et al., 1992; Blumberg et al., 1991; Cho et al., 1991; Izpisúa-Belmonte et al., 1993; Stachel et al., 1993). In *Xenopus* konnte zuerst gezeigt werden, dass der Transkriptionsfaktor Gsc die Eigenschaften des Spemann-Organisator imitiert und eine entscheidende Funktion im biochemischen Signalweg des Spemann'schen Organisatorphänomens übernimmt (Cho et al., 1991; Robertis et al., 1992). Des Weiteren erbrachten Überexpressionsstudien in *Xenopus* das Ergebnis, dass *Gsc* nicht nur eine entscheidende Rolle im Organisator bei der Einleitung der Achsenbildung in der frühen Gastrulation spielt, sondern führt bei der Mikroinjektionen der *Gsc*-mRNA in dorsale und ventrale Blastomeren zu Zellbewegungen in dorso-anteriorer Richtung. Das Experiment zeigt, dass *Gsc* eine Funktion bei der Kontrolle von Gastrulationsbewegungen von Zellgruppen hat und verdeutlicht, dass Homöoboxgene regionsspezifische Zellbewegungen regulieren können (Niehrs et al., 1993, 1994). Das Homolog von *Gsc* in *H.vulgaris* wird in einem Gewebe exprimiert, das als Organisator wirkt und spielt eine Rolle in der Organisator-Funktion sowie der Kopfbildung, ähnlich den Funktionen, die Goosecoid in Vertebraten übernimmt (Broun et al., 1999).

Offensichtlich beeinflusst der Transkriptionsfaktor *HeGsc* die Entwicklungskontrolle in *Hydractinia*. Anders als beim mutierten β Cat führte die Expression des Transgens in der frühen Embryonalentwicklung und im Zuge der weiteren Entwicklung zu drastischen Veränderungen in der Achsenmorphologie. Es zeigten sich Veränderungen, die man aufgrund der Erkenntnisse der Alsterpaullone-Studien vom β Cat-Überexpressionskonstrukt erwartet hätte (Plickert et al., 2006). Da Goosecoid ein Zielgen des WNT/ β -Catenin-Signalwegs ist, das als das finale Gen in dieser Signalkaskade fungiert, kann es so direkt auf Zielgene wirken, während β -Catenin dies nur indirekt ausüben kann. Goosecoid könnte infolgedessen viel effizienter funktionieren. Man muss natürlich auch hierbei immer berücksichtigen, dass alle Transgene auch Mosaiktiere sind und immer nur die Zellen einen Effekt hervorrufen indem das richtige Umfeld bzw. ein Set von anderen Genen und Transkriptionsfaktoren verfügbar ist.

Goosecoid wird wie die *in situ*-Hybridisierung und die *in vivo*-Expressionsstudien zeigten im Hypostom in der Region des Apex vom adulten Polypen exprimiert. Die Mundöffnung des Polypen wird in diesem Bereich ausgebildet. Hier wird auch das Gen *HeBrachyury* exprimiert. Obwohl der T-Box Transkriptionsfaktor Brachyury ein wichtiges Entwicklungsgen ist, das als ein früher panmesodermaler Marker bei Vertebraten angesehen wird (Herrmann et al., 1990), konnte dieses "mesodermale" Gen auch in Diploblasten wie *Hydra* (Technau und Bode, 1999) und auch *Hydractinia* (Kroiher, 2000) nachgewiesen werden. Aus *Hydra* ist bekannt, dass das Gen *Brachyury* (*HyBra1*) dort eine Funktion in der Bildung des Hypostoms, dem Apex des Polypen, einnimmt. *HyBra1* wird sehr früh an der Stelle der zukünftigen Hypostoms exprimiert, was für eine frühe Rolle in der Ausbildung des Kopf-Organisators/Kopf-Bildung in *Hydra* spricht (Technau und Bode, 1999; Technau et al., 2000; Broun und Bode, 2002; Bielen et al., 2007). Das Hypostom ist die Region des Kopf-Organisators (Browne, 1909; Broun und Bode, 2002; Bielen et al., 2007), das als Äquivalent dem Speemann'schen Organisator in Amphibien gleichgestellt wird (Spemann und Mangold, 1924). Goosecoid könnte daran im Zusammenspiel mit dem Gen *Brachyury* indirekt beteiligt sein. Es ist aus Vertebraten bekannt, dass Goosecoid eine Bindungsstelle im *Brachyury*-Promoter besitzt um dessen Transkription zu reprimieren. In *Xenopus* konnten *in-situ*-Analysen zeigen, dass sich im frühen Spemann's Organisator die Expressionsdomänen von *Gsc* und *Xbra* überlappen. Während der Gastrulation geht diese Coexpression verloren, was auf eine Interaktion dieser beiden Gene hindeutet. Eine ektopische *Gsc*-Expression unter-

drückt ventral sowohl die endogene *Xbra*-Expression als auch die Transkription von *Xbra*-Promotor-Genkonstrukten. Die Unterdrückung, wenigstens teilweise, wird durch eine *Gsc*-Bindungsstelle innerhalb der ersten 349bp des Promotors vermittelt. Die *Xbra*-Promotorgen-Transkription wird ebenso in der Region der endogenen *Gsc*-Expression unterdrückt, während ein hohes Niveau ektopischer *Xbra*-Expression keinen Effekt auf die endogene *Gsc*-Expression hat (Artinger et al., 1997). Es wäre möglich, dass auch in *Hydractinia* eine solche Interaktion erfolgt und *HeGsc* durch diese Repression eine Funktion in der Begrenzung der *Brachyury*-Expression einnimmt und somit einen Einfluss auf die Größe der Mundöffnung des Polypen haben könnte.

Ein weiteres Gen mit dem *HeGsc* interagieren könnte, ist das Gen *Hepatic Nuclear Factor-3β* (*HNF3β*), das auch in *Hydractinia* isoliert werden konnte. Das *in-situ*-Expressionsmuster von *HeHNF3β* im Hypostom des Polypen stimmt mit dem von *HeGsc* überein (Diplomarbeit Markus Bause, 2010). Es konnte von Filosa et al. (1997) gezeigt werden, dass die Gene *Gsc* und *HNF3β* während der Gastrulation in der Maus in allen drei Keimschichten coexprimiert werden und durch ihre genetische Interaktion die Musterbildung des Neuralrohrs regulieren. Im Zebrafisch konnte ebenfalls nachgewiesen werden, dass die Gene *Gsc* und *FoxA3*, das zur *HNF3β*-Familie gehört, coexprimiert werden und bei der Bildung von anteriorem neuralem Gewebe synergistisch interagieren (Seiliez et al, 2006).

Die Auswertung der im Rahmen dieser Arbeit durchgeföhrten Untersuchungen lassen den Schluss zu, dass *HeGsc* mindestens zwei unterschiedliche Funktionen in *Hydractinia* ausübt. Zum einen eine Rolle in den sensorischen Nervenzellen des apikalen Nervensystems von Planulalarve und Polyp. Zum anderen eine Rolle als Entwicklungskontrollgen in der Achsenfestlegung/axialen Musterbildung in der Embryogenese der Planulalarve und der post-metamorphen Entwicklung des Polypen. Des Weiteren ist anzunehmen, dass auch in *Hydractinia* ancestrale *Goosecoid*-Funktionen, im Kopf-/Organisator sowie beim Zusammenwirken mit Genen wie *HeHNF3β* und *HeBra* konserviert sind.

Analytische Konstrukte als Hilfswerkzeug zur Genmanipulation

Im Rahmen dieser Arbeit gelang der Einstieg in die Funktionsanalyse von Proteinen im basalen Metazoen *Hydractinia*. Diese ausgegebene Zielvorgabe wurde mithilfe des Einsatzes verschiedenster standardmäßig im Labor eingesetzten transgener Techniken nachgegangen. Allerdings zeigte sich, dass einige dieser Techniken nicht erfolgreich zur Funktionsanalyse in *Hydractinia* eingesetzt werden konnten.

Die Konstruktion eines Fusionsproteins allein garantierte nicht, dass man dadurch auch Resultate erhalten kann. Dabei lässt sich ferner nur mutmaßen woran es gelegen haben könnte, ob die mangelnde biologische Effizienz des Reporterfusionsproteins in der Fusion der Proteine selbst, wie etwa in sterischen Effekten oder dem Fehlen der Tertiärstruktur, begründet war. Es darf dabei aber auch nicht außer Acht gelassen werden, dass einige der Proteine posttranslational modifiziert werden müssen, um funktionell zu werden und/oder dafür in einem bestimmten Kompartiment der Zelle lokalisiert sein müssen. Transkriptionsfaktoren bspw., die im Zellkern aktiv sind, weisen Kernlokalisierungssignale auf, um an ihren Bestimmungsort transportiert und dort wirksam werden zu können.

Aber gerade bei Transkriptionsfaktoren gibt es offenbar ein Problem der Funktionalität mit der räumlichen Angrenzung zum Reportergen. Allerdings wie man sehen konnte auch bei der Konstruktion eines Reporterfusionsprotein mit β Catenin. Hier zeigte sich, dass eGFP als carboxyterminales Fusionsprotein von mutagenisiertem β -Catenin nicht exprimiert wird. Erst die Positionierung des Reportergens N-terminal zum analytischen Gen führte zu einem funktionellen Reporterfusionsprotein. In Studien konnte der Nachweis erbracht werden, dass allein die in der C-terminalen Region befindliche Transaktivationsdomäne entscheidend für die Wnt-Zielgen-Aktivierung ist (Vleminckx et al., 1999; Akiyama, 2000). Folglich, da im Funktionsprotein des Konstruktes *eGFPHe β -Cat^{mut}* die C-terminale Region des β -Catenin-Proteins befreit vom Reporterprotein ist, wird so vermutlich erst die erfolgreiche Aktivierung der potentiellen Zielgene möglich. Der zuvor gewählte Ansatz ein Reportergenkonstrukt mit dem selbst-spaltenden Separator Polypeptid 2A zwischen das *eGFP* und das *He β -Cat^{mut}* fusioniert einzusetzen, brachte nicht den erhofften Effekt in der Proteinsynthese zweier funktionsfähiger Proteine. Es wurde zwar eine Fluoreszenz des Reporterproteins beobachtet, aber dennoch konnten keine ersichtlichen morphologischen Veränderungen entdeckt werden. Vermutlich war doch kein funktionelles He β -Cat^{mut} erzeugt worden. Der Mechanismus des

2A-Peptids basiert auf einem translationalen Effekt, einem mutmaßlichen ribosomalen „Überspringen“ („skip“), der zur Spaltung des 2A in den beiden letzten AS des C-Terminus führt (Ryan et al., 1991; Donnelly et al., 2001; Kim et al., 2011). Während der Synthese der Glycyl-Prolyl-Peptidbindung am C-Terminus des Peptids 2A überspringt das Ribosom diese und das führt zur Spaltung zwischen dem 2A-Peptid und dem nachfolgenden Peptid. Das stromabwärts abgespaltete Peptid hat daraus resultierend an seinem N-Terminus das Prolin (Donnelly et al., 2001; de Felipe et al., 2010; Kim et al., 2011). Inwiefern das Prolin am Start-Methionin des Heß-Cat^{mut}-Protein als fehlerhaft in der Zelle erkannt wird und daraus resultierend abgebaut wird, lässt sich nur mutmaßen. Es könnte aber eine mögliche Erklärung für das Scheitern dieses Versuchsansatzes sein, wenn man davon ausgeht, dass dieser 2A-Peptid-Mechanismus in *Hydractinia* überhaupt funktionell ist.

Um einer hemmenden Konfiguration des Reporterfusionsproteins entgegenzuwirken wurden verschiedene Ansätze entwickelt, die darauf abzielten, den Transkriptionsfaktor HeGsc frei vom fluoreszierenden Protein eGFP funktionell aktiv im Zellkern zu exprimieren. Um eine potentielle Missfaltung des Reporterfusionsproteins in der Proteinbiosynthese oder hemmende Konfiguration zu vermeiden, wurde der Einsatz ein Reportergenkonstrukt mit einer bi-cistronischen Transkriptionseinheit geprüft. Hierbei war der beabsichtigte Versuchsansatz, dass die Expression und Regulation nur über die Kontrolle der regulatorischen Regionen von einem Gen erfolgte. Das sollte die Expression beider Proteinkodierungen in einer transgenen mRNA ermöglichen, die anschließend getrennt voneinander mit dem analytischen Protein frei vom fluoreszierenden Protein eGFP funktionell aktiv in der Zelle umgesetzt wird. Für diesen Zweck wurde das IRES-Element in das Reportergenkonstrukt eingeführt, dass die Bindung des Ribosoms direkt an das Transkript vermitteln und dadurch die sogenannte Cap-unabhängige Initiation der Proteinbiosynthese ermöglichen sollte (Hellen und Sarnow, 2001; Mokrejš et al., 2006, 2010). Die Funktionalität dieser Translationsinitiation konnte in *Hydractinia* allerdings nicht nachgewiesen werden.

Der Einsatz von „*capped sense mRNA*“ mithilfe der Mikroinjektion war nicht funktionell in *Hydractinia*. Weder die *capped mRNA* des Kontrollgens noch die des analytischen Gens wurden augenscheinlich translatiert. Weshalb diese transgene Technik nicht wirksam war, konnte nicht ermittelt werden. Es könnte aber möglicherweise daran gelegen haben, dass diese synthetisch hergestellte *capped mRNA* keine „*Spliced leader*“-Sequenz aufwies. Diese

Sequenz wird im Prozess der mRNA-Reifung an das 5`Ende von prä-mRNAs „angespleißt“. Die biologische Funktion ist bislang noch nicht aufgeklärt. Ebenso ist nicht bekannt, ob alle transkribierten Gene in *Hydractinia* bzw. ihre mRNA-Transkripte durch dieses „*Trans-Slicing*“ modifiziert werden müssen, um biologisch aktiv zu sein. In einem anderen Hydrozoen, *Clytia hemisphaerica*, der ebenfalls diesen Anspleißungs-Mechanismus mit einem „*Spliced leader*“ an prä-mRNAs aufweist, konnte allerdings diese tansgene Technik erfolgreich eingesetzt werden (Momose und Houliston, 2007; Momose et al., 2008). Allerdings wurde dort mit einer kleineren Auswahl von fünf unterschiedlichen mRNAs gearbeitet. Inwiefern dies Gene sind, die über einen „*Spliced leader*“ verfügen, ist nicht bekannt.

Hier konnte mit dem Tandemkonstrukt gezeigt werden, dass die Anordnung zweier transgener Geneinheiten im Tandem hintereinandergeschaltet offenbar nicht zu groß ist um erfolgreich eingesetzt zu werden. Die Funktionalität des Konzepts mit einem Tandem-Expressionskonstrukt konnte anhand des analytischen Gens *HeGsc* belegt werden sowie durch ein zweites Genkonstrukt gestützt, welches anstelle von *HeAktinII* die regulatorischen Kontrollregionen von *HeEF1alpha* enthielt (Daten/Ergebnisse nicht gezeigt). Die Beurteilung des Versuchsansatzes mit dem Tandemkonstrukt *HeActII51ASActeGFP-HeActIIHeGsc* legte nahe, dass eine unabhängige Expression von Reporter- und Funktionsgen mittels eines so gestalteten Genkonstruktes funktionell ist und aussichtsreich für *in vivo*-Studien mit Funktionsproteinen eingesetzt werden kann. Die Entkoppelung eines nukleären Transkriptionsfaktors wie HeGsc vom fluoreszierenden Reporterprotein ist möglicherweise erforderlich für dessen funktionelle Bindung an die DNA von Zielgenen. Dass diese Entkoppelung des Reportergens anscheinend eine wichtige Voraussetzung für die Funktionalität des zu untersuchenden Genes bzw. seines Proteins ist, konnte in einer Überexpressionsstudie mit dem Transkriptionsfaktor HeHNF3β in einem Tandemkonstrukt wiederholt und bestätigt werden (mündliche Mitteilung M. Bause).

HeELAV ermöglicht als neurspezifischer Marker Studien des Nervensystems von *Hydractinia*

Die ersten visuellen Eindrücke von Nervenzellen in *Hydractinia* gelangen durch elektromikroskopische Aufnahmen in den frühen 80ern und in ICC-Studien (Plickert et al., 1988;

Plickert, 1989; Leitz und Lay, 1995; Gajewski et al., 1996; Plickert et al., 2003). In dieser Arbeit konnte nun erstmals durch den Einsatz transgener Techniken das Nervensystem von *Hydractinia echinata* auch *in vivo* sichtbar gemacht werden. Es wurden Transgene unter der Kontrolle der regulatorischen Regionen der Gene *HeActII*, *HeEF1alpha* und *HeELAV* aus *Hydractinia* erzeugt. In den Expressionsstudien konnten durch die Markierung mit dem fluoreszierenden Protein eGFP verschiedene Nervenzelltypen detektierbar gemacht werden, die man zuvor nur aus ICC-Studien kannte, aber es wurden auch bisher unbekannte Nervenzellen in *Hydractinia* entdeckt.

Ein weiteres Ziel dieser Arbeit war die Isolierung eines neutralspezifischen Gens, das neue Erkenntnisse zur Entwicklung und Funktion des Nervensystems von *Hydractinia* ermöglichen sollte. Ein Reportergenkonstrukt sollte dessen spezifische Genexpression *in vivo* in Nervenzellen und deren Vorstadien in transgenen *Hydractinia* detektierbar machen. Für diese Untersuchungen wurde das neurale Gen *ELAV* ausgewählt. Es wurde erstmalig in *Drosophila* beschrieben (Campos et al., 1985). Das RNA-bindende Protein ELAV ist im sich entwickelnden embryonalen Nervensystem ab dem Zeitpunkt der Geburt der ersten Neuronen nachweisbar. Es wird in allen Stadien der Entwicklung exprimiert und für die korrekte Differenzierung und den Erhalt des Nervensystems benötigt (Robinow und White, 1991; Yao et al., 1993). Dieses spezifische Expressionsmuster qualifiziert ELAV als panneurales Gen. Es wird auf Grund dessen seit seiner ersten Beschreibung im Jahre 1991 als der exklusive neuronale und post-mitotische Marker angesehen (Robinow und White, 1991).

Die Studien der Expression des Transgens *ELAV:eGFP* zeigt eine Vielzahl markierter Nervenzellen im anterioren und apikalen Bereich der Planulalarve (exemplarisch gezeigt s. 3.7.1, Abb.: 57). Es ist bereits aus ICC-Studien mit LW- und RFamid-Antikörpern bekannt, dass diese als sensorische und neurosekretorische Zellen auf den anterioren Teil der Larve beschränkt sind. Etwa jeweils 20 dieser Nervenzellen wurden festgestellt (Plickert, 1989; Leitz und Lay, 1995; Gajewski et al., 1996; Plickert et al., 2003). Andererseits konnten mithilfe von Mazerationsstudien von Larven ca. 440 Nervenzellen pro Tier aufgrund der Zellgestalt ermittelt werden (Plickert et al., 1988). Unter Beachtung der Tatsache der Expression der transgenen Larven als Mosaik, zwingen die in dieser Arbeit beobachteten Zahlen *ELAV*-exprimierender Nervenzellen zu der Annahme, dass alle Nervenzellen in *Hydractinia* *ELAV* exprimieren. Die Zahlen weisen sogar darauf hin, dass die in Plickert et al. (1988) aufgrund der Mazerate ermittelten Zahlen eventuell noch zu gering sind und mehr als 440 Nervenzellen

das Nervensystem der Larve aufzubauen. In Übereinstimmung mit den bekannten Daten aus ICC-Studien wurde aber auch in dieser Arbeit die größte Dichte der ELAV-exprimierende Zellen am anterioren Pol beobachtet. Allerdings konnten in diesen Studien nur immer wenige sensorische Nervenzellen markiert werden. Das deutet daraufhin, dass es Abstufungen der sensorischen Nervenzellen gibt. Das dies nur die Markierung einer Teilmenge von sensorischen Nervenzellen war, zeigt das Potential des Transgens *ELAV:eGFP* für Untersuchungen am Nervensystem von *Hydractinia*.

Im Unterschied zu den zahlreichen *ELAV*-exprimierenden Zellen in der Larve, konnten in den aus diesen in der Metamorphose hervorgegangen Primärpolypen nur vereinzelte beobachtet werden. Im Hinblick darauf, dass die Metamorphose innerhalb von nur etwa 24h verläuft, ist das Verschwinden der eGFP-Fluoreszenz in den Zellen nicht ausschließlich mit einem Ausschalten des transgenen *ELAV*-Promoters zu erklären. Residuales eGFP, das in den transgenen *ELAV*-Zellen der Larve zu einer ausgeprägt luminösen Fluoreszenz geführt hat, müsste bei einer Persistenz dieser Zellen auch noch in den Primärpolypen zu beobachten sein. Es muss folglich davon ausgegangen werden, dass die larvalen *ELAV*-Zellen im Verlauf der Metamorphose zugrunde gehen. Die Umgestaltung des Nervensystems war bereits in Rahmen der ICC-Studien der Nervenzellen mit einer ausgewiesenen larvalen Funktion vorgeschlagen worden. Das System der dem Anschein nach an der Photoorientierung der Larven beteiligten RFamid-Zellen und der an der Metamorphose-Steuerung beteiligten LWamid-Zellen wird innerhalb der ersten 10 Stunden nach Eintritt der Metamorphose zerstört (Plickert, 1989; Schmich et al., 1998; Martin, 2000; Plickert et al., 2003). Ebenfalls die umfassende Ablation von anterioren Zellen durch Apoptose (Seipp et al., 2010) deutet daraufhin, dass eine tiefgreifende Neuordnung des Nervensystems abläuft, wenn aus einer Larve ein Polyp gebildet wird. Diesbezüglich lassen sich die im Rahmen dieser Arbeit gemachten Beobachtungen einordnen. Unter der Vermutung, dass alle Neuralzellen in *Hydractinia* *ELAV* exprimieren, weist das annähernd vollständige Verschwinden transgener *ELAV*-Zellen auf eine komplett Neugestaltung des Nervensystems hin. Es ist mit diesem panneuronalen Marker möglich die Neurodegeneration sowie die *de novo*-Bildung des post-metamorphen Nervensystems *in vivo* zu verfolgen.

In wenigen Fällen ließen sich *eGFP*-exprimierende Zellen im Polypen beobachten. Es konnten neben ganglionären Nervenzellen im Stolon, Tentakel und u.a. sensorische im Hypostom der Polypen lokalisiert werden. Diese Zellen im Hypostom zeigten auch hier die

für sensorische Nervenzellen typische Gestalt mit einem kleinen flaschenförmigen Zellkörper und basalen Projektionen. Deren Fortsätze verliefen parallel zur Körperlängsachse von oral in aborale Richtung. Die Topografie spricht dafür, dass diese Nervenzellen funktionaler und integraler Bestandteil des neu aufgebauten Polypen-Nervensystems sind und nicht als Restbestand larvaler Zellen durch die Metamorphose mitgeschleppt worden sind.

Die Expression von *HeELAV* konnte neben der in verschiedenen Nervenzelltypen u.a. auch in nicht-nervenzellspezifischen Zellen wie in den Epithelzellen im Stolon oder Tentakel nachgewiesen werden. Dies könnte möglicherweise eine unspezifische Expression gewesen sein, da die isolierten regulatorischen Regionen im Reportergenkonstrukt nicht ausreichend sein könnten. Der für eine genspezifische Expression regulatorische DNA-Abschnitt mit einem erforderlichen Enhancer könnte dafür im Genkonstrukt nicht vorhanden sein. Andererseits wäre es möglich, dass diese nicht-nervenzellspezifische Expression doch genspezifisch für *HeELAV* ist. Die Gene der ELAV/Hu-Familie sind in einer Vielzahl von Vertebraten und Invertebraten nachgewiesen worden und werden ausschließlich innerhalb des Nervensystems oder aber sowohl dort, als auch in anderen Geweben exprimiert (Good, 1995; Antic und Keene, 1997). Es ist aus den Vertebraten bekannt, dass nicht alle ELAVs ausschließlich in Nervenzellen exprimiert werden. Diese werden in den Vertebraten als Hu-Proteine bezeichnet und wurden als Zielantigene (Hu Antigen) im Serum von Patienten mit kleinzelligem Lungenkrebs und paraneoplastischer Encephalomyelitis/Sensorischer Neuronopathie entdeckt. Im normalen Gewebe ist die Expression auf die Zellkerne des Nervensystems und im Tumorgewebe auf alle kleinen Zellkarzinome beschränkt (Graus und Ferrer, 1990; Dalmau et al., 1992). Es gibt 4 Mitglieder von RNA-bindenden Proteinen bei den Vertebraten, die als HuR, HuB, HuC und HuD bezeichnet werden. Sie gehören aufgrund Ihrer Homologie zum ELAV aus *Drosophila* zur ELAV/Hu-Familie. Diese neuronalen RNA-bindenden Proteine sind notwendig und ausreichend um in Säugetierzellen die neuronale Differenzierung zu induzieren (Akamatsu et al., 1999; Kasashima et al., 1999). Es konnte gezeigt werden, dass die 3 Mitglieder ELAV-Familie HuB, HuC und HuD in Säugern frühe und spezifische Marker von post-mitotischen Nervenzellen während der Entwicklung des Zentralnervensystems sind. HuB wird zusätzlich auch in den Gonaden und das vierte Mitglied HuR ubiquitär exprimiert (Szabo et al., 1991; Abe et al., 1994; Barami et al., 1995; Good, 1995; Okano und Darnell, 1997; Wakamatsu und Weston, 1997). Die Mitglieder der ELAV/Hu-Familie wirken bei der mRNA-Stabilität, Translatierbarkeit und Polyadenylierung von mRNA im Zytoplasma und

Zellkern mit (Antic und Keene, 1997; Antic et al., 1999; Keene, 1999; Kim-Ha et al., 1999; Brennan und Steitz, 2001). Die RNA-bindenden Proteine sind in der Zelle, aber auch an Prozessen wie dem Transport (Michael et al., 1995) und alternativem Splicen von mRNA beteiligt (Ruskin et al., 1988). Die Hu-Proteine sind wie alle Mitglieder der RNA-bindenden Proteine der ELAV/Hu-Familie an unterschiedlichen Aufgaben in der posttranskriptionalen Regulation beteiligt (Antic und Keene, 1997). Eine Hauptfunktion der Hu-Proteine in Säugetieren ist aber die Regulation des mRNA-Stoffwechsels, indem durch die Bindung an sogenannte AU-reiche Elemente (ARE) im 3' untranslatierten Region der mRNA (3'UTR) die Stabilität und/oder Translation der Ziel-Transkripte beeinflusst wird. Die ARE-Sequenzen sind der entscheidende Faktor, der die Stabilität und damit auch den schnellen Abbau von vielen mRNAs in Säugetierzellen beeinflusst. Sie sind so an der Regulation vieler Prozesse beteiligt (Chen und Shyu, 1995). Die Ergebnisse zeigen, dass die neuronalen ELAV-Proteine der Vertebraten HuB, HuC und HuD sowie das ubiquitär exprimierte HuR mRNAs stabilisieren, die ARE-Sequenzen besitzen (Levine et al., 1993; Keene, 1999; Brennan und Steitz, 2001).

In embryonalen Zellen wurde *HeELAV* nur im Ektoderm exprimiert. Die Anzahl dieser ist zu viel um allesamt zu Nervenzellen zu werden (mündliche Mitteilung Plickert). Das Zellschicksal ist unbekannt, aber möglicherweise ist HeELAV als RNA-editierender Faktor auch anders in *Hydractinia* beteiligt. Die Expression von *HeELAV* in nicht-nervenzellspezifischen Zellen lässt dort eine mögliche Funktion in der Regulation des mRNA-Stoffwechsels vermuten. Da diese Expression nur in einer geringen Zahl von Zellen auftrat, könnte dies allerdings auch vielmehr für eine unspezifische Genexpression sprechen. Abschließend lässt sich dieses Ergebnis bzw. die Funktion des *ELAVs* in nicht-nervenzellspezifischen Zellen von *Hydractinia* nicht eindeutig aufklären.

Die Reportergenkonstrukte gaben *in vivo* neue Einblicke in das komplexe Nervensystem von *Hydractinia*

Der Tierstamm der Cnidaria stellt zusammen mit oder neben den Ctenophora die erste Tiergruppe dar, die neben echten Geweben und einem definierten Körperbau, auch ein einfaches Nervensystem ausgebildet haben (Boero et al., 2005; Watanabe et al., 2009; Dohrmann und

Wörheide, 2013). Dieses Nervensystem ermöglicht ihnen einfache Bewegungen zu koordinieren und auch aktiv Beute zu fangen. Es bildet ein diffuses Nervennetz, das zusätzlich bei Polypen und Medusen zu Nervenringen entwickelt ist (Pantin, 1952; Grimmelikhuijzen und Spencer, 1984; Grimmelikhuijzen, 1985). Das Verständnis zur Funktion und dem Bau des Nervensystems der Cnidaria sind bisher unvollkommen. Mithilfe von immunhistologischen Studien von Neuropeptiden hatte man bislang den Aufbau untersucht. Die Neuropeptide erfüllen im ausgeprägt peptidergen Nervensystem eine zentrale Funktion in der Physiologie der Cnidaria und wirken dort als Neurotransmitter oder Neuromodulatoren (McFarlane et al., 1987, 1991; Gajewski et al., 1996; Grimmelikhuijzen et al., 1996, 2002; Takahashi et al., 1997; Plickert et al., 2003; Plickert und Schneider, 2004).

Hydractinia kontrolliert alle wichtigen physiologischen Funktionen über ein Nervensystem, das wie ausnahmslos andere Regionen spezifisch über die einzige Körperachse angelegt ist. Es konnte nachgewiesen werden, dass eine wesentliche Rolle dem Nervensystem bei der Phototaxis und in der Metamorphose von *Hydractinia* zukommt (Plickert, 1989; Leitz et al., 1994; Leitz und Lay, 1995; Gajewski et al., 1996; Katsukura, 1998; Schmich et al., 1998; Katsukura et al., 2003, 2004; Plickert et al., 2003; Plickert und Schneider, 2004).

Im Rahmen dieser Arbeit gelang es neue Einblicke in den Aufbau des Nervensystems der Cnidaria zu gewinnen. Die transgene Technik lieferte ein besseres Verständnis vom Aufbau und zur Funktion des Nervensystems in *Hydractinia*. Die eGFP-Markierung ermöglichte unterschiedliche Nervenzelltypen in Larve und Polyp zu detektieren. Neben bereits bekannten Zellen auch Nervenzellen, die bisher noch nie beobachtet wurden. Außerdem gelang es einen Überblick über deren Verteilung und ihre Vernetzung entlang der Körperachse zu gewinnen. Die Untersuchungen zeigten, dass eine Vielzahl von sensorischen Nervenzellen auf den anterioren und apikalen Bereich der Larve konzentriert ist. Den apikalen sensorischen Nervenzellen im ektodermalen Oberflächenepithel der Larve wird eine Funktion in der Perzeption von äußeren Signalen, deren Umwandlung und Weiterleitung als internes Signal über Neurotransmitter, wie LW- und RFamide, in den übrigen Körper bis in den posterioren Körperebereich zugesprochen. ICC-Studien mit Antikörpern konnten zeigen, dass diese LW- und RFamide aufweisenden sensorischen und neurosekretorischen Zellen auf den anterioren Teil der Larve beschränkt sind (Plickert, 1989; Leitz und Lay, 1995; Gajewski et al., 1996; Plickert et al., 2003). Deren Fortsätze projizieren parallel zur anterior-posterioren Achse nach hinten und dort die Freisetzung der Neurotransmitter erfolgt. Dabei wird dem LWamid eine

Funktion in der Metamorphose und dem RFamid eine wesentliche Rolle in der Photoorientierung zugewiesen (Leitz et al., 1994; Gajewski et al., 1996; Plickert et al., 2003, Plickert und Schneider, 2004). Ein Teil dieser eGFP-markierten sensorischen Nervenzellen in der apikalen Region der Larve wird die Aufgabe der Photoperzeption übernehmen. Die Zellform ist aufgrund der mosaikartig ausgeprägten Expression des Transgens sehr gut zu erkennen. Sie zeigen die typische flaschenhalsartige Form die sensorische Nervenzellen mit Cilium besitzen. In einem Präparat unter dem Mikroskop konnte ein eGFP-markiertes Cilium einer sensorischen Nervenzelle identifiziert werden (Bachelorarbeit von D. Gerards). Im Tierreich kommen zwei verschiedene Photorezeptorzelltypen vor, die sich nicht nur in ihrer Morphologie unterscheiden, sondern auch in ihren Photosignaltransduktionkaskaden und im Mechanismus wie der Lichtstimulus weitergeleitet wird. Die Photorezeptorzellen aller bislang untersuchten Cnidaria gleichen denen des ciliären Photorezeptorzelltyp der Vertebraten und weniger denen des rhabdomeren Photorezeptorzelltyp der meisten Invertebraten. Molekulare phylogenetische Analysen zeigten, dass die Opsine der Cnidaria näher verwandt sind mit den C-Opsinen der Bilateria als mit anderen Opsinen im Tierreich. Die Ergebnisse deuten darauf hin, dass die Divergenz der C- und R-Opsine vor der Cnidaria-Bilateria-Aufspaltung stattgefunden hat. Aus diesem Grund nimmt man an, dass die Photorezeptoren der Cnidaria ein sehr frühes Stadium der Evolution hinführend zum Vertebratenauge repräsentieren könnten (Eakin und Westfall, 1962; Eakin, 1982; Martin, 2002; Suga et al., 2008). Aus diesem Grund eignet sich der Tierstamm der Cnidaria um die ersten Photorezeptoren und photosensorischen Mechanismen im Hinblick auf die Evolution und den Ursprung der Photoperzeption zu erforschen. Die Photorezeptorzellen vom ciliären Zelltyp der Vertebraten und der Cnidaria besitzen eine reguläre charakteristische Struktur, die aus Disks und Einfaltungen der Plasmamembran besteht. Die Vergrößerung der sensorischen Oberfläche kommt durch eine modifizierte nicht motile Cilie zustande, deren ciliäre Plasmamembran zu einem dicht gepacktem Membransystem gefaltet ist (Eakin, 1982; Ebrey und Koutalos, 2001). Es konnte in Untersuchungen mit pharmakologischen Inhibitoren durch den Eingriff in die Photosignaltransduktionkaskade gezeigt werden, dass in der Planulalarve von *Hydractinia* auch der ciliäre Photorezeptorzelltyp vorhanden sein müsste (eigene Diplomarbeit). In dieser Arbeit gelang es nun diese sensorischen Nervenzellen durch eGFP-Labeling mithilfe der genregulatorischen Regionen des neutralspezifischen Gens *ELAV*, aber auch durch die beiden ubiquitär exprimierten Gene *HeAktinII* und *HeEF1alpha* sichtbar zu machen. Dies ist der visuelle

Nachweis, dass der ciliäre Photorezeptortyp wie in anderen Cnidariern auch in *Hydractinia* existiert.

Wie das lichtgesteuerte Verhalten der Planulalarve koordiniert wird, ist bislang auf der zellulären Ebene noch nicht entschlüsselt worden. Unter den basalen Metazoen finden sich erstmals in Coelenteraten neben einem Nervensystem auch multizelluläre lichtwahrnehmende Organe, sogenannte Ocellen (einfache Augen). Viele Cnidaria wie auch *Hydractinia*, die keine hochentwickelten Photorezeptionsorgane besitzen, zeigen dennoch eine extraokulare Photosensitivität. Sie sind fähig ohne erkennbare visuelle oder photosensitive Strukturen Licht wahrzunehmen und positiv phototaktisch (Marks, 1976; Yoshida, 1979; Musio, 1997; Taddei-Ferretti und Musio, 2000; Martin, 2002). Man weiß, dass eine lichtwahrnehmende Region im Ektoderm des anterioren Pols der Larve eine epitheliale Lichtwahrnehmung ermöglicht. Schneideexperimente entlang der anterioren-posterioren Achse der Planulalarve zeigten, dass ein für die Phototaxis der Larve verantwortliches lichtperzeptierendes System bzw. photosensitive Zellen in einem Bereich im anteriorsten gelegenen Ektoderm lokalisiert sind, der vor den entodermalen Zellen im anterioren Teil der Larve liegt (eigene Diplomarbeit). Dieses lichtgesteuerte Verhalten ist neben der vornehmlichen Funktion in einer positiven Phototaxis der Planulalarve, aber auch beim Polypen entscheidend in der Abgabe der Gameten, die durch Licht induziert wird (Ballard, 1942; Plickert und Schneider, 2004). Dabei ging man bislang von der Vorstellung aus, dass sich im anterioren Pol der Larve Photorezeptorzellen befinden, die das Neuropeptid RFamid ausschütten, was zu einer gerichteten Pendelbewegung mit dem anterioren Pol der Larve voran zu einer Lichtquelle führt (Plickert und Schneider, 2004). Die Neuropeptide aus der Familie der RFamide kommen in Cnidariern sowohl in den neurosekretorischen Zellen des Nervensystems als auch in allen Neuronen vor, die mit Photorezeptivenorganen in Verbindung stehen. Dem Neuropeptid RFamid wird eine wesentliche Rolle in der Photoperzeption und der lichtgerichteten Lokomotion, der Phototaxis, zugeschrieben und könnte in Form eines Neurotransmitters an der Weiterleitung der Lichtstimuli zu den epithelialmuskulären Zielen beteiligt sein (Plickert und Schneider, 2004).

Die Planulalarve kriecht mithilfe eines auf dem gesamten Körper besetzten epithelialen motilen Cilienfeld auf dem Substratboden und durch eine Pendelbewegung gerichtet aufs Licht zu. Wie diese Lokomotion gesteuert wird, ist bislang unbekannt. Es steht die Annahme im Raum, dass die Koordination der Pendelbewegung von der dem Licht zugewandten und der dem Licht abgewandten Seite möglicherweise über Signaltransduktion geregelt wird

(mündliche Mitteilung Plickert). In dieser Arbeit konnten erstmalig neue Erkenntnisse zum den Aufbau des Nervensystems von *Hydractinia* beschrieben werden. Die Nervenzellen sind über den gesamten Larvenkörper, offenbar nicht nur die sensorischen sondern auch die ganglionären, verteilt. Des Weiteren präsentierte sich das Nervensystem nicht nur longitudinal, sondern auch transversal zur anterior-posterioren Körperachse der Larve ausgebildet. Die Beobachtungen zeigten nun eine komplexe Vernetzung. Es wurde eine Querverschaltung des Nervensystems visualisiert. Zusätzlich zu den konnektiv-ähnlichen Projektionen parallel zur Längsachse der Larve existieren auch kommissur-ähnliche. Damit wird eine weit komplexere Struktur offensichtlich, als bisher aus ICC-Untersuchungen geschlossen (Plickert, 1989; Leitz und Lay, 1995; Gajewski et al., 1996; Plickert et al., 2003). Eine integrative Verrechnung von Eingangssignalen, die lateral perzipiert werden und solchen, die anterior, eventuell sogar auch posterior aufgenommen werden, ist aufgrund dieser strukturellen Voraussetzungen zu erwarten. Damit stellt sich das Nervensystem der Planulalarve von *Hydractinia* funktional als möglicherweise gleichwertig zum Nervensystem von höheren Tieren dar. Indem es komplexe Bewegungen des Tieres dreidimensional im Raum koordinieren kann und zudem auch die Verrechnung von sensorischen Eingängen auf der gesamten Körperoberfläche des Tieres ermöglicht. Also ist das Nervensystem weitaus komplexer als bisher eingeschätzt. Die Quervernetzung des Nervensystems in der Larve konnten in ICC-Studien mit der LW- und RFamide-Antikörpern nicht nachgewiesen werden. Das heißt in diesen Nervenzellen muss die Signalweiterleitung nicht über diese, sondern einen anderen bisher unbekannten Neurotransmitter in *Hydractinia* erfolgen. Diese Vermutung wird zusätzlich durch eine weitere Beobachtung zur Anzahl der sensorischen Nervenzellen am apikalen Pol der Planulalarve gestärkt. Es scheint eine Abstufung der sensorischen Nervenzellen zu geben, die bspw. ein anderes Neuropeptid als LW- oder RFamide zur Signaltransduktion an Zielzellen ausschütten müssen. Es gelang mir unterschiedliche Opsine zu isolieren (Daten hier nicht gezeigt), u.a. davon eins mit der höchsten Homologie zum roten Opsin (*Red Rhodopsin*). Es existieren neben diesen Opsinen, die höchstwahrscheinlich in der Photoorientierung der Larve eine Funktion ausüben, noch weitere sensorische Nervenzellen, wie beispielsweise olfaktorische Sinneszellen im anterioren Bereich der Larve. Unter der Berücksichtigung der Zahlen von LW- oder RFamide-haltigen Nervenzellen aus den ICC-Studien und der um ein vielfach höheren beobachteten Anzahl an eGFP-markierten Nervenzellen am anterioren Pol der Larve, deutet das daraufhin, dass es im Nervensystem von *Hydractinia* noch mindestens ein weiterer Neurotransmitter zur Signaltransduktion existieren

muss. Mithilfe der eGFP-Markierung konnten erstmals in den Stolonen der Polypen Nervenzellen mit extrem langen Axonen beobachtet werden, die als Interneurone fungieren. Deren Vermessung gab eine Länge von mindestens 250µm an (Plickert, 2009; Künzel et al., 2010). Diese Besonderheit der Nervenzellen wird als die sog. *giant bipolar neurons* bezeichnet. Sie werden eine Funktion im Signalaustausch der Polypen in der Kolonie übernehmen. Wird ein Polyp mechanisch stimuliert, etwa durch einen Fressfeind berührt, kontrahieren sich die anderen Polypen der gesamten Kolonie in Millisekunden. Es kann angenommen werden, dass diese extrem weitspannenden bipolaren Neurone an der schnellen Signalweiterleitung und dadurch am Mechanismus zum Schutz der Kolonie beteiligt sind. Welcher Neurotransmitter an dieser Signalweiterleitung beteiligt ist, ist auch hier noch nicht bekannt. Es wird vermutet, dass Acetylcholin dieser Transmitter sein könnte (mündliche Mitteilung Plickert).

Die bisherige Meinung ist, dass die Funktionen wie Photoorientierung und die Metamorphose-Auslösung von Teilen des larvalen Nervensystems gesteuert werden. Dieses kann von daher abgebaut werden. Die Studien des panneuralen Markers Elav weisen darauf hin, dass das gesamte Nervensystem der Planulalarve degeneriert und im Zuge der Metamorphose im Primärpolypen rekonstruiert wird. Der Verlust der *Elav*-exprimierenden Zellen während der Metamorphose passt zum Ergebnis von Seipp et al. (2010). Dort konnte mithilfe der Markierung von LWamid- und RFamid-exprimierenden sensorischen Nervenzellen gezeigt werden, dass ein neuronaler Zelltod dieser Zellen in der Metamorphose erfolgt. Sie stützen die Vorstellung, dass spezifische Teile des larvalen neuronalen Netzwerks der Neurodegeneration unterliegen und nicht am Aufbau des adulten Nervennetzes beteiligt sind. Der Großteil der neuronalen Zellen des Primärpolyps geht durch eine *de novo*-Differenzierung aus Stammzellen hervor, die während der neuralen Differenzierung in der Embryogenese festgelegt worden sind (Seipp et al., 2010).

Ausblick/Fazit

Im Rahmen dieser Arbeit konnten transgene *Hydractinia echinata* generiert werden. Mithilfe des Einsatzes von transgenen Techniken wurden Möglichkeiten exploriert die Genfunktionen zu visualisieren und über Reporter-Expressions- oder Überexpressionsstudien direkt in

vivo zu untersuchen. Entscheidend für die gelungene Umsetzung der in dieser Arbeit angestrebten Ziele war die Optimierung der Transgenese durch die Entwicklung einer neuen Methode („Schnelle Amplifikation und Präparation von DNA-Fragmenten mit überhängenden DNA-Enden“; s. 2.2.2.10.2 u. 3.1) zur Erzeugung von linearisiertem, transgendem DNA-Fragment für die Mikroinjektion in *Hydractinia*.

Es konnte mit linearisiertem, transgendem DNA-Fragment eine hohe Transfektionseffizienz gegenüber zirkulärer Plasmid-DNA desselben Reportergenkonstrukts erzielt werden. Allerdings war zu beobachten, dass die Expression eines Trangens zum größten Teil nur transient in den Versuchstieren und nicht persistent im post-metamorphen Stadium vorhanden war. Nur in wenigen Fällen fand eine stabile Integration des Transgens ins Genom statt. Funktionelle Expressionsanalysen sind umso aussagekräftiger, je vollständiger die Expression eines Gens über den Generationszyklus verfolgt werden kann. Daher ist eine Optimierung der molekularen Ansätze zur Integration des Transgens ins Genom von *Hydractinia* und so die Möglichkeiten zu erhöhen, homozygote Transgene mit stabilen Zelllinien zu erzeugen, wünschenswert oder anzustreben. Ein möglicher neuer Ansatz die Transgenität für Expressionsstudien und Funktionsanalysen in *Hydractinia* zu verbessern, wäre die Funktionalität einer neuen Methode zu prüfen, die bereits im nahverwandten Süßwasserpolypen *Hydra* bei der Erzeugung von transgenen Linien erfolgreich eingesetzt worden ist. Es konnte gezeigt werden, dass diese transgene Technik die unabhängige Expression zweier Gene in einem Reportergenkonstrukt ermöglicht. Die Funktionalität dieser Methode basiert auf dem Einsatz eines *fhp*-Gens, das aus dem Genom von *Hydra* isoliert werden konnte (Dana et al., 2012). Erstmals wurde die Identifizierung des *fhp*-Gens, das über horizontalen Gentransfer in das *Hydra*-Genom gelangt ist, in Steele et al. (2004) beschrieben. Es konnte gezeigt werden, dass dieser Transfer des *Hydra fhp*-Gen über einen einzelligen Organismus in diesen Metazoen erfolgt ist und in einem Ancestor von zwei Medusozoa-Arten aufgetreten sein muss. Dieses Gen konnte auch in *Clythia* nachgewiesen werden. In *Nematostella* ist es dagegen nicht vorhanden. Darüber hinaus konnte gezeigt werden, dass dieses Gen ein Teil eines bicistronischen Operons im *Hydra*-Genom ist. Diese Erkenntnisse kennzeichnen eine neue Tierklasse, in welcher die Ergänzung von einem *trans-spliced-leader* zur Ausbildung von einem Operon geführt hat und charakterisieren die Voraussetzungen für die Evolution eines Operons in *Hydra*. Die Identifizierung von Operons in *Hydra* stellte auch ein Technik bereit,

die zur Konstruktion von transgenen *Hydra*-Stämmen genutzt werden konnte (Dana et al., 2012).

Die Fähigkeit ein künstliches Operon in *Hydra* zu erstellen, ermöglicht praktische Anwendungen. Die Erzeugung von transgenen *Hydren*, die Gene exprimieren deren Proteine nicht an ein fluoreszierendes Reporterprotein fusioniert werden können, ist problematisch. Beinhalten transgene Tiere keinen fluoreszierenden Marker sind der Nachweis von transgenem Gewebe und dann auch die Weitverfolgung von vollständig transgenen Nachkommen nicht möglich. Die Existenz von Operons in *Hydra* bietet daher eine Lösung für dieses Problem. Platziert man das analytische Gen stromaufwärts vom fluoreszierenden Reportergen in einem bi-cistronischen Operon, dient die Expression des fluoreszierenden Proteins als Nachweis der Expression des analytischen Gens (Dana et al., 2012). Es konnte in einer neueren Studie gezeigt werden, dass *Hydra*-Gene in einer Operon-Konfiguration angeordnet werden können, d.h. als polycistronische Transkripte, welche mithilfe der Ergänzung von einem „*trans-spliced-leader*“ getrennt und dann separat translatiert werden (Dana et al., 2012; Juliano, Lin und Steele, 2014). Indem man das Gen, das für ein Protein oder eine RNA-Haarnadel kodiert, stromaufwärts eines Operons positioniert und ein fluoreszierendes Reportergen stromabwärts davon, ist es möglich transgenes Gewebe zu verfolgen, ohne dass dafür das für ein Protein oder eine RNA-Haarnadel kodierende Gen markiert werden muss. Diese Methode wurde bereits erfolgreich eingesetzt, um eine RNA-Haarnadel in einer Operon-Konfiguration mit DsRed2 (*Discosoma sp. red fluorescent protein*) zu exprimieren, um so einen Gen-Knockdown zu bewirken (Juliano et al., 2014; Juliano, Lin und Steele, 2014).

Es ist anzunehmen, dass dieser Mechanismus in *Hydractinia* funktionell ist, da auch hier der Spleißprozess mit einem „*trans-spliced-leader*“ vorhanden ist und eine I-Stammzelllinie existiert. Dana et al. (2012) postulieren, dass der horizontale Gentransfer über eine multipotente Stammzelle erfolgt sein muss. Eine interstitielle Zelllinie wie in *Hydra* ist zumindest in einigen anderen Hydrazoen, aber nicht allen Cnidariern, vorhanden. *Clytia* und *Hydra* teilen diese Eigenschaft und sie schliessen daraus, dass auch der letzte gemeinsame Vorfahre dieses Merkmal besaß. Ein Vorfahre mit einem Medusozoa-Genom in welches das *fhp*-Gen aus dem Genom eines einzelligen Organismus in eine Zelle einer Zelllinie integrierte, die die interstitielle Zelllinie ausbildet (Dana et al., 2012).

Es konnte in einer Arbeit von Plickert (1989) gezeigt werden, dass der niedermolekulare PAF (*Proportion-altering factor*) aus kolonialen Hydroiden im allgemeinen animalisierende Effekte auf die Morphogenese in der Hydroid-Entwicklung ausübt und auf zellulärer Ebene bei *Hydractina echinata* die Bildung von Nervenzellen in unterschiedlichen Entwicklungsstadien stimuliert. In jungen Primärpolypen konnte beispielsweise durch eine post-metamorphe Behandlung mit PAF die Bildung der 2,5fachen Menge an Nervenzellen gegenüber dem Normalwert angeregt werden (Plickert, 1989). Ein interessanter Ansatz wäre es homozygote *ELAV:eGFP*-Transgene zu erzeugen und dessen Nervensystem mittels PAF-Behandlung zu beeinflussen. Es wäre möglich *in vivo* zu beobachten inwiefern sich dies auf eine gesteigerte Ausbildung aller Nervenzellen auswirken würde oder ob nur bestimmte Nervenzelltypen beeinflusst wären. Des Weiteren würden homozygote *ELAV:eGFP*-Transgene die Möglichkeit bieten den vollständigen Prozess der Entwicklung des Nervensystems *in vivo* in *Hydractinia* zu verfolgen. Vom Beginn der allersten Nervenzellen in der Embryonalentwicklung über die Degeneration des larvalen Nervensystems während der Metamorphose bis hin zur *de novo*-Bildung des post-metamorphen Nervensystems im Primärpolypen.

5.1 Zusammenfassung

In dieser Arbeit konnten erstmals Transgene von *Hydractinia echinata* unter der Kontrolle der nativen regulatorischen Regionen von unterschiedlichen Genen erzeugt und Expressionsstudien mithilfe des Reportergen *eGFP* durchgeführt werden. Es wurden zwei Arten von Konstrukten erzeugt: a) solche unter möglichst ubiquitär aktiven Promotoren und b) solche, die den Promotor eines funktionell zu untersuchenden Gens erhielten.

Im Genom von *Hydractinia* existieren multiple Gene für Aktin, die trotz der Identität der Proteinstruktur (> 99%) unterschiedliche 5`- und 3`regulatorische Regionen aufweisen. Die Aktivität der regulatorischen Regionen der drei zytoplasmatischen Beta-Aktingene *HeActI*, *HeActII* und *HeActIII* konnten durch erfolgreiche Expression von *eGFP* gezeigt werden. Die Expressionsmuster belegen, dass diese drei β-Aktine unterschiedlich in *Hydractinia* exprimiert werden. Ausschließlich *HeActII* zeigte eine ubiquitäre Expression. Als ein weiteres ubiquitär exprimierte Gen wurde *HeEF1alpha* verwendet.

Die vorliegende Studie hat gezeigt, dass in *Hydractinia* Kontrollgene konserviert sind, die in den Hauptsignalwegen der höheren Metazoen Entwicklung kontrollieren. Deren mögliche Funktion in diesem basalen Metazoen wurde mithilfe von Funktionsanalysen durch den Einsatz transgener Techniken nachgegangen. Damit gelang im Rahmen dieser Arbeit ein Einstieg in die Funktionsanalyse von Proteinen in *Hydractinia*. Dafür wurden die regulatorischen Regionen des ubiquitär exprimierten Gens *HeActII* zur Entwicklung eines Expressionskonstruktes ausgewählt, um die mögliche Funktion eines Proteins durch ektopische Expression in transgenen *Hydractinia* zu untersuchen. Manche der standardmäßig im Labor eingesetzten transgenen Techniken zur Funktionsanalyse konnten in *Hydractinia* nicht verwendet werden. Zwei experimentelle Ansätze mittels Überexpression der analysierten Gene *Heβ-Cat* bzw. *HeGsc* führten zu Gestaltungseffekten während der larvalen Entwicklung und in post-metamorphen Stadien von *Hydractinia*.

Mithilfe transgener Technik gelang es erstmals, das Nervensystem von *Hydractinia echinata* *in vivo* darzustellen. Es wurden unterschiedliche Nervenzelltypen durch eGFP-Markierung detektierbar. Ein Teil dieser Zellen war bereits aus ICC-Studien bekannt. Hinzu kamen

Nervenzellen, die zuvor noch nie beobachtet wurden. Darunter befanden sich sog. *giant bipolar neurons* mit einer Länge von mindestens 250µm, die im Stolon und auch in der Planulalarve nachgewiesen wurden. Die Ergebnisse weisen auf eine weit grösitere Komplexität des Nervensystems dieses einfach gebauten Metazoen hin, als bisher bekannt. Des Weiteren zeigte sich, dass das Nervensystem nicht nur longitudinal, sondern auch transversal zur anterior-posterioren Körperachse der Larve vernetzt ist. Diese neuen Einblicke in das Nervensystem wurden durch Expressionsstudien unter der Kontrolle der genregulatorischen Regionen der beiden ubiquitär exprimierten *housekeeping genes* *HeActII* und *HeEF1α*, sowie durch die des neuralspezifischen Gens *HeELAV* möglich. Die Expressionsstudien zeigten, dass sich *HeELAV* ein hochgeeignetes neuralspezifisches Markergen ist, um *in vivo* die Entwicklung des Nervensystems von *Hydractinia* zu untersuchen.

5.2 Abstract

Under the control of the native regulatory regions of different genes GFP-expression-studies were performed. Transgenes of *Hydractinia echinata* could be generated for the first time.

In the genome of *Hydractinia* multiple actin genes exist. Despite the observed identity of the protein structure (> 99%) the genes have different 5`- and 3`regulatory regions. Spatial and temporal activity of the regulatory regions of the three cytoplasmic beta-actin genes *HeActI*, *HeActII* and *HeActIII* could be shown by successful expression of *eGFP*. The expression patterns demonstrate that these three β-actins are differentially expressed in *Hydractinia*. Only *HeActII* showed ubiquitous expression. Furthermore, a second ubiquitously expressed gene, *HeEF1alpha* from *Hydractinia* has been characterized.

The present study has shown that control genes of the developmental pathways known from evolved metazoans are conserved in *Hydractinia*. Their possible function in this basal metazoan was investigated by functional analysis in transgenic animals. By this, functional analysis of proteins in *Hydractinia* became possible: the regulatory region of the ubiquitously expressed gene *HeActII* was selected for creation of an expression-construct to examine the possible function of a protein by ectopic expression in transgenic *Hydractinia*. Some of the routinely used transgenic techniques for functional analysis failed in *Hydractinia*. Two approaches involving overexpression of *Heβ-Cat* and *HeGsc*, respectively led to changes of the body morphology during larva-development and in postmetamorphic stages of *Hydractinia*.

For the first time the nervous system of *Hydractinia echinata* was labeled *in vivo*. Different types of nerve cells became detectable by eGFP-labeling. A subpopulation of these cells was already known from immunocytochemistry studies. Nerve cells were observed in addition that have not been known before. These included the so-called *giant bipolar neurons* with a length of at least 250µm, which were detected in the stolon and also in the planula larva. The results point to a far greater complexity of the nervous system in this simply constructed metazoan than previously known. In this context it was observed that the nervous system is not only biased longitudinally along the anterior-posterior axis of the larva but also transversely cross-

Abstract

linked obviously providing cross-lateral integration of the nervous system. These new insights by expression studies have been obtained from GFP-expression under the control of the gene regulatory regions of the two ubiquitously expressed housekeeping genes *HeActII* and *HeEF1 α* . In addition, the promoter of the neuralspecific gene *HeELAV* was used. Expression-studies showed that *HeELAV* is an ideal neuralspecific marker to investigate the development of the nervous system of *Hydractinia* *in vivo*.

6. Literaturverzeichnis

- Abe, R., Uyeno, Y., Yamamoto, K. and Sakamoto, H.** (1994) Tissue-specific expression of the gene encoding a mouse RNA binding protein homologous to human HuD antigen. *DNA Res.* 1, 175-180.
- Aberle, H., Butz, S., Stappert, J., Weissig, H., Kemler, R. and Hoschuetzky, H.** (1994). Assembly of the cadherin-catenin complex in vitro with recombinant proteins. *J. Cell Sci.* 107, 3655-3663.
- Aberle, H., Bauer, A., Stappert, J., Kispert, A. and Kemler, R.** (1997). β -catenin is a target for the ubiquitin-proteasome pathway. *EMBO J.* 16, 3797-3804.
- Agnès, F. and Perron, M.** (2004). RNA-binding proteins and neural development: a matter of targets and complexes. *NeuroReport* 15, 2567-2570.
- Aihara, H., Perrone, L. and Nibu, Y.** (2006). Transcriptional repression by the CtBP corepressor in Drosophila. In: CtBP Family Proteins (ed. D. Chinnadurai), Chapter 2, 18-27, Landes Bioscience, Georgetown, TX.
- Akamatsu, W., Okano, H. J., Osumi, N., Inoue, T., Nakamura, S., Sakakibara, S., Miura, M., Matsuo, N., Darnell, R. B. and Okano, H.** (1999). Mammalian ELAV-like neuronal RNA-binding proteins HuB and HuC promote neuronal development in both the central and the peripheral nervous systems. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 96, 9885-9890.
- Akiyama, T.** (2000). Wnt/ β -catenin signaling. *Cytokine Growth Factor Rev.* 11, 273-282.
- Antic, D. and Keene, J.D.** (1997). Embryonic Lethal Abnormal Visual RNA-Binding Proteins Involved in Growth, Differentiation, and Posttranscriptional Gene Expression. *Am. J. Hum. Genet.* 61, 273-278.
- Antic, D., Lu, N., Keene, J.D.** (1999). ELAV tumor antigen, Hel-N1, increases translation of neurofilament M mRNA and induces formation of neurites in human teratocarcinoma cells. *Genes Dev* 13: 449-461.
- Araki, E., Shimada, F., Uzawa, H., Mori, M. and Ebina, Y.** (1987). Characterization of the Promoter Region of the Human Insulin Receptor Gene. *J. Biol. Chem.* Vol. 262, 16186-16191.
- Artinger, M., Blitz, I., Inoue, K., Tran, U., Cho, K.W.** (1997). Interaction of goosecoid and brachyury in Xenopus mesoderm patterning. *Mech Dev.* 65(1-2): 187-96.
- Ballard, W.W.** (1942). THE MECHANISM FOR SYNCHRONOUS SPAWNING IN HYDRACTINIA AND PENNARIA. *Biol. Bull.* 82, 329-339.
- Barami, K., Iversen, K., Furneaux, H. and Goldman, S. A.** (1995). Hu protein as an early marker of neuronal phenotypic differentiation by subependymal zone cells of the adult songbird forebrain. *J. Neurobiol.* 28, 82-101.

- Bause, M.** (2010). Molekulare Kontrolle morphogenetischer Bewegungen - ancestrale Funktionen von Brachyury und Forkhead/HNF3b Orthologen in Cnidariern. Diplomarbeit im Fachbereich Biologie an der Mathematisch-Naturwissenschaftlichen Fakultät der Universität zu Köln.
- Beaudoin, E., Freier, S., Wyatt, J.R., Claverie, J.M. and Gautheret, D.** (2000). Patterns of Variant Polyadenylation Signal Usage in Human Genes. *Genome Res.* 10, 1001-1010.
- Bertrand, D., Lajoie, M., El-Mabrouk, N.** (2008). Inferring Ancestral Gene Orders for a Family of Tandemly Arrayed Genes. *J Comput Biol.* 15(8): 1063-77.
- Bielen, H., Oberleitner, S., Marcellini, S., Gee, L., Lemaire, P., Bode, H.R., Rupp, R., Technau, U.** (2007). Divergent functions of two ancient Hydra Brachyury paralogues suggest specific roles for their C-terminal domains in tissue fate induction. *Development* 134 (23): 4187-97.
- Birney, E., Kumar, S. and Krainer, A.R.** (1993). Analysis of the RNA-recognition motif and RS and RGG domains: conservation in metazoan pre-mRNA splicing factors. *Nucleic Acids Res.* 21, 5803-5816.
- Blum, M., Gaunt, S.J., Cho, K.W., Steinbeisser, H., Blumberg, B., Bittner, D. and De Robertis, E.M.** (1992). Gastrulation in the mouse: the role of the homeobox gene *goosecoid*. *Cell* 69, 1097-1106.
- Blumberg, B., Wright, C.V.E., De Robertis, E.M. and Cho, K.W.Y.** (1991). Organizer-Specific Homeobox Genes in *Xenopus laevis* Embryos. *Science* 253, 194-196.
- Bode, H.R., and David, C.N.** (1978). REGULATION OF A MULTIPOTENT STEM CELL, THE INTERSTITIAL CELL OF HYDRA. *Prog. Biophys. Mol. Biol.* 33, 189-206.
- Bode, H.R.** (1996). The interstitial cell lineage of hydra: a stem cell system that arose early in evolution. *J. Cell Sci.* 109, 1155-1164.
- Boero, F., Bouillon, J. and Piraino, S.** (2005). The role of Cnidaria in evolution and ecology. *Ital. J. Zool.* 72, 65-71.
- Bosch, T.C.G.** (2007). Why polyps regenerate and we don't: Towards a cellular and molecular framework for *Hydra* regeneration. *Dev. Biol.* 303, 421-433.
- Bosch, T.C.G.** (Ed.) (2008). Stem Cells in Immortal *Hydra*. In: *Stem cells: From Hydra to Man*. Springer Verlag, Dordrecht, 37-57.
- Bosch, T.C.G.** (2009). Hydra and the evolution of stem cells. *BioEssays* 31, 478-486.
- Böttger, A., Alexandrova, O., Cikala, M., Schade, M., Herold, M. and David, C. N.** (2002). GFP expression in Hydra: lessons from the particle gun. *Dev. Genes Evol.* 212, 302-305.
- Boucher, D.M., Schäffer, M., Deißler, K., Moore, C.A., Gold, J.D., Burdsal, C.A., Meneses, J.J., Pedersen, R.A. and Blum, M.** (2000). *goosecoid* expression represses Brachyury in embryonic stem cells and affects craniofacial development in chimeric mice. *Int. J. Dev. Biol.* 44, 279-88.

- Brennan, C.M., Steitz, J.A.** (2001). HuR and mRNA stability. *Cell Mol Life Sci* 58: 266-277.
- Briggs, M.R., Kadonaga, J.T., Bell, S.P. and Tjian, R.** (1986). Purification and Biochemical Characterization Of the Promoter-Specific Transcription Factor, Sp1. *Science* 234, 47-52.
- Broadus, J., Fuerstenberg, S. and Doe, C.Q.** (1998). Staufen-dependent localization of *prospero* mRNA contributes to neuroblast daughter-cell fate. *Nature* 391, 792-795.
- Broun, M., Sokol, S. and Bode, H.R.** (1999). *Cngsc*, a homologue of *goosecoid*, participates in the patterning of the head, and is expressed in the organizer region of *Hydra*. *Development* 126, 5245-5254.
- Broun, M., Bode, H.R.** (2002). Characterization of the head organizer in *Hydra*. *Development* 129: 875-884.
- Browne, E.N.** (1909). The production of new hydranths in hydra by the insertion of small grafts. *J Exp Zool* 7:1-37.
- Bucher, P.** (1990). Weight Matrix Descriptions of Four Eukaryotic RNA Polymerase II Promoter Elements Derived from 502 Unrelated Promoter Sequences. *J. Mol. Biol.* 212, 563-568.
- Bunnell, T.M., Burbach, B.J., Shimizu, Y. and Ervasti, J.M.** (2011). β -Actin specifically controls cell growth, migration, and the G-actin pool. *Mol. Biol. Cell* 22, 4047-4058.
- Burd, C.G. and Dreyfuss, G.** (1994). Conserved structures and diversity of functions of RNA-binding proteins. *Science* 265, 615-621.
- Butte, A.J., Dzau, V.J. and Glueck, S.B.** (2001). *Further defining housekeeping, or "maintenance," genes* Focus on "A compendium of gene expression in normal human tissues". *Physiol. Genomics* 7, 95-96.
- Cadigan, K. and Nusse, R.** (1997). Wnt signaling: a common theme in animal development. *Genes Dev.* 11, 3286-3305.
- Campbell, R.D. and David, C.N.** (1974). CELL CYCLE KINETICS AND DEVELOPMENT OF *HYDRA ATTENUATA*. II. INTERSTITIAL CELLS. *J. Cell Sci.* 16, 349-358.
- Campos, A.R., Grossman, D. and White, K.** (1985). Mutant alleles at the locus elav in *Drosophila melanogaster* lead to nervous system defects. A developmental-genetic analysis. *J. Neurogenet.* 2, 197-218.
- Capelluto, D.G.S., Kutateladze, T.G., Habas, R., Finkielstein, C.V., He, X. and Overduin, M.** (2002). The DIX domain targets dishevelled to actin stress fibres and vesicular membranes. *Nature* 419, 726-729.
- Chapman, J.A., Kirkness, E.F., Simakov, O., Hampson, S.E., Mitros, T., Weinmaier, T., Rattei, T., Balasubramanian, P.G., Borman, J., Busam, D. et al.** (2010). The dynamic genome of *Hydra*. *Nature* 464, 592-596.

- Chen, C.Y., Shyu, A.B.** (1995). AU-rich elements: characterization and importance in mRNA degradation. *Trends Biochem Sci* 20: 465-470.
- Chen, J.Y., Oliveri, P., Li, C.W., Zhou, G.Q., Gao, F., Hagadorn, J.W., Peterson, K.J. and Davidson, E.H.** (2000). Precambrian animal diversity: Putative phosphatized embryos from the Doushantuo Formation of China. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 97, 4457-4462.
- Cheyette, B.N.R., Waxman, J.S., Miller, J.R., Takemaru, K.I., Sheldahl, L.C., Khlebtsova, N., Fox, E.P., Earnest, T. and Moon, R.T.** (2002). Dapper, a Dishevelled-Associated Antagonist of β -Catenin and JNK Signaling, Is Required for Notochord Formation. *Dev. Cell* 2, 449-461.
- Cho, K.W.Y., Blumberg, B., Steinbeisser, H. and De Robertis, E.M.** (1991). Molecular Nature of Spemann's Organizer: the Role of the Xenopus Homeobox Gene *goosecoid*. *Cell* 67, 1111-1120.
- Chomczynski, P. and Sacchi, N.** (1987). Single-Step Method of RNA Isolation by Acid Guanidinium Thiocyanate-Phenol-Chloroform Extraction. *Anal. Biochem.* 162, 156-159.
- Ciechanover, A., Heller, H., Elias, S., Haas, A.L. and Hershko, A.** (1980). ATP-dependent conjugation of reticulocyte proteins with the polypeptide required for protein degradation. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 77, 1365-1368.
- Clevers, H.** (2006). Wnt/ β -Catenin Signaling in Development and Disease. *Cell* 127, 469-480.
- Collins, A.G.** (1998). Evaluating multiple alternative hypotheses for the origin of Bilateria: An analysis of 18S rRNA molecular evidence. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 95, 15458-15463.
- Condeelis, J.** (1995). Elongation factor 1 α , translation and the cytoskeleton. *Trends Biochem. Sci.* 20, 169-170.
- Dalmau, J., Furneaux, H.M., Cordon-Cardo, C., Posner, J.B.** (1992) The expression of the Hu (paraneoplastic encephalomyelitis/sensory neuronopathy) antigen in human normal and tumor tissues. *Am J Pathol* 141: 881-886.
- Dana, C. E., Glauber, K. M., Chan, T. A., Bridge, D. M., and Steele, R. E.** (2012). Incorporation of a horizontally transferred gene into an operon during cnidarian evolution. *PLoS One*. 7, e31643, doi:10.1371/journal.pone.0031643.
- David, C.N. and Campbell, R.D.** (1972). CELL CYCLE KINETICS AND DEVELOPMENT OF *HYDRA ATTENUATA*. I. EPITHELIAL CELLS. *J. Cell Sci.* 11, 557-568.
- David, C.N. and Gierer, A.** (1974). CELL CYCLE KINETICS AND DEVELOPMENT OF *HYDRA ATTENUATA*. III. NERVE AND NEMATOCYTE DIFFERENTIATION. *J. Cell Sci.* 16, 359-375.
- De Felipe, P., Luke, G.A., Brown, J.D. and Ryan, M.D.** (2010). Inhibition of 2A-mediated 'cleavage' of certain artificial polyproteins bearing N-terminal signal sequences. *Biotechnol. J.* 5, 213-223.
- de Laat, W., Grosveld, F.** (2003). Spatial organization of gene expression: the active

- chromatin hub. Chromosome Res. 11(5): 447-59.
- De Robertis, E.M., Blum, M., Niehrs, C. and Steinbeisser, H.** (1992). *goosecoid* and the organizer. Development Suppl. 167-171.
- De Robertis, E. M., Fainsod, A., Gont, L.K. and Steinbeisser, H.** (1994). The evolution of vertebrate gastrulation. Development Suppl. 117-124.
- De Robertis, E.M.** (2004). *Goosecoid* and Gastrulation. In: Gastrulation, C. Stern, Ed., Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York, 581-589.
- Dever, T., Glynias, M.J. and Merrick, W.C.** (1987) CTP-binding domain: three consensus sequence elements with distinct spacing. *Proc. Natl Acad. Sci. USA* 84, 1814-1818.
- Devon, R.S., Porteous, D.J. and Brookes, A.J.** (1995). Splinkerettes—improved vectorettes for greater efficiency in PCR walking. *Nucleic Acids Res.* 23, 1644-1645.
- Dohrmann, M. and Wörheide, G.** (2013). Novel Scenarios of Early Animal Evolution—Is It Time to Rewrite Textbooks? *Integr. Comp. Biol.* 53, 503-511.
- Donnelly, M.L.L., Luke, G., Mehrotra, A., Li, X., Hughes, L.E., Gani, D. and Ryan, M.D.** (2001). Analysis of the aphthovirus 2A/2B polyprotein ‘cleavage’ mechanism indicates not a proteolytic reaction, but a novel translational effect: a putative ribosomal ‘skip’. *J. Gen. Virol.* 82, 1013-1025.
- Duffy, D. J., Plickert, G., Kuenzel, T., Tilmann, W. and Frank, U.** (2010). Wnt signaling promotes oral but suppresses aboral structures in Hydractinia metamorphosis and regeneration. *Development* 137, 3057-3066.
- Dynan, W.S.** (1986). Promoters for housekeeping genes. *Trends Genet.* 2, 196-197.
- Eakin, R.M. and Westfall, J.A.** (1962). Fine structure of photoreceptors in the hydromedusan, *Polyorchis penicillatus*. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 48, 826-833.
- Eakin, R.M.** (1982). Continuity and diversity in photoreceptors. In Visual cells in evolution. Edited by J.A. Westfall. Raven, New York. pp. 91-105.
- Ebrey, T., Koutalos, Y.** (2001). Vertebrate photoreceptors. *Prog Retin Eye Res.* 20(1):49-94.
- Etchberger, J.F., Hobert, O.** (2008). Vector-free DNA constructs improve transgene expression in *C. elegans*. *Nat Methods.* 5(1): 3. doi: 10.1038/nmeth0108-3.
- Ejiri, S.** (2002). Moonlighting Functions of Polypeptide Elongation Factor 1: From Actin Bundling to Zinc Finger Protein R1-Associated Nuclear Localization. *Biosci. Biotechnol. Biochem.* 66, 1-21.
- Fan, C., Chen, Y., Long, M.** (2008). Recurrent Tandem Gene Duplication Gave Rise to Functionally Divergent Genes in *Drosophila*. *Mol Biol Evol.* 25(7): 1451-1458.
- Farr III, G.H., Ferkey, D.M., Yost, C., Pierce, S.B., Weaver, C. and Kimelman, D.** (2000). Interaction among GSK-3, GBP, Axin, and APC in *Xenopus* Axis Specification. *J. Cell. Biol.* 148, 691-701.

- Finley, D. and Chau, V.** (1991). UBIQUITINATION. *Annu. Rev. Cell Biol.* 7, 25-69.
- Filosa, S., Rivera-Perez, J.A., Gomez, A.P., Gansmuller, A., Sasaki, H., Behringer, R.R. and Ang, S.L.** (1997). *Goosecoid* and *HNF-3beta* genetically interact to regulate neural tube patterning during mouse embryogenesis. *Development* 124, 2843-2854.
- Frank, U., Leitz, T. and Müller, W.A.** (2001). The hydroid *Hydractinia*: a versatile, informative cnidarian representative. *BioEssays* 23, 963-971.
- Frank, U., Plickert, G. and Müller, W.A.** (2009). Cnidarian Interstitial Cells: The Dawn of Stem Cell Research. In: *Stem Cells in Marine Organisms*. Rinkevich, B. and Matranga, V. (Eds.). Springer Verlag, Dordrecht, Heidelberg, London, New York, 33-59.
- Frigerio, G., Burri, M., Bopp, D., Baumgartner, S. and Noll, M.** (1986). Structure of the Segmentation Gene *paired* and the Drosophila PRD Gene Set as Part of a Gene Network. *Cell* 47, 735-746.
- Frohman, M.A., Dush, M.K. and Martin, G.R.** (1988). Rapid production of full-length cDNAs from rare transcripts: Amplification using a single gene-specific oligonucleotide primer. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 85, 8998-9002.
- Gajewski, M., Leitz, T., Schloßherr, J. and Plickert, G.** (1996). LWamides from Cnidaria constitute a novel family of neuropeptides with morphogenetic activity. *Roux's Arch. Dev. Biol.* 205, 232-242.
- Galliot, B. and Schmid, V.** (2002). Cnidarians as a Model System for Understanding Evolution and Regeneration. *Int. J. Dev. Biol.* 46, 39-48.
- Galliot, B. and Quiquand, M.** (2011). A two-step process in the emergence of neurogenesis. *Eur. J. Neurosci.* 34, 847-862.
- Gaunt, S.J., Blum, M. and De Robertis, E.M.** (1993). Expression of the mouse *goosecoid* gene during mid-embryogenesis may mark mesenchymal cell lineages in the developing head, limbs and body wall. *Development* 117, 769-778.
- Geis, K., Aberle, H., Kühl, M., Kemler, R. and Wedlich, D.** (1998). Expression of the Armadillo family member p120^{cas}1B in *Xenopus* embryos affects head differentiation but not axis formation. *Dev. Genes Evol.* 207, 471-481.
- Gerards, D.** (2010). Untersuchung zeitlicher und räumlicher von Reporterkonstrukten in der Entwicklung von *Hydractinia echinata*. Bachelorarbeit im Fachbereich Biologie an der Mathematisch-Naturwissenschaftlichen Fakultät der Universität zu Köln.
- Giarré, M., Seménov, M.V. and Brown, A.M.C.** (1998). Wnt Signaling Stabilizes the Dual-Function Protein β-Catenin in Diverse Cell Types. *Ann. N. Y. Acad. Sci.* 857, 43-55.
- Glare, E.M., Divjak, M., Bailey, M.J., Walters, E.H.** (2002). beta-Actin and GAPDH housekeeping gene expression in asthmatic airways is variable and not suitable for normalising mRNA levels. *Thorax* 57: 765-770.
- Goldstein, G., Scheid, M.S., Hammerling, V., Boyse, E.A., Schlesinger, D.H. and Niall, H.D.** (1975). Isolation of a polypeptide that has lymphocyte-differentiating properties and is probably represented universally in living cells. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 72, 11-15.

- Good, P.J.** (1995). A conserved family of *elav*-like genes in vertebrates. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 92, 4557-4561.
- Goriely, A., Stella, M., Coffinier, C., Kessler, D., Mailhos, C., Dessain, S. and Desplan, C.** (1996). A functional homologue of *goosecoid* in *Drosophila*. Development 122, 1641-1650.
- Graus, F., Ferrer, I.** (1990). Analysis of a neuronal antigen (Hu) expression in the developing rat brain detected by autoantibodies from patients with paraneoplastic encephalomyelitis. Neurosci Lett. 112(1): 14-8.
- Grimmelikhuijzen, C.J.P. and Spencer, A.N.** (1984). FMRFamide immunoreactivity in the nervous system of the medusa *Polyorchis penicillatus*. J. Comp. Neurol. 230, 361-371.
- Grimmelikhuijzen, C.J.P.** (1985). Antisera to the sequence Arg-Phe-amide visualize neuronal centralization in hydroid polyps. Cell Tissue Res. 241, 171-182.
- Grimmelikhuijzen, C.J.P., Leviev, I., and Carstensen, K.** (1996). Peptides in the nervous systems of cnidarians: Structure, function and biosynthesis. Int. Rev. Cytol. 167, 37-89.
- Grimmelikhuijzen, C.J.P., Williamson, M. and Hansen, G.N.** (2002). Neuropeptides in cnidarians. Can. J. Zool. 80, 1690-1702.
- Hagadorn, J.W., Dott, R.H., Damrow, D.** (2002). Stranded on a Late Cambrian shoreline: Medusae from central Wisconsin. Geology 30 (2), 147-150.
- Hahn, M. and Jäckle, H.** (1996). *Drosophila goosecoid* participates in neural development but not in body axis formation. EMBO J 15, 3077-3084.
- Harada, N., Tamai, Y., Ishikawa, T., Sauer, B., Takaku, K., Oshima, M. and Taketo, M.M.** (1999). Intestinal polyposis in mice with a dominant stable mutation of the β -catenin gene. EMBO J. 18, 5931-5942.
- Harris, B.Z. and Lim, W.A.** (2001). Mechanism and role of PDZ domains in signaling complex assembly. J. Cell Sci. 114, 3219-3231.
- Hellen, C.U.T. and Sarnow, P.** (2001). Internal ribosome entry sites in eukaryotic mRNA molecules. Genes Dev. 15, 1593-1612.
- Hensel, K.** (2009). Kontrolle neuronspezifischer Expression in basalen Metazoen - Etablierung eines GFP-Reportersystem. Diplomarbeit im Fachbereich Biologie an der Mathematisch-Naturwissenschaftlichen Fakultät der Universität zu Köln.
- Herman, I.M.** (1993). Actin isoforms. Curr. Opin. Cell Biol. 5, 48-55.
- Herrmann, B.G., Labeit, S., Poustka, A., King, T.R., Lehrach, H.** (1990). Cloning of the T gene required in mesoderm formation in the mouse. Nature 343, 617-622
- Hershko, A., Ciechanover, A., Heller, H., Haas, A.L. and Rose, I.A.** (1980) Proposed role of ATP in protein breakdown: Conjugation of proteins with multiple chains of the polypeptide of ATP-dependent proteolysis. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 77, 1783-1786.
- Hershko, A. and Ciechanover, A.** (1998). THE UBIQUITIN SYSTEM. Annu. Rev.

Biochem. 67, 425-479.

Hicke, L., Schubert, H.L. and Hill, C.P. (2005). Ubiquitin-binding domains. Nat. Rev. Mol. Cell Biol. 6, 610-621.

Hobmayer, B., Rentzsch, F., Kuhn, K., Happel, C.M., Cramer von Laue, C., Snyder, P., Rothbächer, U. and Holstein, T.W. (2000). WNT signalling molecules act in axis formation in the diploblastic metazoan *Hydra*. Nature 407, 186-189.

Hsiao, L.L., Dangond, F., Yoshida, T. et al. (23 co-authors) (2001). A compendium of gene expression in normal human tissues. Physiol. Genomics 7: 97-104.

Huber, A.H., Nelson, W.J. and Weis, W.I. (1997). Three-Dimensional Structure of the Armadillo Repeat Region of β-Catenin. Cell 90, 871-882.

Huelsken, J. and Behrens, J. (2002). The Wnt signalling pathway. J. Cell Sci. 115, 3977-3978.

Huggett, J., Dheda, K., Bustin, S., Zumla, A. (2005). Real-time RT-PCR normalization; strategies and considerations. Genes Immun 6: 279-284.

Hurley, J.H. (1996). THE SUGAR KINASE/HEAT SHOCK PROTEIN 70/ACTIN SUPERFAMILY: Implications of Conserved Structure for Mechanism. Annu. Rev. Biophys. Biomol. Struct. 25, 137-162.

Izpisua-Belmonte, J.C., De Robertis, E.M., Storey, K.G. and Stern, C.D. (1993). The homeobox gene *goosecoid* and the origin of organizer cells in the early chick blastoderm. Cell 74, 645-659.

Jiménez, G., Paroush, Z. and Ish-Horowicz, D. (1997). Groucho acts as a corepressor for a subset of negative regulators, including Hairy and Engrailed. Genes Dev. 11, 3072-3082.

Jiménez, G., Verrijzer, C.P. and Ish-Horowicz, D. (1999). A Conserved Motif in Goosecoid Mediates Groucho-Dependent Repression in *Drosophila* Embryos. Mol. Cell Biol. 19, 2080-2087.

Jou, T.S., Stewart, D.B., Stappert, J., Nelson, W.J. and Marrs, J.A. (1995). Genetic and biochemical dissection of protein linkages in the cadherin-catenin complex. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 92, 5067-5071.

Juliano, C.E., Reich, A., Liu, N., Götzfried, J., Zhong, M., Uman, S., Reenan, R.A., Wessel, G.M., Steele, R.E., Lin, H. (2014). PIWI proteins and PIWI-interacting RNAs function in *Hydra* somatic stem cells. Proc Natl Acad Sci U S A. 111(1):337-42. PMID: 24367095.

Juliano, C.E., Lin, H., Steele, R.E. (2014). Generation of Transgenic *Hydra* by Embryo Microinjection. J. Vis. Exp. (91), e51888, doi:10.3791/51888.

Kageyama, R., Merlino, G.T. and Pastan, I. (1989). Nuclear factor ETF specifically stimulates transcription from promoters without a TATA box. J. Biol. Chem. 264, 15508-15514.

- Kasashima, K., Terashima, K., Yamamoto, K., Sakashita, E., Sakamoto, H.** (1999). Cytoplasmic localization is required for the mammalian ELAV-like protein HuD to induce neuronal differentiation. *Genes Cells* 4: 667-683.
- Katsukura, Y.** (1998). Peptide signaling molecules involved in regulating embryonic development in *Hydractinia echinata*. PhD thesis, Ishinomaki Senshu University, Japan.
- Katsukura, Y., David, C.N., Grimmelikhuijen, C.J.P. and Sugiyama, T.** (2003). Inhibition of metamorphosis by RFamide neuropeptides in planula larvae of *Hydractinia echinata*. *Dev. Genes Evol.* 213, 579-586.
- Katsukura, Y., Ando, H., David, C.N., Grimmelikhuijen, C.J.P. and Sugiyama, T.** (2004). Control of planula migration by LWamide and RFamide neuropeptides in *Hydractinia echinata*. *J. Exp. Biol.* 207, 1803-1810.
- Keene, J.D.** (1999). Why is Hu where? Shuttling of early-response-gene messenger RNA subsets. *Proc Natl Acad Sci USA* 96: 5-7.
- Kenan, D.J., Query, C.C. and Keene, J.D.** (1991). RNA recognition: towards identifying determinants of specificity. *Trends Biochem. Sci.* 16, 214-220.
- Khalturin, K., Anton-Erxleben, F., Milde, S., Plötz, C., Wittlieb, J., Hemmerich, G. and Bosch, T.C.G.** (2007). Transgenic stemcells in *Hydra* reveal an early evolutionary origin for key elements controlling self-renewal and differentiation. *Dev. Biol.* 309, 32-44.
- Kibbe, W.A.** (2007). OligoCalc: an online oligonucleotide properties calculator. *Nucleic Acids Res.* 35, W43-W46.
- Kim-Ha, J., Kim, J., Kim, Y.J.** (1999). Requirement of RBP9, a Drosophila Hu homolog, for regulation of cystocyte differentiation and oocyte determination during oogenesis. *Mol Cell Biol.* 19(4): 2505-14.
- Kim, J.H., Lee, S.R., Li, L.H., Park, H.J., Park, J.H., Lee, K.Y., Kim, M.K., Shin, B.A. and Choi, S.Y.** (2011). High Cleavage Efficiency of a 2A Peptide Derived from Porcine Teschovirus-1 in Human Cell Lines, Zebrafish and Mice. *PLoS ONE* 6: e18556.
- Kishida, S., Yamamoto, H., Hino, S.I., Ikeda, S., Kishida, M. and Kikuchi, A.** (1999). DIX Domains of Dvl and Axin Are Necessary for Protein Interactions and Their Ability To Regulate β -Catenin Stability. *Mol. Cell Biol.* 19, 4414-4422.
- Komiya, Y. and Habas, R.** (2008). Wnt signal transduction pathways. *Organogenesis* 4, 68-75.
- Korinek, V., Barker, N., Morin, P.J., van Wichen, D., de Weger, R., Kinzler, K.W., Vogelstein, B. and Clevers, H.** (1997). Constitutive Transcriptional Activation by a β -Catenin-Tcf Complex in APC^{-/-} Colon Carcinoma. *Science* 275, 1784-1787.
- Kroiher, M., Plickert, G. and Müller, W.A.** (1990). Pattern of cell proliferation in embryogenesis and planula development of *Hydractinia echinata* predicts the post-metamorphic body pattern. *Roux's Arch. Dev. Biol.* 199, 156-163.
- Kroiher, M.** (2000). Morphological chimeras of larvae and adults in a hydrozoan - insights into the control of pattern formation and morphogenesis. *Int. J. Dev. Biol.* 44, 861-866.

- Kroher, M. and Berking, S.** (1999). On natural metamorphosis inducers of the cnidarians *Hydractinia echinata* (Hydrozoa) and *Aurelia aurita* (Scyphozoa). *Helgol. Mar. Res.* 53, 118-121.
- Künzel, T.** (2007). Diplomarbeit: Photoorientierung in Hydrozoen.
- Künzel, T., Heiermann, R., Frank, U., Müller, W., Tilmann, W., Bause, M., Nonn, A., Helling, M., Schwarz, R.S. and Plickert, G.** (2010). Migration and differentiation potential of stem cells in the cnidarian *Hydractinia* analysed in eGFP-transgenic animals and chimeras. *Dev. Biol.* 348, 120-129.
- Latres, E., Chiaur, D.S. and Pagano, M.** (1999). The human F box protein β -Trcp associates with the Cul1/Skp1 complex and regulates the stability of β -catenin. *Oncogene* 18, 849-854.
- Laurent, M.N., Blitz, I.L., Hashimoto, C., Rothbächer, U. and Cho, K.W.Y.** (1997). The *Xenopus* homeobox gene *Twin* mediates Wnt induction of *Goosecoid* in establishment of Spemann's organizer. *Development* 124, 4905-4916.
- Leclère, L., Peter Schuchert, P., Cruaud, C., Couloux, A. and Manuel, M.** (2009). Molecular Phylogenetics of Thecata (Hydrozoa, Cnidaria) Reveals Long-Term Maintenance of Life History Traits despite High Frequency of Recent Character Changes. *Syst. Biol.* 58, 509-526.
- Lee, P. N., Kumburegama, S., Marlow, H. Q., Martindale, M. Q. and Wikramanayake, A. H.** (2007). Asymmetric developmental potential along the animal-vegetal axis in the anthozoan cnidarian, *Nematostella vectensis*, is mediated by Dishevelled. *Dev. Biol. Mediated* 310, 169-186.
- Lee, H.J. and Zheng, J.J.** (2010). PDZ domains and their binding partners: structure, specificity, and modification. *Cell Commun. Signal* 8, 8.
- Leitz, T. and Wagner, T.** (1993). The marine bacterium *Alteromonas espejiana* induces metamorphosis of the hydroid *Hydractinia echinata*. *Mar Biol.* 115, 173-178.
- Leitz, T., Morand, K. and Mann, M.** (1994). Metamorphosin A: A Novel Peptide Controlling Development of the Lower Metazoan *Hydractinia echinata* (Coelenterata, Hydrozoa). *Dev. Biol.* 163, 440-446.
- Leitz, T. and Lay, M.** (1995). Metamorphosin A is a neuropeptide. *Roux's Arch. Dev. Biol.* 204, 276-279.
- Lercher, M. J., Urrutia, A. O. and Hurst, L.D.** (2002). Clustering of housekeeping genes provides a unified model of gene order in the human genome. *Nat. Genet.* 31:180–183.
- Levine, T.D., Gao, F., King, P.H., Andrews, L.G., Keene, J.D.** (1993). Hel-N1: an autoimmune RNA-binding protein with specificity for 3'uridylate-rich untranslated regions of growth factor mRNAs. *Mol Cell Biol* 13: 3494-3504.
- Li, L., Yuan, H., Weaver, C.D., Mao, J., Farr III, G.H., Sussman, D.J., Jonkers, J., Kimelman, D. and Wu, D.** (1999). Axin and Frat1 interact with Dvl and GSK, bridging Dvl to GSK in Wnt-mediated regulation of LEF-1. *EMBO J.* 18, 4233-4240.

- Lohmann, J. U., Endl, I. and Bosch, T. C.** (1999). Silencing of developmental genes in Hydra. Dev. Biol. 214, 211-214.
- Lyashenko, N., Winter, M., Migliorini, D., Biechele, T., Moon, R.T. and Hartmann, C.** (2011). Differential requirement for the dual functions of β -catenin in embryonic stem cell self-renewal and germ layer formation. Nat. Cell Biol. 13, 753-761.
- MacDonald, B.T., Tamai, K. and He, X.** (2009). Wnt/ β -catenin signaling: components, mechanisms, and diseases. Dev. Cell. 17, 9-26.
- Mailhos, C., André, S., Mollereau, B., Goriely, A., Hemmati-Brivanlou, A. and Desplan, C.** (1998). *Drosophila* Goosecoid requires a conserved heptapeptide for repression of Paired-class homeoprotein activators. Development 125, 937-947.
- Marchler-Bauer, A. and Bryant, S.H.** (2004). CD-Search: protein domain annotations on the fly. Nucleic Acids Res. 32, W327-W331.
- Marchler-Bauer, A., Anderson, J.B., Chitsaz, F., Derbyshire, M.K., DeWeese-Scott, C., Fong, J.H., Geer, L.Y., Geer, R.C., Gonzales, N.R., Gwadz, M. et al.** (2009). CDD: specific functional annotation with the Conserved Domain Database. Nucleic Acids Res. 37, D205-D210.
- Marchler-Bauer, A., Lu, S., Anderson, J.B., Chitsaz, F., Derbyshire, M.K., DeWeese-Scott, C., Fong, J.H., Geer, L.Y., Geer, R.C., Gonzales, N.R. et al.** (2011). CDD: a Conserved Domain Database for the functional annotation of proteins. Nucleic Acids Res. 39, D225-D229.
- Marks, P.S.** (1976). NERVOUS CONTROL OF LIGHT RESPONSES IN THE SEA ANEMONE, *CALAMACTIS PRAELONGUS*. J. Exp. Biol. 65, 85-96.
- Martin, V.J.** (2000). Reorganization of the nervous system during metamorphosis of a hydrozoan planula. Invertebr Biol 119:243–253.
- Martin, V.J.** (2002). Photoreceptors of cnidarians. Can. J. Zool. 80, 1703-1722.
- Matz, M.V.** (2002). Amplification of representative cDNA samples from microscopic amounts of invertebrate tissue to search for new genes. Methods Mol. Biol. 183, 3-18.
- McFarlane, I.D., Graff, D. and Grimmelikhuijen, C.J.P.** (1987). EXCITATORY ACTIONS OF Antho-RFamide, AN ANTHOZOAN NEUROPEPTIDE, ON MUSCLES AND CONDUCTING SYSTEMS IN THE SEA ANEMONE *CALLIACTIS PARASITICA*. J. Exp. Biol. 133, 157-168.
- McFarlane, I.D., Anderson, P.A.V. and Grimmelikhuijen, C.J.P.** (1991). EFFECTS OF THREE ANTHOZOAN NEUROPEPTIDES, ANTHO-RWamide I, ANTHO-RWamide II AND ANTHO-RFamide, ON SLOW MUSCLES FROM SEA ANEMONES. J. Exp. Biol. 156, 419-431.
- Meier, D. and Schindler, D.** (2011). Fanconi Anemia Core Complex Gene Promoters Harbor Conserved Transcription Regulatory Elements. PLoS ONE 6, e22911.
- Michael, W.M., Choi, M. and Dreyfuss, G.** (1995) A nuclear export signal in hnRNP A1: a signal-mediated, temperaturedependent nuclear protein export pathway. Cell 83, 415-422.

- Miller, J.R. and Moon, R.T.** (1996). Signal transduction through β -catenin and specification of cell fate during embryogenesis. *Genes Dev.* 10, 2527-2539.
- Millane RC, Kanska J, Duffy DJ, Seoighe C, Cunningham S, Plickert G, Frank U.** (2011). Induced stem cell neoplasia in a cnidarian by ectopic expression of a POU domain transcription factor. *Development* 138, 2429-2439.
- Miller, J.R.** (2001). The Wnts. *Genome Biol.* 3, 3001.1-3001.15.
- Miwa, T., Manabe, Y., Kurokawa, K., Kamada, S., Kanda, N., Bruns, G., Ueyama, H., Kakunaga, T.** (1991). Structure, chromosome location, and expression of the human smooth muscle (enteric type) γ -actin gene: evolution of six human actin genes. *Mol Cell Biol.* 11: 3296-306.
- Mokrejš, M., Vopálenský, V., Kolenatý, O., Mašek, T., Feketová, Z., Sekyrová, P., Škaloudová, B., Kříž, V. and Pospíšek, M.** (2006). IRESite: the database of experimentally verified IRES structures (www.iresite.org). *Nucleic Acids Res.* 34, D125-D130.
- Mokrejš, M., Mašek, T., Vopálenský, V., Hlubuček, P., Delbos, P. and Pospíšek, M.** (2010). IRESite—a tool for the examination of viral and cellular internal ribosome entry sites. *Nucleic Acids Res.* 38, D131-D136.
- Momose T., Houliston E.** (2007). Two oppositely localised frizzled RNAs as axis determinants in a cnidarian embryo. *PLoS Biol.* 5, e70.
- Momose T., Derelle R., Houliston E.** (2008). A maternally localised Wnt ligand required for axial patterning in the cnidarian *Clytia hemisphaerica*. *Development* 135, 2105–2113.
- Morin, P.J., Sparks, A.B., Korinek, V., Barker, N., Clevers, H., Vogelstein, B. and Kinzler, K.W.** (1997). Activation of β -Catenin-Tcf Signaling in Colon Cancer by Mutations in β -Catenin or APC. *Science* 275, 1787-1790.
- Morin, P.J.** (1999). β -catenin signaling and cancer. *BioEssays* 21, 1021-1030.
- Mukhopadhyay, D. and Riezman, H.** (2007). Proteasome-Independent Functions of Ubiquitin in Endocytosis and Signaling. *Science* 315, 201-205.
- Musio, C.** (1997). Extraocular photosensitivity in invertebrates: a look into biophysical processes and functional mechanisms. In: *Biophysics of Photoreception: Molecular and Phototransductive Events*. Edited by C. Taddei-Ferretti. World Scientific, Singapore, 245-262.
- Müller, H.J.** (2001). PCR - Polymerase-Kettenreaktion. Spektrum, Akad. Verlag. Heidelberg, Berlin.
- MÜLLER, W.A.** (1964). EXPERIMENTELLE UNTERSUCHUNGEN ÜBER STOCK-ENTWICKLUNG, POLYPEN-DIFFERENZIERUNG UND SEXUALCHIMÄREN BEI *HYDRACTINIA ECHINATA*. *Wilhelm Roux` Arch. Entwickl.-Mech. Org.* 155, 181-268.
- Müller, W.** (1967). Differenzierungspotenzen und Geschlechtsstabilität der I-Zellen von *Hydractinia echinata*. *Wilhelm Roux` Arch. Entwickl.-Mech.* 159, 412-432.

- Müller, W.A.** (1969). Auslösung der Metamorphose durch Bakterien bei den Larven von *Hydractinia echinata*. Zoologisches Jahrbuch, Abt. Anatomie 86, 84-95.
- Müller, W.A., Teo, R. and Frank, U.** (2004). Totipotent migratory stem cells in a hydroid. Dev. Biol. 275, 215-224.
- Müller, W., Frank, U., Teo, R., Mokady, O., Guette, C. and Plickert, G.** (2007). Wnt signaling in hydroid development: ectopic heads and giant buds induced by GSK-3 β inhibitors. Int. J. Dev. Biol. 51, 211-220.
- Nakanishi, N., Renfer, E., Technau, U. and Rentzsch, F.** (2012). Nervous systems of the sea anemone *Nematostella vectensis* are generated by ectoderm and endoderm and shaped by distinct mechanisms. Development 139, 347-357.
- Niehrs, C., Keller, R., Cho, K. W. and De Robertis, E. M.** (1993). The homeobox gene *goosecoid* controls cell migration in *Xenopus* embryos. Cell 72, 491-503.
- Niehrs, C., Steinbeisser, H. and De Robertis, E.M.** (1994). Mesodermal Patterning by a Gradient of the Vertebrate Homeobox Gene *goosecoid*. Science 263, 817-820.
- Nissen, P., Kjeldgaard, M., Thirup, S., Polekhina, G., Reshetnikova, L., Clark, B.F.C. and Nyborg, J.** (1995). Crystal Structure of the Ternary Complex of Phe-tRNA^{Phe}, EF-Tu, and a GTP Analog. Science. 270, 1464-1472.
- Nusse, R., Brown, A., Papkoff, J., Scambler., P., Shackleford, G., McMahon, A., Moon, R. and Varmus, H.** (1991). A New Nomenclature for *int-1* and Related Genes: The *Wnt* Gene Family. Cell 64, 231-232.
- Nusse, R** (1999). WNT targets: repression and activation. Trends Genet. 15, 1-3.
- Okano, H.J. and Darnell, R.B.** (1997). A Hierarchy of Hu RNA Binding Proteins in Developing and Adult Neurons. J. Neurosci. 17, 3024-3037.
- Okano, H., Imai, T. and Okabe, M.** (2002). Musashi: a translational regulator of cell fate. J. Cell Sci. 115, 1355-1359.
- Orsulic, S., Huber, O., Aberle, H., Arnold, S. and Kemler, R.** (1999). E-cadherin binding prevents β -catenin nuclear localization and β -catenin/LEF-1-mediated transactivation. J. Cell Sci. 112, 1237-1245.
- Pan, D., Zhang, L.** (2008). Tandemly Arrayed Genes in Vertebrate Genomes. Comp Funct Genomics. 2008: 545269.
- Pantin, C.F.A.** (1952). The elementary nervous system. Proc. R. Soc. Lond. B Biol. Sci. 140, 147-168.
- Patikoglou, G.A., Kim, J.L., Sun, L., Yang, S.H., Kodadek, T. and Burley, S.K.** (1999). TATA element recognition by the TATA box-binding protein has been conserved throughout evolution. Genes Dev. 13, 3217-3230.
- Pauli, F., Liu, Y., Kim, Y.A., Chen, P.J., Kim, S.K.** (2006). Chromosomal clustering and GATA transcriptional regulation of intestine-expressed genes in *C. elegans*. Development 133, 287-295.

- Peifer, M., Berg, S. and Reynolds, A.B.** (1994). A Repeating Amino Acid Motif Shared by Proteins with Diverse Cellular Roles. *Cell* 76, 789-791.
- Perrin, B.J. and Ervasti, J.M.** (2010). The Actin Gene Family: Function Follows Isoform. *Cytoskeleton* 67, 630-634.
- Peters, J.M., McKay, R.M., McKay, J.P. and Graff, J.M.** (1999). Casein kinase I transduces Wnt signals. *Nature* 401, 345-350.
- Pickart, C.M. and Eddins, M.J.** (2004). Ubiquitin: structures, functions, mechanisms. *Biochim. Biophys. Acta* 1695, 55-72.
- Pickart, C.M. and Fushman, D.** (2004). Polyubiquitin chains: polymeric protein signals. *Curr. Opin. Chem. Biol.* 8, 610-616.
- Plickert, G. and Kroher, M. (1988).** Proliferation kinetics and cell lineages can be studied in whole mounts and macerates by means of BrdU/anti-BrdU-technique. *Development* 103:791-794.
- Plickert, G., Kroher, M. and Munck, A.** (1988). Cell proliferation and early differentiation during embryonic development and metamorphosis of *Hydractinia echinata*. *Development* 103, 795-803.
- Plickert, G.** (1989). Proportion altering factor (PAF) stimulates nerve cell formation in *Hydractinia echinata*. *Cell Diff. Dev.* 26, 19-28.
- Plickert, G., Gajewski, M., Gehrke, G., Gausepohl, H., Schlossherr, J. and Ibrahim, H.** (1997). Automated in situ detection (AISD) of biomolecules. *Dev. Genes Evol.* 207, 362-367.
- Plickert, G., Schetter, E., Verhey-van-Wijk, N., Schlossherr, J., Steinbüchel, M. and Gajewski, M.** (2003). The role of α -amidated neuropeptides in hydroid development - LWamides and metamorphosis in *Hydractinia echinata*. *Int. J. Dev. Biol.* 47, 439-450.
- Plickert, G. and Schneider, B.** (2004). Neuropeptides and photic behavior in Cnidaria. *Hydrobiologia* 530/531, 49-57.
- Plickert, G., Jacoby, V., Frank, U., Müller, W.A. and Mokady, O.** (2006). Wnt signaling in hydroid development: Formation of the primary axis in embryogenesis and its subsequent patterning. *Dev. Biol.* 298, 368-378.
- Plickert, G., Frank, U. and Müller, W.A.** (2012). *Hydractinia*, a pioneering model for stem cell biology and reprogramming somatic cells to pluripotency. *Int. J. Dev. Biol.* 56, 519-534.
- Polakis, P.** (1999). The oncogenic activation of β -catenin. *Curr. Opin. Genet. Dev.* 9, 15-21.
- Polakis, P.** (2002). Casein Kinase 1: A Wnt'er of Disconnect. *Curr. Biol.* 12, R499-R501.
- Primus, A. and Freeman, G.** (2004). The Cnidarian and the Canon: the role of Wnt/ β -catenin signalling in the evolution of metazoan embryos. *BioEssays* 26, 474-478.
- Putnam, N.H., Srivastava, M., Hellsten, U., Dirks, B., Chapman, J., Salamov, A., Terry, A., Shapiro, H., Lindquist, E., Kapitonov, V.V. et al.** (2007). Sea Anemone Genome

- Reveals Ancestral Eumetazoan Gene Repertoire and Genomic Organization. *Science* 317, 86-94.
- Renfer, E., Amon-Hassenzahl, A., Steinmetz, P. R. and Technau, U.** (2010). A muscle-specific transgenic reporter line of the sea anemone, *Nematostella vectensis*. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 107, 104-108.
- Rentzsch, F., Fritzenwanker, J. H., Scholz, C. B. and Technau, U.** (2008). FGF signalling controls formation of the apical sensory organ in the cnidarian *Nematostella vectensis*. *Development* 135, 1761-1769.
- Riggleman, B., Wieschaus, E. and Schedl, P.** (1989). Molecular analysis of the *armadillo* locus: uniformly distributed transcripts and a protein with novel internal repeats are associated with a *Drosophila* segment polarity gene. *Genes Dev.* 3, 96-113.
- Robinow, S., Campos, A.R., Yao, K.M. and White, K.** (1988). The *elav* Gene Product of *Drosophila*, Required in Neurons, Has Three RNP Consensus Motifs. *Science* 242, 1570-1572.
- Robinow, S. and White, K.** (1991). Characterization and Spatial Distribution of the ELAV Protein during *Drosophila melanogaster* Development. *J. Neurobiol.* 22, 443-461.
- Romagnolo, B., Berrebi, D., Saadi-Kedoucci, S., Porteu, A., Pichard, A.L., Peuchmaur, M., Vandewalle, A., Kahn, A. and Perret, C.** (1999). Intestinal Dysplasia and Adenoma in Transgenic Mice after Overexpression of an Activated β -Catenin. *Cancer Res.* 59, 3875-3879.
- Rose, T.M., Schultz, E.R., Henikoff, J.G., Pietrovovski, S., McCallum, C.M. and Henikoff, S.** (1998). Consensus-degenerate hybrid oligonucleotide primers for amplification of distantly related sequences. *Nucleic Acids Res.* 26, 1628-1635.
- Rose; T.M., Henikoff, J.G. and Henikoff, S.** (2003). CODEHOP (COnsensus-DEgenerate Hybrid Oligonucleotide Primer) PCR primer design. *Nucleic Acids Res.* 31, 3763-3766.
- Rouleau, J., Tanigawa, G. and Szyf, M.** (1992). The Mouse DNA Methyltransferase 5'-Region. A Unique Housekeeping Gene Promoter. *J. Biol. Chem.* 267, 7368-7377.
- Rubinfeld, B., Souza, B., Albert, I., Müller, O., Chamberlain, S.H., Masiarz, F.R., Munemitsu, S. and Polakis, P.** (1993). Association of the APC Gene Product with β -Catenin. *Science* 262, 1731-1734.
- Rubinfeld, B., Souza, B., Albert, I., Munemitsu, S. and Polakis, P.** (1995). The APC Protein and E-cadherin Form Similar but Independent Complexes with α -Catenin, β -Catenin, and Plakoglobin. *J. Biol. Chem.* 270, 5549-5555.
- Rubinfeld, B., Albert, I., Porfiri, E., Fiol, C., Munemitsu, S. and Polakis, P.** (1996). Binding of GSK3 β to the APC- β -Catenin Complex and Regulation of Complex Assembly. *Science* 272, 1023-1026.
- Rubinfeld, B., Robbins, P., El-Gamil, M., Albert, I., Porfiri, E. and Polakis, P.** (1997). Stabilization of β -Catenin by Genetic Defects in Melanoma Cell Lines. *Science* 275, 1790-1792.

- Rubenstein, P.A.** (1990). The Functional Importance of Multiple Actin Isoforms. *BioEssays* 12, 309-315.
- Ruskin, B., Zamore, P. D. and Green, M. R.** (1988). A factor, U2AF, is required for U2 snRNP binding and splicing complex assembly. *Cell* 52, 207-219.
- Ryan, M.D., King, A.M.Q. and Thomas, G.T.** (1991). Cleavage of foot-and-mouth disease virus polyprotein is mediated by residues located within a 19 amino acid sequence. *J. Gen. Virol.* 72, 2727-2732.
- Saina, M., Genikhovich, G., Renfer, E. and Technau, U.** (2009). BMPs and chordin regulate patterning of the directive axis in a sea anemone. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 106, 18592-18597.
- Sakanaka, C., Leong, P., Xu, L., Harrison, S.D. and Williams, L.T.** (1999). Casein kinase I ϵ in the Wnt pathway: Regulation of β -catenin function. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 96, 12548-12552.
- Samson, S.L. and Wong, N.C.** (2002). Role of Sp1 in insulin regulation of gene expression. *J. Mol. Endocrinol.* 29, 265-279.
- Sanger, F., Nicklen, S. and Coulson, A.R.** (1977). DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 74, 5463-5467.
- Saiki, R.K., Scharf, S., Faloona, F., Mullis, K.B., Horn, G.T., Erlich, H.A. and Arnheim, N.** (1985). Enzymatic Amplification of β -Globin Genomic Sequences and Restriction Site Analysis for Diagnosis of Sickle Cell Anemia. *Science* 230, 1350-1354.
- Schmich, J., Trepel, S. and Leitz, T.** (1998). The role of GLWamides in metamorphosis of *Hydractinia echinata*. *Dev. Genes Evol.* 208, 267-273.
- Schneitz, K., Spielmann, P. and Noll, M.** (1993). Molecular genetics of *aristaless*, a *prd*-type homeo box gene involved in the morphogenesis of proximal and distal pattern elements in a subset of appendages in *Drosophila*. *Genes Dev.* 7, 114-129.
- Seiliez, I., Thisse, B., Thisse, C.** (2006). FoxA3 and goosecoid promote anterior neural fate through inhibition of Wnt8a activity before the onset of gastrulation. *Developmental Biology* 290, 15 -163.
- Seipp, S., Schmich, J., Kehrwald, T. and Leitz, T.** (2007). Metamorphosis of *Hydractinia echinata*—natural versus artificial induction and developmental plasticity. *Dev. Genes Evol.* 217, 385-394.
- Seipp, S., Schmich, J., Will, B., Schetter, E., Plickert, G. and Leitz, T.** (2010). Neuronal cell death during metamorphosis of *Hydractina echinata* (Cnidaria, Hydrozoa). *Invert Neurosci.* Volume 10, Issue 2, 77–91.
- Shinzato, C., Shoguchi, E., Kawashima, T., Hamada, M., Hisata, K., Tanaka, M., Fujie, M., Fujiwara, M., Koyanagi, R., Ikuta, T., et al.** (2011). Using the *Acropora digitifera* genome to understand coral responses to environmental change. *Nature* 476, 320-323.

- Shoguchi, E., Hamaguchi, M., Satoh, N.** (2008). Genome-wide network of regulatory genes for construction of a chordate embryo. *Developmental Biology* 316, 498-509.
- Silver, N., Best, S., Jiang, J., Thein, S.L.** (2006). Selection of housekeeping genes for gene expression studies in human reticulocytes using real-time PCR. *BMC Mol Biol.* 7: 33.
- Silverman, J.S., Skaar, J.R. and Pagano, M.** (2012). SCF ubiquitin ligases in the maintenance of genome stability. *Trends Biochem. Sci.* 37, 66-73.
- Smith, S.T. and Jaynes, J.B.** (1996). A conserved region of engrailed, shared among all en-, gsc-, Nk1-, Nk2- and msh-class homeoproteins, mediates active transcriptional repression in vivo. *Development* 122, 3141-3150.
- Somma, M.P., Pisano, C. and Lavia, P.** (1991). The housekeeping promoter from the mouse CpG island HTF9 contains multiple protein-binding elements that are functionally redundant. *Nucleic Acids Res.* 19, 2817-2824.
- Songyang, Z., Fanning, A.S., Fu, C., Xu, J., Marfatia, S.M., Chishti, A.H., Crompton, A., Chan, A.C., Anderson, J.M. and Cantley, L.C.** (1997) Recognition of Unique Carboxyl-Terminal Motifs by Distinct PDZ Domains. *Science* 275, 73-77.
- Spemann, H., Mangold, H.** (1924). Induction of embryonic primordia by implantation of organizers from a different species. *Roux's Arch. Entw. Mech* 100: 599-638.
- Stachel, S.E., Grunwald, D.J. and Myers, P.Z.** (1993). Lithium perturbation and goosecoid expression identify a dorsal specification pathway in the pregastrula zebrafish. *Development* 117, 1261-1274.
- Steele, R.E., Hampson, S.E., Stover, N.A., Kibler, D.F., Bode, H.R.** (2004) Probable horizontal transfer of a gene between a protist and a cnidarian. *Curr Biol.* 14: R298-R299.
- Stover, N.** (2001). Splinkerette Protocol. University of California, Irvine (USA).
- Stossel, T.P., Chaponnier, C., Ezzell, R.M., Hartwig, J.H., Janmey, P.A., Kwiatkowski, D.J., Lind, S.E., Smith, D.B., Southwick, F.S., Yin, H.L., et al.** (1985). NONMUSCLE ACTIN-BINDING PROTEINS. *Ann. Rev. Cell Biol.* 1, 353-402.
- Streisinger, G., Walker, C., Dower, N., Knauber, D. and Singer, F.** (1981). Production of clones of homozygous diploid zebra fish (*Brachydanio rerio*). *Nature* 291:293–296.
- Struhl, G., Struhl, K. and Macdonald, P.M.** (1989). The Gradient Morphogen *bicoid* Is a Concentration-Dependent Transcriptional Activator. *Cell* 57, 1259-1273.
- Suga, H., Schmid, V., Gehring, W.J.** (2008). Evolution and functional diversity of jellyfish opsins. *Curr Biol.* 18(1): 51-5.
- Sulston, J.E., Schierenberg, E., White, J.G. and Thomson, J.N.** (1983). The embryonic cell lineage of the nematode *Caenorhabditis elegans*. *Develop. Biol.* 100: 64-119.
- Suzuki, T., Higgins, P.J., Crawford, D.R.** (2000). Control selection for RNA quantitation. *Biotechniques* 29: 332-337.
- Szabo, A., Dalmau, J., Manley, G., Rosenfeld, M., Wong, E., Henson, J., Posner, J.B.,**

- Furneaux, H.M.** (1991). HuD, a paraneoplastic encephalomyelitis antigen, contains RNA-binding domains and is homologous to Elav and Sex-lethal. *Cell* 67: 325-333.
- Taddei-Ferretti, C. and Musio, C.** (2000). Photobehaviour of *Hydra* (Cnidaria, Hydrozoa) and correlated mechanisms: a case of extraocular photosensitivity. *J. Photochem. Photobiol. B: Biol.* 55, 88-101.
- Takahashi, T., Muneoka, Y., Lohmann, J., Lopez de Haro, M.S., Solleeder, G., Bosch, T.C.G., David, C.N., Bode, H.R., Koizumi, O., Shimizu, H. et al.** (1997). Systematic isolation of peptide signal molecules regulating development in hydra: LWamide and PW families. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 94, 1241-1246.
- Tang, W., Keesler, G.A. and Tabas, I.** (1997). The structure of the gene for murine CTP: phosphocholine cytidylyltransferase, Ctpt. Relationship of exon structure to functional domains and identification of transcriptional start sites and potential upstream regulatory elements. *J. Biol. Chem.* 272, 13146-13151.
- Technau, U., Bode, H.R.** (1999). HyBraII, a Brachyury homologue acts during head formation in *Hydra*. *Development* 126: 999-1010.
- Technau, U., Cramer von Laue, C., Rentzsch, F., Luft, S., Hobmayer, B., Bode, H.R., Holstein, T.W.** (2000). Parameters of self-organization in *Hydra* aggregates. *Proc Natl Acad Sci USA* 97(22): 12127-31.
- Technau, U. and Steele, R.E.** (2011). Evolutionary crossroads in developmental biology: Cnidaria. *Development* 138, 1447-1458.
- te Velthuis, A.J.W., Sakalis, P.A., Fowler, D.A. and Bagowski, C.P.** (2011). Genome-Wide Analysis of PDZ Domain Binding Reveals Inherent Functional Overlap within the PDZ Interaction Network. *PLoS ONE* 6, e16047.
- Thellin, O., Zorzi, W., Lakaye, B., De, B.B., Coumans, B. et al.** (1999). Housekeeping genes as internal standards: use and limits. *J Biotechnol* 75: 291–295.
- Thisse, C., Thisse, B., Halpern, M.E. and Postlethwait, J.H.** (1994). *Goosecoid* expression in neurectoderm and mesendoderm is disrupted in zebrafish cyclops gastrulas. *Dev. Biol.* 164, 420-409.
- Uchida, S., Watanabe, N., Kudo, Y., Yoshioka, K., Matsunaga, T., Ishizaka, Y., Nakagama, H., Poon, R.Y.C. and Yamashita, K.** (2011). SCF β -TRCP mediates stress-activated MAPK-induced Cdc25B degradation. *J. Cell Sci.* 124, 2816-2825.
- Vijay-Kumar, S., Bugg, C.E. and Cook, W.J.** (1987). Structure of Ubiquitin Refined at 1.8 Å Resolution. *J. Mol. Biol.* 194, 531-544.
- Vleminckx, K., Kemler, R. and Hecht, A.** (1999). The C-terminal transactivation domain of β -catenin is necessary and sufficient for signaling by the LEF-1/ β -catenin complex in *Xenopus laevis*. *Mech. Dev.* 81, 65-74.
- Wada, A., Fukuda, M., Mishima, M. and Nishida, E.** (1998). Nuclear export of actin: a novel mechanism regulating the subcellular localization of a major cytoskeletal protein. *EMBO J.* 17, 1635-1641.

- Wakamatsu, Y. and Weston, J. A.** (1997). Sequential expression and role of Hu RNA-binding proteins during neurogenesis. *Development* 124, 3449-3460.
- Wallingford, J.B. and Habas, R.** (2005). The developmental biology of Dishevelled: an enigmatic protein governing cell fate and cell polarity. *Development* 132, 4421-4436.
- Walther, M., Ulrich, R., Kroher, M. and Berking, S.** (1996). Metamorphosis and pattern formation in *Hydractinia echinata*, a colonial hydroid. *Int. J. Dev. Biol.* 40, 313-322.
- Wang, Y., Jiang, Y., Meyering-Voss, M., Sprinzl, M. and Sigler, P.B.** (1997). Crystal structure of the EF-Tu.EF-Ts complex from *Thermus thermophilus*. *Nat. Struct. Biol.* 4, 650-656.
- Watabe, T., Kim, S., Candia, A., Rothbächer, U., Hashimoto, C., Inoue, K. and Cho, K.W.Y.** (1995). Molecular mechanisms of Spemann's organizer formation: conserved growth factor synergy between *Xenopus* and mouse. *Genes Dev.* 9, 3038-3050.
- Watanabe, H., Fujisawa, T. and Holstein, T.W.** (2009). Cnidarians and the evolutionary origin of the nervous system. *Develop. Growth Differ.* 51, 167-183.
- Wikramanayake, A.H., Hong, M., Lee, P.N., Pang, K., Byrum, C.A., Bince, J.M., Xu, R. and Martindale, M.Q.** (2003). An ancient role for nuclear β -catenin in the evolution of axial polarity and germ layer segregation. *Nature* 426, 446-450.
- Willert, K. and Nusse, R.** (1998). β -catenin: a key mediator of Wnt signaling. *Curr. Opin. Genet. Dev.* 8, 95-102.
- Willert, K., Brown, J.D., Danenberg, E., Duncan, A.W., Weissman, I.L., Reya, T., Yates III, J.R. and Nusse, R.** (2003). Wnt proteins are lipid-modified and can act as stem cell growth factors. *Nature* 423, 448-452.
- Wilson, D., Sheng, G., Lecuit, T., Dostatni, N. and Desplan, C.** (1993). Cooperative dimerization of Paired class homeo domains on DNA. *Genes Dev.* 7, 2120-2134.
- Winston, J.T., Strack, P., Beer-Romero, P., Chu, C.Y., Elledge, S.J. and Harper, J.W.** (1999). The SCF $^{\beta\text{-TRCP}}$ -ubiquitin ligase complex associates specifically with phosphorylated destruction motifs in I κ B α and β -catenin and stimulates I κ B α ubiquitination in vitro. *Genes Dev.* 13, 270-283.
- Wittlieb, J., Khalturin, K., Lohmann, J. U., Anton-Erxleben, F. and Bosch, T. C.** (2006). Transgenic Hydra allow in vivo tracking of individual stem cells during morphogenesis. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 103, 6208-6211.
- Woolley, P., and Clark, B.F.C.** (1989). Homologies in the structures of G-binding proteins: an analysis based on elongation factor EF-Tu. *Biotechnology* 7, 913-920.
- Wu, G., Xu, G., Schulman, B.A., Jeffrey, P.D., Harper, J.W. and Pavletich, N.P.** (2003). Structure of a β -TrCP1-Skp1- β -Catenin Complex: Destruction Motif Binding and Lysine Specificity of the SCF $^{\beta\text{-TRCP}1}$ Ubiquitin Ligase. *Mol. Cell* 11, 1445-1456.
- Xu, C., Kim, N.G. and Gumbiner, B.M.** (2009). Regulation of protein stability by GSK3 mediated phosphorylation. *Cell Cycle* 8, 4032-4039.

- Yamamoto, H., Kishida, S., Kishida, M., Ikeda, S., Takada, S. and Kikuchi, A.** (1999). Phosphorylation of Axin, a Wnt Signal Negative Regulator, by Glycogen Synthase Kinase-3 β Regulates Its Stability. *J. Biol. Chem.* 274, 10681-10684.
- Yao, K.M., Samson, M.L., Reeves, R. and White, K.** (1993). Gene *elav* of *Drosophila melanogaster*: A Prototype For Neuronal-Specific RNA Binding Protein Gene Family That Is Conserved in Flies and Humans. *J. Neurobiol.* 24, 723-739.
- Yoshida, M.** (1979). Extraocular Photoreception. In: *Handbook of Sensory Physiology*. Vol. VII/6A. Comparative Physiology and Evolution of Vision in Invertebrates. Edited by H. Autrum. Springer-Verlag, New York, 581-640.
- Yost, C., Torres, M., Miller, J.R., Huang, E., Kimelman, D. and Moon, R.T.** (1996). The axis-inducing activity, stability, and subcellular distribution of β -catenin is regulated in *Xenopus* embryos by glycogen synthase kinase 3. *Genes Dev.* 10, 1443-1454.
- Zhang, M.Q.** (1998). Identification of Human Gene Core Promoters in Silico. *Genome Res.* 8, 319-326.
- Zhang, L., Ma, B., Wang, L. and Xu, Y.** (2003). Greedy method for inferring tandem duplication history. *Bioinformatics*. 19(12): 1497-504.
- Zhu, J., He, F., Hu, S. and Yu, J.** (2008). On the nature of human housekeeping genes. *Trends Genet.* 24, 481-484.
- Zhou, Z.J., Zhang, J.F., Xia, P., Wang, J.Y., Chen, S., Fang, X.Q., Fan, S.W.** (2014). Selection of Suitable Reference Genes for Normalization of Quantitative Real-Time Polymerase Chain Reaction in Human Cartilage Endplate of the Lumbar Spine. *PLoS One.* 9(2):e88892.

7. Anhang

7.1 Übersicht über die Protein-Sequenzvergleiche, die Amino- und Nukleinsäuresequenzen der isolierten Genfragmente

7.1.1 *HeActI*

7.1.1.1 Fragment der 5`regulatorischen- und codierenden Region isoliert aus gesplinterter gDNA

Ein Teil der Sequenzdaten (nt 1454-1948) wurde bereits bei NCBI unter der Accession-Nr. HM370515 veröffentlicht.

CACTAGAAATGCCAATCAAAAAGCGCGGCAGAAAAATCGTTGAGACCCATCGTAATTT	60
TCCCACCTTAACTACTCCGATTCCTGGTGGTAAGAAAAATTACGCTGGGTCTACTGGCT	120
AGGGCAGGCCAGTTATATACGACAGTCTAATATTATTCTCACTTATTATAGAACGAAC	180
ATAATCGGGGAAGGCAGGCTTATGTATTACAGTCAAATATTATTGAGACTTATAGAACAA	240
AATATAATCAGGGCCAACCCTTTATATCATTGTCATCACTTCTGACAAGCAAATAGT	300
TGTTGTTGTTCTCAAATGAAACAAAATTTGTGGCAAATACTAAATTGGGATTCGCAA	360
GTTTAATAACTTTCACCAAACCTTAATTCCCGAAAAAGAATAATTAGGTTCCATGAAA	420
TTTAGTTACTTCAAAGTATATTATGTTGAAATGTATTACTACAAGAGTACTTATACTA	480
AGAATTACGTCAAGACTTTTCGCCATGTCTAGTTAGGGGTGTTCTATCTTC	540
CAGAGAATGTTAACCAAAAGTCGAAGAAAATGCCAATCACAGCCTGCCTGCCAG	600
CCATTATATCAGCATTATAATCCGGTCACCACGACATAGTGAAAAAAACATAATCGGA	660
CCATGCGTACATAACGAGAGGCTAGCTAGCTATTATATTATAGGAGGCTAAC	720
ATGTAAATATGGAGCACAAAGTATTACAGAATAATAGAGATAGTGCTGACCTATAA	780
AGCTATCTACAATCGTTGCCAAAGTAGTTGAGACAAATGAAAAACTGATCATTAGTGG	840
CAGAAAAGGCAATAAACAGAATTACGACTCTTTATCCCCCTCCCCCTTACACAA	900
TGTTGGAGAGCCATGGCAGCAAACCTCTGACTTCAAAAAACCTGAGTGCAACATTGTCTG	960
GGGGGTGCGGGGGTGAAAGTGTGAAAATAATTCAAATTCAAAAGTGTCTCAACACTTT	1020
TGGCAACGATTGTAGCTATTTATCTTCACGAAAGTAGTAAACTAGCTAGCAGTACATTA	1080
GCAGTTCCCGCTGAATCTTGTACGTTTACGTTTACGATAACAGCCAGCGGTTTGTG	1140
ATGGGAGATTAAACTTATGATAATCGTCACAAATATACACCACAAAAGACAACTTATAA	1200

TTTTGTTGGGTAACTAACAAAGATTATCTATCCTACATCAGATTGCCTCAGGTTCCAA	1260
TATTTAACATTGCAAACACTTAAAAACACATAAAGTCTTCATAAACGACCCCCGGCCAA	1320
TAAATTATTTAGGTCATCAATTAGAAATTATAGAGCAAGACAGATATGGAAAAATACA	1380
TAAACCCAATCGAATGGGACTGTTATCAATACGATTATCCTAAATTGGAAAAAGTAA	1440
ATCATATTAGAAATAACAACGAATTATGACCTATTTACCTAAAGATTAAACTATTCTC	1500
CTAACTCTGTAAACCATAAACGTTTTCTATTATATCCATTACGCTTGCACGAGGC	1560
GTCCTTTCGGTACCATGTTGGGCAAATTCAAACAGGATTGATATCGTAACATATTTC	1620
TTCTCCTATAAGGTATTGTTATAAAGCAAAGCGGGTGCAGAACAGGGTGTG	1680
TGCATCATATTAAAGCTGCGACCTGTTATTCATAACTTCGACTTCATAAGAGCTCG	1740
AGTAAACGTTGTGTTACCTTTGTAGTGTGTACAAAACAAATAATTACAAAATGG	1800
M 1	
CCGATGATGATGTTGCTGCTTAGTTGTCGACAATGGATCTGGTATGTGCAAAGCTGGT	1860
A D D D V A A L V V D N G S G M C K A G	21
TTGCTGGAGATGATGCCCAAGAGCTGTCTCCCTCAATCGTCGGACGTCCCGTCATC	1920
F A G D D A P R A V F P S I V G R P R H	41
AGGGAGTCATGGTGGTATGGGACAAAAA	1948
Q G V M V G M G Q	50

Abb. 59: Die genomische Nukleinsäuresequenz der 5`regulatorischen- und codierenden Region und der abgeleiteten Aminosäuresequenz von *HeActI*. Die Nuklein- und Aminosäuresequenz sind am rechten Rand durchnummertiert. Die Nukleotid-bindende Domäne der Zuckerkinase/HSP70/Aktin-Super-familie ist dunkelgrau dargestellt.

7.1.1.2 Fragment der 3`regulatorischen- und codierenden Region isoliert aus gesplinkerter gDNA

CTCTGCTCTCGCACCAACAATGGAAAATCAAATCATTGGCTCCACCAGAGCGAAAA	60
L C S R T T N N G K S K S L A P P E R K	20
TACTCTGTATGGATTGGAGGATCCATCTGGCTCTCTCCACCTCCAACAGATGTGG	120
Y S V W I G G S I L A S L S T F Q Q M W	40
ATCTCCAAGCAAGAACATCGACGAATCTGGTCCATCCATCGTCCACAGAAAATGCTTCTAA	180
I S K Q E Y D E S G P S I V H R K C F *	59
GTTTTTCTAAATTAGAACCTTTGAATAAGGTATGGAACTCAATAATTCTTAATT	240
ACCATCTCATTCCCATATGTCAGGTAAAACCTTGCGGAAATTCTCAAAGAGTCTTC	300
CTAATCAATTACAAAGAATAAAATGCAAAGTAACCTATTTCGTTATTTGTAAG	360

TAGGATGTTTACCTGT <u>AAAAGAT</u> ATTTGTATA <u>AAACACG</u> CTACAAAGGTATA <u>ACACAAA</u>	420
GAGAAATTATAGAAAATGTCTTCTCTTCACGCACAAGAATCCGAATTTCGGCGA	480
ATGGCGTAGAAATATTTGCAAAGAACATGTTATGAATTACATTGAATGATTCA <u>TGTTG</u>	540
TAAGGATTCCGAGGTCGCCTTTATTTTCTTGGTGTGAGTGGATTATTCTTTAAA	600
AAATATCTAACCTCGATTTCGCGATAAGGATGTGAACGGACAGATAACGCAGAAATT	660
TAAAATATGTGTTGTTGAACCCAAAAAAATGGCAGATTGTTACCAT <u>ACTCTCG</u>	720
GTAAACCGAACAGGATCTGACACAGCATCAAATTCCCTATTGTTGATATAAAAAGAT	780
GTATTTCTCGTCAATAACTGGGATCCTTGAA <u>CGACACTGCG</u> ATTTACCTGTCCC <u>GCC</u>	840
GTTGTTCTGAGGGTTTTAGCAAGGAAAATTCTAGGAACGAAAGACTTGGTGGGCATG	900
TCTAACACCGTAAAAGCTACGTGAATGGAAGAAAGGGCAGGAAATATGTTGCTAAATT	960
AGAGGTGCGTGAATTGCATAAAATTGAAACGTAA <u>TTAATATATTTATGTAATTAC</u>	1020
GATTACGTTAATTACGTCTAAAATATGTGAATATATATTAGATAGCGGAAATACAGTATC	1080
GCTTGCAACTTGCACTTCAAAGAACAAACGA <u>ACTACTTGT</u> CAAAATAATTTATA <u>CTGGT</u>	1140
TATAGCGTCATTTGTTATCATCTGCGCTAAAATTACAGTTGCCAAGTACTGAGAAAAC	1200
AAAAAACAGAGTGC <u>GC</u> AAAAGTTGAAAAAAATAGAGGCGTACGTGACCACGTGCAGATAG	1260
TTACGTTGAAAGATTCC <u>CTGCTG</u> C <u>TC</u> AGCGTCGGCGTTTTGTAAGAATCTAAC <u>CCACAGTC</u>	1320
ATAAGAAAATATGACTGATCTAACGGAAACTAGATA <u>CTTTAAAAGTATATGTAAGGTC</u>	1380
AAAGATT <u>CGGCAGAC</u> ATTTCC <u>CTCCATATACGAAC</u> ATTTAAGTTAATGAAGAAC <u>CT</u>	1440
CCCTTTCGTCGCGGCGACGGTCTTGGTGT <u>TTCC</u> GTATATAAAGTTAATGAAGAAC <u>CT</u>	1500
TTATCTTACCTGTTAATAAAGCATGACGCTTAGTTAAGATAAAAGAAAG <u>CTGTGT</u>	1560
GC <u>GA</u> ATTT <u>TCAGAT</u>	1574

Abb. 60: Die genomische Nukleinsäuresequenz der 3`regulatorischen- und codierenden Region und der abgeleiteten Aminosäuresequenz von *HeActI*. Die Nuklein- und Aminosäuresequenz sind am rechten Rand durchnummeriert. Das Stop-Codon ist mit einem Stern gekennzeichnet und die 3`UTR hellgrau markiert. Die drei potentiellen Polyadenylierungssignale (Beaudoin et al., 2000) sind schwarz unterstrichen.

7.1.1.3 cDNA-Fragment isoliert aus einer 3`RACE

ATGGCCGATGATGATGTTGCTGTTAGTTGTCGACA <u>ATGGATCTGGTATGTGCAAAGCT</u>	60
M A D D D V A A L V V D N G S G M C K A	20
GGGTTTGCTGGAGATGATGCC <u>CCAAGAGCTGTCTCC</u> CTCAATCGTCGGACGT <u>CCCTCGT</u>	120
G F A G D D A P R A V F P S I V G R P R	40
CATCAGGGAGTCATGGTTGGTATGGGACAA <u>AGGATTCTTACGT</u> CGGAGATGAAG <u>CCCAA</u>	180

H Q G V M V G M G Q K D S Y V G D E A Q	60
AGCAAACGTGGTATCCTCACCTGAAATACCCAATTGAACACGGAATCGTCACCAACTGG	240
S K R G I L T L K Y P I E H G I V T N W	80
GATGATATGGAAAAGATCTGGCATCACACTTCTACAATGAACCTCCGTAGCCCCGAA	300
D D M E K I W H H T F Y N E L R V A P E	100
GAACATCCAGTTCTCCTTACCGAAGCTCCATTGAATCCAAAAGCCAACAGAGAAAAATG	360
E H P V L L T E A P L N P K A N R E K M	120
ACACAGATTATGTTGAAACCTCAACTCGCCTGCTATGTATGTTGCCATCCAAGCTGTC	420
T Q I M F E T F N S P A M Y V A I Q A V	140
TTATCCTTGTACGCTTCTGGTCGTACCACTGGTATTGTCCTCGATTCTGGTGATGGTGT	480
L S L Y A S G R T T G I V L D S G D G V	160
TCCCACACTGTCCAATCTACGAAGGTTACGCCCTCCCCACGCCATCATCCGTTGGAT	540
S H T V P I Y E G Y A L P H A I I I R L D	180
TTGGCTGGACGTGATTTAACCGACTACCTGATGAAAATCTAACCGAACGTGGTTACTCA	600
L A G R D L T D Y L M K I L T E R G Y S	200
TTCACCACCACTGCTGAACGTGAGATTGTCGTGACATCAAAGAAAAACTCGCTTATGTC	660
F T T T A E R E I V R D I K E K L A Y V	220
GCCTTGGACTTTGAACAAAGAAATGCAAACCGCTGCCAGCAGCTCAAGCTTGGAAAAATCA	720
A L D F E Q E M Q T A A S S S S L E K S	240
TACGAATTACCTGATGGACAAGTCATCACCAATTGGCAACGAACGATTAGATGCCAGAA	780
Y E L P D G Q V I T I G N E R F R C P E	260
ACTCTCTTCCAACCATCCTCATCGGTATGGAATCTGCTGGTATCCACGAGACCACCTAC	840
T L F Q P S F I G M E S A G I H E T T Y	280
AACTCAATCATGAAATGTGACGTTGACATCCGTAAGATTGTACGCCAACACTGTCTG	900
N S I M K C D V D I R K D L Y A N T V L	300
TCTGGTGGTACGACTATGTTCCCTGGTATTGCTGATCGTATGCAGAAAGAAATCTCTGCT	960
S G G T T M F P G I A D R M Q K E I S A	320
CTCGCACCAACCAACATGAAAATCAAATCATTGCTCCACCAGAGCGAAAATACTCTGTA	1020
L A P P T M K I K I I A P P E R K Y S V	340
TGGATTGGAGGATCCATCTGGCTCTCTCCACCTTCCAACAGATGTGGATCTCCAAG	1080
W I G G S I L A S L S T F Q Q M W I S K	360
CAAGAATACGACGAATCTGGTCCATCCATCGTCCACAGAAAATGCTTCTAAGTTTTCT	1140
Q E Y D E S G P S I V H R K C F *	376
AAATTTAGAACTTTGAATAAGGTATGGAACTCAATAATTCTTAATTACCATCTCA	1200
TTTCCCATATGTCAGGTAAAACCTTGGCGAAATTTCAAAGAGTCTCCTAATCAAT	1260
TACAAAGAATAAAATGCAAAGTAACCTATTTCGTTATTTGTAAGTAGGATGTT	1320

TTACCTGT<u>AAAAAAGATATTGTATAAAACACGCTACAAAGGTATACACAAAGAGAAATTA</u>	1380
TAAAAAAAAAAAAA	1394

Abb. 61: Die Sequenz des 3`RACE-Fragments von *HeActI*. Die Nuklein- und Aminosäuresequenz sind am rechten Rand durchnummeriert. Die Nukleotid-bindende Domäne der Zuckerkinase/HSP70/Aktin-Superfamilie ist dunkelgrau und die potentiellen NES-1- und NES-2-Sequenzen (Wada et al., 1998) sind rot dargestellt. Das Stop-Codon ist mit einem Stern gekennzeichnet. Die 3`UTR ist hellgrau markiert und die drei potentiellen Polyadenylierungssignale (Beaudoin et al., 2000) sind schwarz unterstrichen.

7.1.2 *HeActII*

7.1.2.1 Fragment der 5`-/3`regulatorischen- und codierenden Region isoliert aus gesplinkerter- und gDNA

Ein Teil der Sequenzdaten (nt 1-5040) wurde bereits bei NCBI unter der Accession-Nr. HM231141 veröffentlicht.

GCTTCTGGATAAAACTTAGGTGTTAAGAATATGTC CCTCTTCCCTCCCTAAGAAG	60
GCGAATGTTCACTTCGATATTTAGCAAGGCCGTTAAAGTCGCAGGCATGTAAGTGCTCA	120
ATATTGCGCATCAGGAGCAATTTGCCGC ACTGATTGTTCAAAAGTCAGGCCAACATG	180
AGTTAATTTTACTTGC GTTAAATACGCAAATGTTTTCCGTTGAGCGAAGCGCC	240
ATCGTGGCGGCGAAACTTTAATCCCCATGGCCTGTGTTCTTTGTTAGATCTGACGGCG	300
AACAGACAAAAAGCTCTGGGAACGAGGTTGTGCAGGAGTCGTAGCTCGTTAGGCAAAT	360
ATACCCCACATAAAAATAGATCGCAGTAGGAAATTGCTAATTCTAGTCTCTCTAAATTC	420
AAATGCTAATCTACCCTATGGGAACGAGGATGGGCTTGTGTTAGTTGAAACTAATGG	480
GTGTTGAGTTTCAGGCTGTTCTTTAATTTAATTTTAAATGTTAAAATCATGA	540
TTCGTGTTCTTATGTTGGCTATTACTGCAATTTCCAATCTCGTGTGTTAGTAGCT	600
TTCCTCTTAGCTACTAGAAGAGTGTCCATATATTGCCCTTTCTCGTGTGCAACA	660
ATCTGAGATTGTTGAATGTTATTTAAAATGTCACTGTTACAGCTGATGTT	720
CAAGTAATTCTAACCGTTGCTGCTAAAAATAAAACTGTTAAGGGGGTGGATTAGTGCT	780
TCATACTTTCAATTTGTTATATATTGTTATAAGCTAGACACACCTGTACTTTCAAAA	840
CATAAGAAAAATGTCTGTTAGCGTTCTTGAACCTTAACCATTAAATTAGTCAAAAC	900
GAGAGTTATATAGAGTTACTCATGAAAACCACGTTCAAACACTAAACTTCTCATGC	960
GTACAGTATTGAGGTTTATTGTCAGTTGTAAGTTGCCCGTGTGATTTGTTA	1020
GAAACGTGAACAACAAACAGTGCTGTACAGGATGGTGTCAAGGGACAATCTAAATTACAT	1080
AAAAAACATAACGGTTGCGTTCTATAATGCCATAAAATAGTTTGTGAACCTCTCCCT	1140
CATCGTGTCTGTTCAATGAAAACCTAAAATGACTGCGAAGGAGTCAACTTCGC	1200

TTGGATACATGGTTCTATTCAAGCGTTAACATAAATAGGTCTTGTACATTGTTGA	1260
AACTAAATTGACGTTTCTTCTTGTCTGGTAAAAATTGATATATTTAGACAAAAAAA	1320
TGCAAAGCATTGTAACCTATGCTGCAACTAAACTTTCCAATAAATTGATCTTCCAAA	1380
ATGTATGATCTGTTGAGAATGTCGAACCAGTAGTTAGGAAAATTACTGTACGTATG	1440
AGAAAAAAAAGAAGAAAATAGCCCCGGCAGGGATTAGCTAAAAACTTAAAAAGAAAAAA	1500
AAAAACGACCGGAAGAAATATTTATGGTCTCGAACATTGTTCATTTATATGATGCT	1560
CGTAGAAACCACCTTAATCGCTATCTCATTAAAATTCAACATTCTGCATGTTGTTAT	1620
GAGCTTCGAGGGTTGTTGCCATATTCAAGGGGTATATAAAAAATTATTTGTTGA	1680
AATTTAAAACAAGTCATAATTAAAATGGTCTTTATTCAATATTATTTAATGCAGTTA	1740
GAATCACTTGCTAGAAAAATATAGAAAAATTAAAGAACACTTAAATACTCGACATAATT	1800
TTCTTGTCCCCCAACCCCCGTACAATCAAAGCGTTCTATTGTTGAGTCAAACAATG	1860
GAACTTGCACGCAGAATGTTCTTTGCCATATATGGTTAGAAAACTTGCTATCGTGTAT	1920
GAGCTTAAATT CGCAGCCGGAGACAAAACGCCCTCACAGGTTCATTACGAACCTAAAG	1980
TAACATTGACAAGACGTTCATTTCTCTTACACTTCGTAACAAACTCAAAT	2040
M 1	
GGCCGATGATGATGTTGCTCGCTCGTCGTAGACAATGGATCTGGTATGTCAAAGCTGG	2100
A D D D V A A L V V D N G S G M C K A G	21
ATT TGCTGGAGATGATGCTCCAAGAGCTGTCTCCCTCAATCGTCGGACGTCCCCGTCA	2160
F A G D D A P R A V F P S I V G R P R H	41
TCAGGGAGTCATGGTTGGTATGGACAAAAGATT CCTATGTTGGAGATGAAGCTCAAAG	2220
Q G V M V G M G Q K D S Y V G D E A Q S	61
CAAGCGTGGTATCCTTACCTTGAAATACCAATCGAACACGGAATCGTCACCAACTGGGA	2280
K R G I L T L K Y P I E H G I V T N W D	81
TGATATGGAGAAAGTAAGTTAAATGTTTGCTAAATACTACGCCGTGAAATT TTACTG	2340
D M E K	85
<u>INTRON 1</u>	
CTT GTTT CAGAAAAGTGGAGTGTCTTCTGGTAAATTTT CAGATCATCAATGATT	2400
TGTGAAAGCAACTCTAAATTCAATTATTAAATTGTTTCTCACGAGGTTACGGAATAGC	2460
TAGATATCATCGTGT TTTT CAGATCTGGCATCACACTTCTACAATGAAC TT	2520
I W H H T F Y N E L	95
CGTGT CGCAC CAGAAGAGCATCCAGTCCTTCTTACCGAAGCTCCATTGAATCCAAAAGCC	2580
R V A P E E H P V L L T E A P L N P K A	115
AACAGAGAAAAATGACACAGGTAATGAATATGTTATGGGTGGAAACACATTAATT TTA	2640
N R E K M T Q	122
<u>INTRON 2</u>	
TTCAAGCCACACCC TTTATGCTTGCCGTCA GTGAATCAGTTTTAAAAGGGCGTTAT	2700
TTTTTATAGATCATGTTGAGACCTCAACTCACCTGCTATGTATGTTGCCATCCAAGCT	2760
I M F E T F N S P A M Y V A I Q A	139

GTCTTATCCTTGTACGCTTCTGGTCGTACCACTGGTATTGTCCTCGATTCTGGTATGGT	2820
V L S L Y A S G R T T T G I V L D S G D G	159
GTCTCCCACACTGTCCCAATCTACGAAGGTTACGCCCTCCCCATGCCATCATCCGTTTG	2880
V S H T V P I Y E G Y A L P H A I I R L	179
GATTTGGCTGGACGTGATTGACCGACTACCTGATGAAAATCTAACCGAACGTGGTTAC	2940
D L A G R D L T D Y L M K I L T E R G Y	199
TCATTCAACCACCACCGCCGAACGTGAAATCGTCGTGACATCAAAGAAAAACTCGCCTAC	3000
S F T T T A E R E I V R D I K E K L A Y	219
GTCGCTTGGACTTGAAACAAGAAATGCAAACCGCTGCCAGCAGCTCAAGTTGGAAAAG	3060
V A L D F E Q E M Q T A A S S S S L E K	239
TCGTACGAATTACCTGATGGACAAGTCATCACCAATTGGCAACGAACGATTAGATGCCA	3120
S Y E L P D G Q V I T I G N E R F R C P	259
GAAACCCTTTCCAACCATCCTTATTGGTATGGAATCTGCTGGTATCCACGAGACCACT	3180
E T L F Q P S F I G M E S A G I H E T T	279
TACAACCTCCATCATGAAATGTGACGTCGACATCCGTAAGATTGTACGCCAACACTGTC	3240
Y N S I M K C D V D I R K D L Y A N T V	299
TTATCTGGTGGTACGACTATGTTCCCTGGTATTGCTGATCGTATGCAGAAAGAAATCTCT	3300
L S G G T T M F P G I A D R M Q K E I S	319
GCGCTCGCACCAACCAATGAAAATCAAATCATTGCTCCACCAAGAGCGAAAATACTCT	3360
A L A P P T M K I K I I A P P E R K Y S	339
GTATGGATTGGAGGCTCCATCTGGCTTCTCTCAACCTTCAACAGATGTGGATCTCC	3420
V W I G G S I L A S L S T F Q Q M W I S	359
AAACAAGAATACCGATGAATCTGGCCCATCCATTGTCCACAGAAAATGCTTTAAGCTCCT	3480
K Q E Y D E S G P S I V H R K C F *	376
TGAAGTAAAAGTCACATCCACAAACAAACAGGGTGGTAGACTAGAAAACTAACTTGTCATT	3540
TGTCATCAATTTCGACATTTCAAAATCCATCTGGCTTTGTGCACAACATTGCAA	3600
GCCTTATAAAATTTGTAATACAGATATCCACAAAATGTAATAATTAAATAACGGGGTT	3660
GTTATACAATAACGAATCTCTCATATAATAATTATTATCCCCCGGTGGTGTGTCT	3720
GCTGCGAGACATCATCAGAGGCAAACCTACTTTTTAGACTACACGCCTTCAAATGTG	3780
TGATCTATCCTTAAGAAATCGTGGCGCCCTGGTTAACCTGCTATCAATTTCGCA	3840
ATCTCTTCAGATGTGCACGAAAGATATCCGGAGATGTCAATTGCCCTCTAAATGGAGTA	3900
AGCTTTCTGCCAGACATTCTACTCCCGCATAAGTTGTTAGGTGCAAATTCCCGCAC	3960
TCGAAAAGACTGCTGGTAATATGGTTCGTTACGCTCGATGGAAATAATTCC	4020
TACCTCAACTGTACTGACGCCCTCATGTTTTATTGCGGAGGCCGTAAAACGAAGT	4080
TACGATAACTAACAAAGTATCGACCAGCACATTGCGTCATTGCTTATTGACGAGTCGT	4140
CCTATTGAAAATCCGGGTATAAATTAGTGGAAAAATGCCGAAATGTGATCTTTCT	4200

CCCTCTCTCCCCCTTTCAATGTTGGGTCGTGCTGGTGAGCGAAAAATTG	4260
TATGTGTCGCGTCAAAATCGAATTAAGGGAAAGGGAAATAACGTGTGTTGTTAAA	4320
TTCCACAAATATTATGTTCAGAGGGTTGTAGGATAAACTTGTGTACATGTAATTGTCCA	4380
GAGCAGAACCTTGGGTGGCAAATTCTTATTGTACTATTTGCCTTATTAATTTCAC	4440
GCAATCGCCTCCAAAATGTTCTCCAGTGCAGCGAATTGGTGCAGAAATAAATTATCGTT	4500
AAAAAATTGCGCTAAAATTAATACTACGCTTATAGTTTACCATATGCAAATTCTCC	4560
TTTTCTGTTAGTCATACTACTAAAAATAGAAACTTCCGGATAACGTTACACATTTC	4620
TTAAAAAAACTCTCCGTTTGGGATCAAATTGTGCGAAGACGGAAGAATTGAAAACG	4680
GAATGTACAGTCGACTCTCTAATTGATTTCCAGGGGAGGAATTATATCGAATTAG	4740
AGAGAGAATCGAATTAGGAAGTGTCTCTAATTGAAATTTTTTTTGGGGGGGG	4800
GGGACTAGAAAAATCGAATTACAGAGTGAATTATATTGTAAACTCGCAAAAAGGAAT	4860
AAGACATGCATTTTGGACAGTGCAGCACGAATTAAAGACTTTCAAGGATCTT	4920
TAAGATCTCTGAAAGTAGTCATCAATTGACTGTTTTATTAGCATATTTATAAA	4980
TCAACGGCCCATTACATCTTAATGCAACCACATCGTTCCAAAGTTGGAAAAC	5040
ACACTGTAACCTCTAAATGTGCTAATGTCATTAAACATCTTGTTGATGGCTT	5100
TGCGAGTGGTAATTGTTGGTTCATCGTCATCTGAT	5137

Abb. 62: Die genomische Nukleinsäuresequenz der 5`/3`regulatorischen-, der codierenden Region und der abgeleiteten Aminosäuresequenz von *HeActII*. Die Nukleinsäure- und Aminosäuresequenz sind am rechten Rand durchnummertiert. Der rote Pfeil markiert den potentiellen Start der Transkription. Die 5`- und 3`UTR ist hellgrau markiert und die Nukleotid-bindende Domäne der Zuckerkinase/HSP70/Aktin-Superfamilie ist dunkelgrau dargestellt. Das Intron 1 und 2 sind schwarz unterstrichen und die potentiellen NES-1- und NES-2-Sequenzen (Wada et al., 1998) sind in roten Buchstaben geschrieben. Das Stop-Codon ist mit einem Stern gekennzeichnet. Die zwei möglichen Polyadenylierungssignale (Beaudoin et al., 2000) sind schwarz unterstrichen.

7.1.3 *HeActIII*

7.1.3.1 Fragment der 5`regulatorischen- und codierenden Region isoliert aus gesplinkerter gDNA

Ein Teil der Sequenzdaten (nt 1224-2002) wurde bereits bei NCBI unter der Accession-Nr. HM628577 veröffentlicht.

AAGCTTTGTCGGAGTGATAAGAATGTTGATAAAAGTTAAAGCATGCAGAAAGTTG	60
ACGACCTCGTACCATACGCAGGGCATTCTAAAAATCTAACACACGTCAAGGGTTGG	120
GTTTATTCTTGACTAGTTTCTTCTCTTTGACACACCATGTTCTAACATTAGTTTATG	180
AAACAATTGGTTGAATTATCCGCCCTCCTAAACACACAATTACGAACATGCAAG	240
TGATGCAAGATTGATCAAGGAGGTTAAAGACTGCTGAGATGTATCTCCTCTTTT	300

AAACCTCCTGATTGATCGAAATGTTTCTCGTTATGTGTGATTCAAAACCGATCGC	360
GGTATCTTGTATTATTTATAAAGGAAGAGGTTATATTTTGTTTATTCCTGATAT	420
CGACGTATTGAATAATGCGTCCCTCCCTACGAAGTAAATCTGCAACAAACGCCAGGATGT	480
ATTCACGCTACATGCTACAGAGAAAGTTCACGCTTAATTAGAAAGAAAATTAAATTAA	540
GCGAATTTCAGTGTAACTGGCGTAGCATGGTTACCTACCGAGTGCAGCCAAGGAACCT	600
GGTAAAACAAAGATGCAGGAAACAAAGAGAAAGCCAAAATTGACACGATCTAATTCACT	660
GTCTCCTAAAGATCACCTCGGATCTCCTAGGTCTCAGCTGCCGGTTACATTAACCTTC	720
GCTTCAAAATGGTCTGTTCTCTACGCTAAATAATAAAAGCCTCTGTACCTAAAATAA	780
GTACTTCCTCGACGCTAAAATAGCGTCTAACGATGGATATGCAATCATACTGTAATTGCT	840
GATAATTTCGCAACTTCTATGAGTTAGAAATCTGGCATTAAAGAAAACAAGGAAATA	900
TCAAGAATATCGAGGTAGCAACAAAAGGTACAAAACGGATCCAGTCTTATTCCTTC	960
TCAAGAATTGTTGTCAGTTCTGAACAACTTAATTCTATTATAAAAGGCCACAAGAAC	1020
ATCTTTAGTGGGAAGTGCTATGCGAAGAGCCGATGCGACGGATAAAAGCGATGACCTT	1080
ATCTCTAAAGGCGATGAGCTCATATAGGAATCAACATTACCAACCACTATGTATGGC	1140
AAAATTAACAAATCGTAATCGAGACACGCATGCATAACACACACCTGATCAAATTGCAA	1200
AAGATTAGGGCTTTTCAAAATAAATAAAATAAAAAATAATAACAGAAC	1260
ATTAAAAATGCTATAAACGTTTACTATTCCTACTTAAGATTGTAAAAACAAAAAGT	1320
TATACTACGACGCCCTAAATCACTGAATACTGAAAAAATGGCTGCAAATAGAAGGTACAGA	1380
GAAATTCTGTCTTCTATAACGGACAAAGTAATTACATCAAGAATTATCCGGTATGAA	1440
AACCAACCCCTTCATTCAAATATTGGAGATCATTCCAGTATGTAACAAGAAATGACAG	1500
CGAACATTTTCTCCTTATATGGACTTCTCGTCCCACAAACACACATTGTCGA	1560
AATAAGTTCATGCACGCTAAAGTTGTTGTGATAAGACTTCATTGTTATTACTCT	1620
CGCGTGTATAGAAAGAGACGTGATTCAAAACAAAGGATTCTCGAGGACAATAACATG	1680
ACTCAAACGAGCCTCTGAGAAAGCAACAATAATAGTGAGTTGTTTTCAACCATAAAA	1740
GTTCACGATTGTTCGCTATAAACGGAGAACGTAGATCTGTGTTGTATCTACAGTTAC	1800
TCACCAAGTTAGAGAACACACGTACAAAAACAAATTCAAAATGGCCGATG	1860
M A D	3
ATGATGTTGCTGTTAGTTGTCGATAATGGATCTGGTATGTGCAAAGCTGGTTTGCTG	1920
D D V A A L V V D N G S G M C K A G F A	23
GAGATGATGCTCCAAGAGCTGTCTTCCCTCAATCGTCGGACGTCCTCGCCATCAGGGAG	1980
G D D A P R A V F P S I V G R P R H Q G	43
TCATGGTTGGTATGGGACAAAA	2002
V M V G M G Q	50

Abb. 63: Die genomische Nukleinsäuresequenz der 5`regulatorischen- und codierenden Region und der abgeleiteten Aminosäuresequenz von *HeActIII*. Die Nuklein- und Amino-

säuresequenz sind am rechten Rand durchnummeriert. Die Nukleotid-bindende Domäne der Zuckerkinese/HSP70/Aktin-Super-familie ist dunkelgrau dargestellt.

7.1.3.2 Fragment der 3`regulatorischen- und codierenden Region isoliert aus gesplinterter gDNA

ATCTCTGCTCTGCACCACCAACAATGAAAATCAAATCATTGCTCCACCAGAGCGAAAA	60
I S A L A P P T M K I K I I A P P E R K	20
TACTCTGTATGGATTGGAGGATCCATCTTGGCTTCTCTCCACCTCCAACAGATGTGG	120
Y S V W I G G S I L A S L S T F Q Q M W	40
ATCTCCAAGCAAGAATAACGACGAATCTGGTCCATCCATCGTCCACAGAAAATGTTTAA	180
I S K Q E Y D E S G P S I V H R K C F *	59
CTTTCCGACGCCCTACTTGGTATTACTGTAGTATTTGTAAATAAGAATTGTAAGATTC	240
<u>AATATATTTGATGCTTA</u> ACTGCAGTGCATTGCTCTGAGAAAGTATTTGTGTTATTAGTG	300
AAAGTTAATTCTGGGCTGGTCAGGACTTGAGATATTCTTTAAAAAAAGCGTGTATGC	360
TTATTGGTTGATTTAAATTGGGGTTGCTCTGAGAAAGTATTTGTGTTATTAGTG	420
GATTTAAATTGGGGATTGCTCTGACACATTGCTTGCGTAAGCTTTGTTCGTCGC	480
ACTACAAAAAGATTGCCATTAGGACTCTAACAAATAAGCTGAATAAGTAGAGATGTTG	540
TGGGGACGAACGTTGGAATCCTACATGGAATTAGCCAAGAACAGCAGGTTCATTTAA	600
GTATTTTTCTACAAATGTCTGTCAGTTAACCTCTAACACAGCACTGAGG	660
GGTGATTTTACACCACTTACGTTCTCAGAAATTAAACCTTATGGTAAGAATATAC	720
CAGGGTGATTTTGCCCCAAATTAAAGAATATTATGACATAACGAAAAAGCACTATTCT	780
TAAGCCTGTGTCACATTGCGGGCCAACCTTGATCCGAGGGCTTGGCGTGCTACAGGCC	840
CTGGGATCGAGGTTGACTCCGGCATTATTGGTCATTAACGGTATTCAAATAAGGAC	900
CGATAGGGAAACAACCTGGTAAGATAAAATGACCGTAGTTCAAAGACTCAAATAA	960
TTTAAAGAATATATTAGTATTAGGAAACTATTATAAAAGATATAACCGTTATTAA	1020
CATATATATTAAAGAACATTCCATAAGGTGATAGCTGTCGAGCCACCAAGTATAAATA	1080
CATCAAATTTCGTTACTTCGTGTATTGAAACCATAGCCTCGCCAACGACACAATG	1140
CCAAGACGAACCAAATTTCGTTACTAACTTCTTGATCATTAGCAGCCGCCTAAAT	1200
TAAAAAAATAATGCTACACGTATATTGCAAGGACAGATTGTTATCATGTGAAAAAAATAC	1260
GATTTAGTCGTACGACTATTCTCTGGTATTAAATTGCGCTTCCGGATTTGGGC	1320
TACCCGAAATGATATTCAAGATACCATTGCGAGAAATAATCCCCGAAAAATGTAAC	1380
GCTGACGCCAAATCACACAAAGGATCATTAAATGTAGTGTGTTAGTTGAGAGGAGGC	1440
TTTCTCTAATTAAAGTGTCCACGAAAATTAAATAGCCGCAAATGTATTTTTATTA	1500
GCCTACGATAATAACTACCTGAAAAATTGAAACCATTAGGTATTCTGAAACTAAAG	1560

TCNCCAAGGAAGTATCGTATCATTACAGCAACGAGTAAGCTATAAAACTGCAATAAAT	1620
ATAGATAAAATTAGAAAAAACAAATTTCAGCTAAAGAAGTTTTTATTAAAAATTTCAGT	1680
AGAGCAGTGATTATGGTTACTTCTCCAACATCAAATATTAACGCATATAGCCATGTAGAG	1740
GTGCAAATTAAAAACTGATTTCGCGTTTTTAACGAGCAAAGCTAAGCTGACCG	1800
TACACTATGCTAATTGAAGGAAGAAGTCAAACTCCGTTTCAGAAAATAATCCGCAA	1860
TTTTAATTAGGGCACCAACTTTTTTATATTCCACCCCTCCTTGTCTTGACAAACTA	1920
AGAAAACAAGTTGAAGGTCTATCCGATCAAACCATTCCCGTAAAAATTGTCCACTTAT	1980
TAAAGTATGAATTCAAATTAAAAAACAGGTTCCAGACAAAAATTACCTCGTTATT	2040
TGTAGCAAACCTCTCACAAAGCTGTACGCACAATTCCATTGCTCAACCCCATCTCCTC	2100
GTTCATATCAGAATACTAGAAAAACACAGAGAAAGAAAGTAATTGGTAGTTGTCTTACTG	2160
TTTTTACAGGGTGGCCACAAAAAAGGATTTAGAGGATTTAAAGGAGATTTGCACTGA	2220
ATTTAGAGGATTTGCAAAAATGAAAATTAAAGAAAAATAGAGGATTTAGAGGATTCAGAGGATC	2280
AACTTTCTTTTATTCAGGCTTCTTAAGTCTATAAATTCTGATGTCAAGAACAAA	2340
TATGTTAGGAAAGTATTACTTCAGTATGAATGATAATAAC	2383

Abb. 64: Die genomische Nukleinsäuresequenz der 3`regulatorischen- und codierenden Region und der abgeleiteten Aminosäuresequenz von *HeActIII*. Die Nuklein- und Aminosäuresequenz sind am rechten Rand durchnummeriert. Das Stop-Codon ist mit einem Stern gekennzeichnet und die 3`UTR ist hellgrau markiert. Das potentielle Polyadenylierungssignal (Beaudoin et al., 2000) ist schwarz unterstrichen.

7.1.3.3 cDNA-Fragment isoliert aus einer 3`RACE

ATGGCCGATGATGATGTTGCTGCTTAGTTGTCGATAATGGATCTGGTATGTGCAAAGCT	60
M A D D D V A A L V V D N G S G M C K A	20
GGGTTTGCTGGAGATGATGCTCCAAGAGCTGTCTTCCCTCAATCGTCGGACGTCCTCGC	120
G F A G D D A P R A V F P S I V G R P R	40
CATCAGGGAGTCATGGTTGGTATGGGACAAAAGGATTCTTACGTCGGAGATGAAGCCAA	180
H Q G V M V G M G Q K D S Y V G D E A Q	60
AGCAAACGTGGTATCCTTACCTTGAAATACCCAATCGAACACGGAATTGTCACCAACTGG	240
S K R G I L T L K Y P I E H G I V T N W	80
GATGATATGGAAAAGATCTGGCATCACACTTCTACAATGAACCTCCGTGTAGCCCCGAA	300
D D M E K I W H H T F Y N E L R V A P E	100
GAACATCCAGTTCTCCTTACCGAAGCTCCATTGAATCCAAAAGCCAACAGAGAAAAATG	360
E H P V L L T E A P L N P K A N R E K M	120

ACACAGATTATGTTGAAACCTTAACTCGCCTGCTATGTATGTAGCCATCCAAGCTGTC	420
T Q I M F E T F N S P A M Y V A I Q A V	140
TTATCCTTGTACGCTTCTGGTCGTACCACTGGTATTGTCCTCGATTCTGGTGATGGTGTAA	480
L S L Y A S G R T T G I V L D S G D G V	160
TCCCACACTGTCCCAATCTACGAAGGTTACGCCCTCCCCATGCCATCATCCGTTGGAT	540
S H T V P I Y E G Y A L P H A I I R L D	180
TTGGCTGGACGTGATTTAACGACTACCTGATGAAAATTTAACCGAACGTGGTTACTCA	600
L A G R D L T D Y L M K I L T E R G Y S	200
TTCACCACCACTGCTAACGTGAGATTGTCGTGACATCAAAGAAAAACTCGCTTATGTC	660
F T T T A E R E I V R D I K E K L A Y V	220
GCCTTGGACTTTGAACAAGAAATGCAAACCTGCTGCCAGCAGCTCAAGCTTGGAAAAATCA	720
A L D F E Q E M Q T A A A S S S S L E K S	240
TACGAATTACCTGATGGACAAGTCATCACCAATTGGAAACGAACGATTTAGATGCCAGAA	780
Y E L P D G Q V I T I G N E R F R C P E	260
ACTCTTTCCAACCATCCTCATTGGTATGGAATCTTCTGGTATCCACGAGACCACTTAC	840
T L F Q P S F I G M E S S S G I H E T T Y	280
AACTCCATCATGAAATGTGACGTTGACATCCGTAAGAGATTGTACGCCAACACTGTCTTA	900
N S I M K C D V D I R K D L Y A N T V L	300
TCTGGTGGTACGACTATGTTCCCTGGTATTGCTGATCGTATGCAGAAAGAAATCTCTGCT	960
S G G T T M F P G I A D R M Q K E I S A	320
CTCGCACCAACAAATGAAAATCAAATCATTGCTCCACCAGAGCGAAAATACTCTGTA	1020
L A P P T M K I K I I A P P E R K Y S V	340
TGGATTGGAGGATCCATTTGGCTCTCTCCACCTCCAACAGATGTGGATCTCCAAG	1080
W I G G S I L A S L S T F Q Q M W I S K	360
CAAGAATACGACGAATCTGGTCCATCCATCGTCCACAGAAAATGTTTTAACTTTCCGAC	1140
Q E Y D E S G P S I V H R K C F *	376
GCCCTACTTGGTATTACTGTAGTATTTGTAAGATT <u>CAATATATTT</u>	1200
<u>TGATGCTTA</u> ACTGCAAAAAAAAAAAAAAA	1228

Abb. 65: Die Sequenz des 3`RACE-Fragments von *HeActIII*. Die Nuklein- und Aminosäuresequenz sind am rechten Rand durchnummiert. Die Nukleotid-bindende Domäne der Zuckerkinase/HSP70/Aktin-Superfamilie ist dunkelgrau und die potentiellen NES-1- und NES-2-Sequenzen (Wada et al., 1998) sind rot dargestellt. Das Stop-Codon ist mit einem Stern gekennzeichnet und die 3`UTR ist hellgrau markiert. Das mögliche Polyadenylierungssignal (Beaudoin et al., 2000) ist schwarz unterstrichen.

7.1.4 *HeActIV*

7.1.4.1 Fragment der 3`regulatorischen- und codierenden Region isoliert aus gesplinterter gDNA

ATCTCTGCTCTCGCACCAACAATGAAAATCAAATCATTGCCACCAGAGCGAAAA	60
I S A L A P P T M K I K I I A P P E R K	20
TACTCTGTATGGATTGGAGGGATCCATCTTGGCTCTCTCCACCTCCAACAGATGTGG	120
Y S V W I G G S I L A S L S T F Q Q M W	40
ATCTCCAAACAAGAATAACGATGAATCTGGTCATCCATTGTCCACCGAAAATGCTTCTAA	180
I S K Q E Y D E S G P S I V H R K C F *	59
ATTATCACGTTATTTTTACTAATTATTATTCTTAGGAATATCTTCAAATTGT	240
CTACGTTCTGTGTAATCGTATTGAATGTAAATAACACATAAAATGTTCTGTCAATTAGACC	300
TTCTTTCTGTCCACCACCGAAAAAGCCAAACGGGGAGATCTGTCTCGCCGTAAATT	360
TCAATAATAACAATCAAGAATAACACTAAACAACTAAAACGAAATGTTAGTCATACATCGT	420
GTTAGATGATTAGAACCAATTAGTCCTCATTCTAAATCACCCCCGCCCCGAAAAGATTGC	480
TTCCTTCAGGCCTGAAAAATAATGCTTCAGACGGCGAGACGTTTCGTCAAGACCTATCAA	540
TAAGCGCAGTGCCGATGAGAGACAAAAAGTCTACTTGCATTGATGCGTTATTAGTTCTA	600
GGGTCACAAATTGTATTATTTCCATGGATG	633

Abb. 66: Die 3`genomische Nukleinsäuresequenz mit einem Teil des codierenden, untranslatierten und regulatorischen Bereichs von *HeActIV*. Die Nuklein- und Aminosäuresequenz sind am rechten Rand durchnummert. Das Stop-Codon ist mit einem Stern gekennzeichnet.

7.1.5 *HeEF1alpha*

7.1.5.1 Zusammengesetztes cDNA-Fragment aus einer 5`- und 3`RACE

Ein Teil der Sequenzdaten (nt 1-1697) wurde bereits bei NCBI unter der Accession-Nr. HM197750 veröffentlicht.

CTTTCTAACTTGTACGTTCTCATGTTGCATCGAAGAGGTGAGGAAGATTCTAATAA	60
GTTTCCTATCTGAACGTATCTGTCAAACTTGTATATGAGATAACAGAGGGAA	120
AATTCCCTGAAATTATTGTATTAGTTAGTCTTATTTAGATCCCACGTAAAAT	180
M	1

GGCACCAAAGGCTGTTGAGAAAATCCACATCAACATTGTTGTAATCGGTATGTCGACTC 240
 A P K A V E K I H I N I V V I G H V D S 21
 TGGCAAATCGACCAGTACTGGTCACTTGATTATAAATGTGGTGGTATCGATAAAAGAAC 300
 G K S_I T S T G H L I Y K C G G I D K R T 41
 CATCGAAAAATTGAAAGGAAGGCCAAGAAATGGGAAAAGGTTCCCTTAAATATGCTTG 360
 I E K F E K E A Q E M G K G S F K Y A W 61
 GGTCTTGGATAAATTAAAGGCCGAGCGTGAACGTGGTATTACAATTGACATTGCTTATG 420
 V L D K L K A E R E R G I T I D I A L W 81
 GAAATTTACAACAAAAAAATTCAAGTAACAATCATTGATGCCAGGACATGGGATT 480
 K F T T K K F Q V T I I D A P G_{II} H R D F 101
 TATTAAGAACATGATTACTGGTACTTCACAAGCTGATTGTGCTGTGCTTATTATTGCTGC 540
 I K N M I T G T S Q A D C A V L I I A A 121
 AAGTACTGGTGAATTGAGGCTGGAATTCCAAGAATGGTCAAACACTCGAGAACATGCTCT 600
 S T G E F E A G I S K N G Q T R E H A L 141
 GTTAGCATACACTTAGGTGTGAAACAATTGATTGTTGGTGTCAACAAAATTGATAATAC 660
 L A Y T L G V K Q L I V G V N K I D_{III} N T 161
 TGAACCGCCATACAGTGAAGCTCGATTTAATGAAATTAAAAAGAAGTTGAAGGTTATGT 720
 E P P Y S E A R F N E I K K E V E G Y V 181
 GAAGAAAGTTGGTTACAATCCAAAGCTGTTGCTTTGTCCCATTCTGGTTGGCATGG 780
 K K V G Y N P K A V A F V P I S G W H G 201
 TGATAACATGATTGAACCATCATCCAACATGGGTTGGTACAAAGGTTGGAGTGTGAATC 840
 D N M I E P S S N M G W Y K G W S V E S 221
 AAAAGCAGGAAAGCATCTGGAAAACCTTACTTGAAGCCTGGATAGCATCCACC 900
 K A G K A S G K T L L E A L D S I T P P 241
 AGAAAGGCCAAACACAAGCCTCTTCGACTTCAAGATGTGTATAAAATTGGTGG 960
 E R P K H K P L R L P L Q D V Y K I G G 261
 CATTGGAACTGTCCCTGTTGGCGTGTAGAAACTGGTATATTAGCCCCTGGTATGATTGT 1020
 I G T V P V G R V E T G I L A P G M I V 281
 TACATTGCCCCCTGCCAATGTAACCACTGAGGTCAAATCTGTAGAAATGCACCACGAAAC 1080
 T F A P A N V T T E V K S V E M H H E T 301
 ATTAGCCGAAGCACTACCAGGTGATAATGTTGGTTCAATGTAAAAATGTATCAATCAA 1140
 L A E A L P G D N V G F N V K N V S I K 321
 GGATATCAAACGTGGTATGGTTGCGTCTGACAGCAAAATGATCCAGCCAAGGAAGCTAA 1200
 D I K R G M V A S D S K N D P A K E A K 341
 AACCTTTTGACAGGTACATTCTAACCATCCAGGTGAGATTGATGCTGGTTACCA 1260
 T F F A Q V I I L N H P G E I H A G Y Q 361

ACCTGTTGGATTGCCACACTGCTCACGTTGCCTGCAAGTTACAGAATTGAAACAAAA	1320
P V L D C H T A H V A C K F T E L K Q K	381
ATGTGATAGACGAAGTGGTAAAATTGGAGAAAATCCAAAATGGTAAATCTGGCGA	1380
C D R R S G K I L E E N P K M V K S G D	401
TGCTGCCATGGTTACATTGACTCCTCCAAGCCTATGTGTGTTGAAGCTTCTCTGACTA	1440
A A M V T L T P S K P M C V E A F S D Y	421
CCAGCCATTAGGTCGTTGCTGTGCGTGACATGCGACAAACTGTTGCTGGAGTTAT	1500
Q P L G R F A V R D M R Q T V A V G V I	441
CAAGAGTGGTAAAAGGCCGACGCTCTGGTAAAATGACAAAATCCGCTCAGAAGGCTAC	1560
K S V E K A D A S G K M T K S A Q K A T	461
CGGAAAAAGAAGTGACCTATGAA <u>ATTAA</u> ACTGCATAATGTTATTCCGA <u>ACTAAA</u> AT	1620
G K K K *	465
ATTCACCG <u>AAAC</u> ATT <u>TAAGGAGGAA</u> ACATGTAA <u>ATTCTGTCAA</u> AT <u>GAAAAA</u> ATTGG	1680
AGTTAAAAAAAAAAA	1697

Abb. 67: Zusammengesetzte Nukleinsäuresequenz und abgeleitete Aminosäuresequenz von HeEF1alpha. Die Nukleinsäure- und Aminosäuresequenz sind am rechten Rand durchnummieriert. Die Domäne I ist hellgrau, die Domäne II dunkelgelb und die Domäne III dunkelgrau dargestellt. In rot sind die AS des Motiv I, II und Motiv III in der Domäne I gekennzeichnet und nummeriert. Das Stop-Codon ist mit einem Stern gekennzeichnet und die fünf potentiellen Polyadenylierungssignale (Beaudoin et al., 2000) sind schwarz unterstrichen.

7.1.5.2 Sequenzvergleich der GTP-bindenden Domäne des HeEF1alpha mit der entsprechenden Region ausgewählten Vertreter von EF1alpha

HmEF1	10- NIVVIGHVDSGKSTSTGHMIYKCGGIDKRQIEKFEKEAQEMGKGSFKYAWVLDKLKAERE
ChEF1	15- NIVVIGHVDSGKSTSTGHLIYKCGGIDKRAIEKFEKEAQEMGKGSFKYAWVLDKLKAERE
PcEF1	12- NIVVIGHVDSGKSTSTGHLIYKCGGIDKRTIEKFEKEAQEMGKGSFKYAWVLDKLKAERE
HeEF1	12- NIVVIGHVDSGKSTSTGHLIYKCGGIDKRTIEKFEKEAQEMGKGSFKYAWVLDKLKAERE
CrEF1	14- NIVVIGHVDSGKSTSTGHLIYKCGGIDKRTIEKFEKEAQEMGKGSFKYAWVLDKLKAERE
MmEF1	9- NIVVIGHVDSGKTTTGHLIYKCGGIDKRTIEKFEKEAAEMGKGSFKYAWVLDKLKAERE
DmEF1	9- NIVVIGHVDSGKTTTGHLIYKCGGIDKRTIEKFEKEAQEMGKGSFKYAWVLDKLKAERE
CeEF1	9- NIVVIGHVDSGKTTTGHLIYKCGGIDKRTIEKFEKEAQEMGKGSFKYAWVLDKLKAERE
	*****:*****:*****:*****:*****

HmEF1	RGITIDIALWKFETTKYVVTII	DAPGHRDFIKNMITGTSQADCAVLIVASSTGEFEAGIS
ChEF1	RGITIDIALWKFFTNNYEVTII	DAPGHRDFIKNMITGTSQADCAVLIVASSTGEFEAGIS
PcEF1	RGITIDIALWKFETTKFYVTII	DAPGHRDFIKNMITGTSQADCAVLIVASSTGEFEAGIS
HeEF1	RGITIDIALWKFTTKKFQVTII	DAPGHRDFIKNMITGTSQADCAVLIIAAGTGEFEAGIS
CrEF1	RGITIDIALWKFETTKYQVTII	DAPGHRDFIKNMITGTSQADCAVLIVASSTGEFEAGIS
MmEF1	RGITIDISLWKFETSKYYVTII	DAPGHRDFIKNMITGTSQADCAVLIVAAVGGEFEAGIS
DmEF1	RGITIDIALWKFETAKYYVTII	DAPGHRDFIKNMITGTSQADCAVQIDAAGTGEFEAGIS
CeEF1	RGITIDIALWKFETAKYYITII	DAPGHRDFIKNMITGTSQADCAVLVVACGTGEFEAGIS
	*****:***** * : :*****:*****:*****:***** :	*...*****
 HmEF1	KNGQTREHALLAFTLGVKQMVAVNKIDNTEPPYSEARFNEIKKEISAYVKKVGYDPKTV	
ChEF1	KNGQTREHALLAYTLGVKQLIVGVNKIDNTEPPYSCDRFNEIAKEISAYVKKVGYNPKSV	
PcEF1	KNGQTREHALLAYTLGVKQLIIGVNKIDNTEPPYSEARFNEIKKEVEGYVKKVGYNPKAV	
HeEF1	KNGQTREHALLAYTLGVKQLIVGVNKIDNTEPPYSEARFNEIKKEVEGYVKKVGYNPKAV	
CrEF1	KNGQTREHALLAFTLGVKQLIVGVNKIDNTEPPYSEARFTEITKEVSNYIKKVGYNPKAV	
MmEF1	KNGQTREHALLAYTLGVKQLIVGVNKMDSTEPPYSQKRYEEIVKEVSTYIKKIGYNPDTV	
DmEF1	KNDQTREHALLAFTLGVKQLIVGVNKMDSSSEPPYSEARFEEIKKEVSSYIKKVGYNPAAV	
CeEF1	KNGQTREHALLAQTLGVKQLIVACNKMDSTEPPFSEARFTEITNEVSGFIKKIGYNPKAV	
	.***:*****:*****:*****:*****:*****:*****:*****:*****:*****:	
 HmEF1	PVLPVSGWHGDNMIEPSPNMSWYKGWEVEYKDTG---KHTGKTLLEALDNIPLPA -241	
ChEF1	AVVPISGWHGDNMIEESKNMSWYKGWATEGKDDEKKDWKASGKTMQLADSIRPPK -250	
PcEF1	AILPISGWHGDSMLEESPNTKWFKGWATERVDEDKKVINSSGKTLFEALDAIVPPS -247	
HeEF1	AFVPISGWHGDNMIEPSSNMGWYKGWSVESKAGK----ASGKTLLEALDSITPPPE -242	
CrEF1	ACVPISGWHGDNMIEPSTNMGWYKGWNIERKEGK----ASGKTLLEALDAIVPPS -244	
MmEF1	AFVPISGWNGDNMLEPSANMPWFKGWVKTRKDGS----ASGTTLLEALDCILPPT -239	
DmEF1	AFVPISGWHGDNMLEPSTNMPWFKGWEVGRKEGN----ADGKTLVDALDAILPPA -239	
CeEF1	PFVPISGFGNDNMLEVSSNMPWFKGWAVERKEGN----ASGKTLLEALDSIIPPO -239	
	:*:***:*** * * * * * :***:***	* * : :*** * *

Abb. 68: Vergleich der GTP-bindenden Domäne des HeEF1alpha mit der in ausgewählten Vertretern von EF1alpha. Hm (*Hydra magnipapillata*; XP_004205522), EF1 (Elongationsfaktor 1 alpha), Ch (*Clytia hemisphaerica*; AEP19821), Pc (*Podocoryna carneae*; CAD70569), He (*Hydractinia echinata*), Cr (*Cladonema radiatum*; AAT11876), Mm (*Mus musculus*; NP_034236), Dm (*Drosophila melanogaster*; CAA29993) und Ce (*Caenorhabditis elegans*; NP_498520). Die Zahlen vor und nach der Aminosäuresequenz zeigen die Position im Protein an. Die AS des Motiv I sind hellgrau, des Motiv II dunkelgelb und des Motiv III dunkelgrau markiert.

7.1.5.3 Sequenzvergleich der Domäne II und Domäne III des HeEF1alpha mit der entsprechenden Region ausgewählter Vertreter von EF1alpha

HeEF1	246-	HKPLRLPLQDVYKIGGIGTVPVGRVETGILAPGMIVTFAPANVTTEVKSVEMHETLAEA
PcEF1	251-	NKPLRLPLQDVYKIGGIGTVPVGRVETGKIMPGMVVTFAPCGISTEVKSVEMHTAMPEA
CrEF1	248-	DKPLRLPLQDVYKIGGIGTVPVGRVETGIIKPGIVVTFAPANVTTEVKSVEMHHEALPEA
HmEF1	245-	SKPLRLPLQDVYKIGGIGTVPVGRVETGILKPGMVVTFCPANLSTEVKSVEMHESLPEA
DmEF1	243-	DKALRLPLQDVYKIGGIGTVPVGRVETGVLKPGTVVVTFAPANITTEVKSVEMHHEALQEA
MmEF1	243-	DKPLRLPLQDVYKIGGIGTVPVGRVETGVLKPGMVVTFAPVNVTTEVKSVEMHHEALSEA
CeEF1	243-	DRPLRLPLQDVYKIGGIGTVPVGRVETGIIKPGMVVTFAPQNVTTEVKSVEMHESLPEA
		:***** : * . * . : * :***** : : **
HeEF1		LPGDNVGFNKNVSIKDIRRGMVASDSKNDPAKEAKTFFAQVIIILNHPGEIHAGYQPVL
PcEF1		LPGDNVGFNKNVSIKEIKRGMVASDSKNDPAKEAKTFFAQVIIILNHPGEIHAGYQPVL
CrEF1		LPGDNVGFNKNVSVKDIRRGMVASDSKNDPAKESKSFLAQVIIILNHPGEIHAGYQPVL
HmEF1		LPGDNVGFNKNVSIKDIRRGMVASDSKNDPAIEASFKAQVIIILNHPGEIHAGYQPVL
DmEF1		VPGDNVGFNKNVSVKELRRGYVAGDSKANPPKGAAADFTAQVIVVLNHPGQIANGYTPVL
MmEF1		LPGDNVGFNKNVSVKDVRGNVAGDSKNDPPMEAAGFTAQVIIILNHPGQISAGYAPVL
CeEF1		VPGDNVGFNKNVSVKDIRGSVCSDSKDPAKEARTFHAQVIIIMNHPGQISNGYTPVL
		:***** : * : : * . * . : * . : * * : * : * : * * * * :
HeEF1		CHTAHVACKFTELKQKCDRRSGKILEENPKMVKGDAAMVTLTPSKPMCVEAFSDYQPLG
PcEF1		CHTAHVACKFTELKQKCDRRSGKVLEENPKLVKGDAAMITLTPSKPMCVEAFSDYAPLG
CrEF1		CHTAHVACKFSEIQQKIDRRSGKVLEENPKMVKGDAAMINLVPSPKPMCVESFASYPPLG
HmEF1		CHTAHIACKFAELLEKIDRRSGKVIETEPKMKVKGDAAIINLIPSPKPMCVESFAQYPPLG
DmEF1		CHTAHIACKFAEILEKVDRRSGKTTEENPKFIKGDAAIIVNLVPSKPLCVEAFQEFPPLG
MmEF1		CHTAHIACKFAELKEKIDRRSGKKLEDGPFLKGDAAIIVDMVPGKPMCVESFSDYPPPLG
CeEF1		CHTAHIACKFNELEKVDRTGKVEDFPKFLKGSDAGIVELIPTKPLCVESFTDYAPLG
		***** : * : * * : * * * : * : * * : * : * . : * ***
HeEF1		RFAVRDMRQTVAVGVI - 441
PcEF1		RFAVRDMRQTVAVGVI - 446
CrEF1		RFAVRDMRQTVAVGVI - 443
HmEF1		RFAVRDMRQTVAVGVI - 440
DmEF1		RFAVRDMRQTVAVGVI - 438
MmEF1		RFAVRDMRQTVAVGVI - 438
CeEF1		RFAVRDMRQTVAVGVI - 438

Abb. 69: Vergleich der Domäne II und Domäne III ausgewählter Vertreter von EF1alpha mit der entsprechenden Region in HeEF1alpha. He (*Hydractinia echinata*), EF1 (HeElongationsfaktor 1 alpha), Pc (*Podocoryna carneae*; CAD70569), Cr (*Cladonema radiatum*);

AAT11876), Hm (*Hydra magnipapillata*; XP_004205522), Dm (*Drosophila melanogaster*; CAA29993), Mm (*Mus musculus*; NP_034236) und Ce (*Caenorhabditis elegans*; NP_498520). Die Zahlen vor und nach der Aminosäuresequenz zeigt die Position im Protein an. Die Domäne II ist dunkelgelb und die Domäne III dunkelgrau markiert.

7.1.5.4 Fragment der 5`regulatorischen- und codierenden Region isoliert aus gesplinterter gDNA

Die Sequenzdaten wurden bereits bei NCBI unter der Accession-Nr. HM197751 veröffentlicht.

AAGCTTTTGTGTCATGCCTGACAAAAACTATTAATTAAACAAAATTTGATCAGATATA	60
AGATGAACTCATTGTTAATATTAACAATAGGAAAAAAAAGAATGGATTACTAATATCTAG	120
AGTAACAAGTTAATTGTTGATAATTGTTGATTACAATTAGTAGTATTGATTACAATTA	180
GTAGTGGTGCTGTGCTGTTCACTGGTCATTGCTTGAAACATTCCCAGTGCTAAAATAG	240
ATGAGGCTTGTGTTGCACAAAGTAAAGGAAGCACTGCTAGCATAGATTAAGAGGAAA	300
ATGGTAAATCTTTAGCTATATTAAGATTATGCTACACTGTTGTCACGATTGTTGTC	360
AAGGTTTTAACAAACTAAACAAAATGTTTTGAATGGAGAATTTGTAAAAAAA	420
ATAGGAGCAAAGCAATAGAGAAAAAATAATGCTGAGAAGGGAAATTATCATAGCGTGT	480
AATCAAGGTTGTATTTTCAGTTCAAATTTGCTCTCTGGAAATTCCATACATTAC	540
ACCAAAGCAAATACATCTCGTATATAGAAATTATTATCTTTAGAACACATATTTT	600
AACTCGTGTATTGGCTGCGATATAGCTATATTGCAGCCAACAAAAAATAAAATTCCC	660
AAACAATGCTAGCTAGCTTGTTCAGCGAACCTACAGTCAGGGAAAACAAAGAGTGTAC	720
TGCTTATTAGGAGAATCTCAAATTAGCGTAAGACGGAAGACTAATTAAGCACATTGA	780
TTTCTTAACAGATGACTCATAATCGATTCTCAGAGCTATCTGGCTTATTTATGTT	840
TATGTTTTGTGTTAGCTTAATTAGACGCCCTTAACAAATTAAAGCTGGTCATTCTCA	900
AATGCAATAGTAAATAATAAGGAGTGGTACGTCAAATTAGCAGTACGCTTTAGTTA	960
GCAGTTTCCCTGACTGACTTTAGATAGATAGATGTGCATATTTACATGTCTAGGGCG	1020
CCGTAGATTAGTGGTTATAGCTCTCGTACTCTGTGCGGGAGTTATAACCACAAACTACG	1080
GCGCCACACTGCACACTACAGTATGGGTGCCCTTATAAAATGGTATCTACCTGTAGTAAC	1140
GTGCTAGCCATACTTAGCTATAAACCTGCTTGGCGATGCCAATAACTGGTACTCGAC	1200
AAACCTGTCAACTGATGCAATTAAATAAAACACATCATAAAATTCTATGATGCCAGGGT	1260
TTCCAGGTATGAAAATGATACAATAATTACACCTTTAGTAACGTCTCCAAAGCGAGATA	1320
TAAC TGTTGCAACCCATTATCTTTAACATGTCTAATGGTAGTTCTGATCCATGA	1380
TGATGTTGCACTACAACATTACATTCTACATTAAGGTGGCAGTAACCCCTTTAAAATCG	1440
GAATTTTTTACATAATTAGTTACAAAGGTTATTTCAGACTATATCCATATTT	1500

TTTCTGTTATAACACACTTGTACGATTTATAGCTATAACTATTATTTCACCAAA	1560
AATATTGCCTCAACAATTCCCTTTAAATTAAAATTCACTGAATAATTAAATTAGTTCTG	1620
CCGAATATAGCTTAGTCTACGCGCTTGGGATTGTACAGAAAGAAATGAGATAATTAT	1680
TACAGAGAAACGTTAATAACAACAAAGATGGCGCATAAAGTAAAAATAATTCCGATCTC	1740
CATAGCGCCTCACCCCAAGAGCTCTAACCTGATAGCATTTGTTCTTTAAAATT	1800
TCAACACAAACCTTGTAATCATAACAGCTTAAAACGGTGTGCCAAATTTTGGTTTT	1860
AAATATTTCTTGACAGCGGGTAGATGCAGCATGATGGTAAATGAGATTCTTC	1920
AAAAAACAAAAGGCTATTCTGCGGTGCGATTGCGTCATAAACTGGTTGAACCAATCA	1980
CGGGCCAGTATTCAAGATTAAGCAGCCATTATGAAATGGTGTACAAATGCTGAATCGTAA	2040
TGTTTTGTGGTGAACCTTCATAAATAACAATAACTGGATTTCAAAGAATTCTTTTT	2100
TTTAGTCAAATCTCAATGTTTAGATACTGCTTAATTTGCCATTCGTGACATTAA	2160
ACGCCGTTTGCTTGTAAATTCTGTTAATTAGATTCTACTGTGAAGGTTGACCGTG	2220
AAAAGTCCACTTGTACGCCATTGGAGAGAGAACGAAGGAGAACATTCCGACGCAAGAA	2280
TTGTGAGAAAAAATTAAAAACAAAAGTTCCGGCACCCCTTCATACGAACAACC	2340
GAAGGTTGTTAAAACAGAAGTTAATGTAATCATAAGTTGTAAAAAGTTGGAGCT	2400
CGTGTAAAGCTACTTATTTCTTATTGCATATTAGCTAGCTAACTAAGCAGCAAA	2460
GCAAATTAAAAATTAAACAAAAGTGTCTTGTGCCTGAAGGCCAATTTTCAGGAA	2520
ATAATAAAGAAAGTCGTATTGATAATACACTGACTGAAAATTCCATCTGTTGAACGGC	2580
TAAAAAAGGGTTACTGCCACCTTAACCTAACCAACAAACAGTTGATCAGTGAACAAACG	2640
CTCACGTTTAAGTTCGTCTGCCGGTAAAGTAAACATTTCAGTACAGCGATTGCATAA	2700
CCATATATGGTTCTAGTCTCGTCATGTTCCAGTCCCCGCGCATAAGAGGCCAGTATG	2760
ACACGAGTTGCCCTTCTAACCTGTACGTTCTCATGTTGCATTGAAAGAGGTGAGGA	2820
AGATTCTAATAAGTTCTATCTGAACGTATCTGTATGTCAAACATTGTTATATGAGA	2880
TAACAGAGGGAAAATTCCCTTGAAATTATTAGTATTAGTTAGTCTTTATTTAGAT	2940
CCCACGTAAAATGGCACCAAGGCTGTTGAGAAAATCCACATCAACATTGTTGAATCG	3000
M A P K A V E K I H I N I V V I	16
GTCATGTCGACTCTGGCAAATCGA	3024
G H V D S G K S	24

Abb. 70: Die genomische Nukleinsäuresequenz der 5`regulatorischen- und codierenden Region und der abgeleiteten Aminosäuresequenz von *HeEF1alpha*. Die Nukleinsäure- und Aminosäuresequenz sind am rechten Rand durchnummertiert. Der rote Pfeil markiert den potentiellen Start der Transkription und die 5`UTR ist hellgrau gekennzeichnet.

7.1.5.5 Fragment der 3`regulatorischen- und codierenden Region isoliert aus gesplinkerter gDNA

Ein Teil der Sequenzdaten (nt 1-1226) wurde bereits bei NCBI unter der Accession-Nr. HM447594 veröffentlicht.

TGACCTATGAAA<u>TTAA</u>ACTGCATAATGTTATTCCGA<u>ACTAAA</u>A<u>TTTCACCGAAAA</u>	60
*	
CATTTAAGGAGGAAAA<u>ACATGTAA</u>TTCTGTCAA<u>ATGAAAAA</u>TTGGAGTTA<u>TTTGTG</u>	120
TTTTCTTC <u>ACTTAAGGA</u> AGGATA <u>ACGGTAGACC</u> ATTTGACACATGTT <u>CAGTATTC</u> A	180
AAATATCCTTA <u>ACAAA</u> AA <u>ATTCGC</u> AAAAAA <u>ACTGGA</u> ATGGAGAAAAAA <u>ATTCCA</u>	240
AACAAAAGAACGCC<u>CTCC</u>TTGTT<u>ATGGCTTGG</u>TA<u>ACTCCC</u>CCATCA<u>ATT</u>TTTC	300
ATTT <u>AAAAAA</u> AC <u>ATCGCT</u> G <u>TATTGCT</u> TT <u>ATTTAGCT</u> CA <u>ATATCTT</u> ATTACAT <u>CTTC</u>	360
AAAAAA<u>ATTT</u>CGTT<u>CTCAAG</u>TTGC<u>ATTTGT</u>CT<u>AAATT</u>ACTAC<u>ATAA</u>CCAC<u>GAAT</u>	420
TTAG <u>CTCGTT</u> GAT <u>GAAT</u> C <u>ATAATT</u> CG <u>ATAATT</u> CAA <u>ATTAGA</u> AA <u>AT</u> AAAAAA <u>ACAA</u>	480
GA <u>ATTTGT</u> AG <u>CCAGG</u> CAG <u>ACGT</u> AT <u>GGTGCC</u> GAG <u>AACT</u> G <u>CCACACG</u> AAA <u>ACT</u> TTG <u>TTA</u>	540
ATT <u>GC</u> TT <u>TTA</u> AT <u>TTT</u> AT <u>TTT</u> AT <u>TTA</u> AT <u>TTCTTTT</u> AT <u>TA</u> AT <u>TTT</u> TAA <u>AGCTAA</u>	600
GA <u>ACAAG</u> TT <u>TGAG</u> ACT <u>TCAC</u> ATT <u>GA</u> AAA <u>AGTTAAGA</u> AC <u>ATTG</u> A <u>AGG</u> CT <u>TTT</u> CA <u>AGT</u>	660
TA <u>AGT</u> G <u>TTCTT</u> G <u>AAAAGAA</u> AG <u>GTGCA</u> ATT <u>U</u> CATT <u>GTTCTC</u> ATT <u>CTAA</u> AT <u>GTT</u> CA <u>CCA</u> AT <u>G</u>	720
AA <u>ATC</u> TT <u>ACATG</u> TT <u>CTA</u> AT <u>GA</u> AAA <u>AGGAGG</u> AA <u>ATCTG</u> A <u>ACCT</u> TA <u>ATT</u> CA <u>CC</u> GG <u>TAT</u> AT <u>G</u>	780
GT <u>GGCC</u> G <u>AGAA</u> CT <u>GCC</u> AC <u>ACG</u> AAA <u>ACT</u> CT <u>GTTA</u> AT <u>TCG</u> TT <u>TA</u> AT <u>TG</u> AT <u>TTT</u> AT <u>TT</u>	840
TT <u>TATA</u> AT <u>TTT</u> AT <u>TTA</u> AT <u>TTCTTTT</u> GT <u>TTT</u> AT <u>TA</u> AT <u>TTT</u> AT <u>TTT</u> ACT <u>TTT</u> AT <u>TTA</u> AT <u>C</u>	900
A <u>ATT</u> T <u>ATTT</u> TA <u>ATT</u> G <u>CTTT</u> CT <u>ATTT</u> AG <u>GCAG</u> CG <u>TT</u> AC <u>ATGG</u> AG <u>CCC</u> G <u>TAG</u> T <u>GAG</u>	960
TT <u>CAAA</u> CC <u>GGTT</u> G <u>AGATT</u> CA <u>CTAC</u> GG <u>CT</u> GC <u>GAT</u> TT <u>CA</u> AT <u>ACGG</u> TT <u>GACGG</u> TC <u>AA</u> GT <u>TT</u>	1020
T <u>CTA</u> AT <u>AGC</u> TT <u>ACATG</u> AG <u>TAC</u> AC <u>CCG</u> T <u>ACT</u> CA <u>AA</u> GT <u>CG</u> A <u>ACCG</u> TT <u>GAA</u> AT <u>TA</u> ACT <u>A</u>	1080
CG <u>GAGT</u> G <u>AGAA</u> AT <u>AGG</u> TT <u>GAG</u> AT <u>TTAAA</u> CC <u>GGTT</u> G <u>AAAAGC</u> TC <u>ATG</u> TA <u>AC</u> AG <u>GG</u> AC <u>CC</u>	1140
GC <u>GG</u> AC <u>CCG</u> TT <u>GGCT</u> GT <u>ATCG</u> AT <u>G</u> T <u>ATCTAC</u> GC <u>AT</u> GC <u>GT</u> CA <u>ATT</u> AT <u>ATT</u> AT <u>ACAC</u> AT <u>GC</u>	1200
GC <u>GA</u> AT <u>TTG</u> AT <u>AA</u> AT <u>CTT</u> G <u>TTGCC</u> GC <u>AT</u> GC <u>GT</u> CT <u>GGCT</u> GT <u>CTT</u> CT <u>TT</u> CG <u>AA</u> AT <u>GG</u> AC <u>AA</u> CA	1260
AC <u>AAACG</u> CA <u>AGT</u> G <u>CTTC</u> GT <u>GTCT</u> CG <u>TC</u> AT <u>TTT</u> AA <u>ATT</u> CA <u>AA</u> AC <u>AA</u> CT <u>CAAG</u> AA <u>ACG</u> AA	1320
G <u>ATTAGG</u> CT <u>TAAGG</u> T <u>GAGC</u> CT <u>ACTG</u> AT <u>TTGATT</u> CA <u>AT</u> TT <u>TTG</u> AT <u>TTGTT</u> GT <u>ACAAGT</u>	1380
GG <u>GAGC</u> AA <u>AGT</u> T <u>ACCT</u> AT <u>TCG</u> T <u>ATTT</u> TC <u>AT</u>	1409

Abb. 71: Die genomische Nukleinsäuresequenz der 3`regulatorischen- und codierenden Region und der abgeleiteten Aminosäuresequenz von *HeEF1alpha*. Das Stop-Codon ist mit einem Stern gekennzeichnet und die 3`UTR ist hellgrau markiert. Die fünf potentiellen Polyadenylierungssignale (Beaudoin et al., 2000) sind schwarz unterstrichen. Die Nukleinsäuresequenz ist am rechten Rand durchnummeriert.

7.1.6 *HeUbiquitin*

7.1.6.1 Fragment isoliert aus cDNA

ATGCAGATTTCGTTAAACCCCTCACGGAA	60
M Q I F V K T L T G K T I T L E V E P S	20
GATACTATTGAAAATGTTAAAGCTAAAATCCAAGACAAAGAAGGAATCCCCCTGACCAA	120
D T I E N V K A K I Q D K E G I P P D Q	40
CAGCGGTTAATTTTGCTGGAAAACAACACTGGAAGATGGCGTACACTTCC GATTATAAC	180
Q R L I F A G K Q L E D G R T L S D Y N	60
ATCCAAAAAGAGTCTACCCTGC	202
I Q K E S T L	67

Abb. 72: Nukleinsäuresequenz und abgeleitete Aminosäuresequenz von *HeUb*. Die artifizielle Sequenz der degenerierten Oligonukleotide ist rot markiert. Die Nukleinsäure- und Aminosäuresequenz sind am rechten Rand durchnummertiert.

7.1.7 *HeBeta-Catenin*

7.1.7.1 cDNA-Fragment zusammengesetzt aus einem 5`- und einem 3`RACE-cDNA-Klon

Die Sequenzdaten wurden bereits bei NCBI unter der Accession-Nr. GU175432 veröffentlicht (in Zusammenarbeit mit W. Tilmann).

ATTTTCAATAAGTCTAAAAATTTCATGTTCTCCATGTTGGGTAAATGAGTTAACATGAA	60
CATTGGAATCGGTTAAAAAAATACATCCCCAATTGGCTGGGCGAGCCAGGTAAATTAAG	120
ATGGCACTTATTGATGATCCTAATGCTCGTATGAAATATCAGCAGTACCAAGTCATACGAG	180
M A L I D D P N A R M K Y Q Q Y Q S Y E	20
CAAGCCTCTGACAGAGATGCTCGTATGCTAGAGGATCGTCGTAAAAGTTGGTTATGATG	240
Q A S D R D A R M L E D R R Q K L V M M	40
TATGAAAGTAACCAACCTAACAGACAAACAACCTCAAAATGAGATACTGCAATTGATAAT	300
Y E S N Q P N R Q Q L Q N E I R A I D N	60
CAGTTGAATCAAATGCATATGCAACGGCAAGGGATGGGAGATTATGGTATGCATCAGCAA	360
Q L N Q M H M Q R Q G M G D Y G M H Q Q	80
GCTATGAATAAAATGAATCAAACAGCCATGTGGAATCAAGGCTATAACATTGATTCTGGT	420
A M N K M N Q T A M W N Q G Y N I D S G	100

ATTCAAACGTGCACCATCAATAAAAGGTGGTATTTGATGATGATGTATCGCAC	480
I Q T A A P S I K G G D F D D D V S S H	120
CATTCTTCCAACAATTGAATGGGAACAAAATTCACTGGTGAACCTATGGATGCTCAG	540
H S F Q Q F E W E Q N F T G E P M D A Q	140
ATGAATGAACAGTATAATAACACACGAAGCCATAGAGTGAGAGCTGCAATGTTCTGAA	600
M N E Q Y N N T R S H R V R A A M F P E	160
ACAATGAATGATGGAATGGATATACCAACAAACTCAAATGGACCCCTGAAATCCAAC TGCT	660
T M N D G M D I P Q T Q M D P G N P T A	180
GTACAACGCTTGGCTGAGCCTTCCAAATGTTAAAAGTGTGTTGACTTGATCAAC	720
V Q R L A E P S Q M L K T A V V D L I N	200
TATCAAGATGACGCTGATCTGGCAAATAGGGCTATACTGAACCTATTGCTACTACAT	780
Y Q D D A D L A N R A I P E L I R L L H	220
GAAGGTGATTGCAGACCGTTAACAGGCTTCCACCATGGTAATCAGCTAACTAAGAAA	840
E G D L Q T V Q Q A S T M V N Q L T K K	240
GAGGCCAGCTGCCATGCTGTTATGAATAACATGCAAATGGTAGCAACATTAGTAAAAGTA	900
E A S C H A V M N N M Q M V A T L V K V	260
GCTACAAATTCCAACGATGCTGAAACTGTTGATGTGCTGTTGGCTTGCATAACATG	960
A T N S N D A E T V R C A V G A L H N M	280
TCTCATCACAGACAAGGACTGTTGGCTATTTAAAAGTGGTGGTATACCAGCGTTAGTA	1020
S H H R Q G L L A I F K S G G I P A L V	300
AGACTCCTGGTTATCGTGTGGAGGCTGTCGTATTTATGCAATCACCACCTTACACAAT	1080
R L L G Y R V E A V V F Y A I T T L H N	320
CTCCTATTGCATCAAGAAGGTGCAAAGATGGCAGTCCGGTTGGCTGGCTTACAGAAA	1140
L L L H Q E G A K M A V R L A G G L Q K	340
ATGATTGCACTGTTACATAAAACGAACGTTAAATTTGGCTATCGTTACAGATTGCTTA	1200
M I A L L H K T N V K F L A I V T D C L	360
CAGATTGGCATATGGCAATCAGGAATCAAATTGATAATATTAGCATCAGGTGGACCC	1260
Q I L A Y G N Q E S K L I I L A S G G P	380
GTTGAGCTTGTGAAATAATGAGAAGTTACACATATGAGAAGCTTTATACACAACATGT	1320
V E L V K I M R S Y T Y E K L L Y T T C	400
CGTGTCTTGAAAGTTTATCTGTGTGTTCCAGTAACAAACCAGCCATGTTGAGGCTTG	1380
R V L K V L S V C S S N K P A I V E A G	420
GGTATGCAGGCATTGGCAAACCATCTATCCCACAGAGCACACGATTGGTCAAAATTGT	1440
G M Q A L A N H L S H Q S T R L V Q N C	440
TTGTGGACTCTCGTAACCTGTCTGATGTGGCGACCAACAAGAAGGTTGGAGGCTTG	1500
L W T L R N L S D V A T K Q E G L E G L	460

TTGCAAATGCTAGTACAACCTCTGCATCCAACGATATCAATGTTGTCACATGTGCTGCT 1560
 L Q M L V Q L L A S N D I N V V T C A A 480
 GGTATCTTGTCAACCTTACCTGCAACAATCCAAGAAATAAGCAAGTCGTGTGTCAAGTC 1620
 G I L S N L T C N N P R N K Q V V C Q V 500
 GGAGGTATTGAAGCTCTTGTACGTACTATCACGCAAGCTGGTACCGTGAAAGAGATCACT 1680
 G G I E A L V R T I T Q A G D R E E I T 520
 GAACCTGCTGTATGCGCTTACGTCAATTAAACGAGTCGACATCCTGATGCTGAACATGCT 1740
 E P A V C A L R H L T S R H P D A E H A 540
 GAGAATGGTGGTCTCCACTTGGAAATACCTGTTGATCAAGCTGTTAAATCCTCCA 1800
 E N G V R L H F G I P V L I K L L N P P 560
 TCAAGATGCCATTGATTAAGGCTGTTAGGTTAACCGAAATCTGGTCTATGTCCT 1860
 S R W P L I K A V I G L I R N L G L C P 580
 GGTAATCATAACACCTATTCGCGACCAAGGGGAGTACCAAGACTTGTCCAGCTTTGATG 1920
 G N H T P I R D Q G G V P R L V Q L L M 600
 AAGTCATACCAGGACGTGCAACGACGTGGTCCAGGTGCTTCAGTATGGTTGATGGTGT 1980
 K S Y Q D V Q R R G P G A S S M V D G V 620
 AGAATGGAAGAAATAGTCGAAGGCACTGTTGGAGCTTGACATCTGGCTCGTGAATCA 2040
 R M E E I V E G T V G A L H I L A R E S 640
 TTAAATCGATCCATCATTGTAAATTGAACTGTATACCGACATTGTACAGCTCTCTTC 2100
 L N R S I I R E L N C I P T F V Q L L F 660
 TCTGATATCGAAAACATTGTCCGAGTAGCAGCCGGCGTGTGAGTTGGCGCAAGAT 2160
 S D I E N I V R V A A G V L C E L A Q D 680
 AAAGAAGGAGCAGATTCCATCGAACGGGAAGGTGCTACGACCATTCTCACTGAACCTCTA 2220
 K E G A D S I E R E G A T T I L T E L L 700
 CATT CGC GAA ATGAAGGCATAGCTCGTATGCCG CAGCT GTT CTCTT CGC ATGT CGG AA 2280
 H S R N E G I A A Y A A A A V L F R M S E 720
 GATAAAAGTCAAGACTACAAAAACGCTTATCGGTTGAATTAACCAGCTCACTATTAGA 2340
 D K S Q D Y K K R L S V E L T S S L F R 740
 GACGATATGCCGTGGGAGCCTGGAAATACGGAAATGGCTGATATTTAACAACTCAGTCG 2400
 D D M P W E P G N T E M A D I L T T Q S 760
 TATCAGGACGAGCTACTCTCCCCACATCACTAACAGAGCCAGACAAGCTCCATGCAG 2460
 Y Q D E L Y S P H I T Q Q S Q T S S M Q 780
 TACACAAACTCGTTCAACAAACACCCATTCTTCCCTAACAAACAACAACAACAG 2520
 Y T N S F Q Q H P F F P Q Q Q Q Q Q Q Q Q 800
 CAACCACCATTAACCGTGGAAACCGTGGTTGATT CGGATATGTA ACTTGGTTGGGA 2580
 Q P P L T G G N P W F D S D M * 815

GTGGGATTAGTTGTTAGCTTCTGGGTATTTGTGTGGACAAAGGTGTACCTGGCGTGAA	2640
GTGGTTATAGTGGATTTGTTATTTGTTGGTGTCTA <u>ACTAGCACGGACT</u> ATTTCTAGT	2700
ATCTTGATATAG <u>ACTCTCCATCGCAGATA</u> ACTGTATTAGAATA <u>ATATAAGCGAAAAAAA</u>	2760
AAAA	2764

Abb. 73: Zusammengesetzte Nukleinsäuresequenz und abgeleitete Aminosäuresequenz von Heß-Cat. Die Nukleinsäure- und Aminosäuresequenz sind am rechten Rand durchnummertiert. Die Ubiquitinierung des β-Catenins erfolgt über das Lysin an Position 84 (K84) (in türkis markiert). Die aminoterminale Phosphorylierungstelle ist dunkelgelb dargestellt. Die Sequenz des Phosphorylierungsmotivs der GSK3β ist hellgrün und die zu phosphorylierenden Serin- und Threonin-Reste sind rot markiert. Das durch die Kinasen CKIα und/oder CKIε zu phosphorylierende Serin ist gelb gekennzeichnet. Die Sequenz des Zerstörungsmotivs des βTrCP ist rot unterstrichen. Die ungradzahligen Armadillo-Repeats sind rot und die geradzahligen dunkelgrau markiert. Das PDZ-Motiv ist gelb gekennzeichnet. Das Stop-Codon ist mit einem Stern gekennzeichnet. Die Sequenz ab nt 1893 enthält die Sequenzinformation eines 3`RACE-cDNA-Klons von W. Tilmann. Das potentielle Polyadenylierungssignal (W. Tilmann, persönliche Mitteilung und Daten, 2008) ist schwarz unterstrichen.

7.1.7.2 Sequenzvergleich der Armadillo-Repeats des Heß-Catenins mit ausgewählten Vertretern von β-Catenin

		Armadillo-
Hsβ-Cat	115-DAAHPTNVQRLAEP <u>SQMLKHAVVN</u> LINYQDDAE <u>LATRAIPELT</u> KLLNDED <u>QVVVNKA</u> AVM	-174
Btβ-Cat	115-DAAHPTNVQRLAEP <u>SQMLKHAVVN</u> LINYQDDAE <u>LATRAIPELT</u> KLLNDED <u>QVVVNKA</u> AVM	-174
Mmβ-Cat	115-DAAHPTNVQRLAEP <u>SQMLKHAVVN</u> LINYQDDAE <u>LATRAIPELT</u> KLLNDED <u>QVVVNKA</u> AVM	-174
Heß-Cat	174-DPGNPTAVQRLAEP <u>SQMLKTAVVDL</u> INYQDDADLANRAIPELIRLLHEGDI <u>LQTVQQASTM</u>	-233
Pcβ-Cat	174-DPGNPTAVQRLAEP <u>SQMLKTAVVDL</u> INYQDDADLANRAIPELIRLLHEGDI <u>LQTVQQASTM</u>	-233
Hvβ-Cat	173-HNNNSAVPQRLAEP <u>TQMLKNNVIDL</u> INYQDET <u>DVALRAVPELARLLCNSDAQTIHQASIM</u>	-232
	. . . : * * * * : * * * * : ; : * * * * : ; : * * * : * * : * . : * : * . : * : * :	*
		Repeat 1
Hsβ-Cat	175-VHQLSKKEASRHAIMRS <u>PQMVS</u> AIVRTM <u>QNTNDVETARCTAGTLHN</u> LSHREGLLAIFKS	-234
Btβ-Cat	175-VHQLSKKEASRHAIMRS <u>PQMVS</u> AIVRTM <u>QNTNDVETARCTAGTLHN</u> LSHREGLLAIFKS	-234
Mmβ-Cat	175-VHQLSKKEASRHAIMRS <u>PQMVS</u> AIVRTM <u>QNTNDVETARCTAGTLHN</u> LSHREGLLAIFKS	-234
Heß-Cat	234-VNQLTKKEASCHAVMNN <u>MQMVA</u> T <u>LKVATNS</u> NDAETVRCAVGALHNMSHHRQGLLAIFKS	-293
Pcβ-Cat	234-INQLTKKEASCHAVMNN <u>MQMVA</u> T <u>LKVATNS</u> DAETVRCAVGALHNMSHHRQGLLAIFKS	-293
Hvβ-Cat	233-VNQLTKKEASCYAVMNN <u>TNIV</u> A <u>ALVGTATS</u> N <u>DGETIRNV</u> VGA <u>LHNMSHHRQGLMA</u> IFKC	-292
	. : * : * * * * : * : * . : * : * : * . : * : * * * : * : * * : * : * : * :	*****
		Armadillo-Repeat 2
Hsβ-Cat	175-VHQLSKKEASRHAIMRS <u>PQMVS</u> AIVRTM <u>QNTNDVETARCTAGTLHN</u> LSHREGLLAIFKS	-234
Btβ-Cat	175-VHQLSKKEASRHAIMRS <u>PQMVS</u> AIVRTM <u>QNTNDVETARCTAGTLHN</u> LSHREGLLAIFKS	-234
Mmβ-Cat	175-VHQLSKKEASRHAIMRS <u>PQMVS</u> AIVRTM <u>QNTNDVETARCTAGTLHN</u> LSHREGLLAIFKS	-234
Heß-Cat	234-VNQLTKKEASCHAVMNN <u>MQMVA</u> T <u>LKVATNS</u> NDAETVRCAVGALHNMSHHRQGLLAIFKS	-293
Pcβ-Cat	234-INQLTKKEASCHAVMNN <u>MQMVA</u> T <u>LKVATNS</u> DAETVRCAVGALHNMSHHRQGLLAIFKS	-293
Hvβ-Cat	233-VNQLTKKEASCYAVMNN <u>TNIV</u> A <u>ALVGTATS</u> N <u>DGETIRNV</u> VGA <u>LHNMSHHRQGLMA</u> IFKC	-292
	. : * : * * * * : * : * . : * : * : * . : * : * * * : * : * * : * : * : * :	*****
		Armadillo-Repeat 3
Hsβ-Cat	235- <u>GGIPALV</u> KMLGSP <u>PVD</u> SVLFYAIT <u>TLHN</u> LLL <u>HQE</u> AKMAV <u>R</u> LAG <u>GGLQKM</u> VALL <u>NKTN</u> V <u>KFL</u>	-294
Btβ-Cat	235- <u>GGIPALV</u> KMLGSP <u>PVD</u> SVLFYAIT <u>TLHN</u> LLL <u>HQE</u> AKMAV <u>R</u> LAG <u>GGLQKM</u> VALL <u>NKTN</u> V <u>KFL</u>	-294
Mmβ-Cat	235- <u>GGIPALV</u> KMLGSP <u>PVD</u> SVLFYAIT <u>TLHN</u> LLL <u>HQE</u> AKMAV <u>R</u> LAG <u>GGLQKM</u> VALL <u>NKTN</u> V <u>KFL</u>	-294
Heß-Cat	294- <u>GGIPALV</u> RLL <u>GYR</u> VEAVV <u>FY</u> AIT <u>TLHN</u> LLL <u>HQE</u> AKMAV <u>R</u> LAG <u>GGLQKM</u> IALL <u>HKT</u> UV <u>KFL</u>	-353
Pcβ-Cat	294- <u>GGIPALV</u> RLL <u>GYR</u> VEAVV <u>FY</u> AIT <u>TLHN</u> LLL <u>HQE</u> AKMAV <u>R</u> LAG <u>GGLQKM</u> IALL <u>HKT</u> UV <u>KFL</u>	-353
Hvβ-Cat	293- <u>SGIPALV</u> KL <u>LGHR</u> IEAVV <u>FY</u> AIT <u>TLHN</u> LLL <u>HQE</u> AKMAV <u>R</u> LAG <u>GLO</u> QKM <u>V</u> SL <u>LRP</u> N <u>V</u> <u>KFL</u>	-352
	. : * : * : * . : * :	*****

Repeat 12	
Hs β -Cat	655-AAA V LFRMSED K PQDYKKRLSVELTSSLFRTEPMMAWNETADLGLDIGAQ G EPLGYRQDDP-714
Bt β -Cat	655-AAA V LFRMSED K PQDYKKRLSVELTSSLFRTEPMMAWNETADLGLDIGAQ G EPLGYRQDDP-714
Mm β -Cat	655-AAA V LFRMSED K PQDYKKRLSVELTSSLFRTEPMMAWNETADLGLDIGAQ G EALGYRQDDP-714
He β -Cat	711-AAA V LFRMSED K SQDYKKRLSVELTSSLFRDD-MPWEPGNTEMADILTT-----758
Pc β -Cat	711-AAA V LFRMSED K SQDYKKRLSVELTSSLFRDD-MPWEPGNTEMADILTT-----758
Hv β -Cat	710-AAA V LFRMSED K SQDYKKRLSVELTSSLFRDD-VPWEPGNTEMADILTS-----757
***** : : * : ** :	

Abb. 74: Vergleich der Armadillo-Repeats im Bereich der zentralen Domäne ausgewählter Vertreter von β -Catenin mit der des He β -Catenins. Hs (*Homo sapiens*; P35222), β -Cat (β -Catenin), Bt (*Bos taurus*; Q0VCX4), Mm (*Mus musculus*; Q02248), He (*Hydractinia echinata*), Pc (*Podocoryne carneae*; ABI74628) und Hv (*Hydra vulgaris*; AAQ02885). Die Zahlen vor und nach der Aminosäuresequenz zeigen die Position im Protein an. Die ungradzahligen Armadillo-Repeats sind rot und die geradzahligen dunkelgrau markiert.

7.1.8 HeGsc

7.1.8.1 Zusammengesetztes cDNA-Fragment aus einer 5`- und 3`RACE

Die Sequenzdaten wurden bereits bei NCBI unter der Accession-Nr. HM146130 veröffentlicht.

GT	TT	AA	AT	CG	AT	TG	CA	CT	GG	CAC	A	GA	C	AG	G	AT	AT	GG	TA	AA	CT	GT	TA	AG	TC	GG	CT	TT						
GT	GG	AA	AG	AT	TG	AA	AA	AG	AT	AC	AA	CA	AA	AC	AA	CA	AT	AG	AT	AA	TT	AA	GT	AT	GA	TT	AA							
CAA	ACA	AT	ATT	CTT	CT	ATT	CCT	CAC	CG	TT	AT	AT	T	CAG	CT	GA	AA	AG	CG	T	AC	GT	CAG	T	CA	GT	AA							
ACT	GC	GG	AT	AT	TTT	GG	AG	AC	AA	ACT	GT	TAC	GT	GAG	CG	GT	TAC	A	AG	A	AG	CG	T	AC	GAT	AC	GT							
AAG	AT	CCT	GG	T	ACT	CAT	CA	AT	AC	AA	AC	AC	AC	CT	CG	T	GT	GG	AG	AG	CA	AC	AA	CT	TAT	TATA	AA							
AT	AG	AG	AG	AA	AT	GAG	TT	CCT	CTT	GAT	CA	AA	AA	CT	GCT	CA	ACT	CAG	ATA	AA	ACT	TT	CAG	T	AT	AA	CT							
M	S	S	F	L	I	K	N	L	L	N	S	D	K	L	S	V										17								
AA	AC	AA	AA	AA	CT	G	C	T	G	A	C	G	A	C	T	G	A	T	C	G	T	G	A	G	A	AT	TT	CAA						
N	K	K	T	A	E	H	D	D	M	P	Y	E	L	R	E	R	I	S	N								420							
CGG	ACC	ACC	GCC	G	AG	GA	AT	G	C	T	A	T	G	T	C	A	AA	AC	TT	G	T	T	G	G	C	A	G	AT	TT	G	AA			
G	P	P	P	R	R	N	A	H	M	S	S	K	L	V	V	A	D	I	L	K								480						
AT	AT	CT	G	A	G	A	G	A	C	T	A	T	T	G	T	T	A	C	A	C	T	A	C	A	AA	AG	T	A	G	C	T	G	CT	GG
Y	L	R	R	H	H	I	V	Y	N	H	Q	R	Y	Q	S	S	M	D	L								57							
GAG	TG	AA	AC	AA	AG	GA	GA	TA	CA	AA	CC	AT	CA	AC	GA	T	AC	AA	AG	T	AG	C	T	G	T	G	CT	GG	T	77				
S	E	T	K	E	I	Q	S	N	S	C	K	C	D	V	C	S	C	S	V								97							
GT	G	T	T	G	A	T	G	GG	T	A	T	G	GG	G	A	G	T	T	T	C	T	T	C	C	A	G	A	C	T	GG	CT	TC		
C	Y	E	W	Y	M	K	W	E	K	Y	Y	S	L	P	R	H	G	F	S								117							
GAT	AC	G	A	CA	AT	CG	TG	TG	TG	AC	CA	GT	GA	AT	CT	AT	CC	CT	AG	TT	T	C	AT	CA	CC	AC	CC	AC	CA	CA				
																														720				

I R Q S C V T S E S I P Q F S S P P P P Q	137
ATCATCGAGGTTATCAAAACCTATGGACTCTATTCCATACCCTAGAGGACTAACGA	780
S S R L S K P Y G L Y F P Y P R G L N E	157
ACCGGATTGTAATACAAACGGTTTCGTAGAAGACACAGGACGATTTCTGATGAACA	840
P D C N T N G F R R R H R T I F S D E Q	177
GCTTCAACTGTTGGAAAGAATGTTAGTCAGTCAAACACACTATCCCACGTACTGATGCGCA	900
L Q L L E R M F S Q T H Y P D V L M R E	197
AAAAATTGCACAGATAATAAATTAAACAGAAGAAAAAGTCGAGGTATGGTTCAAAACAG	960
K I A Q I I N L T E E K V E V W F K N R	217
ACGAGCGCGGTGGAGAAAACAAAAGAAAGAAGTTCACGAGACCGAAAAATACAAACGTCA	1020
R A R W R K Q K K E V H E T E K Y K R Q	237
ATTTTTAAAAAAATCCGATACAGGCCTCTAAATTGGACAGCAGAAAAGTACGTTATCGCC	1080
F L K K S D T G V L N L D S K S T L S P	257
GTCATCTCCATGCAAAATATTAGCAACATTACATACCGACACGTCCGAGAAATTATGTTGG	1140
S S P C K I L A T F I P T R P R N Y V G	277
CGTGAGAAAAGACAGCGAAGATGTGACAAAAATAAACACAAACGTTAACTGGTTCCA	1200
V R K D S E D V T K I N T N V *	292
ATATGT <u>AAATATATTATA</u> ATCTAATATTGTATATTTACTT <u>CATAAAAGGATTAACG</u>	1260
<u>AAAAAAAAAAAA</u>	1273

Abb. 75: Zusammengesetzte Nukleinsäuresequenz und abgeleitete Aminosäuresequenz von HeGsc. Die Nukleinsäure- und Aminosäuresequenz sind am rechten Rand durchnummertiert. In dunkelgelb ist die Sequenz der eh1/GEH-Domäne und in dunkelgrau die HD gekennzeichnet. Das konservierte Lysin (K50) in der HD ist in rot markiert. Das Stop-Codon ist mit einem Stern gekennzeichnet und die zwei potentiellen Polyadenylierungssignale (Beaudoin et al., 2000) sind schwarz unterstrichen.

7.1.8.2 Zusammengesetztes Fragment der 5`-/3`regulatorischen- und codierenden Region isoliert aus gesplinkter gDNA

ATTAATCTGTAAAAAGGGTTCTGTCTGGTGGCAGTTATATATATATAATTAA	60
GAACAAACATGGCAAAAGTTACATTAAACTGGTAGGAATAAAGTTTATTCTCGGG	120
TCTTGTATGATAATTAAAGAAAACAAAAACTTTGGAAAAACTGATTTAGCTA	180
CACATTGTTATTTAATTATAAGAGTTGACTGTAATATTCAACTGTAGTGAACC	240
ATTTCACTGCAGTTGATTGCGTAGTCATTCAAAACATCAAAGGTTTGCTAC	300
TAGGGGCAGTTACTTAGAGTATAAAGTTGAAAAATGCAAGATACCATAAATTGAAAGC	360

GGAATTCAATGAAAATGTCAAGCATGTTAACCGGATCCGAGAATAATCCCTAAATTAG	420
CACTACAACCTGTCATTCTAGCTTGATTTAAAAAATTAATTGAAAAGTTGTTGTG	480
CATCTTAGAAAAATTGTTGCAACATTAGAGTACCCAGATTTCTCATACAATTTAA	540
CATGTTCTCAACAAAATCACCTCCTGGAAAATAATAGCCATTGAATATGTCGTTGAGT	600
AAAGCTGTCTCAGGATGTCACGTTAGCTAGGTACCTATATATAGTACACAGTCCAG	660
CTAGCTAGCTAGAGCTCATGAATTAAATGGAAATAACTCCAAAACATTTTAAATT	720
AAAGGCCTTCGCCAATATTGAACAATCAAGCTAAGCCAGATCAATAGAGTAAAGTCAGT	780
AATATTCTGACAATTGCTTTATTGACAAAAAAAGTCTTGTGATGTTGCTTTTT	840
TCGCCGCCATTCTAAATCTTAAGGCGAGGCCAAATTGCACTCTCATTATCTTGGAA	900
TTTCAAAAATGCCAGTATATCTGGCATTGTTGTACATGACCAGCCTGTTCCACGG	960
TCATTGTTGCCACTCCGTAAATAACGGAGACCCCTGGGACGAGGTTGAGACTAGTCATTA	1020
GCCTGTGGAAAAATCGACGTAAATTTCACCGTACATATGTCGCTTTGCTATTCGT	1080
GCATAAAATATTCCCGTGTCCGTAAACATCAGTCATTAGCCTGTAAAAGAATTACGGGTC	1140
GGCCAGACCTCACGTTTGCCTGCGTAGAATCGCTTTGCTACAATTGTATCACGAC	1200
ATCACTCACTGTGACAGAAAAACACGGCTATTATTATTGAGACAGTACAGTAAGTAATA	1260
GACGTACCTGCTCAAGGCACAGAAATTAAAAAGATTATACTGGTATTAAAGAGAAACAC	1320
GTAAACATAATTACTGGTTCTTATCCTATGTTATCGAATCGTACCTCTAA	1380
ACAAAGAGAAACCGCGCTAGAAGAGGTGATAATTGAATATAAGGTAAGTCCTGTAAGGTT	1440
ATCAAACACTGTCAATCATTGGGCCACATTGTATCTGAAGAACGAGACAACTCAGCAGA	1500
AAGCAAGAAAACACTGCTTTAAAAGAATACACAGGTTGTTAATGTCGGTTAGTAT	1560
CAAGTGCAGGCTTGTAAAGAACATGGGGAGGGGAGCAATGCCAAAATACTTAAGATT	1620
CTAAGATCAGCAATATTGATTAAACCACAAGTAGCTACATAACGGACTCTGGTAAGCTA	1680
TGGTACTAAGTAAATTGGCATCAAATTCTCCAATTGCTTCAAAACTAATAAAAGTGA	1740
AAATAAAAATATTGAAAATCTTAAACGGTTAAATCTTCACTTGAAATTGGTAGCTC	1800
GTCTGAGTTAATTCTCAAACCTTCTTCATCACATAACCTCTACACGTACGTAGTAAT	1860
GTAAAAGCAGATATAATCCTGGACAAAATAGACATCGTCTCACATGGTTCTCTGG	1920
GCCTGCTCTACCGCAAAACTCCTCTTGTATCTCGGGAAAAGAAGTGTGTCCT	1980
TGTTTCTGGCTCAGACAATAAGTACTACTACTAAAAAGAAAGAGAGAGAGAGAAAAAG	2040
AAAGAGAGAAAGAAAGAGAGAAAGAAAGAGAGAGAGAGAGACAGATTTAGTG	2100
TCATTTCTCCAAAAGTTAGATAACCCAAGAAAACCTTGTGTTGAAGTTATAAAAGTG	2160
GGAGAACTGATGTTAGTTATGCCTGCTACAAATGCTGTTAGCGAACGATTTCCAGCT	2220
TTGAACCGATAAAAACCTACCTCGAGCTACAACCACTGATAACACGGATGAATAATTG	2280
ATGGTATTACATATTACAAATCATACACTGATAATATGAAGTAGCAAACAAATTATTG	2340
AAAAGAGAGAAAGTCATTAGGAATATCGGATACTTCAATAGATCATTATTATAAAA	2400
TCACTGAATGTTTAAGGGACTGGCAGCACATTAAAATGTCCAATGCGATGTAAAT	2460
TTTCTAAAAAGTGCCAGCACCCCTAAAATTCTAGTGTCTTATTATTTTATATT	2520

GTAGTCGTGTAATGTAAATACGTATCTCTTCTACCTTTGGTTCTAATGAAAATTT	2580
ATCTAACGTTTGATGCCAATTAAACAATGCATTTCTAAATTACTAAAATATCGAACAT	2640
TCATCGTGATTTAACATTGAACCATGAGATCGTTGACGTCTGGAAGAACATTTCCGC	2700
CAATCTAGAGATGTAAAATTGAAAATTAGTAATTCTATATTATTGCTCTGTCCC	2760
TATTTTAAGGTTAGGTTAGCTAGATGAGAAAGTTAGACAACACTATGCCGAGA	2820
TGTTGCCACAACTTCACTACCACACAAACCTGGTCTATTGAGTATGAAAATAGTTAT	2880
AAACGTGACAAATTGAGGAATCCGTATCCCCGAAACACTGACGTAATTTTATTG	2940
CACGAAAATGAGGCGAGACTTGTATCATATGTCGCTCTGAGGGTTGAAGCATAAATAG	3000
TTAACATAACACCTAAAGTTATGACACACATTCTGTGGATTATCTGCATACCAACTTG	3060
ATACCAGGGTTACTTCTTCATTAAGAAACGAAAGAAAGAACCTGTGAACGAAATTGT	3120
CTACATGCCTGTTGAGT GAGACAATTATAAGCCTGTTACTTTCTTGCACATAAAT	3180
AATTGTTTGCGTATAGAAACGGATATAGAGATGCATTATAATCAAAGAAGCTGATTGA	3240
ATTTCTTTATCGAAAGTCAAATTATTTAAAAGCTCTCCTGCCGATTTAATGTAATTG	3300
ATTCCCTGGGTTGATGTTCTGAGTTGTCAGAAGAACAAACAATTATTTGGTGCAAAGTTG	3360
TCCAGTTCTCACACAGTCATAGAATCAATCATGTATTTACGACACTATTTGACGGAAA	3420
TTTAAAGCCGTTAAATCAGAATAATTAAAGGAAATCAAATGGAGAGATTGCAACTAAAT	3480
AAACATGTATTATAATAACAATAATCAATTCAATAAGAAATTAAACCCATATGTCACAC	3540
GTGTGTGAAACTGCAGAATGCAATAAGTATCGCGCTGTCGCCGAAATGAAACACTGAC	3600
TTTT TATAAATA GCTGATCAGATTAAACGGATGTTAAATCGATTGCACTGGCACAG	3660
ACAGGATATGGTAAAAACTGTTAAGTCGGCTTGTGGAAGAGATTGAAAGATTACAAAC	3720
AAAAGACAACATAGATATAGAATTAAAGTATGACAAACAATTCTTCTATTCCCTCACCG	3780
TTATATTCTAGCTGAAAGCGTCACGT CAGTAACAAC TGCGGATATTTGGAGACAAACTG	3840
TACGTGAGCGGTGTACAAGAAGAGCGATACGATAAGATCCTGGTACTCATCAATACAAAC	3900
ACAACCTCGTGTGGAGAGCAACAACTTATATAAATAGAGAAGAATGAGTTCTTCTTGAT	3960
M S S F L I	6
CAAAAACCTGCTCAACTCAGATAAAACTTCACTAAAGAAAAGCTGCTGAGCACGATGA	4020
K N L L N S D K L S V N K K T A E H D D	26
CATGCCCTATGAATTACGTGAGAGAATTCAAACGGACCACCGCCGAGGAATGCTCATAT	4080
M P Y E L R E R I S N G P P P R N A H M	46
GTCATCAAAACTTGTGTGGCAGACATTGAAATATCTGAGAAGACATCATATTGTTA	4140
S S K L V V A D I L K Y L R R H H I V Y	66
CAACCATCAACGATAACAAAGTAGCATGGATCTGAGTGAAACAAAGGAGATAACATCTAA	4200
N H Q R Y Q S S M D L S E T K E I Q S N	86
CTCTTGCAAATGCGATGTGTGTTCGTCTCGGTGTGCTATGAGTGGTATATGAAGTGGGA	4260
S C K C D V C S C S V C Y E W Y M K W E	106
GAAGTATTATTCTCTTCCACGACATGGCTCTCGATACGACAATCGTGTGTCACCAGTGG	4320

K Y Y S L P R H G F S I R Q S C V T S	125
TATGCATGCTTAACCTATTATTCGTGGTGGAGTAACAACTTCTGTTTATATG	4380
<u>Intron 1</u>	
AGATATAAGCCAGAAATTTTGACTTTACTTTCCCTATTGACGTCTGAAAAAACAA	4440
ATGAAGTCAGCATTGATGTCAAATCACTTATTCTTCGGCTTACTTACTGTGACAA	4500
GTTAATAATCACATCGAAAACACCACCCAAATGCCCTCACCTAAATAGGGTT	4560
AATATGATATGAATTATGGTGTGGATGTTCTAATCTTGGAGTTACTTCCCTAGCAG	4620
TATTTATTGAAAGAAGTTCTTACCTTCAAAAAAAAAATTGATCTGTTACAGAGATTG	4680
TAAGGTTAATTTCAGAATCTATCCCTCAGTTCATCACCACCACAATCATCAAGG	4740
E S I P Q F S S P P P Q S S R	140
TTATCAAAACCTATGGACTCTATTCCCATAACCTAGAGGACTAACGAACCGGATTGT	4800
L S K P Y G L Y F P Y P R G L N E P D C	160
AATACAAACGGTTTCTGAGAACACAGGACGATTCTCTGATGAACAGCTTCAACTG	4860
N T N G F R R R H R T I F S D E Q L Q L	173
TTGGAAAGAATGTTCACTAAACACACTATCCAGACGTACTGATGCGGAAAAATTGCA	4920
L E R M F S Q T H Y P D V L M R E K I A	193
CAGATAATAAATTAAACAGAAGAAAAAGTCGAGGTGAGTTAATATGAAGACAAAAAAAT	4980
Q I I N L T E E K V E	104
<u>Intron 2</u>	
TAAATATTAAACAAACCAACGAGTCATTAGTTGAAACACTTCCGAAATAGAACAA	5040
TCTGTCCGAAAGATAGCCAAAAAGAATTCTGCACTGTTACACAATTAGAAAAGTT	5100
TTGGATTGAAAAAATAGCGGTATTATAATGAAAACCAAACAAATTAGGTCAAAAATA	5160
AACATAGAGAGTTTTGGTGCCTGAGGGTAATTACTCATTGGATTGAAGACTT	5220
CTTTCACATTACGGTAAAATATTATTGGGAGAATATTCCCACTTAACGTTCTTCTA	5280
CATTCTGACATCTAACTCTAAATTACTTTCCCTGTTAATTGGATCATACTT	5340
AACCGAACGTTATAGAATTGTTTATATTACCGAATGTTGACATTGTTGAAA	5400
AAACAAAGTCGATTAATATTGAAAATGAAACGATATTATCTTCAATGATAATTG	5460
TAAGATTGACTACTTCTTAGGCATTGTTGAATACAATAAGAATTATAACGCTTCA	5520
ATGTGATAATCCGTTATAGCGTAGAAATCACCAGTCGCTATCTCTTTAAGAGAGA	5580
ATTTTATAGCGTAGAAATCACCAGTCGCTATCTCTTTAAGAGAGAATTAACTTT	5640
AAAATTCTTCAATATGTTACAACTAATTCTCAGTCGGTTGATAAAATAAAC	5700
CACCGCAAAAGGTGCTACCATTAAATTACAATAATTGGAATGGCTGATTATTAAA	5760
ATCAGAGGGAGAAGGGGTGTAATTAAACATTCTGCAAGTTGTTGAAAATTATTACC	5820
GTTGTTTCTACACGAAATTCACTAGTTATCATCGATAGAGATCGAGTATGAAAAACGA	5880
AATTAAAAATAATTAAATAAAATACAAATTACTTTGCTTACCAATGACCTAAACCG	5940
AGTCAGAAAAGATCTGGTCTTATTGTTAAATACAGCGATAAGAAAAATGGTTA	6000
TCGTGTGTTCATCCTCGGGGTTTAATCCTGGACTTGCTCCTGAAAAAGAGTCGAGCT	6060

GCTTTCATTCCTATTTCTGAATCGCATTAGGCATAAAATCGATCGGTATAAATT	6120
ATTCACATTTCTTTACTTCTTATACTTCCCTCCAAACAAACACTTCCGCTCTC	6180
TCAAAAGCACGTTGCTGTAACTAATCTCCATCATATCATAAAAGCATACTAAATTGGCA	6240
<u>AGTAAACTAAAATTAAAAACTACTTTTAGGTATGGTCAAAAACAGACGAGCGCGGTG</u>	6300
V W F K N R R A R W	
GAGAAAACAAAAGAAAGAAGTTCACGAGACCGAAAAATACAAACGTCAATTAAA	6360
R K Q K K E V H E T E K Y K R Q F L K K	
ATCCGATACAGGC GTTCTAAATTGGACAGCAAAGTACGTTATGCCGTATCTCCATG	6420
S D T G V L N L D S K S T L S P S S P C	
CAAAATATTAGCAACATTACCGACACGTCCGAGAAATTATGTTGGCGTGAGAAAAGA	6480
K I L A T F I P T R P R N Y V G V R K D	
CAGCGAAGATGTGACAAAATAAACACAAACGTT <u>AAACTGGTTCCAATATGTTAAATA</u>	6540
S E D V T K I N T N V *	
<u>TATTATAATCTAATATTTGTATATATTCATAAAAGGATTAACGAAAATCGTTGT</u>	6600
TAGTT CCTATAGACC ATGAA CGT CTGATAGACATTGGATATATACTCCTCATTAAAGAA	6660
GCCATTATAATACCTATTGTGTGAA CGT GACAAA ACCATGTCGGCATAAGAGGAGATAC	6720
ATTTAAAAAAATAACTTAATCTATGATTCCCCATTCTCGTTCCAGAGCTCGTAATCC	6780
TGAAGAGGGTTATCAAGAGATCTGAGGATGAGAATGAGATTCAAGGTCACTCAATCCTTC	6840
TAATTACTTTAGGCTTAAAAAAATCACACCCGTCAAAACATTATTTTAGTAACACA	6900
GATTACACGCATTTGTGCGTCTCGCATGTTCTGCCAACCTGTCAACAATT	6960
TCTTGGATACGATCTGTTTTAAAGAAATTCCGCCACGTGATTGAAACGTTCTGA	7020
TATTTGTCAATTCTTAAAATTTATATGACTTACCATGGTAAAAAAATTCA TAGTT	7080
TTTCGGGGATAGCTATTTGTTGACAGTATTATCGGAAACATAATGAGATTTCTATTAT	7140
TATTTAAATCAAAACCTCAAAACTGTCTAATTGTTAATTCCACTGTATTGTTGC	7200
AATTATTGTTATTACTTAGAGTTATTAGATTGCATTCTCGATTAAGTCTATT	7260
GCAGACCAGAATATTGTAATTCACATATTAGAATTAAAGATACCGATTACTATTA	7320
TATTCTCTAACATAAACGTGTTATTTTATTTTGCAATTATCAAAGAGTCTGG	7380
TTATCTATAGGAGAGTATTAGAATATTACTTATATATTAACTTGGTAATAGAATTG	7440
CGGAATATTTACCA GATTACTGTTCAAAACCATTCTCAGCCATAAGTCAA	7500
AGATAGGTACTGATATTGCTAATCGTATAAAACGTCCAGTATCATTACGTGACCA	7560
AAATATATATTTCTCATCCTAACCTGTATATTACATTGAAGTTATTGTACCAGG	7620
TGTCATGCGTCAACCATTACGGAGCCTGAGATCTTAGTGGGGAGGGCATAAGGGTA	7680
AAAAAAACATTGCTAATAGGGTTAATACACTGTGCTAAATGAAAGAAGCGGAGCTAC	7740
CTGCAATTACCGATTGACTGTCACGAATAGGAGACAGAATTNTTAATTAGCTTTAA	7800
ATCTGCAATTAAACAGCTTTCTCCCTTTAATAACATTATCATATTATAAATTCA	7860

CTGTTCCGTCTTTGCACGTACTAACAGTTTGGTTAAAAAGTTGTTAGTTGCTT	7920
TAAAATGCACCTAAACGATTAATAAATTGACAAGACCCCTCCCTTCTTCCCTTA	7980
TCCATTAATTTAATGAA	7997

Abb. 76: Die genomische Nukleinsäuresequenz der 5`/3`regulatorischen-, der codierenden Region und der abgeleiteten Aminosäuresequenz von *HeGsc*. Die Nukleinsäure- und Aminosäuresequenz sind am rechten Rand durchnummiert. Die potentielle TATA-Box ist in rot geschrieben. Der rote Pfeil markiert den möglichen Start der Transkription. Die 5`- und 3`UTR hellgrau gekennzeichnet. Die eh1/GEH-Domäne ist gelb, die HD rot und das konservierte Lysin (K50) in der HD ist gelb markiert. Das Intron 1 und -2 sind schwarz unterstrichen. Das Stop-Codon ist mit einem Stern gekennzeichnet. Die zwei potentiellen Polyadenylierungssignale (Beaudoing et al., 2000) sind schwarz unterstrichen.

7.1.9 *HeELAV*

7.1.9.1 cDNA-Fragment zusammengesetzt aus einer 5`- und 3`RACE

Die Sequenzdaten der längeren cDNA-Variante wurden bereits bei NCBI unter der Accession-Nr. KC311363 veröffentlicht.

GT	60
TTTTATTCCTCTAGACGATTGGATAACCGGAGTGGGTTTACGTTAAGTTTGTA	
ATTTTTATGTCATATAAATTATTAAAG	90
GACAGATAAAAAACTCACACTATTCTAGGTCCCTGAGTTAAG	45
TTCAAGAAAATTGATTCCATTATTGTTTAATAAATCAACACTGTCTAAATTGGTATGG	150
M	1
CTACAGCGCATTAAATGAATGGACACACACACCACATCTGATGAATGGAACATTAAATCCTC	210
A T A H L M N G H T H H L M N G T L N P	21
ACATGGCGATGAATGGGTACCGATAGATCAAAAGTCGAAGCTGATCAACAGAATATAG	270
H M A M N G Y P I D Q K V E A D Q Q N I	41
ACGATGAAAATGCTACAAACTTAATTATAAATTATCTGCCACAAGAAATGACAGAAGAAG	330
D D E N A T N L I I N Y L P Q E M T E E	61
AACTCCGAACTTATTCTCATCCATTGGACCTCTGGAATCATGTAACATTATTGTGATA	390
E L R T L F S S I G P L E S C K L I R D	81
AGGTCACTCGTGCAAGTCTAGGTTACGCCCTCGTAAAATATGAGCGTACTAACGATGCCA	450
K V T R A S L G Y A F V K Y E R T N D A	101
AAAAAGCTATCGAATCCCTACAGGGAAATGAAGTTAACAAACAAACCATCAAAGTAAGTG	510
K K A I E S L Q G M K L T N K T I K V S	121
TGGCCAGACCAAGTCGAACGAAATAAGAACGCCAATCTATGTCAGTGGCCTACCAT	570

V A R P S S N E I K N A N L Y V S G L P	141
TAACAGTCACTGAACATGAACATACGAGTTCTGTTGCAAGATATGGCCTATTATAACGA	630
L T V T E H E L R V L F A R Y G P I I T	161
GCAAAGTTTGATGAGTCGAGTCAAAGTCGAGGAGTTGGATTGTTACGATA	690
S K V L Y D E S S Q S R G V G F V R Y D	181
AGAGAGCGGACGCAGAGGCAGCTATTAATGGGTTAAACAATCGCATTCTGAATTAAATG	750
K R A D A E A A I N G L N N R I P E L N	201
GTGCTATCAAACCTCTTACAGTGAAGTTGCCAACCCCTCCCTCAGAAAATACAGCCGT	810
G A I K P L T V K F A N P P S Q K I Q P	221
ACCTCGATATATTGACACAAGCAAAGGTCTTGCTGGATCAGCATTGAGACAGGCTG	870
Y L D I L T Q A K G L A G S A F L R Q A	241
TTGGCTTATCTCAGCTGTCTCCAATGAGTTAACAGGGCCTCGCTTCAACTTCTCCCA	930
V G L S Q L S P M S S T G A S L S T S P	261
TTGCTTCACCATTGTCACCCAATTCAAGCATCGTTGCTACGAAACAACATGGTTGTCAATC	990
I A S P L S P N S A S L L R N N M V V N	281
AAGCGCCATCGGCTCGACATTAAACGGAATTCAAAACTCGTCTGGTGTATTGTAT	1050
Q A P S A S T L N G I Q N S S W C V F V	301
ACAACCTTCCATCGGACGCCATCGAGCTCACACTCTTCAGCTGTTCAAAATTGGAG	1110
Y N L P S D A I E L T L F Q L F S K F G	321
CCATACAAAGCACTCGAGTAGTTATGAAAGACGCAACTATGGCTATTCTACACTAACGGATACT	1170
A I Q S T R V V Y D E N T K K C K G F G	341
TTGTAAACATGGCGCATTATGAAGACGCAACTATGGCTATTCTACACTAACGGATACT	1230
F V N M A H Y E D A T M A I L H L N G Y	361
GTTGCGAAAGAGGAAAGCCTCTCAAGTGTGTTCAAGCGTCCAAAAGCCAAGGTAATT	1290
C C E R G K P L Q V S F K R P K S Q G N	381
TATCTATGGCTTAAGATATTGGCTAAATCATCTTTATTTGAATGTGGAAAGATACTTT	1350
L S M A *	385
GTCGTTGTTGTTGTTGATGTT <u>AAAATGAGAGTT</u> CAGAGCTGTACTCGAAGT	1410
<u>ATTTAAATTATAATAGTTATTATGGCGCTAAAGTTCCCAC</u> TTAAAACTTCTTTTTT	1470
AAACATGTTGTGAAATGTTATGTCCAGAGAGAATGTAGAAAGTTGTTCAATGAGGAACAA	1530
AAAAAAAAAAAA	1542

Abb. 77: Zusammengesetzte Nukleinsäuresequenz und abgeleitete Aminosäuresequenz von HeELAV. Die Nukleinsäuresequenz der längeren cDNA-Variante mit der nicht-gespleißen untranslatierten Region und die abgeleitete Aminosäuresequenz sind am rechten Rand durchnummieriert. In rot markiert ist die Nukleinsäuresequenz und die Länge des Spliced leaders am rechten Rand der kürzeren cDNA-Variante, der ab nt 91 identisch ist mit der nachfolgend dargestellten Sequenz. Das

RRM 1 ist hellgrau, das RRM 2 dunkelgelb und das RRM 3 dunkelgrau eingezeichnet. Das Stop-Codon ist mit einem Stern gekennzeichnet. Die zwei potentiellen Polyadenylierungssignale (Beudoing et al., 2000) sind schwarz unterstrichen.

7.1.9.2 Fragment der 5`regulatorischen- und codierenden Region isoliert aus gesplinkerter gDNA

CATTCGGGCAACATAAGTGAAGATGTCGCCAAGTTGACTGTTTGAAATAAG	60
TATGGATATAAACATATGTGCTGTACAGAAAAAGTTGTAATGAAAAAAGGAGCAGGTG	120
TGAATATGTATGTTTATGATCAAAGGTATAATGCTTGTAATTATTAAATTGAAGTAT	180
TCGTGCGGGAAATTAGTTGAAAACACTCTGGCAAAATATTGCTTTTTAAGCGAAA	240
AATACAATCGCATATTGTGTTGACCCGGTTTATGGATTCAATTGAGCAGATATAATTG	300
GTGAGCTATTGTTGTTTAATAAAAAAGAACAAAAATCGTTCTTATTATTT	360
CTTTTCAATTATTCTATTCACAAAATGAGGGTTTGTGAGATAAAAATAAGCAA	420
TATTGAAATTAAAGTTCAATTCAAGGTTAACACACAGTCTTCTTATAAGAGACACGACGCT	480
TAAGATTGTAGGTTTGTGAGTTTCAGACAAAAGTGAAGAATATTCCATTATTGAC	540
TCTAGAATTAGTTAAAGAAACTCAAGAATCTGGGTTTTGGTTAAGAACATCTATAAGT	600
TCAAAATGCTAACATATGAACGTTCAAGACTTTGTACCGAAGTTAGTGTGCTAA	660
GAAAGTGTATTGTGAAGAAAAGGTACTTTTATATAAAACCGACATTGGAGAGAAA	720
GAAAAAAATGGTTCTGATGATTCAAGGCTCAGCATATTCAATAATTAGTTGATAG	780
TTTTCTATCAACTTGGAAATTCTAAACTTGGAAATTGAGCCTGATGATTCTTA	840
TAAAAATAATTCTATAAAAATGTGGAAATGCAAAGTATAATGTACAATATTACCTCG	900
TTTCCAGGGTGTACGTGACAAAACCTGGCCTCAACGAATTGGATAAAAAC	960
ATTGTAAACAAGCTGCTACCTTACGCTTACGGACAATATCTCTAAAATTCTGATGT	1020
AGCATTAGACTTTAATTCTAAAATTGCATCTGCTAAAACCTTCAATTGCTTT	1080
TAGCTTTAATAATAAGCACCTTCAAAATATGTCATAAAATCCCAGCCTCAAAATC	1140
GTTCTATTAAAATGTTCTCAACCAATGTAATATAGATGCGGAATGGAAACCAGGT	1200
CTCAGCAAAAGGTGATTAACGGTTTGTACATAGACAGATTGTTATGTTATTGTGTTG	1260
TTGTGCGTAGGGGGAAACCCCTCTAATTCAATTGTCAGATGACAGATGACAGTCGAATAA	1320
AGCCTTGTGTTATTGTTATTACAACGTGCTAAA CCAAT AGGGATTACGGATGA	1380
ACAAAAGTGTCA CCAAT GAAAAAC CCATT AGTCAGGATTATTGTCTAACGTGCGAAA	1440
CAAAT CGGAGAGAAAAGAAAAGAAAAAA CATAAATT CTAGCGCGTACAAATATGAT	1500
GTTT ATTCTCTAGACGATTGGATACACGGAGTGGTTTACGTTAAGTTTGTA	1560
ATTTTTATGTCATATAAATTATTAAAGTTCAAGAAAATTGATTCCATTATTGTTTA	1620
ATAAAATCAACACTGTCTAAATTGGTATGGCTACAGCGCATTAAATGAATGGACACACAC	1680

M A T A H L M N G H T

11

ACCATCTGATGAATGGAACATTAAATCCTCACATGGCGATGAATGGGTACCCGATAGATC	1740
H H L M N G T L N P H M A M N G Y P I D	31
AAAAAGTCGAAGCTGATCAACAGAATATAGACGATGAAAATGCTACAAACTTAATTATAA	1800
Q K V E A D Q Q N I D D D E N A T N L I I	51
ATTATCTGCCACAAGAAATGACAGAAGAAGAACTCCGAACTTATTCTCATCCATTGGAC	1860
N Y L P Q E M T E E E L R T L F S S I G	71
CTCTGGAATCATGTAAACTTATTCTGTGATAAG	1892
P L E S C K L I R D K	82

Abb. 78: Die genomische Nukleinsäuresequenz 5`stromaufwärtsgelegen der codierenden Sequenz mit Teil eines Introns und der abgeleiteten Aminosäuresequenz von *HeELAV*. Die Nukleinsäure- und Aminosäuresequenz sind am rechten Rand durchnummertiert. Die potentielle TATA-Box ist in rot und die möglichen CCAAT-Boxen sind in grün geschrieben. Der rote Pfeil markiert den potentiellen Start der Transkription. Die 5`UTR ist hellgrau gekennzeichnet und ein Teil des RRM 1 ist dunkelgelb dargestellt.

7.1.9.3 Fragment der 3`regulatorischen- und codierenden Region isoliert aus gesplinkerter gDNA

AAATTTGGAGCCATACAAAGCACTCGAGTAGTTATGATGAAAATACGAAAAATGC	60
K F G A I Q S T R V V Y D E N T K K C K	20
GGTTTTGGATTGTAAACATGGCGCATTATGAAGACGCAACTATGGCTATTCTACACTTA	120
G F G F V N M A H Y E D A T M A I L H L	40
AACGGATACTGTTGCAGAGAGGAAAGCCTCTCAAGTGTGTTCAAGCGTCCCAGC	180
N G Y C C E R G K P L Q V S F K R P K S	60
CAAGGTAATTATCTATGGCTTAAGATATTGGCTAAATCATCTTTATTTGAATGTGGG	240
Q G N L S M A *	67
AAGATACTTGTGTTGTTGTTGATGTTTTAAATGAGAGTTTCAGAGCTG	300
TACTCGAAGTATTAAATTATAATAGTTATTATGGCGCTTAAAGTTCCCAC	360
TCTTTTTTAACATGTTGTAAATGTTATGTCCAGAGAGAATGTAGAAAGTTGTTCAA	420
TGAGGAACAAAAAACAAATAGCTGGAATGAGGCAGCTCAATGTATAATAGTTGTATGTA	480
GTGTTAGAGCAAGTTAAATTATAATAGTTATACAACACCCATCGACGCAAAGGCTTG	540
AAACGCTTCCAATACAGCAGTTCCGAAAAACACTTACGATGGAGGGCGTTTTAGC	600
CTCTGCGTAGAAGGGTAATATTTGGTTGGCTTCAGTTTGAATGTTCGTAAT	660
AATACGTAAATCAAATATTGTGAAAAGAATTATTCTAGATTTAGAATGAACAAACT	720
CGTTCTGTTGACATGTTAGGGTAATATGCTAAAAGCCATCTTGAAACTGCT	780

TAAAAGCCATCTTGAAACCACCTTTGGAACCTCGTCATAACATTCACTTGGCACT	840
CAAAACGCACCTTTGTAGTTCTAAAGTTTGTAATGATATTGTAAAAGTGTAGAG	900
CTATTCTCGATATAAATCTCCTTGACAGACTTGTTGACCTATTGTGTTGCA	960
ATTAGACAATGAGTCAAAATTGTTAAAGAATTCTCGCTAAACAAATCTATGGATCTAC	1020
TCTATGTTCTTGAAAGTATGACATCTAATTACTTACGTTCTTCAAAGTATAACACTT	1080
ACTAGTACGTGATCTTGGCGTGTCTGTCAGCAAACACTTTAAAAGTGGAAATTG	1140
TATTGAGTTAGAAAGTCGAAACATAAAACCCCACAGGAGGAGTGTCTCAAACCTT	1200
GATAGAACATATGTTTACTCTGTTTCTTATATAAAATATTGCAGATTACAA	1260
GAAAGAGGTTTATTGAAATTACCGTCGTTAAAATTATATGGTACGAAGAACACAAA	1320
AAGAAAAATATATGTTACATATGAAAAAATGAAATTGAAATTGCGAAGATTTCGCC	1380
AGTGTACGATATTAAATATCGAAAACATTCAACACGCACGAAAAATATTGCTAAA	1440
CTTCTTAATCGTTAGGATTATGGTGCCTTCGTTGTTTATTCGTTAC	1500
TTATTGTTGTTATTATTGAATTATGATGACGTATATCATGAGCATTAA	1560
AAAACGTATATATTTTAAATGAATTGCTCCTAAGGAGGACGGTACTTATT	1620
ACAGTATATATGCAAGGCATTGTGGGACAGGTTCCCACAATGCATTGGCAAGGAGAAA	1680
ATATTTGTTCAGTTCTTGTATGGATTCCTTGGAAATCTATGAAATCTTCTATGA	1740
CCATCAGGGTTGGTTGGCATTCTCCTTGCGATATTGTTACGTTACATTACGAGA	1800
AAGTTTCGTTGTTAAGTTACATTACGAGAAAGTTACGTTATCTCGTTATTTACGAG	1860
AAAAGTTACGTTTGTACCGCTTTATGTTATAATGCACGTTATGTTGGAAAAGA	1920
ATTTATTACAGCACAAATTCTCATCGTATAAGAAAAGAATATTTATGTCGTAATTAA	1980
AAACCTCTTAAGCAAAAAAACTTTTATGAACCATGCGTGTGACAATGAACCGC	2040
GTTTATGTCGACAATGATCCTATGTACAGAAAGGCTATCACTCCCCACTATTAGCTT	2100
GAAATTGATCTACAATCATCCACATAATATATTGAGACTTTCGATTTGACAAAAAA	2160
AATTCACAAACTCGCACCAAGTCTCTCAAACACTCGACGTACTGCCGGAACTTCAGCTT	2220
TAGCTTCGACTTAAG	2235

Abb. 79: Die genomische Nukleinsäuresequenz der 3`regulatorischen- und codierenden Region und der abgeleiteten Aminosäuresequenz von HeELAV. Ein Teil des RRM 3 in dunkelgrau eingezzeichnet. Die Nuklein- und Aminosäuresequenz sind am rechten Rand durchnummertiert. Das Stop-Codon ist in rot geschrieben und die 3`UTR in hellgrau markiert. Die zwei potentiellen Polyadenylierungssignale (Beaudoin et al., 2000) sind schwarz unterstrichen.

7.2 Expressionskonstrukte mit dem Reportergen *eGFP*

7.2.1 *HeActI*

7.2.1.1 *HeActI51ASActeGFPHeEF1alpha* (Klon A1)

<i>BluescriptSK</i>	2174bp
(+ ApaI-Adaptor; ohne: Primer-Bindestellen, Polylinker, LacZ, f1-origin)	
<i>HeActI</i> (5` regul. Reg.)	1796bp
<i>51ASActI</i>	153bp
<i>NotI-Cassette</i>	27bp
<i>eGFP</i>	714bp
<i>HeEF1alpha</i> (3` regul. Reg.)	1226bp

GTGGCACTTTCGGGGAAATGTGCGCGAACCCCTATTGTTATTTCTAAATACATTCA
AATATGTATCCGCTCATGAGACAATAACCTGATAAATGCTCAATAATATTGAAAAGGAA
GAGTATGAGTATTCAACATTCCGTGTCGCCCTATTCCCTTTGCGGCATTTGCCCTC
CTGTTTGCTACCCAGAAACGCTGGTGAAAGTAAAAGATGCTGAAGATCAGTTGGGTGCA
CGAGTGGGTTACATCGAACTGGATCTCAACAGCGTAAGATCCTTGAGAGTTTCGCCCGA
AGAACGTTTCCAATGATGAGCACTTAAAGTTCTGCTATGTGGCGCGTATTATCCGTA
TTGACGCCGGCAAGAGCAACTCGTCGCCGCATAACTATTCTCAGAATGACTTGGTTGAG
TACTCACCAGTCACAGAAAAGCATCTTACGGATGGCATGACAGTAAGAGAATTATGCAGTGC
TGCCATAACCATGAGTGATAACACTGCGGCCAACTTACTTCTGACAACGATCGGAGGACCGA
AGGAGCTAACCGTTTGCACAAACATGGGGATCATGTAACTCGCCTGATCGTTGGAA
CCGGAGCTGAATGAAGCCATACCAAACGACGAGCGTACACCGATGCCTGTAGCAATGGC
AACAACGTTGCCAAACTATTAACTGGCGAACTACTTACTCTAGCTCCCGCAACAAATTAA
TAGACTGGATGGAGGGGATAAAAGTTGCAAGGACCACTCTCGCCTCGGCCCTCCGGCTGGC
TGGTTATTGCTGATAAATCTGGAGCCGGTGAGCGTGGTCTCGCGTATCATTGCAGCACT
GGGCCAGATGTAAGCCTCCCGTATCGTAGTTATCTACACGACGGGAGTCAGGCAACTA
TGGATGAACGAAATAGACAGATCGCTGAGATAGGTGCCCTACTGATTAAGCATTGGTAAC TG
TCAGACCAAGTTACTCATATACTTAGATTGATTTAAACTCATTAAATTAAAAG
GATCTAGGTGAAGATCCCTTTGATAATCTCATGACCAAAATCCCTAACGTGAGTTCTG
TCCACTGAGCGTCAGACCCCGTAGAAAAGATCAAAGGATCTTCTGAGATCCCTTTCTG
CGCGTAATCTGCTGCTGCAAACAAAAACCCGCTACCGAGCGTGGTTGTTGCCGGA
TCAAGAGCTACCAACTCTTCCGAAGGTAACTGGCTTCAGCAGAGCGCAGATACCAAATA
CTGTCCTCTAGTAGCCGTAGTTAGGCCACCACTCAAGAACTCTGATAGCACCGCCTACA
TACCTCGCTCGCTAACCTGTTACCAAGTGGCTGCCAGTGGCGATAAGTCGTCTTAC
CGGGTTGGACTCAAGACGATAGTTACCGATAAGGCGCAGCGGTGGCTGAACGGGGGTT
CGTGCACACAGCCCAGCTGGAGCGAACGACCTACACCGAACTGAGATAACCTACAGCGTGAG
CTATGAGAAAGGCCACGCCAGCTCCGAAGGGAGAAAGCGGACAGGTATCCGTAAGCGGCAG
GGTCGGAACAGGAGAGCGCACGAGGGAGCTTCCAGGGGAAACGCCGGTATCTTATAGTC
CTGTCGGGTTCGCCACCTCTGACTTGAGCGTCATTGATGCTCGTCAGGGGGCGG
AGCCTATGGAAAAACGCCAGCAACGCCCTTTACGGTCTGGCTTTGCTGGCCTT
TGCTCACATGTTCTTCTGCGTTATCCCTGATTCTGAGATAACCGTATTACGCCCTTG
AGTGAGCTGATACCGCTGCCGCAGCGAACGACCGAGCGCAGCGAGTCAGTGAGCGAGGAA
CGGAAAGAGGCCAATACGCAAACGCCCTCCCCGCCGTTGGCGATTCAATTATGCAG
CTGGCACGACAGGTTCCGACTGGAAAGCGGGCAGTGAGCGCAACGCAATTAAATGTGAGTT
AGCTCACTCATTAGGCACCCAGGCTTACACTTATGCTCCGGCTCGTATGTTGTGAGGA

TTACATCTTCAAAAAAATTTCGTTCTCAAGTGCATTTGTCTAAATTACTACATAAAAT
 CCACGAATTTAGCTCGTTGATGAATCATAATTGATAATTATTCAAATTAGAAATAAAA
 AAACAAGAATTGTAGCCAGGCAGACGTATGGTGGCCGAGAACTGCCACACGAAAAACTTG
 TTTAATTGCGTTTAATTATTATTATTAAATTCTTTTATTAAATTTTATAAAGCT
 AAGAACAGTTGAGACTTCACATTGAAAAAGTTAAGAACATTGAAGGCTTTTCAGT
 TAAGTGTCTGTAAAAGAAAGTCAATTGTTCTCATTCTAAATGTTCACCAATGAA
 ATCCTTACATGTTCTAATGAAAAGGAGGAATCTGAACCTTAATTCACCTGGTATATGGTGG
 CCGAGAACTGCCACACGAAAAACTCTGTTAATTGCGTTTAATTGATTATTATTATAA
 ATTATTAAATTCTTTTGTTTTATTAACTTTATTAACTTTAATTCAATTATT
 TTTAATTGCTTTCTATTTAGGCAGCGTTACATGGAGCCCCTAGTGAGTTCAAACCGG
 TTTGAGATTCACTACGGCTGCGATTTCAAATACGGTTGACGGTCAAGTTCTAATAGCGTT
 TACATGAGTACACCCGTACTCAAAGTCGAACCGGTTGAAATTAACTACGGAGTGAGAAATA
 GGTTTGAGATTTAAAACCGGTTGAAAAGCTCATGTAACAGGACCGCGGACCGGTTGGCT
 GTATCGATGTATCTACGCATGCGTCAATTATATTACACATGCGCAATTGATAAATCTT
 GTGCCGCGGGCCC

7.2.1.2 *HeActI51ASActeGFP* (Klon A2)

<i>BluescriptSK</i>	2174bp
(+ ApaI-Adaptor; ohne: Primer-Bindestellen, Polylinker, LacZ, f1-origin)	
<i>HeActI</i> (5` regul. Reg.)	1796bp
<i>51ASAct</i>	153bp
<i>NotI-Cassette</i>	27bp
<i>eGFP</i>	714bp
<i>HeActI</i> (3` regul. Reg.)	1383bp

GTGGCACTTTGGGGAAATGTGCGCGAACCCCTATTGTTATTCTAAATACATTCA
 AATATGTATCCGCTCATGAGACAATAACCCTGATAAAATGCTCAATAATATTGAAAAGGAA
 GAGTATGAGTATTCAACATTCCGTGTCGCCCTTATTCCCTTTGCGGCATTTGCCCTC
 CTGTTTGCTCACCCAGAAACGCTGGTGAAAGTAAAAGATGCTGAAGATCAGTGGGTGCA
 CGAGTGGGTTACATCGAACTGGATCTCAACAGCGGTAAGATCCTTGAGAGTTTCGCCCGA
 AGAACGTTCCAATGATGAGCACTTTAAAGTTCTGCTATGTGGCGCGTATTATCCGTA
 TTGACGCCGGCAAGAGCAACTCGGTCGCCGCATACACTATTCTCAGAATGACTTGGGTGAG
 TACTCACCAGTCACAGAAAAGCATCTTACGGATGGCATGACAGTAAGAGAATTATGCAGTGC
 TGCCATAACCAGTGAACACTGCGGCCACTTACTCTGACAACGATCGGAGGACCGA
 AGGAGCTAACCGTTTGCACACATGGGGGATCATGTAACTCGCCCTGATCGTTGGAA
 CGGGAGCTGAATGAAGCCATACCAAACGACGAGCGTACACCGATGCCTGTAGCAATGGC
 AACAACGTTGCCAAACTATTAACGGCAACTACTTACTCTAGCTCCGCCAACAAATTAA
 TAGACTGGATGGAGGCGGATAAAAGTTGCAAGGACCACTTCTGCGCTGGCCCTCCGGCTGGC
 TGGTTATTGCTGATAAAATCTGGAGCCGGTGAGCGTGGGTCTCGCGGTATCATTGCAGCACT
 GGGGCCAGATGTAAGCCTCCGTATCGTAGTTATCTACACGACGGGAGTCAGGCAACTA
 TGGATGAACGAAATAGACAGATCGCTGAGATAGGTGCCTCACTGATTAAGCATTGGTAACTG
 TCAGACCAAGTTACTCATATATACTTAGATTGATTTAAAACCTCATTAAATTAAAAG
 GATCTAGGTGAAGATCCCTTTGATAATCTCATGACCAAAATCCCTAACGTGAGTTTCGT
 TCCACTGAGCGTCAGACCCGTAGAAAAGATCAAAGGATCTTGTAGATCCTTTCTG

CGCGTAATCTGCTGCTGCAAACAAAAAACCACCGCTACCAGCGGTGGTTGTTGCCGGA
 TCAAGAGCTACCAACTCTTTCCGAAGGTAACTGGCTTCAGCAGAGCGCAGATAACAAATA
 CTGTCCTCTAGTGTAGCCGTAGTTAGGCCACCACCTCAAGAACCTGTAGCACCGCCTACA
 TACCTCGCTCTGCTAATCTGTTACCAGTGGCTGCCAGTGGCATAAGTCGTGTCTTAC
 CGGGTTGGACTCAAGACGATAGTTACCGGATAAGGCGCAGCGGTGGGCTGAACGGGGGTT
 CGTGCACACAGCCCAGCTGGAGCGAACGACCTACACCGAACTGAGATAACCTACAGCGTGAG
 CTATGAGAAAGCGCCACGCCCTCCGAAGGGAGAAAGGGGACAGGTATCCGTAAGCGGCAG
 GGTCGGAACAGGAGAGCGCACGAGGGAGCTCCAGGGGAAACGCCCTGGTATCTTATAGTC
 CTGTCGGGTTCGCCACCTCTGACTTGAGCGTGTGAGCTGTCAGGGGGCGG
 AGCCTATGGAAAACGCCAGCAACGCCCTTTTACGGTCTGCCCTTTGCTGCCCTT
 TGCTCACATGTTCTTCCCGTATCCCCGATTCTGTGATAACCGTATTACGCCCTTG
 AGTGAGCTGATAACCGCTCGCCGAGCCGAACGACCGAGCGCAGCGAGTCAGTGAGCGAGGAA
 GCGGAAGAGCGCCCAATACGCAAACGCCCTCTCCCGCGCGTGGCCGATTCAATTAGCAG
 CTGGCACGACAGGTTCCGACTGGAAAGCGGCAGTGAGCGCAACGAAATTAGTGAN
 AGCTCACTCATTAGGCACCCCAGGCTTACACTTATGCTCCGGCTCGTATGTTGTGGA
 ATTGTGAGCGGATAACAATTACACAGGAAACAGCTATGACCATGATTACGCCAAGCTT**CA**
 CTAGAAATGCCAATCAAAAGCGCCAGAAAAATGTTGAGACCCATCGTAATTTC
 ACCTTAACTACTCCGATTCTGGTGGTAAGAAAATTACGCTGGCTACTGGCTAGGGCA
 GGCCAGTTATATACGACAGTCTAATATTATTCTCACTTATTAGAACGAAACATAATCGG
 GGAAGGCAGGTTATGTATTACAGTCAAATATTATTGAGACTTATAGAACAAATATAATCA
 GGGCCAACCGCTTTATATCATTGTCATCACTCTGACAAGCAAATAGTTGTTGTTCT
 CAAATGAAACAAAATTGTGGCAAATACTAAATTGGGATTGCAAGTTAATAACTTT
 CACCAAACCTAATTCCGAAAAAGAATAATTAGGTTCCATGAAATTAGTTACTTCAAAG
 TATATTATGTTGAAATGTATTACTACAAGAGTACTTATACTAAGAACATTACGTCAAGACTT
 TTTTTTCGCCATGTCAGTTTAGGGGTGTTCTATCTCCAGAGAATGTTAATTCA
 AAAGTCGAAGAAAATGCCAATCACAGCCTGCCAGCCATTATATCAGCATTATA
 CCGTCACCACCGACATAGTGAACACATAATCGGACCATGCGTACATAACGAGAGGGCTA
 GCTAGCTATTATATTAGGAGGCTAACATGTAATATGGAGCACAAAGTATT
 ATTACAGAATAATAGAGATAGTGTGACCTATAAGCTATCTACAATCGTGC
 TTGAGACAAATGCCAATCTGTCATTAGTGGCAGAAAAGCAATAACAGAACATTACGAC
 TCTTTTATCCCCTCCCCCTTACACAATGTTGGAGAGCCATGGCAGCAAACCTCTGACT
 TCAAAAAACCTGAGTGCACATTGTCAGGGGGTGCAGGGGTGAAAGTGTGAAAATAATTCA
 AATTCAAAAGTGTCTAACACTTGGCAACGATTGTAGCTATTATCTCACGAAAGT
 AGTAAACTAGCTAGCAGTACATTAGCAGTTCCGCTCGAATCTTGTGTTACGTTTC
 ATACAAAGCCAGCGGTTGTCAGGGAGATTAAACTTATGATAATCGTAC
 CCACAAAAGACAACCTATAATTGTTGGTAATTAAACAAAGATTATCTACATCA
 GATTGCCCTCAGGGTCCAATATTAAACATTGCAAACCTTAAACACATAAAGTCTC
 AACGACCCCCGCCAATAAAATTATTAGGTCAATTGAGAACATTAGAGAACAGA
 TATGGAAAATACATAAACCAATCGAATGGACTGTTATCAATACGATTATC
 TGGAAAAAGTAAATCATATTAGAAATAACAACGAATTATGACCTATTAC
 AACTATTCTCTAACCTCTGTAACACATAACGTTTTCTATTATATCCATTACG
 CACGAGGCCTTCCGGTACCATGTTGGCAAATTCAAACAGGATTGATATCG
 TATTCTTCTCTTATAAGGTATTGTTATAAGCAAAGCGGGTGC
 GTAGCAGCAGAAAGGG
 TGTGTGCATCATATTAAAGCTGCGACCTGTGTATTCTAATCA
 CTTGACTTACGTTCAAGAGCTGGCTCGTCAATCG
 CGAGTAAACGTTGTGTACCTTTGTAGTGTAC
 CCGATGATGATGTTGCTGCTTAGTTGTGCGACAATGGATCTGGTATGT
 GCTGGAGATGATGCCCAAGAGCTGTCTCCCTCAATCG
 AGTCATGGTTGGTATGGGACAAAAAGCGGGCGCTGCAG
 GAGAAGAACTTTCACTGGAGTTGTC
 CAATTCTGTTGAATTAGATGGTGT
 TAATGGG

CACAAATTTCTGTCAGTGGAGAGGGTGAAGGTGATGCAACATA CGAAA ACTTACCCCTAA
ATT TATTGC ACTACTGGAAA ACTACCTGTTCCATGGCAACACTGTC ACTACTTCTGTT
ATGGTGTTCAATGCTTCAAGATA CCCAGATCATATGAAACGGCATGACTTTCAAGAGT
GCCATGCCGAAGGTTA GTACAGGAAAGAACTATATTTCAAAGATGACGGAACTACAA
GACACGTGCTGAAGTCAAGTGTGAAAGGTGATACCCTGTTA ATAGAATCGAGTTAAAGGTA
TTGATTTAAAGAAGATGGAAACATTCTGGACACAATTGGAATACAAC TATAACTCACAC
AATGTATACATCATGGCAGACAAACAAAAGAATGGAATCAAAGTTAAC TTCAAAATTAGACA
CAACATTGAAGATGGAAGCGTTCAACTAGCAGACCATTATCAACAAAATCTCCAATTGGCG
ATGGCCCTGTCCTTTACCA GACA ACCATTACCTGTCACACAATCTGCCCTTCGAAAGAT
CCCAACGAAAAGAGAGACCACATGGCCTTCTTGAGTTGTAACAGCTGCTGGGATTACACA
TGGCATGGATGAACTATAAAATAAGTTCTAAATTAGAACTTTGAATAAGGT CAT
GGGAAC TCAATAATTCTAATTTACCATCTTATTTCCATATGTCAGGTAAAAC TTTGGCC
GAAATT TTTCAAAGAGTCTCCTAATCAATTACAAGAATAAAATGCAAAGTAAC TTATTT
CGTTCGTTATTTGTAAGTAGGATGTTACCTGTAAGGATATTGTATAAAACACGCT
ACAAAGGTATACACAAAGAGAAATTAGAAAATGTCTCTTCA CGCACAAGAATC
CCGAATT TCCCGAATGGCGTAGAAATATTTGCAAAGAACATGTATGAA ATTACATTGAA
TGATT CATTGTTGTAAGGATTTCCGAGGTCGCCTTTATTTTCTGGTGTGAGTGGAAATT
ATTCTTTAAAAAATATCTTAACCTCGATTTCGCGATAAGGATGTGAA CGGACAGATAAC
GCAGAAATT TAAATATGTGTTGTAACCCAAAAAATATGGCAGATTG TAGTTACCAT
ACTCTCGGTAAACCGAACAGGATCTGACACAGCATCAAATTCCCTATTGTTGATATAAAA
AAGATGTATTTCTCGTCAATAACTGGGATCCTGAA CGACACTGCGCATT TACCTGTC
GCCGTTGTTCTGAGGGTTT TAGCAAGGCAAATT CCTAGGAACGAAAGACTGGTGGC
GTCTAACACCGTAAAAGCTACGTGAATGGAAGAAAGGGCAGGAATATGTTGCTAAATT
GAGGTGCGTGAATTCGATAAAATTGAAACGTAATTAAATATATTGTAAATTACGAT
TACGTTAATTACGTCTAAATATGTGAATATATATTAGATAGCGGAAATACAGTATCGCT
CAACTGCACTCAAAGAACAAACGAACTACTGTC AAAATAATT TACTGGTTATAGCG
TCATTTGTTATCATCTGCGCTAAAATTACAGTTGCCAAGTACTGAGAAAACAAAAACAG
AGTGC GCAAAGTTGAAAAAAATAGAGGCGTACGTGACCACGTG CAGATAGTTACGTT
GATT CCTGCTGCTAGCGCGGTTTTGTAAGAATCTAACCA CGTCATAAGAAAATGTG
ACTGATCTAACGGAAA ACTAGATACTTTAAAAGTATATGTAAGGTCAAAGATT CGCAGAC
ATT T T C C T C C A T A T A C G A A C A T T T A A G T T A A T T A A T A C C
CGGTCTTGGTGCCTTCTGATATAAGTTAATGAAAGAACCTTATCTTACCTGTTAA
TAAAGCATGACGCTTAGTTAAGATAAAGAAAGCTGTGTGGCCC

7.2.2 HeActII

7.2.2.1 HeActII 51ASActe GFP HydraTerm (KlonD10)

<i>BluescriptSK</i>	2221bp
(ohne: Primer-Bindestellen, Polylinker, LacZ, f1-origin)	
<i>Linker</i>	6bp
<i>HeActII</i> (5`regul. Reg.)	1976bp
<i>51ASActII</i>	153bp
<i>NotI-Cassette</i>	27bp
<i>eGFP</i>	717bp
<i>Linker</i>	8bp

Hydra Terminator (3` regul. Reg.) 707bp
pUC18 332bp

GTGGCACTTTGGGGAAATGTGCGCGAACCCCTATTGTTATTTCTAAATACATTCA
 AATATGTATCCGCTCATGAGACAATAACCTGATAAATGCTCAATAATATTGAAAAGGAA
 GAGTATGAGTATTCAACATTCGGTGCGCCCTTATTCCCTTTGCGGCATTTGCCTC
 CTGTTTGCTCACCCAGAAACGCTGGTGAAGTAAAAGATGCTGAAGATCAGTGGGTGCA
 CGAGTGGGTTACATCGAACTGGATCTAACAGCGTAAGATCCTGAGAGTTTCGCCCGA
 AGAACGTTCCAATGATGAGCACTTTAAAGTTCTGCTATGTGGCGGGTATTATCCGTA
 TTGACGCCGGCAAGAGCAACTCGTCGCCCATACACTATTCTCAGAATGACTTGGTTGAG
 TACTCACCAGTCACAGAAAAGCATCTTACGGATGGCATGACAGTAAGAGAATTATGCAGTGC
 TGCCATAACCATGAGTGATAACACTGCGGCCACTTACTTCTGACAACGATCGGAGGACCGA
 AGGAGCTAACCGTTTGACAAACATGGGGGATCATGTAACACTCGCCTGATCGTTGGAA
 CCGGAGCTGAATGAAGCCATACCAAACGACGAGCGTACACCACGATGCCTGAGCAATGGC
 AACAACGTTGCCAAACTATTAACGGCAACTACTACTCTAGCTCCGGCAACAAATTAA
 TAGACTGGATGGAGGGCGATAAAGTTGAGGACCACTCTCGCCTCGGCCCTCCGGCTGGC
 TGGTTTATTGCTGATAAATCTGGAGCCGGTGAACGGTGGGTCTCGCGGTATCATTGCAGCACT
 GGGGCCAGATGGTAAGCCCTCCGTATCGTAGTTATCTACACGACGGGAGTCAGGCAACTA
 TGGATGAACGAAATAGACAGATCGCTGAGATAGGTGCCTCACTGATTAAGCATTGGTAACG
 TCAGACCAAGTTACTCATATATACTTAGATTGATTTAAACTCATTAAATTAAAG
 GATCTAGGTGAAGATCCTTTGATAATCTCATGACCAAAATCCCTAACGTGAGTTTCGT
 TCCACTGAGCGTCAGACCCCTAGAAAAGATCAAAGGATCTTCTGAGATCCTTTCTG
 CGCGTAATCTGCTGCTTGCACAAAAACACCAGCTACCGCGGTGGTTGCTGCCGA
 TCAAGAGCTACCAACTCTTTCGAAGGTAACGGCTTCAGCAGAGCGCAGATAACAAATA
 CTGTCCTCTAGTGTAGCGTAGTTAGGCCACCACTCAAGAACTCTGTAGCACCGCCTACA
 TACCTCGCTCTGCTAACCTGTTACCAAGTGGCTGCTGCCAGTGGCGATAAGTCGTGCTTAC
 CGGGTTGGACTCAAGACGATAGTTACCGATAAGGCGCAGCGGTGGCTGAACGGGGGTT
 CGTGCACACAGCCCAGCTGGAGCGAACGACCTACACCGAACTGAGATAACCTACAGCGTGA
 CTATGAGAAAGGCCACGCCCTCCGAAGGGAGAAAGCGGACAGGTATCCGTAAGCGGCAG
 GGTCGGAACAGGAGAGCGCACGAGGGAGCTCCAGGGGAAACGCCGGTATCTTATAGTC
 CTGTCGGGTTTCGCCACCTCTGACTTGAGCGTCATTGTGATGCTGTCAGGGGGCG
 AGCCTATGGAAAAACGCCAGCAACGCCCTTTACGGTTCCCTGGCTTTGCTGCCCTT
 TGCTCACATGTTCTTCGTTATCCCTGATTCTGTGATAACCGTATTACGCCCTTG
 AGTGAGCTGATACCGCTCGCCGAGCGAACGACCGAGCGCAGCGAGTCAGTGAGCGAGGAA
 GCGGAAGAGGCCAATACGCAAACGCCCTCCCCGCGGTGGCCGATTCAATTAGCAG
 CTGGCACAGGTTCCGACTGGAAAGCGGGCAGTGAGCGCAACGCAATTATGTGAGTT
 AGCTCACTCATTAGGCACCCCAAGGTTACACTTATGCTTCCGGCTCGTATGTTGTGGA
 ATTGTGAGCGGATAACAATTACACAGGAAACAGCTATGACCATGATTACGCCAAGCTTGT
 TGTAAAACGACGCCAGTGAATTGAGCTCGTACCCGGGATCC**TCTAGTGAATGTTCACT**
TCGATATTTAGCAAGGGTTAAAGTCGCAGGCATGTAAGTGCTCAATATTGCGCATCAGG
AGCAATTTCGCCGCACTGATTGTTCAAAAGTCAGGCCAACATGAGTTAATTTCATTG
GTTAAATACGCAAATGTTTTCCGTTGAGCGAAGGCCATCGTGGCGCGAAACTTT
AATCCCCATGCCCTGTGTTCTTGTAGATCTGACGCCAACAGACAAAAAGCTCTGGGA
ACGAGGTTGTGCGAGGAGTCGTAGCTCGTTAGGCAAATACCCACATAAAAATAGATCG
CAGTAGGAAATTGCTAATTCTAGTCTCTAATTCAAATGCTAATCTACCCATGGGAAC
GAGGATGGGCTTGTGTTAGTTGAAACTAATGGGTGTTGAGTTTCAGGCTGTTCTTATT
TAATTTTAATTTCATGATTGTTCTTATGTTGGCTATTACTGC
AATTTTCCAATCTGTTAGTAGCTTCCCTTAGCTACTAGAAGAGTGTCCATAT
ATTGGCCTTTCTTCTGCGTGCACAAATCTGAGATTGTTGAATGTTATTTTAAAAA
CTGTCAGCTGTTACAGCTGATGTTCAAGTAATTCTAATCCGTTGCTGCTAAAAAATAA

ACTGTTAAGGGGTGGATTAGTGCTTCATACTTCAATTTGTTATATATTTGTTATAAAGC
 TAGACACACCTGTACTTCAAAACATAAGAAAAATGTCGTTAGCGTTCTTGAACCTTAA
 CCATTTAAATTAGTCAAAACGAGAGTTATATAGAGTTACTCATGAAAACCACGTCAA
 ACTAAAACCTTCTCATCGTACAGTATTGAGGTTTATTGTCAGGTTGTAAGTTGCC
 CGTGTGATTTGTTAGAAACGTGAACAACAAACAGTGCTGTACAGGATGGTGCAGGGAC
 AATCTAAATTACATAAAAAACATAACGGTGCCTCTATAATGCCATAAAATAGTTGCT
 GAACTCTCCTTCATCGTGTGTTCAATGAAAAACTTAAATAGACTGCGAAGGAG
 TCAACTTCGCTGGATACATGGTTCTATTAGCGTTAATACAATAGGTCTGTTGTA
 CATTGTTGAAACTAAATTGACGTTCTTCTGTTGTAAGGAAATTGATATATTTAGAC
 AAAAAAAATGCAAAGCATTGTAACCTATGCTGCAACTAAACTTTCCAATAAATTCGATCTT
 CAAAAATGTATGATCTGTTGAGAATGTCGAACCATGAGTTAGGAAAAATTACTGTC
 ATGAGAAAAAAAGAAGAAAATAGCCCCGGCAGGGATTAGCTAAAAACTTAAAGAAAA
 AAAAAACGACCGGAAGAAATATTTTATGGTCTTCGGAACATTGTCATTTATATGATGCTC
 GTAGAAACCACCTTAATCGTATCTCATTAAAATTCAACATTCTGCATGTTGTTATGAG
 CTTCGAGGGTTGTTGTCATATTCAAGGGGTATATAAAAAAATTATTTGTTGAAATT
 AAAACAAGTCATAATTAAAATGGTCTTTATTGCAATTATTTAATGCAGTTAGAAC
 TTGCTAGAAAAATATAGAAAAATTAAAGAACACTTAAATACTCGACATAATTTCTGTT
 TTCCAACCCCCGTACAATCAAAAGCGTTCTATTGTTGAGTCAAACAATGAACTTGCACG
 CAGAATGTTCTTTGCCATATATGGTTAGAAAACTGCTATCGTATGAGCTTAAATT
 CAGCCCGGAGACAAAACGCCCTCACAGGTTATTACGAACTTAAAGTAACATTGACAAGAC
 GTTCATTTCTCTTACACTTCGTTAAACTAACTCAAAATGGCGATGATGATGTTG
 CTGCTCTCGTAGACAATGGATCTGGTATGTGCAAAGCTGGATTGCTGGAGATGATGCT
 CCAAGAGCTGTCCTCCCTCAATCGTGGACGTCCCCGTATCAGGGAGTCATGGTTGGTAT
 GGGACAAAAAGCGGCCGCTGCAGCCCCGGTAGAAAAATGAGTAAAGGAGAAGAACTTTCA
 CTGGAGTTGTCCTAATTCTGTTGAATTAGATGGTATGTTAATGGCACAAATTCTGTC
 AGTGGAGAGGGTGAAGGTGATGCAAACATA CGAAAACTTACCCCTAAATTATTTGCACTAC
 TGGAAAATACCTGTTCCATGGCCAACACTGTCACTACTTCTGTTATGGTGTCAATGCT
 TTTCAAGATAACCAGATCATATGAAACGGCATGACTTTCAAGAGTGCCATGCCGAAGGT
 TATGTACAGGAAAGAACATATTTCAAAGATGACGGAACTACAAGACACGTGCTGAAGT
 CAAGTTGAAGGTGATACCCTGTTAATAGAACGTTAAAGGTATTGATTAAAGAAC
 ATGGAAACATTCTGGACACAAATTGGAATACAACACTACACACAATGTATACATCATG
 GCAGACAAACAAAAGAATGGAATCAAAGTTAACCTCAAATTAGACACAAACATTGAAAGATGG
 AAGCGTTCAACTAGCAGACCATTATCAACAAAATCTCAATTGGCGATGGCCCTGTCTTT
 TACCAAGACAACCATTACCTGTCACACAATCTGCCCTTCAAGATCCCACGAAAAGAGA
 GACCACATGGCCTTCTGAGTTGTAACAGCTGCTGGATTACACATGGCATGGATGAACT
 ATACAAATAGCATTGTAAGATTCAAATTGATTATTTACTGGACTATTTTACATC
 TGTTGGTTATTTCACATTATTTCTATATATCTTATAAACGTTTAAACCCATGT
 AATTTTGTAAAGCTGTAATATAAAAGACGTCCTAACAAACTCTTTATTACTGAATT
 TTTAATTATAATAACAAGTTAAATCAACTGTTTAACTTGGATGGCTTAAGTACTGACTCGT
 GATTTGTTATTTATTAGAAAAGCTGCTATTAACTTTGTTCTTAATTACTGATTA
 AATTGTCGCTTAATTCAAATCAGGTTTGCCTGCGTTATTAGAGAAAAACTTATTAGAA
 AAATGAATAAGCAAAGTTAGGCTAACATGTTTTTATTATTTAAATAGTCAAGTCAAT
 GACGTATAAAATGCATTGCAAAAAATTAAAGTAACCCTATAAACCTAGCAATAGTAGATA
 CTGGATGCAAGCATTCACTGAGCATTGCATATCTGCTGTCTTACGTACAAATAACAGCA
 AAAATGGACCTTATTGGCTTCACATCGTCAAAACATGTTATGGACTGTCACAAAT
 GTGTTAAGTATACAGAGCTAGCTCTGATGTTGATCACTAGTCGGCGTACGGGTG
 GTCTCGCGCGTTGGTGTGACGGTGAACACATGCAAGCTCCGGAGACGGTC
 ACAGCTTGTCTGTAAGCGGATGCCGGAGCAGACAAGCCGTCAGGGCGCGTCAGCGGGTGT
 TGGCGGGTGTGGCTTAACATGCGGCATCAGAGCAGATTGACTGAGAGTGCACC

ATATGCGGTGTGAAATACCGCACAGATGCGTAAGGAGAAAATACCGCATCAGGCCCTTAA
GGGCCTCGTATACGCCATTAGTTATAGGTTAATGTCATGATAATAATGGTTCTTAGACGT
CAG

7.2.2.2 *HeActII51ASActeGFPHeEF1alpha* (Klon A3)

<i>BluescriptSK</i>	2221bp
(+ ApaI-Adaptor; ohne: Primer-Bindestellen, Polylinker, LacZ, f1-origin)	
<i>Linker</i>	6bp
<i>HeActII</i> (5`regul. Reg.)	1976bp
<i>51ASActII</i>	153bp
<i>NotI-Cassette</i>	27bp
<i>eGFP</i>	714bp
<i>HeEF1alpha</i> (3`regul. Reg.)	1226bp

GTGGCACTTTGGGGAAATGTGCGCGAACCCCTATTTGTTATTTCTAAATACATTCA
AATATGTATCCGCTCATGAGACAATAACCTGATAATGCTCAATAATATTGAAAAAGGAA
GAGTATGAGTATTCAACATTCGGTGTGCCCTTATCCCTTTTGCGGCATTTGCCCTC
CTGTTTGCTCACCCAGAAACGCTGGTGAAAGTAAAGATGCTGAAGATCAGTGGGTGCA
CGAGTGGTTACATCGAACTGGATCTAACAGCGTAAGATCCTGAGAGTTTCGCCCGA
AGAACGTTCCAATGATGAGCACTTAAAGTTCTGCTATGTGGCGGGTATTATCCGTA
TTGACGCCGGCAAGAGCAACTCGGTCGCCGCATACACTATTCTCAGAATGACTGGTTGAG
TACTCACCAGTCACAGAAAAGCATCTTACGGATGGCATGACAGTAAGAGAAATTATGCAGTGC
TGCCATAACCATGAGTGATAACACTGCGGCCACTTACTTCTGACAACGATGGAGGACCGA
AGGAGCTAACCGTTTGACAAACATGGGGATCATGTAACTCGCCCTGATCGTTGGAA
CCGGAGCTGAATGAAGCCATACCAAACGACGAGCGTGACACCACGATGCCCTGAGCAATGGC
AACAACGTTGCCAAACTATTAACGGCAACTACTACTCTAGCTCCGCCAACAAATTAA
TAGACTGGATGGAGGCGATAAAAGTTGCAGGACCACTCTCGCCTCGGCCCTCCGGCTGGC
TGGTTATTGCTGATAAAATCTGGAGCCGGTGAGCGTGGGTCTCGCGGTATTCAGCAGCACT
GGGCCAGATGGAAGCCCTCCGTATCGTAGTTATCTACACGACGGGAGTCAGGCAACTA
TGGATGAACGAAATAGACAGATCGTGAGATAGGTGCCTCACTGATTAAGCATTGTAACTG
TCAGACCAAGTTACTCATATACTTAGATTGATTAAAACCTCATTTAATTAAAAG
GATCTAGGTGAAGATCCCTTTGATAATCTCATGACCAAAATCCCTAACGTGAGTTTCGT
TCCACTGAGCGTCAGACCCGTAGAAAAGATCAAAGGATCTTGTGAGATCCTTTCTG
CGCGTAATCTGCTGCTTCAAACAAAAACACCACCGTACCAAGCGTGGTTGTTGCCGA
TCAAGAGCTACCAACTCTTTCCGAAAGGTAACGGCTTCAGCAGAGCGCAGATACCAAATA
CTGCTCTAGTGTAGCCGTAGTTAGGCCACCTCAAGAAACTCTGTAGCACCGCCTACA
TACCTCGCTCTGCTAATCCTGTTACAGTGGCTGCGACTGGCGATAAGTCGTGTCTTAC
CGGGTGGACTCAAGACGATAGTTACCGGATAAGGCGCAGCGTGGCTGAACGGGGGTT
CGTGCACACAGCCCAGCTGGAGCGAACGACCTACACCGAACTGAGATACCTACAGCGTGAG
CTATGAGAAAGGCCACGCTCCGAAGGGAGAAAGGCGGACAGGTATCCGTAAGCGGCAG
GGTCGGAACAGGAGAGCGCACGAGGGAGCTCCAGGGGAAACGCCCTGGTATCTTATAGTC
CTGTCGGGTTCGCCACCTCTGACTTGAGCGTCGATTTGTGATGCTCGTCAGGGGGCGG
AGCCTATGGAAAAACGCCAGCAACCGCCCTTTACGGTCTGGCTTTGCTGGCCTTT
TGCTCACATGTTCTTCCTGCGTATCCCTGATTCTGTGGATAACCGTATTACGCCCTTG
AGTGAGCTGATACCGCTGCCGCAGCGAACGACCGAGCGCAGTCAGTGAGCGAGGAA

GCGGAAGAGGCCAATACGCAAACCGCCTCTCCCCGCGCGTGGCCGATTCAATTAAATGCAG
 CTGGCACGACAGGTTCCGACTGGAAAGCGGGCAGTGAGCGCAACGCAATTAAATGTGAGTT
 AGCTCACTCATTAGGCACCCCAGGCTTACACTTATGCTTCGGCTCGTATGTTGTGGA
 ATTGTGAGCGGATAACAATTACACAGGAAACAGCTATGACCATGATTACGCCAAGCTTGT
 TGTAAAACGACGCCAGTGAATTGAGCTCGTAGCCGGGATCC**TCTAGT****GAATGTTCACT**
 TCGATATTTAGCAAGGCCGTTAAAGTCGCAGGCATGTAAGTGCTCAATATTGCGCATCAGG
 AGCAATTTCGCCGCACTGATTGTTCAAAAGTCAGGCCAACATGAGTTAATTTCAGTGC
 GTTAAATACGCAAAATGTTTTCCGTTGAGCGAAGGCCATCGTGGCGCGAAACTTT
 AATCCCCATGGCCTGTGTTCTCTTGTAGATCTGACGCCAACAGACAAAAAGCTCTGGGA
 ACGAGGTTGTGCGAGGAGTCGTAGCTCGTAGGCCAAATACCCACATAAAAATAGATCG
 CAGTAGGAAATTGCTAATTCTAGTCTCTAATTCAAATGCTAATCTACCCATGGAAC
 GAGGATGGGCTTGTGTTAGTTGAAACTAATGGGTGTTGAGTTTCAGGCTGTTCTTATT
 TAATTTTAATTTCATGATTGCTGTTCTTATGTTGGCTATTACTGC
 AATTTTCCAATCTGTTAGTAGCTTCTCTAGCTACTAGAAGAGTGTCCATAT
 ATTGGCCTTTCTTCTGCGTCAACAATCTGAGATTGTTGAATGTTATTTTAAAA
 CTGTCAGCTGTTACAGCTGATGTTCAAGTAATTCTAATCCGTTGCTGCTAAAAATAAA
 ACTGTTAAGGGGTGGATTAGTGCTTCATACTTCAATTGTTATATATTGTTATAAGC
 TAGACACACCTGTACTTCAAAACATAAGAAAAATGCTGTTAGCGTTCTTGAACCTTAA
 CCATTTAAATTAGTCAAAACGAGGTTATATAGAGTTACTCATTGAAAACCACGTTCAA
 ACTAAAACTTCTCATGCGTACAGTATTGAGGTTTATTGCTACGTTGAAAGTTGCC
 CGTGTGATTTGTTAGAACGTGAACAACAAACAGTGCTGTACAGGATGGTGTAGGGAC
 AATCTAAATTACATAAAAACATAACGGTTGCGTTCTATAATGCCATAAAATGTTGCT
 GAACTCTCCTCATCGTGTGTTCAATGAAAAACTTAAAGTACTGCGAAGGAG
 TCAACTTTCGCTGGATACATGGTTCTATTGAGCTTAAACATAGGTCTTGTGTTGTA
 CATTGTTGAAACTAAATTGACGTTCTTCTTCTGTTCTGGTAAAAATTGATATTTAGAC
 AAAAAATGCAAAGCATTGTAACCTATGCTGCAACTAAACTTCCAATAATTGATCTT
 CCAAAATGTATGATCTGTTGAGAATGTCGAACCATGAGTTAGGAAAAATTACTGTACGT
 ATGAGAAAAAGAAGAAAATAGCCCCGGCAGGGATTAGCTAAAAACTTAAAAAGAAAA
 AAAAAACGACCGGAAGAAATTGTTATGGTCTCGGAACATTGTCATTATGATGCTC
 GTAGAAACCACCTTAATCGCTATCTCATTAAACATTGCTGATGTTGTTATGAG
 CTTTCGAGGGTTGTTGTCATATTGAGGGTATATAAAAAATTGTTGTTGAAATT
 AAAACAAGTCATAATTAAATGGTCTTTATTGCAATTATTGTTATGCAAGTTAGAATCAC
 TTGCTAGAAAATATAGAAAAATTAAAGAACACTTAAATACTCGACATAATTGTT
 TTCCAACCCCCGTACAATCAAAGCGTTCTATTGTTGAGTCACAAACATGAACTTGCACG
 CAGAATGTTCTTGCATATGGTTAGAAAACCTGCTATCGTATGAGCTAAATTG
 CAGCCGGAGACAAAACGCCCTCACCAAGGTTCTTACGAACCTAAAGTAACATTGACAAGAC
 GTTCATTCTCTTCTTACACTTCGTTAAACTAACTCAAAATGCCGATGATGATGTTG
 CTGCTCTCGTAGACAATGGATCTGGTATGTCAGCTGGATTGCTGGAGATGATGCT
 CCAAGAGCTGTCTCCCTCAATCGTGGACGTCCCCGTATCAGGGAGTCATGGTTGGTAT
 GGGACAAAAAGCAGGGCGCTGCAGCCCCGGTAGAAAAATGAGTAAAGGAGAAGAACATT
 CTGGAGTTGTCCTTGTGATTAGATGGTGTGTTAATGGCACAATTTCGTC
 AGTGGAGAGGGTGAAGGTGATGCAACATACGGAAAACCTACCCCTAAATTGTTGCAACTAC
 TGGAAAACCTGTTCCATGGCCAACACTGTCACTACTTCTGTTATGGTGTGTTCAATGCT
 TTTCAAGATAACCCAGATCATATGAAACGGCATGACTTTCAAGAGTGCCATGCCGAAGGT
 TATGTACAGGAAAGAACTATATTGTTCAAGATGACGGAACTACAAGACACGTGCTGAAGT
 CAAGTTGAAGGTGATAACCTGTTAATAGAATCGAGTTAAAGGTATTGATTTAAAGAAG
 ATGGAAACATTCTGGACACAAATTGGAATACAACACTACACACAATGTATACATCATG
 GCAGACAAACAAAAGAATGGAATCAAAGTTAACCTCAAAATTAGACACACAATTGAAAGATGG
 AAGCGTTCAACTAGCAGACCATTATCAACAAAATCTCAATTGGCGATGGCCCTGTCCTT
 TACCAAGACAACCATTACCTGTCCACACAATTGCGCTTGCAGGAGATCCAAACGAAAAGAGA

GACCACATGGCCTTCTGAGTTGTAACAGCTGCTGGATTACACATGGCATGGATGA
 ATACAAATGACCTATGAAAATTAAACTGCATAATGTTTCCGA
 GAAAACATTAAAGGAGGAAAAACATGTAATTCTGTCAA
 TTGTTTCTTCACTTAAGGAAGGATACGGTAGACCATTGACACATGTT
 AAAATATCTCCTAACAAAATTCGCGAAAAAACTGGA
 ACAGAATGGAGAAAAAAATTCCAA
 AAAAAAGAACGCCCTCCCTGTTATGGCTTGTA
 ACTCCCCTCCATCAATTTCATT
 TAAAAAAACATCGCTGTATTGCTCTTATTAGCT
 TACAATATCTTATTACATCTTCAAA
 AAATTTCGTTCTCAAGTTGCATTGCTAA
 ATTACTACATAATCCACGA
 GTTTGATGAATCATAATTGATAATTATTCAA
 ATTAGAAATAAAAAAAACAAGAATTGTA
 GCCAGGCAGACGTATGGTGGCCGAGA
 ACTGCCACACGAAAAACTTTGTTAATTGCGTTTA
 ATTTATTATTAAATTCTTTTATTAA
 ATTAAAGCTAAGAACAGTTGAAGGCTTTCAAGT
 TAAGTGTCTTGA
 AAGAAAGTGCAATT
 CATTGTTCTCATTCTAA
 ATGTTACCAATGAA
 ATCCTTACATGTTCT
 AATGAAAAGGAGGAA
 ATCTGAACCTTA
 ATTACCTGGT
 ATATGGTGGCCGAGA
 ACTGCCACA
 CGAAAAACTCTGTT
 ATTGCGTTAATTG
 ATTATTTATAA
 ATTAAATT
 ATTCT
 TTTTTGTTTATTAA
 ACTTTATT
 TACTTTAATTCA
 ATTATTTAATTG
 CTTTT
 CTATT
 TAGGCAGCGTT
 TACATGGAGCCC
 TAGTGAGTT
 CAAACCG
 GTT
 GAGATTT
 CACTA
 CGGCT
 CGATT
 TCA
 ATACGGTT
 GACGGTCA
 AGTT
 CTA
 ATAGCGTT
 ACATGAGT
 ACACCC
 GTACT
 CAAAGTC
 GAACCG
 GTT
 GAAATT
 AACTACGG
 AGT
 GAGAA
 ATAGG
 GTGAGATT
 AAA
 ACCGG
 TTG
 AAAAGCT
 CATGTA
 AACAGG
 ACCG
 CGG
 ACCGG
 GTT
 GGCT
 GTATCG
 ATGT
 ATCTA
 CGCG
 GAATT
 TGATA
 AAATCT
 GTTGC
 CGC
 GGGCCC

7.2.2.3 *HeActII51ASActeGFP* (Klon A3)

<i>BluescriptsK</i>	2221bp
(+ ApaI-Adaptor ; ohne: Primer-Bindestellen, Polylinker, LacZ, f1-origin)	
<i>Linker</i>	6bp
<i>HeActII</i> (5`regul. Reg.)	1976bp
<i>51ASActII</i>	153bp
<i>NotI-Cassette</i>	27bp
<i>eGFP</i>	714bp
<i>HeActII</i> (3`regul. Reg.)	1569bp

GTGGCACTTTGGGGAAATGTGCGCGGAACCCCTATTGTTATTCTAA
 ATATGTATCCGCTCATGAGACAATAACCTGATA
 AAATGCTCAATAATATTGAAAAAGGAA
 GAGTATGAGTATTCA
 AACATTCCGTGTCGCCCTTATTCC
 CTTTGCGCATT
 TCGTTTGCTCACCC
 AGAACGCTGGT
 GAAAGTAAAAGATGCT
 GAAGATCAGTTGGGTGCA
 CGAGTGGGTT
 ACATCGA
 ACTGGATCTCA
 ACAGCGG
 TAAGATCCT
 TGAGAGTT
 TCGCCCCGA
 AGAACGTT
 CCAATGATGAG
 CACTTTAAAG
 TTCTGCT
 ATGTGGCGGG
 TATTATCCCGTA
 TTGACGCC
 GGGCAAGAGCA
 ACTCGGTC
 GCGC
 ATACACT
 ATTCT
 CAGAATGACT
 TGGTTGAG
 TACTCACC
 AGTC
 ACAGAAAAG
 CATCTTACGG
 ATGGCAT
 GACAG
 TAAGAGA
 ATTATGC
 AGTGC
 TGCC
 ATAACC
 ATGAGT
 GATA
 AACACT
 GC
 GCG
 CCA
 ACTTACT
 TCTG
 GACA
 AC
 GAT
 CGG
 AGG
 ACC
 GCG
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT
 GC
 CCT
 GT
 TAG
 CAATGGC
 CCG
 AG
 GCT
 GAAT
 GAAG
 CC
 AT
 ACC
 AA
 AC
 G
 AC
 G
 AG
 CG
 GT
 GAC
 ACC
 AC
 G
 AT

TGGTTTATTGCTGATAAAATCTGGAGCCGGTGAGCGTGGGTCTCGCGGTATCATTGCAGCACT
 GGGGCCAGATGGTAAGCCTCCCGTATCGTAGTTATCTACACGACGGGAGTCAGGCAACTA
 TGGATGAACGAAATAGACAGATCGCTGAGATAGGTCGCTCACTGATTAAGCATTGTAAC TG
 TCAGACCAAGTTACTCATATATACTTAGATTGATTAAAACCTCATTTAATTAAAAG
 GATCTAGGTGAAGATCCCTTTGATAATCTCATGACCAAAATCCCTAACGTGAGTTTCGT
 TCCACTGAGCGTCAGACCCGTAGAAAAGATCAAAGGATCTTCTTGAGATCCTTTCTG
 CGCGTAATCTGCTGCTTGCACAAAAAAACCACCGCTACCGCGTGGGTTGTTGCCGGA
 TCAAGAGCTACCAACTCTTCCGAAGGTAACTGGCTTCAGCAGAGCGCAGATAACCAAATA
 CTGTCCTCTAGTGTAGCCGTAGTTAGGCCACCTCAAGAACTCTGTAGCACCGCCTACA
 TACCTCGCTCTGCTAATCCTGTTACAGTGGCTGCTGCCAGTGGCGATAAGTCGTCTTAC
 CGGGTTGGACTCAAGACGATAGTTACCGGATAAGGCAGCGGCTGAGGATACCTACAGCGT GAG
 CTATGAGAAAGCGCCACGCCAGCTCCGAAGGGAGAAAGCGGAGACAGGTATCCGTAAGCGG CAG
 GGTGCGAACAGGAGAGCGCACGAGGGAGCTCCAGGGGAAACGCCGGTATCTTATAGTC
 CTGTCGGGTTTCGCCACCTCTGACTTGAGCGTCGATTTGTGATGCTCGTCAGGGGGCGG
 AGCCTATGGAAAAACGCCAGCAACGCCCTTTACGGTCTGCCCTTGTGGCCTTT
 TGCTCACATGTTCTTCTGCGTTATCCCCTGATTCTGTGGATAACCGTATTACGCCCTTG
 AGTGAGCTGATACCGCTGCCGAGCGAACGACCGAGCGAGCGAGTCAGTGAGCGAGGAA
 GCGGAAGAGCGCCCAATACGCAAACGCCCTCTCCCGCGCTGGCGATTCAATTAGCAG
 CTGGCACGACAGGTTCCGACTGGAAAGCGGGCAGTGAGCGCAACGCAATTATGTGAGTT
 AGCTCACTCATTAGGCACCCAGGCTTACACTTATGCTCCGGCTCGTATGTTGTGGA
 ATTGTGAGCGGATAACAATTACACAGGAAACAGCTATGACCATGATTACGCCAAGCTTGT
 TGTAAAACGACGGCCAGTGAATTGAGCTCGGTACCCGGGATCC**TCTAGTGAATGTTCACT**
TCGATATTTAGCAAGGGTTAAAGTCGCAGGCATGTAAGTGCTCAATATTGCGCATCAGG
AGCAATTTCGCCGACTGATTGTTCAAAAGTCAGCCAACATGAGTTATTTTACTTGC
GTTAAATACGCAAATGTTTTTCCGTTGAGCGAACGCCATCGTGGCGCAAACACTTT
AATCCCCATGCCGTGTTCTTTGTTAGATCTGACGGCGAACAGACAAAAAGCTCTGGGA
ACGAGGTTGTGCAGGAGTCGTAGCTCGTTAGGCAAATACCCACATAAAATAGATCG
CAGTAGGAAATTGCTAATTCTAGTCTCTCAATTCAAATGCTAATCTACCCATGGGAAC
GAGGATGGCTGTGTTAGTTGAAACTAATGGGTGTTGAGTTTCAGGCTGTTCTTATT
TAATTTTAATTTCATGTTAAATGTTAAATCATGATTGTTCTTATGTTGGCTATTACTGC
AATTTTCAAATCTGTTAGTAGCTTCTCTTAGCTACTAGAAGAGTGTCCATAT
ATTGGCCTTTCTTCTGCGTCAACAACTGAGATTGTTGAATGTTATTTTAAAAA
CTGTCAGCTGTTACAGCTGATGTTCAAGTAATTCTAATCCGTTGCTGCTAAAATAAA
ACTGTTAAGGGGTGGATTAGTGCCTCATACTTCAATTGTTATATTTGTTATAAGC
TAGACACACCTGTACTTCAAAACATAAGAAAAATGTCGTTAGCGTTCTTGAACCTTAA
CCATTTAAATTAGTCAAACGAGAGTTATATAGAGTTACTCATGAAAACCACGTTCAA
ACTAAAACTTCTCATGCGTACAGTATTGAGTTTATTGTCAGGTTGAAAGTTGCC
CGTGTGATTTGTTAGAAACGTAACAAACAAACAGTGCTGTACAGGATGGTGCAGGGAC
AATCTAAATTACATAAAAACATAACGGTTGCGTTCTATAATGCCATAAAATAGTTGCT
GAACCTCTCCTTCATCGTGTGTTCAATGAAAACCTTAAAGACTGCGAAGGAG
TCAACTTCGCTGGATACATGGTTCTATTAGCGTTAATACAATAGGTCTGTTGTA
CATTGTTGAAACTAAATTGACGTTCTTCTGTTCTGGTAAAAATTGATATTTAGAC
AAAAAAATGCAAAGCATGTAACCTATGTCGAACAACTTTCCAATAATTGATCTT
CCAAAATGTATGATCTGTTGAGAATGTCGAACCATGAGTTAGGAAAAATTACTGTACGT
ATGAGAAAAAAAGAAGAAAATAGCCCCGGCAGGGATTAGCTAAAAACTTAAAGAAAAA
AAAAACGACCGGAAGAAATATTTCATGGTCTCGGAACATTGTCATTTATGATGCTC
GTAGAAACCACCTTAATCGTATCTCATTAAAATTCAACATTCTGCATGTTGTTATGAG
CTTCGAGGGTTGTTGCCATATTCAAGGGGTATATAAAAAAATTATTTGTTGAAATT
AAAACAAGTCATAATTAAATGGTCTTTATTCAATGCAATTATTTAATGCAGTTAGAATCAC

7.2.3 HeActIII

7.2.3.1 HeActIII51ASActeGFPHydraTerm (Klon H3)

<i>BluescriptSK</i>	2162bp
(ohne: Primer-Bindestellen, Polylinker, LacZ, f1-origin)	
<i>HeActIII</i> (5`regul. Reg.)	1850bp
<i>51ASActIII</i>	153bp
<i>NotI-Cassette</i>	27bp
<i>eGFP</i>	717bp
<i>Linker</i>	8bp
<i>Hydra Terminator</i> (3`regul. Reg.)	707bp
<i>pUC18</i>	332bp

GTGGCACTTTGGGGAAATGTGCGCGGAACCCCTATTGTTATTTCTAAATACATTCA
 AATATGTATCCGCTCATGAGACAATAACCTGATAAATGCTCAATAATATTGAAAAAGGAA
 GAGTATGAGTATTCAACATTCCGTGTCGCCCTTATTCCCTTTGCAGGCTTTGCCTTC
 CTGTTTGCTCACCCAGAAAACGCTGGTGAAAGTAAAAGATGCTGAAGATCAGTGGGTGCA
 CGAGTGGGTTACATCGAACTGGATCTCAACAGCGTAAGATCCTTGAGAGTTTCGCCCGA
 AGAACGTTCCAATGATGAGCACTTAAAGTTCTGCTATGTGGCGCGTATTATCCGTA
 TTGACGCCGGCAAGAGCAACTCGTCGCCGCATACACTATTCTCAGAATGACTTGGTGAG
 TACTCACCAGTCACAGAAAAGCATCTTACGGATGGCATGACAGTAAGAGAATTATGCAGTGC
 TGCCATAACCATGAGTGATAACACTGCCGCAACTTACTTCTGACAACGATCGGAGGACCGA
 AGGAGCTAACCGTTTGCACACATGGGGATCATGTAACCGCTTGATCGTTGGAA
 CCGGAGCTGAATGAAGCCATACCAAACGACGAGCGTGACACCACGATGCCTGTAGCAATGGC
 AACAACGTTGCCAAACTATTAACGGCGAACTACTTACTCTAGCTCCCGCAACAATTAA
 TAGACTGGATGGAGGCAGATAAGTTGAGGACCACTCTGCGCTCGGCCCTCCGGCTGGC
 TGGTTATTGCTGATAAAATCTGGAGCCGGTGAGCGTGGGTCTCGCGGTATCATTGCA
 GGCAGATGTAAGCCCTCCGTATCGTAGTTATCTACACGACGGGAGTCAGGCAACTA
 TGGATGAACGAAATAGACAGATCGTGAGATAGGTGCCACTGATTAAGCATTGGTA
 ACTTCAGACCAAGTTACTCATATACTTGTAGTTAAAACCTCATTAAATTAAAAG
 GATCTAGGTGAAGATCCTTTGATAATCTCATGACCAAAATCCCTAACGTGAGTTCTG
 TCCACTGAGCGTCAGACCCGTAGAAAAGATCAAAGGATCTTCTGAGATCCTTTCTG
 CGCGTAATCTGCTGCTGAAACAAAAACACCGCTACCGAGCGTGGTTGTTGCCGGA
 TCAAGAGCTACCAACTCTTCCGAAGGTAACGGCTTCAGCAGAGCGCAGATAACAAATA
 CTGTCCTCTAGTGTAGCCGTAGTTAGGCCACCACTCAAGAACTCTGAGCACCGCCTACA
 TACCTCGCTCTGCTAACCTGTTACCAAGTGGCTGCGTAGTGGCGATAAGTCGTGCTTAC
 CGGGTTGGACTCAAGACGATAGTTACCGGATAAGGCGCAGCGGTGGCTGAACGGGGGTT
 CGTCACACAGCCCAGCTGGAGCGAACGACCTACACCGAAGTACGCGTGG
 CTATGAGAAAGCGCCACGCTTCCGAAGGGAGAAAGGCGGACAGGTATCCGTAAGCGGCAG
 GGTCGGAACAGGAGAGCGCACGAGGGAGCTCCAGGGGGAAACGCGTGGTATCTTATAGTC
 CTGTCGGGTTGCCCCACTCTGACTTGAGCGTCGATTTGTGATGCTCGTCAGGGGGCG
 AGCCTATGAAAAACGCCAGCAACCGGCCCTTTACGGTTCCCTGGCTTTGCTGGCCTT
 TGCTCACATGTTCTTCTGCGTATCCCTGATTCTGTGGATAACCGTATTACGCCCTTG
 AGTGAGCTGATACCGCTCGCCGAGCCGAACGACCGAGCGCAGCGAGTCAGTGAGCG
 GCGGAAGAGCGCCAAACGCAAACCGCCCTCCCCGGCGTTGGCGATTCAATTAGCAG
 CTGGCACGACAGGTTCCCGACTGGAAAGCGGGCAGTGAGCGCAACGCAATTATGTGAGTT
 AGCTCACTCATTAGGCACCCCCAGGCTTACACTTATGCTTCCGGCTCGTATGTTGTG
 GGA

ATTGTGAGCGGATAACAATTCACACAGGAAACAGCTATGACCATGATTACGCC **AAGCTTT**
 GTCCGGAGT GATAAGAATGTTGATAAAGTTAAAGCATGCAGAAAGTTGACGACCTCGT
 ACCATACGCAGGGCATTCTTAAAAATCTTAATTAAACACGTCAAGGGTTGGTTATTCTTG
 CTAGTTTCTCCTCTTGAACACACCATGTTCTAATTAGTTATGAACAAATTGGTTG
 AATTTATCCGCCCTCTAAAATACACAATTACGAACATGCAAGTGATGCAAGATTGAT
 CAAGGAGGTTAAAGACTGCTGAGATGTATCTCCTCTTTAAACCTCCTGATTGAT
 CGAAATGTTTCTCGTTATGTGTGATTCAAAACCGATCGCGTATCTGTTATTATTT
 AAAGGAAGAGGTTATTTGGTTATTCTCTGATATCGACGTATTGAATAATGCGTCC
 CTCCCTACGAAGTAAATCTGCAACAAACGCAAGGATGTATTCACGCTACATGCTACAGAGAA
 AGTTACGCTTAATTAGAAAGAAAATTAAATTAAAGCAATTTCAGTGTAACTGGCGTAGC
 ATTGGTTACCTACCGAGTGCAGCCAAGGAATTGGTAAACAAAGATGCAGGAAACAAAGA
 GAAAGCCAAAATTGACACGATCTAATTCACTGTCTCTAAAGATCACCTCGGATCTCCTAG
 GTCTCAGCTTGCCTGGTTACATTAACTTCTGCTCAAATGGTCTGTTCTTACGCTAA
 TAATAAAAGCCTCTGTACCTAAAAATAAGTACTTCCTCGACGCTAAATAGCGTCTAAGAT
 GGATATGCAATCATACTGTAATTGCTGATAATTTCGCAACTTCTATGAGTTAGAAATCT
 GGCATTAAAGAAAACAAGGAAATATCAAGAATATCGAGGTAGCAACAAAAGGTACAAAAC
 GGATCCAGTCTTATTCTCTCAAGAATTGTTGTCAGTCTGAACAACCTTAATTCTATT
 ATAAAAAGGCACAAGAACATCTTGTGGAAAGTGCTATGCGAAGAGCCGATGCGACGG
 ATAAAAGCGATGACCTTATCTCTTAAAGGCATGAGCTCATATAGGAATCAACATTACCA
 ACCACTATGTATGGCAAAATTAAACAAATCGTAATCGAGACACGCATGCATAACACACCTT
 GATCAAATTGCAAAAGATTAGGGCTCTTTCAAATAAAATAAAATAAAAAATA
 ATAAACAGAAACATTAAAAATGCTATAAACGTTTACTATTCCCTACTTAAGATTGTAAA
 AACAAAAAGTTAACTACGACGCCTAAATCACTGAATACTGAAAAAATGGCTGCAAATAGAA
 GGTACAGAGAAATTCTGTCTTCTATAACGGACAAAGTAATTACATCAAGAATTATCCGG
 TATGAAAACCAACCCCTTCATTCAAATTGGAGATCATTCCAGTATGTAACAAGAAATG
 ACAGCGAACATTCTCTGAGAAAGCAACAATAATAGTGAATTGTTTCAACCATAAAAGTC
 ACGATTGTTCGCTATAAAACGGAGAACGTAGATCTGTGTTGATCTACAGTTACTCACCA
 AGTTAGAGAAGACAACACGTAGCTCTACAAAAAAATTCAAATGGCCGATGATGATGTT
 GCTGCTTATTGTCGATAATTGGATCTGGTATGTGCAAAGCTGGGTTGCTGGAGATGATGC
 TCCAAGAGCTGTCTCCCTCAATCGTCGGACGTCTCGCCATCAGGGAGTCATGGTGGTA
 TGGGACAAAAA **CGGGCCGCTGCAGCCCCGGTAGAAAAAATGAGTAAAGGAGAAGAAACTTT**
 ACTGGAGTTGCCAATTCTGTTGAATTAGATGGTATGTTAATTGGCACAATTCTGT
 CAGTGGAGAGGGTGAAGGTGATGCAACATACGGAAAATTACCCCTAAATTGTTGACTA
 CTGGAAAACACTACCTGTTCCATGGCCAACACTTGTCACTACTTCTGTTATTGTTCAATGC
 TTTCAAGATAACCCAGATCATATGAAACGGCATGACTTTCAAGAGTGCCATGCCGAAGG
 TTATGTACAGGAAAGAACTATATTCTCAAAGATGACGGAAACTACAAGACACGTGCTGAAG
 TCAAGTTGAAGGTGATACCTGTTAATAGAATCGAGTTAAAGGTATTGATTAAAGAA
 GATGGAAACATTCTGGACACAAATTGGAATACAACACTATAACTCACACAATTGAAAGATG
 GGCAGACAAACAAAGAATGGAATCAAAGTTAACCTCAAATTAGACACAACATTGAAGATG
 GAAGCGTTCAACTAGCAGACCATTACCAACAAATTCTCAATTGGCGATGGCCCTGTCCTT
 TTACCAACACCATTACCTGTCCACACAATTGCTGGGATTACACATGGCATGGATGAAC
 AGACCAACATGGCCTTGTGAGTTGTAACAGCTGCTGGGATTACACATGGCATGGATGAAC
 TATACAAATAGCATTGTA **GAATT**CACAATTGATTATATTACGGACTATTTCAT
 CTGTTGGTTATTTCACATTATTCTATATATCTTAAACGTTAAAACCCATG
 TAATTGTTAAGCTGTAATTAAAAGACGTCTAACAAACTTCTTTATTACTGAATTTC
 CTTAATTATAAAATAACAAGTTAAAATTCAAGGCAATTAAAGGCCTGAGGT
 ACTAAAATTAAATGTAACATTAAAATTACGGATGGTCTTAAGTACTGTAACCGTGT

TTGTTATACTTATTAGAAAAGTCGCTATTAACCTTTGTTCTTAATTACTTGATT
 AAATTGTCGCTTAATTATCAAATCAGGTTTGCAGCGTTATTTAGAGAAAAACTTATTAGA
 AAAATGAATAAGCAAAGTTAGGCTAACATGTTTTTATTATTTAAATAGTTCAAGTCAA
 TGACGTATAAAATGCATTGCAAAAAATTAAAGTAACCCATATAACTTAGCAATAGTAGAT
 ACTGGATGCAAGCATTCACTAGTAGCAGCATTGCATATCTGCTGCTTACGTACAAATAACAGC
 AAAAATGGACCTTATTGGCTTCACATCGTCGTAAAACATGTGTTATTGGACTTGTACACAAA
 TGTGTTAAGTATACAGAGCTTAGCTTGTGATGTTGATCACTAGTCGGCCGTACGGGCCCTT
 CGTCTCGCGCTTTCGGTGATGACGGTAAAACCTCTGACACATGCAGCTCCGGAGACGGT
 CACAGCTTGTCTGTAAGCGGATGCCGGGAGCAGACAAGCCCCTCAGGGCGCGTCAGCGGGTG
 TTGGCGGGTGTCTGGCTTAACATATGCCATCAGAGCAGATTGTTACTGAGAGTGCAC
 CATATGCCGTGTGAAATACCGCACAGATGCGTAAGGAGAAAATACCGCATCAGGCCCTTA
 AGGGCCTCGTACGCCTATTTTATAGGTTAATGTCATGATAATAATGGTTCTTAGACG
 TCAG

7.2.3.2 *HeActIII51ASActeGFP* (KlonH4)

<i>BluescriptSK</i>	2168bp
(+ ApaI-Adaptor; ohne: Primer-Bindestellen, Polylinker, LacZ, f1-origin)	
<i>HeActIII</i> (5`regul. Reg.)	1850bp
<i>51ASActIII</i>	153bp
<i>NotI-Cassette</i>	27bp
<i>eGFP</i>	714bp
<i>HeActIII</i> (3`regul. Reg.)	2160bp

GTGGCACTTTGGGGAAATGTGCGCGAACCCCTATTTGTTATTTCTAAATACATTCA
 AATATGTATCCGCTCATGAGACAATAACCCTGATAATGCTCAATAATATTGAAAAAGGAA
 GAGTATGAGTATTCAACATTCCGTGTCGCCCTTATCCCTTTGCGGCATTTGCCCTC
 CTGTTTGCTACCCAGAAACGCTGGTGAAAGTAAAGATGCTGAAGATCAGTTGGGTGCA
 CGAGTGGGTTACATCGAACTGGATCTAACAGCGGTAAGATCCTGAGAGTTTCGCCCGA
 AGAACGTTCCAATGATGAGCACTTTAAAGTTCTGCTATGTGGCGGGTATTATCCCGTA
 TTGACGCCGGCAAGAGCAACTCGGTGCCGCATACACTATTCTCAGAATGACTGGTTGAG
 TACTCACCAGTCACAGAAAAGCATCTTACGGATGGCATGACAGTAAGAGAATTATGCAGTGC
 TGCCATAACCATGAGTGATAACACTGCGGCCAACTTACTCTGACAACGATCGGAGGACCGA
 AGGAGCTAACCGCTTTGCACAAACATGGGGATCATGTAACTCGCCTGATCGTTGGAA
 CCGGAGCTGAATGAAGCCATACCAAACGACGAGCGTACACCGATGCCTGTAGCAATGGC
 AACAACGTTGCCAAACTATTAACTGGCAACTACTTACTCTAGCTCCCGCAACAATTAA
 TAGACTGGATGGAGGCGGATAAAAGTTGCAGGACCACTTCTGCGCTCGGCCCTCCGGCTGGC
 TGGTTATTGCTGATAATCTGGAGCCGGTGAGCGTGGGTCTCGCGGTATCATTGCACT
 GGGGCCAGATGGAAGCCCTCCGTATCGTAGTTACACGACGGGAGTCAGGCAACTA
 TGGATGAACGAAATAGACAGATCGCTGAGATAGGTGCGCTCACTGATAAGCATTGGTAACTG
 TCAGACCAAGTTACTCATATATACTTAGATTGATTTAAACTTCATTAAATTAAAAG
 GATCTAGGTGAAGATCCCTTTGATAATCTCATGACCAAAATCCCTAACGTGAGTTTCGT
 TCCACTGAGCGTCAGACCCGTAGAAAAGATCAAAGGATCTTCTGAGATCCCTTTCTG
 CGCGTAATCTGCTGCTTGCACAAAAAACACCGCTACCAAGCGTGGTTGTTGCCGGA

TCAAGAGCTACCAACTCTTTCCGAAGGTAACGGCTTCAGCAGAGCGCAGATAACAAATA
 CTGTCCTTCTAGTGTAGCCGTAGTTAGGCCACCCTCAAGAAACTCTGTAGCACCGCCTACA
 TACCTCGCTCTGCTAATCCTGTTACAGTGGCTGCCAGTGGCGATAAGTCGTGCTTAC
 CGGGTTGGACTCAAGACGATAGTTACCGGATAAGGCCAGCGGTCGGCTGAACGGGGGTT
 CGTGCACACAGCCCAGCTGGAGCGAACGACCTACACCGAACTGAGATAACCTACAGCGTGAG
 CTATGAGAAAGCGCCACGCCAGCTCCGAAGGGAGAAAGGGAGACAGGTATCCGTAAGCGGCAG
 GGTGCGAACAGGGAGAGGCCACGAGGGAGCTTCAGGGGAAACGCCGGTATCTTATAGTC
 CTGTCGGGTTTCGCCACCTCTGACTTGAGCGTCGATTTGTGATGCTCGTCAGGGGGCGG
 AGCCTATGGAAAAACGCCAGCAACGCCCTTTACGGTCTGCCCTTGCTGCCCTT
 TGCTCACATGTTCTTCCTGCGTATCCCTGATTCTGTGGATAACCGTATTACGCCCTTG
 AGTGAGCTGATACCGCTGCCAGCGAACGACCGAGCGAGCGAGTCAGTGAGCGAGGAA
 GCGGAAGAGCGCCCAAACGCAACGCCCTCTCCCCGCGCGTTGGCGATTCAATTAGCAG
 CTGGCACGACAGGTTCCGACTGGAAAGCGGGAGTGAGCGCAACGCAATTAAATGTGAGTT
 AGCTCACTCATTAGGCACCCAGGCTTACACTTATGCTCCGGCTCGTATGTTGTGGA
 ATTGTGAGCGGATAACAATTACACAGGAAACAGCTATGACCATGATTACGCC**AAGCTTT**
GTCCGGAGTGATAAGAATGTTGATAAAGCTTGACAAAGTTGACGACCTCGT
 ACCATACGCAGGGCATTCTAAAAATCTTAATTAAACACGTCAAGGGTTGGTTATTCTGA
 CTAGTTTTCTCCTCTTGACACACCAGTTCTAATTAGTTATGAACAATTGGTTG
 AATTTATCCGCCCTCTAAACACAAATTACGAACATGCAAGTGTGCAAGATTGATCG
 CAAGGAGGTTAAAGACTGCTGAGATGTATCTCCTCTTTAAACCTCCTGATTGATCG
 CGAAATGTTTCTCGTATGTGATTCAAAACCGATCGCGGTATCTGTATTATT
 AAAGGAAGAGGTTATATTTGGTTATTCTCTGATATCGACGTATTGAATAATGCGTCC
 CTCCCTACGAAGTAAATCTGCAACAAACGCAAGGATGTATTACGCTACATGCTACAGAGAA
 AGTTTCACGCTTAATTAGAAAAGAAAATTAAATTAGCAAGTGTAACTGGCGTAGC
 ATTGGTTTACCTACCGAGTCAGCCAAGGAACCTGGTAAACAAAGATGCAGGAAACAAAGA
 GAAAGCCAAAATTGACACGATCTAATTCACTGTCTCTAAAGATCACCTCGATCTCCTAG
 GTCTCAGCTTGGCGGTTACATTAACCTTCGCTCAAAATGGTCTGTTCTTACGCTAA
 TAATAAAAGCCTCTGTACCTAAAAATAAGTACTTCCTCGACGCTAAACAGCTAAGAT
 GGATATGCAATCATACTGTAATTGCTGATAATTGCTGACTTCTATGAGTTAGAAATCT
 GGCATTAAAGAAAACAAGGAAATTCAAGAATATCGAGGTAGCAACAAAAGGTACAAAAC
 GGATCCAGTCTTATTCTCTCAAGAATTGTTGTCAGTCTGAACAAACTTAATTCTATT
 ATAAAAAGGCACAAGAACATCTTTAGTGGGAAGTGCTATGCGAAGAGCCGATGCGACGG
 ATAAAAGCGATGACCTTATCTCTAAAGGCATGAGCTCATATAGGAATCAACATTACCA
 ACCACTATGTATGGCAAAATTAAACAAAATCGTAATCGAGACACGCATGCATAACACACCT
 GATCAAATTGCAAAAGATTAGGGCTCTTTCAAAATAAAATAAAATAAAAAATA
 ATAAACAGAAACATTAAAAATGCTATAAACGTTTACTATTCCCTACTTAAGATTTGTA
 AACAAAAAGTTAACTACGACGCCAAATCACTGAATACTGAAAAAATGGCTGAAATAGAA
 GGTACAGAGAAATTCTGTCTTCTATAACGGACAAAGTAATTACATCAAGAATTATCCGG
 TATGAAAACCAACCCCTTCATTCAAATATTGGAGATCATTCCAGTATGTAACAAGAAATG
 ACAGCGAACATTCTTCTTCTATATGGACTTCTCGTCCCACAAAACACACATTGTC
 GAAATAAGTTCATGCACGCTTAAAGTTGTTGTCATAAGACTTCATTGTTGTTATTACTCT
 CGCGTGTATAGAAAGAGACGTGATTCAAAACAAAGGATTCTCGAGGACAATAACATGAC
 TCAAACGAGCCTCTGAGAAAGCAACAATAATAGTGAGTTGTTTCAACCATAAAAGTT
 ACGATTGTTCGCTATAAAACGGAGAACGTAGATCTGTGTTGATCTACAGTTACTCACCA
 AGTTAGAGAAGACAACACGTAGCTACAAAAACAAATTCAAAATGGCGATGATGATGTT
 GCTGCTTAGTTGTCGATAATGGATCTGGTATGTGCAAAGCTGGGTTGCTGGAGATGATGC
 TCCAAGAGCTGTCTCCCTCAATCGTCGGACGTCCCGCCATCAGGGAGTCATGGTTGGTA
 TGGGACAAAAA**GCGGCCGCTGCAGCCCCGGTAGAAAAAATGAGTAAAGGAGAAGAACTTT**
ACTGGAGTTGTCCTCAATTCTGTTGAATTAGATGGTGTGTTAATGGGACAAATTCTGT
CAGTGGAGAGGGTGAAGGTGATGCAACATACGGAAAACCTACCCCTAAATTGACTA

CTGGAAAACACTACCTGTTCCATGCCAACACTTGTCACTACTTCTGTTATGGTGTCAATGC
 TTTCAAGATAACCCAGATCATATGAAACGGCATGACTTTCAAGAGTGCCATGCCGAAGG
 TTATGTACAGGAAAGAACTATATTTCAAAGATGACGGGAACATACAAGACACGTGCTGAAG
 TCAAGTTGAAGGTGATACCCCTGTTAATAGAATCGAGTAAAGGTATTGATTTAAAGAA
 GATGGAAACATTCTGGACACAAATTGGAATACAACATATAACTCACACAATGTATACATCAT
 GGCAGACAAACAAAAGAATGGAATCAAAGTTAACCTCAAATTAGACACAAACATTGAAGATG
 GAAGCGTTCAACTAGCAGACCATTATCAACAAAATACTCCAATTGGCGATGCCCTGTICCTT
 TTACCCAGACAACCATTACCTGTCACACAATCTGCCCTTCGAAAGATCCAACGAAAAGAG
 AGACCACATGGTCCTTGTAGTTGTAACAGCTGCTGGGATTACACATGGCATGGATGAAC
 TATACAAATAACTTCCGACGCCACTTGGTATTACTGTAGTATTGTAATAAGAATT
 GTAAGATTCAATATATTGATGCTTAAC TGCGATTGCTTTCACTCTTCAAGCC
 CCATGCGAAAGTTAATTCTGGGCTGGTCAGGACTTTGAGATATTCTTTAAAAAAAGCGTG
 TATGCTTATTGGTTGATTAAATTGGGGTTGCTCTGAGAAAGTATTGTTATT
 GTGGATTAAATTGGGGATTGCTCTGACACATTGTTGCGTAAGCTTGTGTTATT
 CACTACAAAAGATTGCGATTAGGATCTAACAAATAAGCTGAATAAGTAGAGATGTTGT
 GGGGACGAACGTTGGAATCCTACATGGAATTAGCCAAGAACAGCAGGTTCATTTAAGTA
 TTTTTTCTACAAATGCTGTCAGTTAAATGAAACCTCTTAAACAAACAGCACTGAGGGGTGA
 TTTTACACCACCTTACGTTCTCAGAAATTAACTTATGGTAAGAATATACCAGGGTG
 ATTTTGCCAAAATTAAAGAATATTATGACATAACGAAAAGCACTATTCTTAAGCCTGT
 GTCACATTGGGGCCAACCTTGATCCGAGGGCCTTGGCGTGCTACAGGCCCTGGATCGAG
 GTTGACTCCGGCATTATTGCGTCTAACGGTATTCAAATAAGGACCGATAGGGAAAC
 AACTCTGGTAAGATAAAATGACCGTAGTTCAAAGACTTCAAATAATTAAAGAATATATT
 AGTATTATTAGGAAACTATTATAAAAGATATAACCGTTATTACATATATATTAAAGAAC
 ATTTCCATAAGGTGATAGCTGCGAGCCACAAAGTATAAATACATCAAATTGTTACTTCG
 TGTGTTATTGCGAACCATAGCCTTCGCCAACGACACAATGCCAACGAAACCAATT
 ATCTAAACTTCTTGATCATTAGCAGCCGCTAAATTAAAAAAATAATGCTACACGTA
 TATTGCGAGGACAGATTGTTATCATGTGAAAAAAATACGATTGTTAGTCGTACGACTATTCT
 GGTATTAAATTGCGCTTCCGGATTGGCTACCCGAAAATGATATTCAAGAAC
 ATTGCGAGAAATAATCCCCGAAAAATGTAACGCTGACGCCAAATCACAAACAAAGGATCA
 TTAAATGTAGTGTGTTAGTTGAGAGGGCTTTCTAATTAAAGTTGTCACGAAAAT
 TAATAGCCGCAAATGTATTGTTATTAGCCTACGATAATAACTACCTGAAAAATTGAAA
 CCATTAGGTATTGAAAACCTAAAGTCNCCAAGGAAGTATCGTATCATTACAGCAACG
 AGTAAGCTATAAACTTGAATAAAATAGATAAATTAGAAAAAAACAATTTCAGCTAAAGAAC
 TTTTTTATTAAAAATTTCAGTAGAGCAGTGATTGTTACTTCACATCAAATATT
 AACGCATATAGCCATGTAGAGGTGCAAATTAAAAACTGATTTCGGCGTTTTAACG
 AGCAAAGCTAAGCTGACCGTACACTATGCTAATTGAAGGAAGAAGTCAAACCTCCGTT
 AGAAAAATAATCCGCAATTAAATTAGGGCACCAACTTTTTTATATTCCACCCCTCCT
 TGTCTGACAAACTAAGAAAACAAGTTGAAGGTCTATCGATCAAACCATTTCCGTTAAAAA
 TTTGTCCACTTATTAAAGTATGAATTCAAATTAAAAAAACAAGGTTCCAGACAAAATT
 ACCTCGTTATTGTAGCAAACCTCTCACAAAGCTGTCACGCACAATTGCTCAACCCT
 CATCTCCTCGTTCATATCAGAATACTAGAAAAACACAGAGAAAAGTAATTGGTAGTTGT
 CTTACTGTTTACAGGGTGGCCACAAAAAAGGATTAGAGGATTAAAGGAGATTG
 ACTGAATTAGAGGATTGCAAAAATGAAAATTAAAGAAAATAGAGGATGTTAGAGG
 ATCAACTTCTTTATTCTTAGGCTTCTTAAGTCTATAAATTCTGATGTCAAGAACGG
 GCCC

7.2.4 *HeEF1alpha*

7.2.4.1 *HeEF1alpha51ASActeGFP* (Klon H4)

<i>BluescriptSK</i>	2162bp
(ohne: Primer-Bindestellen, Polylinker, LacZ, f1-origin)	
<i>HeEF1alpha</i> (5`regul. Reg.)	2948bp
<i>51ASHeActII</i>	153bp
<i>NotI-Cassette</i>	27bp
<i>eGFP</i>	714bp
<i>HeEF1alpha</i> (3`regul. Reg.)	1226bp
<i>pUC18</i>	323bp

GTGGCACTTTGGGGAAATGTGCGCGAACCCCTATTGTTATTTCTAAATACATTCA
 AATATGTATCCGCTCATGAGACAATAACCTGATAAATGCTCAATAATATTGAAAAAGGAA
 GAGTATGAGTATTCAACATTCCGTGTCGCCCTTATTCCCTTTTGCGGCATTTGCCTTC
 CTGTTTGCTCACCCAGAAACGCTGGTGAAAGTAAAAGATGCTGAAGATCAGTGGGTGCA
 CGAGTGGTTACATCGAACTGGATCTCAACAGCGGTAAGATCCTTGAGAGTTTCGCCCGA
 AGAACGTTTCCAATGATGAGCACTTTAAAGTTCTGCTATGTGGCGGGTATTATCCGTA
 TTGACGCCGGCAAGAGCAACTCGGTGCCGCATACACTATTCTCAGAATGACTTGGTTGAG
 TACTCACCAGTCACAGAAAAGCATCTACGGATGGCATGACAGTAAGAGAATTATGCAGTGC
 TGCCATAACCATGAGTATAACACTGCGGCCACTTACTCTGACAACAGATCGGAGGACCGA
 AGGAGCTAACCGCTTTTGACAAACATGGGGATCATGTAACTCGCCTTGATCGTTGGAA
 CCGGAGCTGAATGAAGCCATACCAAACGACGAGCGTGACACCACGATGCCTGTAGCAATGGC
 AACAACGTTGCGCAAACATTAACTGGCGAACTACTTACTCTAGCTCCGGCAACAATTAA
 TAGACTGGATGGAGGCGATAAAGTTGCAGGACCACTTCTGCGCTCGGCCCTCCGGCTGGC
 TGGTTATTGCTGATAAATCTGGAGCCGGTGAGCGTGGGTCTCGCGTATTCAGCAGCACT
 GGGGCCAGATGTAAGCCCTCCGTATCGTAGTTATCTACACGACGGGAGTCAGGCAACTA
 TGGATGAACGAAATAGACAGATCGCTGAGATAGGTGCCTCACTGATTAAAGCATTGGTAACTG
 TCAGACCAAGTTACTCATATATACTTTAGATTGATTAAAACCTCATTAAATTAAAAG
 GATCTAGGTGAAGATCCTTTGATAATCTCATGACCAAAATCCCTAACGTGAGTTTCGT
 TCCACTGAGCGTCAGACCCGTAGAAAAGATCAAAGGATCTTCTTGAGATCCTTTTCTG
 CGCGTAATCTGCTGCTGCAAACAAAAAACACCACCGTACCGAGCGTGGTTGTTGCCGGA
 TCAAGAGCTACCAACTCTTTCCAAGGTAACTGGCTTCAGCAGAGCGCAGATAACCAAATA
 CTGTCCTCTAGTGTAGCCGTAGTTAGGCCACCCTCAAGAACTCTGTAGCACCACCTACA
 TACCTCGCTCTGCTAACCTGTTACAGTGGCTGCCAGTGGCATAAGTCGTCTTAC
 CGGGTTGGACTCAAGACGATAGTTACCGGATAAGGCGCAGCGGTGGCTGAACGGGGGTT
 CGTGCACACAGCCCAGCTGGAGCGAACGACCTACACCGAACTGAGATAACCTACAGCGTGAG
 CTATGAGAAAGGCCACGCCAGCTCCGAAGGGAGAAAGGCGGACAGGTATCCGTAAGCGGCAG
 GGTCGGAACAGGAGAGCGCACGAGGGAGCTTCCAGGGGAAACGCCCTGGTATCTTATAGTC
 CTGTCGGGTTCGCCACCTCTGACTTGAGCGTCATTGTGATGCTCGTCAGGGGGCG
 AGCCTATGGAAAAACGCCAGCAACGCGGCCCTTTTACGGTTCCGTGGCTTTGCTGGCCTT
 TGCTCACATGTTCTTCCTGCGTTATCCCTGATTCTGTGGATAACCGTATTACGCCCTTG
 AGTGAGCTGATACCGCTGCCGCAGCGAACGACCGAGCGCAGCGAGTCAGTGGAGCGAGGAA
 GCAGGAAGAGCGCCCAATACGCAAACCGCCTCTCCCCGCGCGTTGGCCGATTCAATTAGCAG
 CTGGCACGACAGGTTCCGACTGGAAAGCGGGAGTGGAGCGAACGCAATTAAATGTGAGTT
 AGCTCACTCATTAGGCACCCCCAGGCTTACACTTATGCTTCCGGCTCGTATGTTGTGAGGA
 ATTGTGAGCGGATAACAATTACACAGGAAACAGCTATGACCATGATTACGCCAAGCTTT

TGTGTCATGCCTGACAAAAACTATTAATTAAACAAAATTTGATCAGATATAAGATGAAC
 ATTGTTAATATTAACAATAGGAAAAAAAAGAATGGATTACTAATATCTAGAGTAACAAAGTTA
 ATTGTTGATAATTGTTGATTTACAATTAGTAGTATTGATTACAATTAGTAGTGTGCTGTG
 CTGTTCACTGGTCATTGCTGTAAACATTCCCAGTGCTAAAATAGATGAGGCTTGTTGTTG
 TGCACAAAGTAAAGGAAGCACTGCTAGCATAGATTAAGAGGAAAATGGTAAATCTTTAGC
 TATATTAGATTATGCTACACTGTTGTCACGATTGTTGTCAGGTTTAACAAACTTAA
 ACAAAATGTTATTTTGAAATGGAGAATTGTAACAAAGGCAAAGCAATAGAGAA
 AAAAATAATGCTGAGAAGGGAAATTATCATAGCGTGTAACTCAAGGTTGTTCAAGGTTG
 AAATTTGTCTTCTGGAAATTCCATACATTACACCAAAGCAAATACATCTCGTATAT
 AGGAAATTTATTATCTTTAGAACACATATTTAACCTCGTGTATTGGCTGCGATATAGC
 TATATTGCAAGCCAACAAAAAATAAAATTCCAACAACTGCTAGCTAGCTCTGTTCAAGCGA
 ACTTACAGTCAGGGAAAACTAAGAGTGTACTGCTTATTAGGAGAATCTCCAATTAGGC
 AGACGGAAGACTAATTAAGCACCATTGATTTCTTAACAGATGACTCATAATCGATTCTCA
 GAGCTTATCTGGGCTTATTTATGTTATGTTTGTGTAGCTTAATTAGGCCCTTAAC
 CAAATTAAGCTGGTGCATTCTCTAAATGCAATAGTAAATAATAATAGGAGTGGTACGTCAA
 ATTAGCAGTACGCTTTAGTTAGCAGTTCCCTGACTGACTTTAGATAGATAGATGTGCAT
 ATTTTACATGCTAGTGGCGCCGTAGATTAGTGGTTATAGCTCTCGTACTCTGTGCGGGAGT
 TATAACCACTAAACTACGGCGCCACACTGCACTACAGTATGGGTGCCCTATTATAAATGGT
 ATCTACCTGTAGTAACGTGCTAGCCATACTTAGCTATAAAATACCTGCTTGGCGATGCCAAT
 AACTGGTACTCGACAACTGTCACAGTCAATTAAATAAAACACATCATAAAATTCTA
 TGATGCCAGGGTTCCAGGTATGAAAATGATACAATAATTACACCTCTTAGTAAGTGCCTCA
 AAGCGAGATATAACTGTGTTGAACCCATTATCTTTAACATGCTAATGGTAGTTCTG
 ATCCATGATGATGTTGCACTACAACATTACATTCTACATTAAGGTGGCAGTAACCCCTTAA
 AAATCGGAATTTTTTACATAATTAGTTACAAAGGTTATTTTAGACTATATATCCAT
 ATTTTTCTGTTATAACACACTTGTACGATTATAGCTATAACTATTATTTTACCA
 AAAATATTAGCCTCAACAATTCCCTTTAAATTAAACTCATGAATAATTAAATTAGTCTG
 CCGAATATAGCTTAGTCTACGCGCTGCGGATTGTACAGAAAGAAATGAGATAATTATTA
 CAGAGAAACGTTAATAACAACAAAGATGGCGATAAAAGTAAAATAATTCCGATCTCCATA
 GCGCCTCACCCCAAGAGCTCTAACCTCTGATAGCATTTCGTTCTTTAAATTTCAACA
 CAACCTTGTAAATCATACAGCTTAAACCGGTGTGCCAAATTGGTTTAAATATT
 TTCTTTGACAGCGGGTAGATGCAGCATGATATGGTAATGAGATTCTTCAAAACAAA
 AGGCTATTCTGCGGTGGATTGCGTCATAATACTGGTTGAACCAATCACGGGCCAGTATT
 CAGATTAAGCAGCCATTATGAAATGGTGTACAAATGCTGTAACTCGTAATGTTTGTGGTGA
 AACCTTCATAAAATACAATACTGGATTTCAAAGAATTCTTTTTAGTCATAATCTTCA
 ATGTTTAGATACTGCTAATTGGCCATTGTCAGATTAAACGCCTTGCTTGTAA
 ATTCTGTTAATTAAGATTCTACTGTGAAGGTTGACCGTGAAAAGTCCACTTGTACGCC
 ATTGGAGAGAGCAACGAAGGAGAACATTCCGACGCAAGAATTGTGAGAAAAAATTAAAA
 ACAAAAGTTCCGGCACCCCTTCATACGAACAAACGAAGGTTGTTAAAACAGAAAGT
 TAATGTAAAATCATAGTTGTAACAAACTCAGCAAAGCAAATTAAAAATTAAACAAA
 ATTGCATATTAGCTAGCTAACTCAGCAAAGCAAATTAAAGGTTCTAGTCTCGTCATCG
 TCTTGTGCCTGAAGGCAATATTTCAGGAAATAAAAGAAAAGTCGTATTGATAATACA
 CTGACTGAAAATTCCATCTGTTGAACGGCTAAAAAAGGGTTACTGCCACCTTAACCTAAC
 AACAAAACAGTTGATCAGTGAAACAAACGCTCACGTTTAAGTTGCTGCGGTAAAGTAAA
 ACATTTCACTGACAGCGATTGCATAACCATATATGGTTCTAGTCTCGTCATCG
 CCCCGCGCATAAGAGCCAGTATGACACGAGTTGCTGCCCTTCAACTGTACGTTCTCATCG
 TTTGCATTGAAAGAGGTGAGGAAGATTCTAATAAGTTCTATCTGAACGTATCTGCATG
 TCAAACCTGTTATATGAGATAACAGAGGGAAAATTCTGAAATTATTAGTCTGATTAGTT
 TAGTCTTATTAGATCCCACGTCACTGGCGATGATGATGTTGCTGCTCTCGTCGTAGAC
 AATGGATCTGGTATGTGCAAAGCTGGATTGCTGGAGATGATGCTCCAAGAGCTGTCTCCC
 CTCAATCGTCGGACGTCCCCGTACAGGGAGTCATGGTTGGTATGGGACAAAAAGC
 GCGCCG

CTGCAGCCCCGGTAGAAAAAAATGAGTAAAGGAGAAGAACCTTTCACTGGAGTTGTCCCAATT
 CTTGTTGAATTAGATGGTGATGTTAATGGGCACAAATTCTGTCACTGGAGAGGGTGAAGG
 TGATGCAACATACGGAAAACCTACCCCTAAATTATTCGACTACTGGAAAACACTACCTGTT
 CATGGCCAACACTTGTCACTACTTCTGTATGGTGTCAATGCTTTCAAGATAACCCAGAT
 CATATGAAACGGCATGACTTTCAAGAGTGCATGCCGAAGGTTATGTACAGGAAAGAAC
 TATATTTCAAAGATGACGGAACTACAAGACACGTGCTGAAGTCAAGTTGAAGGTGATA
 CCCTTGTAAATAGAATCAGTTAAAGGATTGATTAAAGAAGATGAAACATTCTGGA
 CACAAATTGGAATACAACACTACACACAATGTATACATGCCAGACAAACAAAAGAAC
 TGGAAATCAAAGTTAACTCAAAATTAGACACAACATTGAAGATGGAAGCGTTCAACTAGCAG
 ACCATTATCAACAAAATACTCCAATTGGCGATGCCCTGTCCTTTACCAGACAACCATTAC
 CTGTCACACAATCTGCCCTTCGAAAGATCCAACGAAAAGAGAGACCACATGGCCTTCT
 TGAGTTGTAACAGCTGCTGGATTACACATGGCATGGATGAACATACAAATGACCTATGA
 AAATTAAATACTGCATAATGTTATTCCAACACTAAATATTCAACCGAAAACATTAAAGGAGG
 AAAAACATGTAATTCTGTCAAATGAAAAAATTGGAGTTAATTGTTGTTTCTTCACATT
 AAGGAAGGATACGGTAGACCATTGACACATGTTCACTATTCAAATATCTCCTTAACA
 AAATAAATTGCGAAAAAAACTGGAATGGAGAAAAAATTCCAACAAAAGAACGCCCTCC
 CTTGTTATGGCTTGGTAACTCCCCCTCCATCAATTTCATTTAAACATCGCTGT
 ATTGCTCTTATTAGCTCTACAATATCTTATTACATCTCAAAAAAAATTTCGTTCTCAA
 GTTGCATTGTCTAAATTACTACATAATCCACGAATTAGCTCGTTGATGAATCATAAT
 TCGATAATTTCACAAATTAGAAATAAAAAAAACAAGAATTGTTAGCCAGGCAGACGTATGG
 TGGCCGAGAACTGCCACACGAAAACCTTGTAAATTGCGTTAATTATTATTATTATT
 ATTTCTTTTTATTAAATTTCATAAGCTAAGAACAAAGTTGAGACTTCACATTGAAAAAA
 GTTAAGAACATTGAAGGCTTTCAAGTTAAGTGTCTGTAAAAGAAAGTGAATTCA
 TGTTCTCATTCTAAATGTTCAACCATGAAATCCTACATGTTCTAATGAAAAGGAGGAAAT
 CTGAACCTTAATTCACCTGGTATATGGTGGCGAGAACTGCCACACGAAAACCTGTTAA
 TTGCGTTTAATTGATTATTATAAAATTATTAAATTCTTTGTTTGTGTTTATT
 ACTTTATTTCACCTTTAATTCAATTATTAAATTGCTTTCTATTAGGCAGCGTT
 TACATGGAGCCGTAGTGAGTTCAAACCGGTTGAGATTCACTACGGCTGCGATTCAAT
 ACGGTTGACGGTCAAGTTCTAATAGCGTTACATGAGTACACCGTACTCAAAGTCGAACC
 GGTTGAAATTAACTACGGAGTGAGAAATAGGTTGAGATTAAAACCGGTTGAAAAGCTC
 ATGTAACACAGGACCGCGGACCGGTTGGCTGTATCGATGTATCTACCGCATGCGTCAATTATA
 TTATACACATGCGCGAATTGATAAAATCTGTTGCCGCGGGCCCTTCGTCTCGCGCTTTC
 GGTGATGACGGTGAACACCTCTGACACATGCAGCTCCCGGAGACGGTCACAGCTTGTCTGTA
 AGCGGATGCCGGGAGCAGACAAGCCGTCAAGGGCGCGTCAGCGGGTGTGGCGGGTGTGCGG
 GCTGGCTTAACTATGCCGCATCAGAGCAGATTGTAATGAGAGTGCACCATATGCCGTGTGAA
 ATACCGCACAGATGCGTAAGGAGAAAATACCGCATCAGGCCCTTAAGGGCCTCGTGTAC
 GCCTATTAGGTTAATGTCATGATAATAATGGTTCTAGACGTCAG

7.2.5 HeGsc

7.2.5.1 HeGscHeGsc^{gDNA}eGFP (Klon A4)

<i>BluescriptSK</i>	2172bp
(+ ApaI-Adaptor; ohne: Primer-Bindestellen, Polylinker, LacZ, f1-origin)	
<i>HeGsc</i> (5 ^r regul. Reg.)	2756bp
<i>HeGsc</i> (cds gDNA)	2571bp
<i>NotI-Cassette</i>	27bp

eGFP 714bp
HeGsc (3`regul. Reg.) 907bp

GTGGCACTTTGGGGAAATGTGCGCGAACCCCTATTGTTATTTCTAAATACATTCA
AATATGTATCCGCTCATGAGACAATAACCTGATAAATGCTCAATAATATTGAAAAGGAA
GAGTATGAGTATTCAACATTCGGTGCGCCCTTATTCCCTTTGCGGCATTTGCCTC
CTGTTTGCTCACCCAGAAACGCTGGTGAAGTAAAAGATGCTGAAGATCAGTGGGTGCA
CGAGTGGGTTACATCGAACTGGATCTAACAGCGTAAGATCCTGAGAGTTTCGCCCGA
AGAACGTTCCAATGATGAGCACTTTAAAGTTCTGCTATGTGGCGGGTATTATCCGTA
TTGACGCCGGCAAGAGCAACTCGGTCGCCCATACACTATTCTCAGAATGACTGGTTGAG
TACTCACCAGTCACAGAAAAGCATCTTACGGATGGCATGACAGTAAGAGAATTATGCAGTGC
TGCCATAACCATGAGTGATAACACTGCCAACCTACTTCTGACAACGATCGGAGGACCGA
AGGAGCTAACCGTTTGACAAACATGGGGGATCATGTAACCTCGCCTGATCGTTGGAA
CCGGAGCTGAATGAAGCCATACCAAACGACGAGCGTACACCACGATGCCTGAGCAATGGC
AACAACGTTGCCAAACTATTAACGGCAACTACTACTCTAGCTCCGGCAACAAATTAA
TAGACTGGATGGAGGGCGATAAAGTTGAGGACCACTCTCGCCTCGGCCCTCCGGCTGGC
TGGTTTATTGCTGATAAATCTGGAGCCGGTGAACGGTGGGTCTCGCGGTATCATTGCAGCACT
GGGGCCAGATGGTAAGCCCTCCGTATCGTAGTTATCTACACGACGGGAGTCAGGCAACTA
TGGATGAACGAAATAGACAGATCGCTGAGATAGGTGCCACTGATTAAGCATTGGTAAC TG
TCAGACCAAGTTACTCATATATACTTAGATTGATTTAAACTCATTAAATTAAAG
GATCTAGGTGAAGATCCTTTGATAATCTCATGACCAAAATCCCTAACGTGAGTTTCGT
TCCACTGAGCGTCAGACCCCTAGAAAAGATCAAAGGATCTTCTGAGATCCTTTCTG
CGCGTAATCTGCTGTTGCAAACAAAAACACCGCTACCGCGGTGGTTGCTGGGA
TCAAGAGCTACCAACTCTTTCGAAGGTAACGGCTTCAGCAGAGCGCAGATAACAAATA
CTGTCCTCTAGTGTAGCGTAGTTAGGCCACCACTCAAGAACTCTGAGCACCGCCTACA
TACCTCGCTCTGTAATCTGTTACCAAGTGGCTGCTGCCAGTGGCATAAGTCGTGCTTAC
CGGGTTGGACTCAAGACGATAGTTACCGATAAGGCGCAGCGGTGGCTGAACGGGGGTT
CGTGCACACAGCCCAGCTGGAGCGAACGACCTACACCGAACTGAGATAACCTACAGCGTGA
CTATGAGAAAGGCCACGCCCTCCGAAGGGAGAAAGCGGACAGGTATCCGTAAGCGCAG
GGTCGGAACAGGAGAGCGCACGAGGGAGCTCCAGGGGAAACGCCGGTATCTTATAGTC
CTGTCGGGTTTCGCCACCTCTGACTTGAGCGTAGTTGTGATGCTGTCAGGGGGCG
AGCCTATGGAAAAACGCCAGCAACGCCCTTTACGGTTCCCTGGCTTTGCTGGCCTTT
TGCTCACATGTTCTTCGTTATCCCTGATTCTGTGATAACCGTATTACGCCCTTG
AGTGAGCTGATACCGCTCGCCGAGCGAACGACCGAGCGCAGCGAGTCAGTGAGCGAGGAA
GCGGAAGAGGCCAATACGCAAACGCCCTCCCCGCGGTGGCGATTCAATATGCAG
CTGGCACGACAGGTTCCGACTGGAAAGCGGGCAGTGAGCGCAACGCAATTATGTGAGTT
AGCTCACTCATTAGGCACCCCAAGGTTACACTTATGCTCCGGCTCGTATGTTGTGGA
ATTGTGAGCGGATAACAATTACACAGGAAACAGCTATGACCATGATTACCCAAGCTTG
TATCAGCACATCACTCACTGTGACAGAAAAACACGGCTATTATTGAGACAGTCAGTA
AGTAATAGACGTACCTGCTCAAGGCACAGAAATTAAAAGATTATACTGGTATTTAAAGAGA
AACACGTTATACATAATTACTGGTTCTTTATCCTATGTTATCGAATCGTACCTCTA
AAAACAAAGAGAAACGCCCTAGAAGAGGTGATAATTGAATATAAGGTAAAGCCTGTAAGGTT
TATCAAACACTGTCATCATTGGGCCACATTGTATCTGAGAACGAGACAACTCAGCAGAA
AGCAAGAAAACACTGCTTTAAAAGAATACACAGGTTGTTATGTCGGTTAGTATCAA
GTGCAGGCTTGTAGAACATGGGAGGGAGCAATGCCAAAAATAACTTAAGATTCTAAG
ATCAGCAATATTGATTAAACCACAAGTAGCTACATAACGGACTCTGGTAAGCTATGGTACT
AAGTAAAATTGGCATCAAATTCTCCAATTGCTCAAAACTAATAAAAGTAAAAAATAAAAA
TATTTGAAAATCTTAAACGGTTAAATCTTCACTTGAAATTGGTAGCTCGTCTGAGTTA
ATTCTCCAATTCTTCATCACATAACCTCTACACGTACGTAGTAATGTAAGCAGATA
TAATCCTGGACAAAATAGACATCGTCTCCACATGGTTCTGCTGGGCTCTACCGCA

AAATACTCCTCTTGTCTGGAAAAGAAGTGTGTCCTGTTCCGGCTCAGAC
AATAAGTACTACTAAAAAGAAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAAAGAAA
GAGAGAAAGAAAGAGAGAGAGAGAGAGACAGATTTAGTGTCAATTCTCCAAAAGTTAGAT
AACCCAAGAAAACCTACCTTGTGAAGTTATAAAAGTGGGAGAACTGATGTTAGTTATGCC
TGCTACAAATGCTGTAGCGAACGATGTTCCAGCTTGAACCGCATAAAACCTACCTTC
GAGCTACAACCAGTACACGGATGAATAATTGATGGTATTACATATTCAAACATAC
ACTGATAATATGAAGTAGCAAACAAATTATTGAAAAGAGAGAGAGAGAGAG
GGATACTTCCAATAGATCATTATTATAAAACTACTGAATGTTTAAGGGACTGGCAGCAC
ATTTTAAAATGCCAAATGCGATGTAATTCTAAAAGTGCAGCAGCCTTAAATTTCT
AGTGTCTTATTATTGTTATATTGATGCTGTAAATGTAATAACGTATCTCTTCTAC
CTTTGGTTCTAATGAAAATTATTCTAAGTTGATGCCAATTAAACAATGCATTCT
AAATTACTAAAATATCGAAACATTACATCGTATTAAACATTGAACCATGAGATCGTTGAC
GTCTGGAAGAACATTCCGCCATCTAGAGATGTAATTGAAAATTAGTAATTCT
ATATTATTGCTCTGCCCCATATTAAAGGTTAGGTTAGCTAGATGAGAAAGTTAGAC
AACACTTATCGCCGAGATGTTGCCACAACCTTCACTACCAACACACTGGTCTTATTGAG
TATGAAAATAGTTATAAACGTGACAAATTGAGGAATCCGTTATCCCCCGAAACACTGACGT
AATTTTATTGCAKGAAAATGAGCGAGACTTGATCATATGTTCGCTCTGAGGGTTGA
AGCATAAAATAGTTAACATAACACCTAAAGTTATGACACACATTCTGTGGATTATCTGCATA
CCAACCTTGATACCAGGGTTACTCTTCTTAAGAAACGAAAAGAAAGAACACTGTGAACG
AAATTGCTACATGCCCTGTTGAGTGAGACAATTATAAGCCTGTTACTTTCTTGACA
TAAATAATTGTTTGCGTATAGAAACGGATATAGAGATGCATTATAATCAAAGAAGCTGAT
TGAATTCTTTATCGAAAGTCAAATTATTAAAAGCTCTGCCGATTAAATGTAATT
CATTCCCTGGGTTGATGTTGAGTTGTCAGAAGAACAAATTATTGTCAGGAAAGTTGT
CCAGTTCTCACACAGTCATAGAATCAATCATGTATTGACACTATTGACGGAAAATT
AAAGCCGTTAAATCAGAATAATTAAAGGAATCAAATGGAGAGATTGCAACTAAATAACA
TGTATTATAATAACAATAATCAATTCAATAAGAAATTAAACCCATATGTTCACACGTGTG
TAAACTGCAGAATGCAATAAGTATCGCGCTGCGCCGAAATGTAACACTGACTTTATAA
ATAGCTGATCAGATTAAACGGATGTTAAATCGATTGCACTGGCACAGACAGGATATGG
AAAAAACTGTTAAGTCGGCTTGGAAGATTGAAAAGATTACAAACAAAAGACAACATA
GATATAGAATTAAAGTATGACAACAAATATTCTTCTATTCCCTACCGTTATATTGAGCTGAA
AGCGTCACGTCAGTAACAACTGCGGATATTGGAGACAAACTGTACGTGAGCGGTGTACA
AGAAGAGCGATAACGATAAGATCCTGGTACTCATCAATAACACACACACTCGTGTGGAGAGC
AAACAATTATAAAATAGAGAAGAATGAGTTCTTGTATCAAACACTGCTCAACTCAGA
TAAACTTCAGTAACAAAGAAAATGCTGAGCACGATGACATGCCCTATGAATTACGTGAGA
GAATTCAAACGGACCACCGCCGAGGAATGCTCATATGTCATAAAACTGTTGGCAGAC
ATTGGAAATATCTGAGAAGACATCATATTGTTACAACCATCAACGATACCAAAGTAGCAT
GGATCTGAGTGAACAAAGGAGATACAATCTAATCTTGTCAATGCGATGTGTTCTGCT
CGGTGTGCTATGAGTGGTATATGAAAGTGGGAGAAGTATTATTCTCTTCCACGACATGGCTTC
TCGATACGACAATCGTGTGTCACCGAGTGGTATGCATGCTTAACCCATTATTGAGTGGT
TTGAGTAACTAACCTCTGTTATATGAGATATAAGCCAGAAAATTGGACTTTTACTTT
TCCCTATTGACGTCTGCAAAAAACATGAAGTCAGCATTGATGTCATAACCTTACTT
TTCGGCTTACTTACTGTGACAAGTTAATAATCACATCGCAAAACTACCACCCAAAATGCC
CCCTCCACCTAAATAGGGTTAATATGATATGAATTATGGTGTGGATGTTCTAATCTTGG
AGTTACTTTCCCTAGCAGTATTGAAAGAAGTTCTTACCTTCAAAAAAAATTGAT
TCTGTTACGAGATTGTAAGGTTAATTTGAGAATCTATCCCTCAGTTTACCATCACCACCA
CCACAATCATCAAGGTTATCAAACCCATGGACTCTATTCCCACCCCTAGAGGACTCAA
CGAACCGGATTGTAATACAAACGGTTTCTGAGAAGACACAGGACGATTTCTGTGATGAAAC
AGCTTCAACTGTTGGAAAGAATGTTCAAGTCAAACACACTATCCAGACGTACTGATGCGCGAA
AAAATTGCAACAGATAATAAAATTAAACAGAAGAAAAAGTCGAGGTTAATATGAAGACAA
AAAAAAATTAAATATTAAACAAACGAGTCATAATTGAAACACTTCCGAAATAGAA

TCAAATCTGTCCGAAAGATAGCCAAAAAAGAATTTCGTGCACTGTTACACAATTAGAAAA
 GTTTGGATTGAAAAAATAGCGGTATTATAATGAAAACAAACAAATTAGGTCAAAAT
 AAACATAGAGAGTTTTGGTTGCGTGAGGGTAATTACTCATTGGATTGAAGACTTC
 TTTCACATTACCGTAAATATTATGGGAGAATATTTCCCACTTAAGTTCTTCTACAT
 TCTTGACATCTTAACCTAAATTACTTTCCCTGTTTAATTGGATCATACTTAACCG
 AACGTTATAGAATTGTTGTTATTTACCGAATGTTGACATTGTTGAAAAAACAAA
 GTCGATTAATATTGAAAATGAAAACGATATTATCTCAATGATAATTGTAAGATTG
 ACTACTTCTTATAGGCTATTGTTGAATACAATAAGAATTATAAACGCTTCAATGTGATAATC
 CGTTATAGCGTAGAAATCACCAAGTCGCTATCTTCTTTAAGAGAGAATTGTTAACTTAAATTCTTCAAT
 GAAATCACCAGTCGCTATCTTCTTTAAGAGAGAATTGTTAACTTAAATTCTTCAAT
 ATGTTACAACCTAACTAATTCTCAGTCGTTGATAAATAAACCGCAGGAAAGGTGCT
 ACCATTAAATATTACAATAATTGGAATGGCTGATTATTAAAATCAGAGGGAGAAGGGGTG
 TAATTAAACATTGCGAAGTGTGAAAATTATTACCGTTGTTCTACACGAAATT
 CATAGTTATCATCGATAGAGATCGAGTATGAAAAACGAAATTAAAAATAATTAAATAAAA
 TACAAATTACTTTGCTTACCAATGACCTAAACCGAGTCAGAAAGATCTGGTCTTATT
 TTGTTTAAATACAGCGATAAGAAAAAATGGTTACGTGTGTTCATCCTCGGGGTTTAA
 TCCTGGACTTTGCTCTGAAAAAGAGTCGAGCTGCTTCATTCTCATTCTGAATCGCAT
 TTAGGGATAAAAATTGCGATCGGTATAAATTATTCACATTCTTTACTCTTAACTTT
 CCCCTCAAACAAACAACTTCCGCTCTCTCAAAGCACGTTGCTGTAACATCTCCATC
 ATATCATAAAAGCATACTAAATTGCAAGTAAACTAAAATTAAAAACTACTTTTAGGTAT
 GGTTCAAAAACAGACGAGCGGGGGAGAAAACAAAAGAAGTCACGAGACCGAAAAA
 TACAAACGTCAATTAAATCCGATAACAGGCCTCTAAATTGGACAGCAGAAAGTAC
 GTTATGCCGTATCTCATGCCATGAAACATTGACACGACACGTCCGAGAAATT
 ATGTTGGCGTGAGAAAAGACAGCGAAGATGTGACAAAAATAAACACAAACGTTGCAGCCGCT
 GCAGCCCCGGTAGAAAAATGAGTAAAGGAGAAGAACTTTCACTGGAGTTGCCAATTCT
 TGTTGAATTAGATGGTGATGTTAATGGCACAAATTCTGTCAGTGGAGAGGGTGAAGGTG
 ATGCAACATACTGGAAACTTACCCCTAAATTATTGCACTACTGGAAAACACTACCTGTTCCA
 TGGCCAACACTTGTCACTACTTCTGTTATGGTGTCAATGCTTCAAGATAACCGAGATCA
 TATGAAACGGCATGACTTTCAAGAGTGCATGCCATGCCGAAGGTTATGTACAGGAAAGAACTA
 TATTCTCAAAGATGACGGGAACATACAAGACACGTGCTGAAGTCAAGTTGAAGGTGATACC
 CTTGTTAATAGAATCGAGTTAAAGGTATTGATTAAAGAAGATGAAACATTCTGGACA
 CAAATTGGAATACAACATAACTCACACAATGTATACATCATGGCAGACAAACAAAAGAATG
 GAATCAAAGTTAACTTCAAAATTAGACACAACTTGAAGATGGAAGCGTTCAACTAGCAGAC
 CATTATCAACAAATACCTCAATTGGCGATGGCCCTGTCCTTACACAGACAACCATTACCT
 GTCCACACAATGCCCTTCAAGATCCCACGAAAAGAGAGACACATGGCCTTCTG
 AGTTGTAACAGCTGCTGGATTACACATGGCATGGACTACACAAATACTGGTTTC
 CAATATGTTAAATATATTATAATCTAATATTGTATATTACTTCATAAAAGGATTAACG
 AAAATCGTTGTTAGTCTTATAGACCATGAACTGCTGATAGACATGGATATATACTCCTC
 ATTGAAAGCCATTATAATACCTATTGTCGTAACGTGACAAAACCATGTCGGCATAAGA
 GGAGATACATTAAAAAAATAACTTAAATCTATGATTCCCCATTCTCGTTCCAGAGCTCG
 TAATCCTGAAGAGGGTTATCAAGAGATCTGAGGATGAGAATGAGGTTCAAGGTGACTCAATC
 CATTCTAATTACTTTAGGCTTAAACACACCTGTCAAAACATTATTGTTAGTAAC
 ACAGATTACACGCATTGTCGTTCTCGCATGTTCTGCAACCTGTCAACAAAT
 TTCTGGATACGATCTGTTTAAAGAAATTCCGCCACGTGATTGAAACGTTCTAATA
 TTTGTCATTCCTAAATTGTATGACTTACCATGGAAAAAAATTGATAGTTCC
 GGGGATAGCTATTGTCAGTATTATGAAACATAATGAGATTGTTCTATTATT
 AAATCAAACCTCAAAACTGTCTAATTGTTAATTCCACTTACACTGTATTGTTG
 TATTGTTGTAATTATTGTTATTATCAGTTAGAGTTATTAGATTGCAATTCTCGATTAAG
 TCTATTGCAAGACCAGAATATTGTAATTGACATATTGAAATTAAAGATACCGATTA

**CTATTATATTCTCCTAACATAAACGTGTTATTTTATTTTGCAATTTATCAAAGAGT
CTGGTTATCTATAGGAGAGTATTAGAA**GGGCC

7.2.5.2 *HeGsceGFP* (Klon A1)

BluescriptsK	2172bp
(+ ApaI-Adaptor; ohne: Primer-Bindestellen, Polylinker, LacZ, f1-origin)	
<i>HeGsc</i> (5`regul. Reg.)	2756bp
<i>eGFP</i>	714bp
<i>HeGsc</i> (3`regul. Reg.)	907bp

GTGGCACTTTGGGGAAATGTGCGCGAACCCCTATTGTTATTTCTAAATACATTCA
AATATGTATCCGCTCATGAGACAATAACCCTGATAAAATGCTTCATAATAATTGAAAAAGGAA
GAGTATGAGTATTCAACATTCGGTGTGCCCTTATTCCCTTTGCAGCAGTGGTGC
CTGTTTGCTACCCAGAAACGCTGGTGAAAGTAAAAGATGCTGAAGATCAGTGGTGC
CGAGTGGGTTACATCGAACTGGATCTAACAGCGTAAGATCCTTGAGAGTTTCGCCCGA
AGAACGTTCCAATGATGAGCACTTTAAAGTTCTGCTATGTGGCGGGTATTATCCGTA
TTGACGCCGGCAAGAGCAACTCGGTGCCGCATACACTATTCTCAGAATGACTTGGTTGAG
TACTCACCAGTCACAGAAAAGCATCTACGGATGGCATGACAGTAAGAGAATTATGCAGTGC
TGCCATAACCAGTGAATGATAACACTGCGGCCACTTACTCTGACAACGATCGGAGGACCGA
AGGAGCTAACCGCTTTGCACAAACATGGGGATCATGTAACTCGCCCTGATCGTGGAA
CCGGAGCTGAATGAAGCATAACAAACGACGAGCGTACACCGATGCCGTAGCAATGGC
AACAACGTTGCCAAACTATTAACGGCAACTACTACTCTAGCTCCCGAACAAATTAA
TAGACTGGATGGAGGCGATAAAGTTGCAGGACCACTCTCGCTCGGCCCTCCGGCTGGC
TGGTTATTGCTGATAAAATCTGGAGCCGTGAGCGTGGTCTCGGGTATCATTGCAGCACT
GGGCCAGATGGTAAGCCCTCCGTACGTAGTTATCTACACGACGGGAGTCAGGCAACTA
TGGATGAACGAAATAGACAGATCGCTGAGATAGGTGCCTCACTGATTAAAGCTTGGTAAC
TCAGACCAAGTTACTCATATATACTTAGATTGATTAAAACCTCATTAAATTAAAAG
GATCTAGGTGAAGATCCTTTGATAATCTCATGACCAAAATCCCTAACGTGAGTTTCGT
TCCACTGAGCGTCAGACCCCGTAGAAAAGATCAAAGGATCTTCTGAGATCCTTTCTG
CGCGTAATCTGCTGCTGCAAACAAAAACCCACCGCTACCGAGCGTGGTTGCCCGA
TCAAGAGCTACCAACTCTTCCGAAAGGTAACGGCTTCAGCAGAGCGCAGATAACAAATA
CTGTCCTCTAGTGTAGCCGTAGTTAGGCCACCACTCAAGAACTCTGTAGCACCGCCTACA
TACCTCGCTCTGCTAACCTGTTACAGTGGCTGCCAGTGGCATAAGTCGTCTTAC
CGGGTTGGACTCAAGACGATAGTACCGGATAAGGCGCAGCGGTGGCTGAACGGGGGTT
CGTGCACACAGCCCAGCTGGAGCGAACGACCTACACCGAACTGAGATACCTACAGCGTGAG
CTATGAGAAAGGCCACGCTCCGAAGGGAGAAAGGCGGACAGGTATCCGTTAACGCGCAG
GGTGGAAACAGGAGAGCGCACGAGGGAGCTCCAGGGGAAACGCCCTGGTATCTTATAGTC
CTGTCGGGTTCGCCACCTCTGACTTGAGCGTCATTGTGATGCTCGTCAGGGGGCGG
AGCCTATGGAAAAACGCCAGCAACGCGGCCCTTTACGGTTCCGGCTTTGCTGGCCTTT
TGCTCACATGTTCTGCGTTACCGCTCGCCGAGCCGAACGACCGAGCGCAGCGAGTCAGT
AGTGAGCTGATACCGCTCGCCGAGCCGAACGACCGAGCGCAGCGAGTCAGT
CTGGCACGACAGGTTCCGACTGGAAAGCGGGCAGTGAGCGAACGCAATTAAATGTGAGTT
AGCTCACTCATTAGGCACCCAGGCTTACACTTATGCTCCGGCTCGTATGTTGTGGA

ATTGTGAGCGGATAACAATTCACACAGGAAACAGCTATGACCATGATTACGCCAAGCTTTG
 TATCACGACATCACTCACTGTGACAGAAAAAACACGGCTATTATTATTGAGACAGTACAGTA
 AGTAATAGACGTACCTGCTCAAGGCACAGAAATTAAAAGATTATACTGGTATTTAAAGAGA
 AACACGTTATACATAATTACTGGTCTTTATCCTATGTTATCGAATCGTTACCTCTA
 AAAACAAAGAGAAACCGCCTAGAAGAGGTGATAATTGAATATAAGGTAAAGTCTGTAAGGTT
 TATCAAACACTGTCAATCATGGGCCACATTGTATCTGAAGAACGAGACAACTCAGCAGAA
 AGCAAGAAAACACTGCTTTAAAAGAATACACAGGTTGTTAATGTCGGTTAGTATCAA
 GTGCAGGCTTGTAAAGAACATGGGGAGGGAGCAATCGCTAAAATAACTTAAGATTCTAAG
 ATCAGCAATATTGATTAAACCACAAGTAGCTACATAACGGACTCTGGTAAGCTATGGTACT
 AAGTAAAATTGGCATCAAATTCTCCAATTGCTCAAAACTAATAAAAGTAAAAAATAAAAA
 TATTGAAAATCTTAAACGGTTAAATCTCACTTGAAATTGGTAGCTGCTGAGTTA
 ATTTCTCCAACCTTCTCATCACATAACCTCTACAACGTACGTAGTAATGTAAGCAGATA
 TAATCCTGGGACAAAATAGACATCGTCTCCACATGGTTCTGCTGGCCTGCTACCGCA
 AAATACTCCTCTTGTATCTCGGAAAAGAAGTGTGCCCCTGTTGGCCTCAGAC
 AATAAGTACTACTAAAAAGAAAGAGAGAGAGAAAAAGAAAGAGAGAAAGAAA
 GAGAGAAAGAAAGAGAGAAAGAGAGACAGATTAGTGTCAATTCTCAAAAGTTAGAT
 AACCCAAGAAAACACCTTGTGAAGTTATAAAAGGGAGAACTGATGTTAGTTATGCC
 TGCTACAAATGCTGTTAGCGAACGATGTTCCAGCTTGAACCGCATAAAACTTACCTC
 GAGCTACAAACCACTGATACACGGATGAATAATTGATGGTATTACATATTACAAATCATA
 ACTGATAATATGAAGTAGCAAACAAATTATTGAAAAGAGAGAAAGTCATTAGGAATATT
 GGATACTCCAATAGATCATTATTATAAAACTGATGTTAAGGGACTGGCAGCAC
 ATTTTAAAATGTCCAATGCGATGTAATTCTAAAGTGTGCTTCTGCTGGCCTTAAATT
 AGTGTCTTATTATTTTATATTGTTAGTCGTGTAATGTAATACGTATCTCTTCTAC
 CTTTGGTTCTAATGAAAATTCTAAGTTGATGCCATTAAACATGCTTCTGTTCT
 AAATTACTAAAATATCGAACATTACATCGTATTGAAACATTGAGATCGTTGAC
 GTCTGGAAGAACATTCCGCCAATCTAGAGATGTAAGTTGAAATTAGTAATT
 ATATTATTGCTCTGCCCCATATTGAAAGTTATAGTTAGCTAGATGAGAAAGTTAGAC
 AACACTTATGCCGAGATGTTGCCACAACCTTCACTACCACACAAACCTGGTCTTATTGAG
 TATGAAAATAGTTATAACGTGACAAATTGAGGAATCCGTTATCCCCGCAAACACTGACGT
 AATTGTTATTGACGAAAATGAGGCGAGACTTGTATCATATGTTGCTCTGAGGGTTG
 AGCATAAAATAGTTAACATAACACCTAAAGTTATGACACACATTCTGTTGATTATCTGCATA
 CCAACTTGTACGAGGTTACTCTTCAATTAGAAACGAAAGAAAGACACTGTGAACG
 AAATTGTCTACATGCCTGTTGAGTGAGACAATTATAAGCCTGTTACTTTCTTGACA
 TAAATAATTGTTTGCGTATAGAAACGGATATAGAGATGCATTATAATCAAAGAAGCTGAT
 TGAATTCTTTATCGAAAGTCATTAAAGCTCTGCCATTAAATGTAATT
 CATTCCCTGGTTGATGTTCTGAGTTGTCAGAAGAACAAACATTATTGTTGCAAAGTTG
 CCAGTTCTCACACAGTCATAGAACATTGTTACGACACTATTGACGGAAAATT
 AAAGCCGTTAAATCAGAATAATTAGGAAATCAAATGGAGAGATTGCAACTAAATAACA
 TGTATTATAACAATAAAATCAATTCAATAAGAAATTAAACCCATATGTTCACACGTGTG
 TAAACTGCAGAACATGCAATAAGTATCGCGCTGCGCCGAAATGTAACACACTGACTTTATAA
 ATAGCTGATCAGATTAACGGATGTTAAATCGATTGACTGGCACAGACAGGATATGG
 TAAAAACTGTTAAGTCGGCTTGGAAGATTGAAAGATTACAAACAAAGACAACATA
 GATATAGAATTAAAGTATGACAAACAATTCTTCTATTGCCACCGTTATATTGAGCTGAA
 AGCGTCACGTCAGTAACAACTGCGGATATTGAGGAGACAAACTGTACGTGAGCGGTG
 AGAAGAGCGATAAGATCCTGGTACTCATCAATACAAACACAAACCTCGTGTGGAGAGC
 AACAACTTATATAAAATAGAGAAGAATGAGTAAAGGAGAAGAACACTTCACTGGAGTTG
 AAGGTGATGCAACATACGGAAAACCTACCCCTAAATTATTGCACTACTGGAAAAC
 GTTCCATGGCCAACACTGTCACTACTTCTGTTATGGTCAATGCTTTCAAGATAACCC

AGATCATATGAAACGGCATGACTTTCAAGAGTGCCATGCCGAAGGTTATGTACAGGAAA
 GAACTATATTTCAAAGATGACGGGAACCTACAAGACACGTGCTGAAGTCAGTTGAAGGT
 GATACCCTGTTAATAGAACGAGTAAAAGGTATTGATTAAAGAAGATGAAACATTCT
 TGGACACAAATTGGAATACAACATAACTCACACAATGTATACATGGCAGACAAACAAA
 AGAATGGAATCAAAGTTAACCTCAAAATTAGACACAAACATTGAAGATGGAAGCGTTCAACTA
 GCAGACCATTATCAACAAAATCTCCAATTGGCGATGCCCTGCTCTTACCAAGACAACCA
 TTACCTGTCCACACAATCTGCCCTTCGAAAGATCCCACGAAAAGAGAGACCATGGTCC
 TTCTTGAGTTGTAACAGCTGCTGGATTACACATGGCATGGATGAACATACAAATAACT
 GGTTCCAATATGTTAAATATATAATCTAATATTGTATATATTACTTCATAAAAGGA
 TTAACGAAAATCGTTGTTAGTCCTATAGACCATGAACTGCTGATAGACATGGATATATA
 CTCCTCATTAAAGAAGCCATTATAACCTATTGTGAAACGTGACAAACCATGTCGGC
 ATAAGAGGAGATACATTAAAAAAACTTAAATCTATGATTCCCATTCTCGTTCCAG
 AGCTCGTAATCCTGAAGAGGGTTATCAAGAGATCTGAGGATGAGAATGAGGTCAAGGTGAC
 TCAATCCATTCTAATTACTTTAGGCTAAAAAAACACCCCTGTCAAAACATTATTTTT
 AGTAACACAGATTACACGCATTGTGTCGTTCTCGCATGTTCTTGCCAACCTGTC
 AACAACTTCTGGATACGATCTGTTTTAAAGAAATTCCGCCACGTGATTGAAACGTT
 CTAATATTTGTCATTCCCTAAAATTGTATGACTTACCATGGAAAAAAATTCTAG
 TTTCCGGGATAGCTATTGTGACAGTATTATCTGAAACATAATGAGATTCTATTAT
 TATTTAAATCAAAACCTCAAAACTGTCTAATTGTTAAATTCCACTTATACACTGTAT
 TTGTTGATTGTTGTAATTATTGTTATTATCCTAGAGTTATTAGATTGCAATTCTCG
 ATTAAGTCTATTGCAAGACCAATATTGTAATTCACTATTGAGATTAAAGATAC
 CGATTACTATTATTCCTAACATAACGTGTTATTGTTATTGCAATTGTTATCA
 AAGAGTCTGGTTATCTAGGAGAGTATTAGAAGGCCC

7.2.6 HeELAV

7.2.6.1 HeELAV51ASActeGFPHeEF1alpha (Klon H1)

BluescriptSK	2199bp
(+ ApaI-Adaptor; ohne: Primer-Bindestellen, Polylinker, LacZ, f1-origin)	
<i>HeELAV</i> (5` regul. Reg.)	1616bp
<i>51ASActII</i>	153bp
<i>NotI-Cassette</i>	27bp
<i>eGFP</i>	714bp
<i>HeEF1alpha</i> (3` regul. Reg.)	1226bp

GTGGCACTTTGGGGAAATGTGCGCGAACCCCTATTGTTATTCTAAATACATTCA
 AATATGTATCCGCTCATGAGACAATAACCTGATAAAATGCTCAATAATATTGAAAAAGGAA
 GAGTATGAGTATTCAACATTCCGTGTCGCCCTTATTCCCTTTGCGGCATTGCGCTTC
 CTGTTTGCTCACCCAGAAACGCTGGTGAAAGTAAAGATGCTGAAGATCAGTTGGGTGCA
 CGAGTGGGTTACATCGAAGTGGACTCAACAGCGGTAAGATCCTTGAGAGTTGCCCGA
 AGAACGTTCCAATGATGAGCAGTTAAAGTTCTGCTATGTGGCGCGTATTATCCGTA
 TTGACGCCGGCAAGAGCAACTCGGTCGCCGCATACACTATTCTCAGAATGACTTGGTTGAG
 TACTCACCAGTCACAGAAAAGCATCTACGGATGGCATGACAGTAAGAGAATTATGCAGTGC
 TGCCATAACCAGTGGATGATAACACTGCCGCAACTTACTCTGACAACGATGGAGGACCGA
 AGGAGCTAACCGTTTGCACACATGGGGATCATGTAACCGCCCTGATCGTTGGGAA
 CGGGAGCTGAATGAAGCCATACCAAACGACGAGCGTGACACCACGATGCCTGTAGCAATGGC

AACAAACGTTGCCAAACTATTAACGGCGAACTACTTACTCTAGCTCCCGCAACAATTAA
 TAGACTGGATGGAGGCAGATAAAGTTGCAGGACCCTCTGCGCTCGGCCCTCCGGCTGGC
 TGGTTATTGCTGATAAAATCTGGAGCCGGTGAGCGTGGGTCTCGCGGTATCATTGCAGCACT
 GGGGCCAGATGGTAAGCCTCCCGTATCGTAGTTATCTACACGACGGGAGTCAGGCAACTA
 TGGATGAACGAAATAGACAGATCGCTGAGATAGGTCCTCACTGATTAAGCATTGTAACGT
 TCAGACCAAGTTACTCATATATACTTTAGATTGATTTAAAACCTCATTAAATTAAAAG
 GATCTAGGTGAAGATCCTTTGATAATCTCATGACCAAAATCCCTAACGTGAGTTTCGT
 TCCACTGAGCGTCAGACCCGTAGAAAAGATCAAAGGATCTTCTTGAGATCCTTTCTG
 CGCGTAATCTGCTGCTTCAAACAAAAAACCCACCGCTACCAGCGGGTTGTTGCCGGA
 TCAAGAGCTACCAACTCTTTCGAAGGTAACGGCTTCAGCAGAGCGCAGATACCAAATA
 CTGTCCTCTAGTGTAGCCGTAGTTAGGCCACCACTCAAGAACTCTGTAGCACCGCCTACA
 TACCTCGCTCTGCTAATCCTGTTACCAAGTGGCTGCTGCCAGTGGCGATAAGTCGTCTTAC
 CGGGTTGGACTCAAGACGGATAGTTACCGGATAAGGCGCAGCGGTGCGCTGAACGGGGGTT
 CGTGCACACAGCCCAGCTGGAGCGAACGACCTACACCGAAGTGGAGATACCTACAGCGTGAG
 CTATGAGAAAGCGCCACGCTTCCGAAGGGAGAAAGGCGGACAGGTATCCGTAAGCGGCAG
 GGTCGGAACAGGAGAGCGCACGAGGGAGCTCCAGGGGAAACGCCGGTATCTTATAGTC
 CTGTCGGTTGCCACCTCTGACTTGAGCGTCATTGTGATGCTCGTAGGGGGCGG
 AGCCTATGGAAAAACGCCAGCAACGCCCTTTACGGTTCTGCCCTTGTGGCTGCCCTT
 TGCTCACATGTTCTTCTGCGTTACCGTATTCTGTGGATAACCGTATTACGCCCTTG
 AGTGAGCTGATACCGCTCGCCGAGCCGAACGACCGAGCGCAGCGAGTCAGTGAGCGAGGAA
 GCGGAAGAGCGCCAATACGCAAACCGCCTCTCCCGCGCTGGCGATTCAATTAGCAG
 CTGGCACGACAGGTTCCGACTGGAAAGCGGGAGTGAGCGAACGCAATTATGTGAGTT
 AGCTCACTCATTAGGCACCCCAAGGCTTACACTTATGCTCCGGCTCGTATGTTGTGGAA
 ATTGTGAGCGGATAACAATTTCACACAGGAAACAGCTATGACCATGATTACGCCAAGCTTGT
 TGTAAAACGACGGCCAGTGAATTCCAAGTTGACTGTTGTTGAAATAAGTATGGATAT
 AAAACATATGTGCTGTACAGAAAAAGTTGAATGAAAAAGGAGCAGGTGTGAATATGTAT
 GTTTTATGATAAGGTATAATGCTTGTGAATTATTAATTGAAGTATTCTGCGGGAAAT
 TAGTTGAAAACACTTCTGGAAAATATTGCTTTTTAAGCGAAAAATACAATCGCATAT
 TGTGTTGACCCGTTTATGGATTGATTGAGCAGATATAATTGGTAGCTATTGTTGT
 TTTTAATAAAAAAGAACAAAAATCGTTTCTTATTGTTCTTCAATTATTCTAT
 TTCACAAAATGAGGGTTTTGTGAGATAAAAATAAGCAATTGAAATTAGTTCAATT
 AGGTTAAACACAGGCTTCTTATAAGAGACACGACGCTTAAGATTGAGCTATTGTTGT
 TTTCAGACAAAGTGAAGAATTTCATTGACTCTAGAATTAGTTAAAGAAACTCAA
 GAATCTGGTTTTGGTTAAGAACATCTCTAAGTTCAAAATGCTAACATATGAACGTTCT
 AAGACTTTGTACCGGAAGTTAGTGTGTAAGAAAGTGTATTGTGAAGAAAAAGGTACT
 TTTTATATAACCGACATTGAGAGAAAAGAAAAATGGTTCTGATGATTCTAGGCTCAG
 CATATTCAATAATATTCAAGTGTAGTTCTATCAACTTGGAAATTCTTAAACT
 TGGGAAATTGAGCCTTGATGATTCTTATAAAAATAATTCTTATAAAAATGTGGAATGCAAA
 GTATAAAATGTACAATTAAACCTCGTTCCAGGGTGTGTTACCTACGTGACAAAATGGTC
 CTCAACGAATTGGATAAAAACATTGAAACAGCTGCTACCTAACGCTTACGGAC
 AATATCTCTAAAATTCACTGTAGCATTAGACTTTAATTCTAAAATTGCACTGCTTAA
 AACATTCAATTGCTTTAGCTTTAATAATAAGCACCTTCAAAATATGTCAAAAAA
 TTCCCAGCCTCAAAATCGTTCTTATTGTTAAAATGTTCTCAACCAATGTAATTAGATGCGC
 GAATGGAAACCAGGTCTCAGCAAAAGGTGATTAACGGTTTGTACATAGACAGATTGTA
 TGTTATTGTGTTGTGCGATAGGGGAAACCCCTCTAATTAAATTGATGTCAGAGATGA
 CAGTCGAATAAACGCTTGTGTTCTATTGTTATTAAACAACGTGCTAAACCAATAGGGAT
 TACGGATGAACAAAAGTGTCAAGCCAATGAAAACCAATTAGTCAGGATTTATTGTCTAACG
 TGCAGAACAAATCGGAGAGAAAAGAAAAGAAAAACATAAATTCTAGCGCGGTACAAAT
 ATGATGTTAATTCTCTAGACGATTGGATAACGGAGTGGTTTACGTTAAGTTTT
 GTAATTGTTATGTTCAATAAATTATTAAAGTCAAGAAAATTGATTCCATTATTGTTT

AATAAATCAACACTGTCTAAAATTGGTATGGCCGATGATGATGTTGCTGCTCGTCGTAGA
 CAATGGATCTGGTATGTGCAAAGCTGGATTGCTGGAGATGATGCTCCAAGAGCTGTCTTCC
 CCTCAATCGTCCGGACGTCCCCGTATCAGGGAGTCATGGTTGGTATGGGACAAAAAAGCGGCC
 GCTGCAGCCCCGGTAGAAAAAATGAGTAAGGAGAAGAACTTTCACTGGAGTTGTCCCAAT
 TCTTGGTGAATTAGATGGTGATGTTAATGGGCACAAATTTCAGTCACTGGAGAGGGTGAAG
 GTGATGCAACATACGGAAAACCTACCCCTAAATTTCAGTCAACTACGGAAAACACCTGTT
 CCATGGCCAACACTGTCACTACCTTCTGTTATGGTGTCAATGCTTTCAAGATAACCCAGA
 TCATATGAAACGGCATGACTTTCAAGAGTGCCATGCCGAAGGTATGTACAGGAAAGAA
 CTATTTTCAAAGATGACGGGAACCTACAAGACACGTGCTGAAGTCAAGTTGAAGGTGAT
 ACCCTGTTAATAGAACGTTAAAGGTATTGATTTAAAGAAGATGGAACATTCTGG
 ACACAAATTGGAATACAACACTACACACATGTATACATCATGGCAGACAAACAAAAGA
 ATGGAATCAAAGTTAACCTCAAAATTAGACACAAACATTGAAGATGGAAGCGTTCAACTAGCA
 GACCATTATCAACAAAACCTCCAATTGGCGATGCCCTGCTTTTACAGACAACCATTA
 CCTGTCACACAATCTGCCCTTCGAAAGATCCAAACGAAAAGAGAGACCATGGCCTTC
 TTGAGTTGTAACAGCTGCTGGATTACACATGGCATGGATGAACTACAAATGACCTATG
 AAAATTAAATACTGCATAATGTTATTGAACTAAAATATTCAACGAAAACATTAAAGGAG
 GAAAAACATGTAATTCTGTCAAATGAAAAAATTGGAGTTAATTGTTGTTTCTTC
 TAAGGAAGGATACGGTAGACCATTGACACATGTTCACTATTCAAAATATCCTTAAC
 AAAATAATTCCGAAAAAAACTGGAATGGAGAAAAAATTCCAAACAAAAGAACGCCCTC
 CCTGTTATGGCTTGGTAACTCCCCTCCATCAATTTCATTAAAAAACATCGCTG
 TATTGCTCTTATTAGCTCTACAATATCTTACATCTTCAAAAAAATTTCGTTCTCA
 AGTTGCATTGTCTAAATTACTACATAATCCACGAATTAGCTCGTTGATGAATCATAA
 TTCGATAATTATTCAAATTAGAAATAAAAAAACAGAATTGTTAGCCAGGCAGACGTATG
 GTGGCCGAGAACTGCCACACGAAAAACTTTGTTAATTGCGTTAATTATTATTATT
 AATTCTTTTATTAAATTGAACTAAAGCTAAGAACAAAGTTGAGACTTCACATTGAAAA
 AGTTAAGAACATTGAAGGCTTTCAAGTTAAGTGTGTTAAAGAAAGTGCATTCA
 TTGTTCTCATTCTAAATGTTACCAATGAAATCCTACATGTTCAATGAAAAGGAGGAAA
 TCTGAACCTTAATTCACCTGGTATATGGTGGCGAGAACTGCCACACGAAAACCTGTTA
 ATTGCGTTAATTGATTATTATAATTAAATTATTAAATTCTTTGTTTATT
 AACTTTATTAACTTTAATTCAATTATTATAATTGCTTTCTATTAGGCAGCGT
 TTACATGGAGCCGTAGTGAGTTCAAACCGGTTGAGATTCACTACGGCTGCGATTCAA
 TACGGTTGACGGTCAAGTTCTAATAGCGTTACATGAGTACACCCGTACTCAAAGTCGAAC
 CGGTTGAAATTAACTACGGAGTGGAGAAATAGGTTGAGATTAAAACCGGTTGAAAAGCT
 CATGAAACAGGACCGCGGACCGGTTGGCTGTATCGATGTATCACGCATCGTCAATTAT
 ATTATACACATGCGCGAATTGATAAAATCTTGTGCGCGGGCCCC

7.2.6.2 HeELAV51ASActeGFPHeELAV (Klon A2)

<i>BluescriptsK</i>	2199bp
(+ ApaI-Adaptor; ohne: Primer-Bindestellen, Polylinker, LacZ, f1-origin)	
<i>HeELAV</i> (5`regul. Reg.)	1616bp
<i>51ASActII</i>	153bp
<i>NotI-Cassette</i>	27bp
<i>eGFP</i>	714bp
<i>HeELAV</i> (3`regul. Reg.)	2023bp

GTGGCACTTTGGGGAAATGTGCGCGAACCCCTATTGTTATTTCTAAATACATTCA
 AATATGTATCCGCTCATGAGACAATAACCTGATAAATGCTCAATAATATTGAAAAAGGAA
 GAGTATGAGTATTCAACATTCGGTGCGCCCTTATTCCCTTTGCGGCATTTGCCTC
 CTGTTTGCTACCCAGAAACGCTGGTAAAGTAAAAGATGCTGAAGATCAGTGGGTGCA
 CGAGTGGGTTACATCGAACTGGATCTAACAGCGTAAGATCCTGAGAGTTTCGCCCGA
 AGAACGTTCCAATGATGAGCACTTTAAAGTCTGCTATGTGGCGGGTATTATCCGTA
 TTGACGCCGGCAAGAGCAACTCGGTGCCATACACTATTCTCAGAATGACTTGGTTGAG
 TACTCACCAGTCACAGAAAAGCATCTTACGGATGGCATGACAGTAAGAGAATTATGCAGTGC
 TGCCATAACCATGAGTGATAACACTGCCAACCTACTCTGACAACGATCGGAGGACCGA
 AGGAGCTAACCGTTTGCACAAACATGGGGATCATGTAACCTGCCCTGATCGTTGGAA
 CCGGAGCTGAATGAAGCCATACCAAACGACGAGCGTACACCACGATGCCCTGAGCAATGGC
 AACAAACGTTGCCAAACTATTAACGGCAACTACTACTCTAGCTCCCGAACAAATTAA
 TAGACTGGATGGAGGGCGATAAAAGTTGCAGGACCACTCTCGCCTCGGCCCTCCGGCTGGC
 TGGTTATTGCTGATAAATCTGGAGCCGGTGGCTCGCGTATCGAGCTTCTGAGCTCCGGCTGGC
 GGGGCCAGATGTAAGCCCTCCGTATCGTAGTTACACGACGGGAGTCAGGCAACTA
 TGGATGAACGAAATAGACAGATCGCTGAGATAGGTGCCACTGATTAAGCATTGGTAACG
 TCAGACCAAGTTACTCATATATACTTTAGATTGATTTAAAACCTCATTTAAATTAAAAG
 GATCTAGGTGAAGATCCTTTGATAATCTCATGACCAAAATCCCTAACGTGAGTTTCGT
 TCCACTGAGCGTCAGACCCGTAGAAAAGATCAAAGGATCTCTTGAGATCCTTTCTG
 CGCGTAATCTGCTGCTTGCACACAAAAACCACCGTACCGCGGTTGTTGCCGGA
 TCAAGAGCTACCAACTCTTCCGAAGGTAACTGGCTCAGCAGAGCGCAGATACCAAATA
 CTGTCCTCTAGTGTAGCGTAGTTAGGCCACCTCAAGAACTCTGAGCACCGCCTACA
 TACCTCGCTCTGCTAACCTGTTACCAAGTGGCTGCTGCCAGTGGCGATAAGTCGTGCTTAC
 CGGGTTGGACTCAAGACGATAGTTACCGGATAAGGCGCAGCGGTGGCTGAACGGGGGTT
 CGTGCACACAGCCCAGCTGGAGCGAACGACCTACACGAACTGAGATAACCTACAGCGTAG
 CTATGAGAAAGGCCACGCCAGCTCCGAAGGGAGAAAGGCGGACAGGTATCCGTAAGCGCAG
 GGTCGGAACAGGAGAGCGCACGAGGGAGCTCCAGGGGAAACGCCGGTATCTTATAGTC
 CTGTCGGGTTTCGCCACCTCTGACTTGAGCGTCGATTTGTGATGCTGTCAGGGGGCG
 AGCCTATGGAAAAACGCCAGCAACGCCCTTTACGGTTCCGGCTTTGCTGCCCTT
 TGCTCACATGTTCTTCCTGCGTTATCCCTGATTCTGTGGATAACCGTATTACGCCCTTG
 AGTGAGCTGATACCGCTGCCGAGCCGAACGACCGAGCGCAGCGAGTCAGTGAGCGAGGAA
 GCGGAAGAGGCCAACACGCAACGCCCTCTCCCCGCGCTGGCCGATTCAATTATGCAG
 CTGGCACGACAGGTTCCGACTGGAAAGCGGGCAGTGAGCGCAACGCAATTATGTGAGTT
 AGCTCACTCATTAGGCACCCCAAGGTTACACTTATGCTTCCGGCTCGTATGTTGTGG
 ATTGTGAGCGGATAACAATTACACAGGAAACAGCTATGACCATGATTACCCAAGCTG
 TGTAAAACGACGCCAGTGAATTCCAAGTTGACTGTTGAAATAAGTATGGATAT
AAAACATATGTGCTGTACAGAAAAAGTTGTAATGAAAAAAGGAGCAGGTGTGAATATGTAT
 GTTTTATGATCAAAGGTATAATGCTTGTGAATTATTAATTGAAGTATTGTCGCGGGAAAT
 TAGTTGAAAACACTCTGGCAAAATATTGCTTTTTAAGCGCAAAATACAATCGCATAT
 TGTGTTGACCCGGTTTATGGATTCAATTGAGCAGATAATTGGTGAGCTATTGTTGT
 TTTTAATAAAAAAGAACAAAAACGTTTCTTATTTATTTTATCTTCAATTATCTAT
 TTCACAAAATGAGGGTTTGTAGATAAAATAAGCAATATTGAAATTAAAGTCAATT
 AGGTTAAACACAGGTTCTTATAAGAGACACGACGCTTAAGATTGAGGTGGTAGT
 TTTCAGACAAAAGTGAAGAATATTCCATTATTGACTCTAGAATTAGTTAAAGAACTCAA
 GAATCTGGTTTGTAGATAAGAACATCTAAGTCAAAATGCTAAACATATGAACGTTCT
 AAGACTTTGTACCGAAGTTAGTGTGCTAAGAAAAGTGTATTGTGAAGAAAAGGTACT
 TTTTATATAAACCGACATTGGAGAGAAAAGAAAAATGGTTCTGATGATTCAAGGCTCAG
 CATATTCAATAATATTCAAGTGTAGTTCTATCAACTTGGAAATTCTAAACT
 TGGGAAATTGAGCCTGATGATTCTATAAAAATAATTCTATAAAAATGTGGAAATGCCAA
 GTATAAAATGTACAATATTACCTCGTTCCAGGGTGGTACCTACGTGACAAAACGTTGTC

CTCAACGAATTGGATAAAAAACATTGTAAACAAGCTGCTACCTACGCTTCCTACGGAC
 AATATCTCTCAAATTATCATGTAGCATTAGACTTTAATTTCTAAAATTGCATCTGCTTAA
 AACTTCATATATTGCTTTAGCTTTAATAATAAGCACCTTCAAAATATGTCTAA
 TTCCCAGCCTCAAATCGTCTTATTTAAAATGTTCTCAACCAATGTAATATAGATGCGC
 GAATGGAAACCAGGTCTCAGCAAAAGGTGATTAATACGGTTGTACATAGACAGATTGTA
 TGTTATTGTGTTGTGCGATAGGGGAAACCCTCTAATTAATTATCATGTGACAGATGTA
 CAGTCGAATAAACGCTTGTGTTCTATTGTTATTAAACAACGTGCTAAACCAATAGGGAT
 TACGGATGAACAAAAGTGTCAGCCATGAAAAACCATTAGTCAGGATTTATTGTCTAAGCG
 TGCAGAACAAATCGGAGAGAAAAGAAAAAAACATAAATTCTAGCGCGGTACAAAT
 ATGATGTTTAATTCTCTAGACGATTGGATACACGGAGTGGGTTTACGTTAAGTTTT
 GTAATTTTATGTTCATATAAATTATTAAAGTTCAAGAAAATTGATTCCATTATTGTTTT
 AATAAATCAACACTGTCTAAAATTGGTATGGCGATGATGATGTTGCTGCTCGTCTAGA
 CAATGGATCTGGTATGTGCAAAGCTGGATTGCTGGAGATGATGCTCCAAGAGCTGTCTCC
 CCTCAATCGTCCGACGTCCCCGTATCAGGGAGTCATGGTTGGTATGGGACAAAAAAGCGGCC
 GCTGCAGCCCCGGTAGAAAAAATGAGTAAAGGAGAAGAACTTTCACTGGAGTTGCTCCAAT
 TCTTGTGAATTAGATGGTATGTTAATGGCACAAATTCTGTCAAGTGAGGTTGAAG
 GTGATGCAACATACGGAAAACCTTACCTTAAATTATTGCACTACTGGAAAACCTACCTGTT
 CCATGGCCAACACTTGTCACTACTTCTGTTATGGTGTCAATGCTTTCAAGATAACCCAGA
 TCATATGAAACGGCATGACTTTCAAGAGTGCCATGCCAGGGTTATGTACAGGAAAGAA
 CTATATTTCAAAGATGACGGAAACTACAAGACACGTGCTGAAGTCAAGTTGAAGGTGAT
 ACCCTTGTAAATAGAATCGAGTTAAAGGTATTGATTAAAGAAGATGGAAACATTCTTGG
 ACACAAATTGGAATACAACACTACACACAATGTATACATCATGGCAGACAAACAAAAGA
 ATGGAATCAAAGTTAACCTCAAATTAGACACAAACATTGAAGATGGAAGCGTCAACTAGCA
 GACCATTATCAACAAATACTCCAATTGGCGATGCCCTGCTTTACAGACAACCATTA
 CCTGTCCACACAATCTGCCCTTCGAAAGATCCAACGAAAAGAGAGACACATGGCCTTC
 TTGAGTTGTAACAGCTGCTGGATTACACATGGCATGGATGAACTATACAAATAAGATATT
 GGCTAAATCATTTTATTTGAATGTGGAGATACTTGTGTTGTTGTTGTTGTTGTA
 TGTTTTAAAATGAGAGTTCAAGAGCTGTACTCGAAGTATTAAATTATAATAGTTATTATG
 GCGCTAAAGTCCCACCTAAAAACTCTTTTTAACATGTTGTAATGTTGTTGTTGTTGTA
 GAGAGAATGTAGAAAGTGTCAATGAGGAACAAAAAAACATAGCTGGAATGAGGCAGCTC
 AATGTATAATAGTTGTATGTAGTGTAGAGCAAGTTAAATTATAATAGTTACAAACAC
 CCTATCGACGCAAAGGCTTGAAACGCTTCCAATACAGCAGTTCCGAAAAACACTTACGA
 TGGAGGGCGTTTTAGCCTCTCGTAGAAGGGTAATATTGTTGGTTGGCTTCAGTT
 TTGAATGTTCGTAATAATACGTAATCAAATATTGTGAAAGAATTATTCTAGATTGTTA
 GAATGAACAAAACCGTTCTGTTGACATGTTAGGTAATATGCTTAAAGCCATCT
 TTTGAAACTGCTAAAGCCATCTTGTAAACCACCTTTGGAACCTCGTCTAACATTCA
 TTTGGCACTCAAACGCCACCTTGTAGTTCTAAAGTTTTGTAATGATATTGTAAAAC
 TGTCAGAGCTTCGTGATATAATCTCCTTGTACAGACTTGTGGTTGACCTATTGT
 GTTGCAATTAGACAATGAGTCAAAATTGTTAAAGAATTCTCGCTAAACAAATCTATGGAT
 CTACTCTATGTTGAAAGTATGACATCTAATTACTACGTTCTTCAAAGTATAACACT
 TTACTAGTACGTGATCTTGGCGTGTGTTCTGTCAAGCAAACCTTTAAAAGGGAAATTG
 TATTGAGTTAGAAAGTCGCAAACATAAAACCCACAGGAGGAGTGTGTTCTCAAACATTGA
 TAGAACATATGTTTACTCTGTTCTTATATAAAATATTGCAAGATTTCAGAAAGAAA
 GAGGTTTATTGAAATTACGCGTCAAAATTATATGGTACGAAGTAACACAAAAAGAAA
 AATATATGTTACATATGAAAAAATGAAATTGCGAAGATTTCGCCAGTGTAC
 GATATTAAAATATCGAAAACATTCAACACGCACGAAAAAATTCGCTAAACTTCTTAATC
 GTTAGGATTATGGTTGCGTTCTGTTGTTGTTTATTGTTACTTATTACAGTATATGCAAG
 GCATTGTGGACAGGTTCCCACAATGCATTGGCAAGGAGAAAATTTGTTCAAGTCTT

TGTGTATGGGATTCCTTGGAAATCTATGAAATCTTCTATGACCACAGGGTTGGTTGGCA
 TTTCTCCTGCCGATATTTGTTACGTTACATTACGAGAAAGTTCGTTAAGTTACAT
 TTACGAGAAAGTTACGTTATCTCGTTATATTACGAGAAAAGTTACGTTTGTACGCTCT
 TTATGTTATAATGCACGTTATGTTGGAAAAAGAATTATTACAGCACAAATTCTCATCG
 TATAAGAAAAGAATATATTATGTCGTAATTAAACCTCTTAAGCAAAAAAAACTTTT
 TTATGAACCATGCGTGTGACAATGAACCTCGCTTTATGTCGACAATGATCCTATGTACAG
 AAAGGCTATCACTCCCCACTATTATAGCTTGAATTGATCTACAATCATCCACATAATATAT
 TGAGACTTTGATTTGACAAAAAAATTACACAAACTCGCACCACAAGTCTCTCAAAC
 TCGACGTACTGCCGGAACCTCAGCTTAGC~~GGGCC~~

7.2.6.3 *HeELAVeGFP* (Klon A1)

<i>BluescriptsK</i>	2199bp
(+ ApaI-Adaptor; ohne: Primer-Bindestellen, Polylinker, LacZ, f1-origin)	
<i>HeELAV</i> (5`regul. Reg.)	1616bp
<i>eGFP</i>	714bp
<i>HeELAV</i> (3`regul. Reg.)	2023bp

GTGGCACTTTGGGGAAATGTGCGCGAACCCCTATTGTTATTCTAAATACATTCA
 AATATGTATCCGCTCATGAGACAATAACCCCTGATAAATGCTCAATAATATTGAAAAGGAA
 GAGTATGAGTATTCAACATTCCGTGTCGCCCTTATTCCCTTTGCGGCATTTGCCTTC
 CTGTTTGCTACCCAGAAACGCTGGTGAAAGTAAAGATGCTGAAGATCAGTTGGGTGCA
 CGAGTGGTTACATCGAACTGGATCTAACAGCGTAAGATCCTTGAGAGTTTCGCCCGA
 AGAACGTTCCAATGATGAGCACTTTAAAGTTCTGCTATGTGGCGGGTATTATCCGTA
 TTGACGCCGGCAAGAGCAACTCGGTCGCCCATACACTATTCTCAGAATGACTTGGTTGAG
 TACTCACCAGTCACAGAAAAGCATCTACGGATGGCATGACAGTAAGAGAAATTATGCAGTGC
 TGCCATAACCATGAGTGATAAACACTGCGGCCACTTACTCTGACAACGATCGGAGGACCGA
 AGGAGCTAACCGTTTGACAAACATGGGGATCATGTAACCTCGCCTTGATCGTTGGAA
 CCGGAGCTGAATGAAGCCATACCAAACGACGAGCGTGACACCACGATGCCTGTAGCAATGGC
 AACAACGTTGCCAAACTATTAACTGGCGAACTACTACTCTAGCTCCGGCAACAATTAA
 TAGACTGGATGGAGGCGATAAAGTTGCAGGACCACTCTCGCCTCGGCCCTCCGGCTGGC
 TGGTTATTGCTGATAAATCTGGAGCCGGTGAGCGTGGGTCTCGCGTATCATTGCAGCACT
 GGGGCCAGATGGAAGCCTCCCGTATCGTAGTTATCTACACGACGGGAGTCAGGCAACTA
 TGGATGAACGAAATAGACAGATCGCTGAGATAGGTGCCTCACTGATTAAAGCATTGTAACTG
 TCAGACCAAGTTACTCATATATACTTAGATTGATTAAAACCTCATTTAAATTAAAAG
 GATCTAGGTGAAGATCCTTTGATAATCTCATGACCAAAATCCCTAACGTGAGTTTCGT
 TCCACTGAGCGTCAGACCCGTAGAAAAGATCAAAGGATCTTCTTGAGATCCTTTTCTG
 CGCGTAATCTGCTGCTGCAAACAAAAAACCCACCGCTACCAAGCGTGGTTGTTGCCGGA
 TCAAGAGCTACCAACTCTTTCCGAAGGTAACTGGCTTCAGCAGAGCGCAGATACCAAATA
 CTGTCCTCTAGTGTAGCCGTAGTTAGGCCACCTCAAGAACTCTGTAGCACCGCCTACA
 TACCTCGCTCGCTAATCTGTTACAGTGGCTGCCAGTGGCATAAGTCGTGTCTTAC
 CGGGTTGGACTCAAGACGATAGTTACCGATAAGGCGCAGCGGTGGCTGAACGGGGGTT
 CGTGCACACAGCCCAGCTGGAGCGAACGACCTACACCGAACTGAGATACCTACAGCGTGAG
 CTATGAGAAAGGCCACGCCAGCTCCGAAGGGAGAAAGGGAGACAGGTATCCGTAAGCGGAG
 GGTCGGAACAGGAGAGCGCACGAGGGAGCTCCAGGGGAAACGCCCTGGTATCTTATAGTC
 CTGTCGGGTTGCCACCTCTGACTTGAGCGTCGATTTGTGATGCTCGTCAGGGGGCGG

AGCCTATGGAAAAACGCCAGCAACGCCCTTTACGGTCCTGGCTTGTGGCTTT
 TGCTCACATGTTCTTCCTGCGTATCCCCTGATTCTGTGGATAACCGTATTACGCCCTTG
 AGTGAGCTGATACCGCTCGCCGAGCCGAACGACCGAGCGCAGCGAGTCAGTGAGCGAGGAA
 GCGGAAGAGCGCCCAATACGCAAACCGCCCTCCCCGGCGTTGGCGATTCAATTATGCAG
 CTGGCACGACAGGTTCCCGACTGGAAAGCGGGCAGTGAGCGAACGCAATTAAATGTGAGTT
 AGCTCACTCATTAGGCACCCCAAGGCTTACACTTATGCTTCCGGCTCGTATGTTGTGGA
 ATTGTGAGCGGATAACAATTACACAGGAAACAGCTATGACCATGATTACGCCAAGCTTGT
 TGTAAAACGACGGCCAGTGAATTCCAAGTGGACTGTTGTTGAAATAAGTATGGATAT
 AAAACATATGTGCTGTACAGAAAAAGTTGAATGAAAAAAGGAGCAGGTGTGAATATGTAT
 GTTTTATGATCAAAGGTATAATGCTTGTGAATTATTAAATTGAAGTATTCTGTCGGGAAAT
 TAGTTGAAAACACTCTGGAAAATATTGCTTTTTAAGCGAAAATACAATCGCATAT
 TGTGTTGACCCGGTTTATGGATTCAATTGAGCAGATATAATTGGTAGCTATTGTTGT
 TTTTAATAAAAAAGAACAAAATCGTTCTTATTATTTATCTTTCAATTATTCTAT
 TTCACAAAATGAGGGTTTGTAGATAAGAACATATTGAAATTAGTTCAATTTC
 AGGTTAAACACAGGCTTCTTATAAGAGACACGACGCTTAAGATTGAGCTTGTAGT
 TTTCAGACAAAAGTGAAGAATATTCCATTATTGACTCTAGAATTAGTTAAAGAACTCAA
 GAATCTGGTTTTGGTAAGAACATCTAAGTTCAAAATGCTAACATATGAACGTTCT
 AAGACTTTGTACCGAAGTTAGTGTCTAAGAAAGTGTATTGTGAAGAAAAGGTACT
 TTTTATATAACCGACATTGGAGAGAAAAGAAAAATGGTTCTGATGATTCAAGGCTCAG
 CATATTCAATAATTCAAGTGTAGTTCTAATCAACTTGGAAATTCTAAACTT
 TGGAAATTGAGCCTTGATGATTCTATAAAATAATTCTATAAAATGTGGAATGCAA
 GTATAAAATGTACAATAATTAAACCTCGTTCCAGGGTGTACCTACGTGACAAAATGGTC
 CTCAACGAATTGGATAAAAACATTGTAACAGCTTGCTACCTTACGCTTCCTACGGAC
 AATATCTCTAAAATTCACTGTAGCATTAGACTTTAATTCTAAATTGCACTGCTTAA
 AACTTCATATAATTGCTTTAGCTTTAATAATAAGCACCTTCAAAATATGTCAAAAAA
 TTCCCAGCCTCAAAATCGTCTTATTAAAATGTTCTCAACCAATGTAATATAGATGCG
 GAATGGAAACCAGGTCTCAGCAAAAGGTGATTAATACGGTTGTACATAGACAGATTGTA
 TGTTATTGTGTTGTGCGATAGGGGAAACCTCTAATTACATGTGACAGATGA
 CAGTCGAATAAGCCTGTGTTCTATTGTTATTAAACAACGTGCTAAACCAATAGGGAT
 TACGGATGAACAAAAGTGTCAGCCATTAGACCTTAAATTGCAAGAAAATTGATTCAAGCG
 TGCGAAACAAATCGGAGAGAAAAGAAAAGAAAAACATAAATTCTAGCGCGTACAAAT
 ATGATGTTTAATTCTCTAGACGATTGGATACACGGAGTGGTTTACGTTAAGTTTT
 GTAATTGTTATGTTCAATAAAATTATTAAAGTCAAGAAAATTGATTCAATTGTTT
 AATAAAATCAACACTGTCTAAATTGGTATGAGTAAAGGAGAAGAACCTTCACTGGAGTTG
 CCCAATTCTGTTGAATTAGATGGTATGTTAATGGGCACAAATTCTGTCACTGGAGAGG
 GTGAAGGTGATGCAACATACGGAAAACCTACCTTAAATTATTGCACTACTGGAAAAC
 CCTGTTCCATGCCAACACTGTCACTACTTCTGTTATGGTGTCAATGCTTTCAAGATA
 CCCAGATCATATGAAACGGCATGACTTTCAAGAGTGCCATGCCGAAGGTATGTACAGG
 AAAGAACTATAATTGAAATACAACACTACACACAATTGTATACATCATGGCAGACAAAC
 AAAAGAATGGAATCAAAGTTAACCTCAAAATTAGACACAAACATTGAAGATGGAAGCGTTCAA
 CTAGCAGACCATTATCAACAAAATCTCAATTGGCAGTGGCCCTGCTTACACATGGCAGATGG
 CCATTACCTGTCACACAATTCTGCCCTTCGAAAGATCCCAACGAAAAGAGAGACACATGG
 TCCTTCTGAGTTGTAACAGCTGGATTACACATGGCAGATGGACTATACAATAA
 GATATTGGCTAAATCATTTATTGAAATGTGGAGATACTTGTGTTGTTGTT
 TTGTGATGTTTAAATGAGAGTTGAGCTGTACTCGAAGTATTAAATTATAATAGTT
 ATTATGGCGCTTAAAGTCCCACCTAAAAACTTCTTTTAACATGTTGTTAAATGTTA
 TGTCCAGAGAGAATGTAGAAAGTTGTTCAATGAGGAACAAAAAAACAATAGCTGGAATGAGG
 CAGCTCAATGTATAATAGTTGATGTTAGTGTAGAGCAAGTTAAATTATAATAGTTATA

CAACACCCTATCGACGCAAAGGCTTGAAACGCTTCCAATACAGCAGTTCCGAAAAACAC
 TTACGATGGAGGGCGTTTTAGCCTCTGCCTAGAAGGGTAATATTTGGTTGGCTTT
 CAGTTTGAAATGTTCGTAATAATACGTAATCAAATATTGTGAAAAGAATTATTCTAG
 ATTTAGAACAAACTCGTTCTGTTGACATGTTAGGTAATATGCTAAAAG
 CCATCTTGAAACTGCTAAAAGCCATCTTGAAACCACCTTTGGAACCTCGTCATAA
 CATTCACTGGCACTCAAAACGCACCTTGAGTTCTAAAGTTTGTAATGATATTG
 TAAAACGTAGCTATTGTCGATATAAATCTCCTTGACAGACTTGTGGTTGACCC
 TATTGTGTTGCAATTAGACAATGAGTCAAAATTGTTAAAGAATTCTCGCTAAACAAATCT
 ATGGATCTACTCTATGTTGAAAGTATGACATCTAATTACTACGTTCTTCAAAGTAT
 AACACTTTACTAGTACGTGATCTTGGCGTGTGTTCTGTCAGCAGACTTTAAAAGGG
 AAATTGTATTGAGTTAGAAAGTCGAAACATAAAACCCCACAGGAGGTGTTCTCAA
 CTTGATAGAACATATGTTTACTCTGTTCTTATATAAAATATTGCAAGATTTC
 AAGAAAGAGGTTTATTGAAATTACGCGTCGTTAAATTATGATGGTACGAAGTAACACAAA
 AAGAAAAATATGTTACATATGAAAAAATGAAATTGCAAGATTTCGCCAG
 TGTTACGATATTAAAATATCGAAAACATTCAACACGCACGAAAAAATTCGCTAAACTTC
 TTAATCGTTAGGATTATGGTGCCTTCTGTTGTTGTTTATTGTTACTTATTT
 GTTTGTTATTATTATTGAATTATGATGACGTATATCATGAGCATTAAAAACGTA
 TATATATTATTAAAATGAATTGCTCCTAAGGAGGACGGTGTACTTATTACAGTATATA
 TGCAAGGCATTGTGGCACAGGTTCCCACATGCATTGGCAAGGAGAAATTGTTCA
 GTTCTTGTGTATGGGATTCCTTGGAAATCTATGAAATCTCTATGACCACAGGGTTGGT
 TTGGCATTCTCCTGCCGATATTGTTACGTTACATTACGAGAAAGTTCTGTTAAG
 TTACATTACGAGAAAGTTACGTTATCTGTTATATTACGAGAAAGTTACGTTGTC
 CGCTCTTATGTTATAATGCACGTTATGTTGGAAAAAGAATTATTACAGCACAAATT
 TCATCGTATAAGAAAAGAATATATTATGTCGAAATTAAAACCTCTTAAGCAAAAAAAA
 CTTTTTATGAACCATGCGTGTGACAATGAACCTCGCTTATGTCGACAATGATCCTAT
 GTACAGAAAGGCTATCACTCCCCACTATTATAGCTGAAATTGATCTACAATCATCCACATA
 ATATATTGAGACTTTGATTTGACAAAAAAATTCAAAACTCGCACCACAAGTCTTC
 TCAAACTCGACGTACTGCCGGAACTTCAGCTTAGC GGGCCC

7.3 Überexpressionskonstrukte mit einem analytischen Gen

7.3.1 Überexpressionskonstrukte mit *Heβ-Cat^{mut}*

7.3.1.1 *HeActIIHeβ-Cat^{mut}.eGFP* (Klon C11)

<i>BluescriptSK</i>	2221bp
(+ ApaI-Adaptor; ohne: Primer-Bindestellen, Polylinker, LacZ, f1-origin)	
<i>Linker</i>	6bp
<i>HeActII</i> (5`regul. Reg.)	1976bp
<i>Heβ-Cat^{mut}</i>	2445bp
<i>NotI-Cassette</i>	27bp
<i>eGFP</i>	714bp
<i>HeTermII</i> (3`regul. Reg.)	1569bp

GTGGCACTTTGGGGAAATGTGCGCGAACCCCTATTGTTATTCTAAATACATTCA
 AATATGTATCCGCTCATGAGACAATAACCTGATAATGCTCAATAATATTGAAAAAGGAA
 GAGTATGAGTATTCAACATTCCGTGTCGCCCTATTCCCTTTGCGGCATTGCGCTTC

CTGTTTGCTCACCCAGAAACGCTGGTGAAAGTAAAAGATGCTGAAGATCAGTTGGGTGCA
 CGAGTGGGTTACATCGAACTGGATCTAACAGCGGTAAGATCCTTGAGAGTTTCGCCCGA
 AGAACGTTCCAATGATGAGCACTTTAAAGTTCTGCTATGTGGCGCGTATTATCCCGTA
 TTGACGCCGGCAAGAGCAACTCGGTCGCCCATACACTATTCTCAGAACATGACTTGGTGAG
 TACTCACCAGTCACAGAAAAGCATCTTACGGATGGCATGACAGTAAGAGAACATTGCAGTGC
 TGCCATAACCATGAGTGATAACACTGCGGCCACTTACTCTGACAACGATCGGAGGACCGA
 AGGAGCTAACCGTTTGACAAACATGGGGATCATGTAACCTCGCCTGATCGTTGGAA
 CCGGAGCTGAATGAAGCCATACCAAACGACGAGCGTGACACCACGATGCCGTAGCAATGGC
 AACAACGTTGCCAAACTATTAACTGGCGAACTACTTACTCTAGCTCCCGCAACAAATTAA
 TAGACTGGATGGAGGGGATAAAAGTTGCAGGACCACTCTCGCCTCGGCCCTCCGGCTGGC
 TGGTTATTGCTGATAAAATCTGGAGCCGGTGAGCGTGGGTCTCGCGTATCATTGCAGCACT
 GGGGCCAGATGGAAGCCCTCCCGTATCGTAGTTATCTACACGACGGGAGTCAGGCAACTA
 TGGATGAACGAAATAGACAGATCGCTGAGATAGGTGCCACTGATAAACGATTGGTAAC TG
 TCAGACCAAGTTACTCATATATACTTAGATTGATTAAAACCTCATTAAATTAAAAG
 GATCTAGGTGAAGATCCCTTTGATAATCTCATGACCAAAATCCCTAACGTGAGTTTCTG
 TCCACTGAGCGTCAGACCCGTAGAAAAGATCAAAGGATCTCTTGAGATCCTTTTCTG
 CGCGTAATCTGCTGCTTGCACAAAAAAACCACCGTACACAGCGGTTTGTGCGGGA
 TCAAGAGCTACCAACTCTTTCCAAGGTAACTGGCTTCAGCAGAGCGCAGATAACAAATA
 CTGTCCTCTAGTAGCCGTAGTTAGGCCACCTCAAGAACACTCTGAGCACCGCCTACA
 TACCTCGCTCTGCTAACCTGTTACAGTGGCTGCTGCCAGTGGCGATAAGTCGTGCTTAC
 CGGGTTGGACTCAAGACGATAGTTACCGATAAGGCGCAGCGGTGGCTGAACGGGGGTT
 CGTGCACACAGCCCAGCTGGAGCGAACGACCTACACCGAACTGAGATAACCTACAGCGTGA
 GCTATGAGAAAGCGCCACGCCAGCTCCGAAGGGAGAAAGGCGGACAGGTATCCGTAAGCGCAG
 GGTCGGAACAGGGAGAGCGCACGAGGGAGCTCCAGGGGAAACGCCGGTATCTTATAGTC
 CTGTCGGGTTTCGCCACCTCTGACTTGAGCGTCGATTTGTGATGCTCGTCAGGGGGCGG
 AGCCTATGGAAAAACGCCAGCAACCGCCCTTTACGGTTCTGGCCTTTGCTGGCCTTT
 TGCTCACATGTTCTTCCTGCGTTATCCCCCTGATTCTGTGGATAACCGTATTACGCCCTTG
 AGTGAGCTGATACCGCTGCCGAGCGAACGACCGAGCGCAGCGAGTCAGTGAGCGAGGAA
 GCGGAAGAGCGCCAATACGCAAACCGCCCTCCCCGCGCTGGCCGATTCAATTAGCAG
 CTGGCACGACAGGTTCCGACTGGAAAGCGGGCAGTGAGCGCAACGCAATTATGTGAGTT
 AGCTCACTCATTAGGCACCCCAAGGCTTACACTTATGCTCCGGCTCGTATGTTGTGGA
 ATTGTGAGCGGATAACAATTACACAGGAAACAGCTATGACCATGATTACGCCAAGCTTGT
 TGTAAAACGACGGCCAGTGAATTGAGCTCGGTACCCGGGATCC**TCTAGTGAATGTTCACT**
TCGATATTTAGCAAGGGGTTAAAGTCGCAGGCATGTAAGTGCTCAATATTGCGCATCAGG
AGCAATTTCGCCGCACTGATTGTTCAAAAGTCAAGCCAACATGAGTTAATTTCATTG
GTTAAATACGCAAATGTTCTCCGTTGAGCGAACGCCATCGTGGCGCGAAACTTT
AATCCCCATGCCGTGTTCTTTGTTAGATCTGACGGCGAACAGACAAAAAGCTCTGGGA
ACGAGGTTGTGCAGGAGTCGTAGCTCGTTAGGCAAATATACCCACATAAAAATAGATCG
CAGTAGGAAATTGCTAATTCTAGTCTCTAATTCAAATGCTAATCTACCCATGGGAAC
GAGGATGGGCTGTGTTAGTTGAAACTAATGGGTGTTGAGTTTCAGGCTGTTCTTATT
TAATTTTAATTTCATGTTAAATCATGATTGCTGTTCTTATGTTGGCTATTACTGC
AATTTTCAAATCTGTTGTTAGTAGCTTCTCTTAGCTACTAGAACAGGTCCATAT
ATTGGCCTTTCTTCTGCGTGAACAACTGAGATTGTTGAATGTTATTTAAAAA
CTGTCAGCTGTTACAGCTGATGTTCAAGTAATTCTAACCGTTGCTGCTAAAATAAA
ACTGTTAAGGGGGTGGATTAGTGCTCATACTTCAATTGTTATATTTGTTATAAGC
TAGACACACCTGTACTTCAAAACATAAGAAAAATGTCTGTTAGCGTTCTTGAACCTTAA
CCATTTAAATTAGTCAAAACGAGAGTTATAGAGTTACTCATGAAAACCACGTTCAA
ACTAAAACTTCTTCATGCGTACAGTATTGAGGTTTATTGCTACGTTGTAAGTTGCC
CGTGTGATTTGTTAGAACGTGAACAAACAGTGCTGTACAGGATGGTGTAGGGAC
AATCTAAATTACATAAAAACATAACGGTTGCGTTCTATAATGCCATAAATAGTTGCT

GAACTCTCTCCTCATCGTGTGTTCAATGAAAAACTTAAAATGACTGCGAAGGAG
 TCAACTTCGCTGGATAACATGGTTCTATTCAAGCGTTAACAAATAGGTCTGTTGTA
 CATTGTTGAAACTAAATTGACGTTCTTCTGTTCTGGTAAAAATTGATATATTTAGAC
 AAAAAATGCAAAGCATGTAACTATGCTGCAACTAAACTTTCCAATAAATTGATCTT
 CCAAAATGTATGATCTGTTGAGAATGTCGAACCAGAGTTAGGAAAAATTACTGTACGT
 ATGAGAAAAAGAAGAAAATAGCCCCGGCAGGGATTAGCTAAAAACTTAAAAAGAAAAA
 AAAAAACGACCGGAAGAAATATTATGGTCTTCGGAACATTGTTCAATTATGATGCTC
 GTAGAAACCACCTTAATCGCTATCTCATTAAAATTCAACATTCTGCATGTTGTTATGAG
 CTTCGAGGGTTGTTGCCATATTCAAGGGGTATATAAAAAATTATTTGTTGAAATT
 AAAACAAGTCATAATTAAAATGGTCTTTATTCAAAATATTATTTAATGCAAGTAACTC
 TTGCTAGAAAATATAGAAAAATTAAAGAACACTTAAATACTCGACATAATTCTGTTT
 TTCCAACCCCGTACAATCAAAGCGTTCTATTGTTGAGTCAAACAATGGAACCTGCACG
 CAGAATGTTCTTTGCCATATATGGTTAGAAAACCTGCTATCGTGTATGAGCTTAAATTG
 CAGCCGGAGACAAAACGCCCTCACCAAGGTTCAATTACGAACCTAAAGTAACATTGACAAGAC
 GTTCATTTTCTTACACTTCGTTAAAAACTTAAACTCAAAATGGCACTTATTGATGATC
 CTAATGCTCGTATGAAATATCAGCAAGTACCGAGTACAGCAAGCTCTGACAGAGATGCT
 CGTATGCTAGAGGATCGTCGTAAAAGTTGGTTATGATGAAAGTAACCAACCTAACAG
 ACAACAACTTCAAATGAGATACGTGCAATTGATAATCAGTTGAATCAAATGCATATGCAAC
 GGCAAGGGATGGGAGATTGGTATGCATCAGCAAGCTATGAATAAAATGAATCAAACAGCC
 ATGTGGAATCAAGGCTATAACATTGATGCTGGTATTCAAGCTGCTGCCACAGCAATAAAGG
 TGGTATTTGATGATGATGATCATCGCACCATTCTTCCAACAATTGAATGGGAAACAAA
 ATTTCACTGGTGAACCTATGGATGCTCAGATGAATGAACAGTATAAAACACACGAAGCCAT
 AGAGTGAGAGCTGCAATGTTCTGAAACAATGAATGATGGAATGGATATACCAACAACTCA
 AATGGACCTGAAATCCAACCTGCTGTACAACGCTTGGCTGAGCCTCCAAATGTTAAAAA
 CTGCTGTTGTTGACTTGATCAACTATCAAGATGACGCTGATCTGGCAAATAGGGCTATACCT
 GAACTATTGCTACTACATGAAGGTGATTGCAAGACCGTTCAACAGGCTTCCACCATGGT
 GAATCAGCTAACTAAGAAAGAGGCCAGCTGCCATGCTTATGAATAACATGCAAATGGTAG
 CAACATTAGTAAAGTAGCTACAAATTCCAACGATGCTGAAACTGTTGATGTGCTGTTGGT
 GCTTGCATAACATGTCATCACAGACAAGGACTGTTGGCTATTAAAAGTGGTGGTAT
 ACCAGCGTTAGTAAGACTCCTGGTTATCGTGTGGAGGCTGCGTATTTATGCAATCACCA
 CCTTACACAATCTCCTATTGCATCAAGAAGGTGCAAAGATGGCAGTCCGGTGGCTGGTGGC
 TTACAGAAAATGATTGCACTGTTACATAAAACGAACGTTAAATTGGCTATCGTTACAGA
 TTGCTTACAGATTGGCATATGCAATTAGGAATCAAATTGATAATTAGCATCAGGTG
 GACCCGTTGAGCTTGTGAAAATAATGAGAAGTTACACATATGAGAAGCTTTATACACAACA
 TGTGTTGCTTGTGAAAGTTATCTGTTGCTTCCAGTAACAAACAGCCATCGTTGAGGCTGG
 TGGTATGCGAGGATTGGCAAACCATCTATCCCATCAGAGCACACGATTGGTCAAATTGTT
 TGTGGACTCTCGTAACCTGCTGTGATGTGGCGACCAAACAAGAAGGTTGGAAGGCTTGTG
 CAAATGCTAGTACAACCTTGCATCCAACGATATCAATGTTGTCACATGCTGCTGGTAT
 CTTGTCGAACCTTACCTGCAACAATCCAAGAAATAAGCAAGTCGTGTCAGTCGGAGGTA
 TTGAAGCTTGTACGTACTATCACGCAAGCTGGTACCGTGAAGAGATCAGTCACCTGCT
 GTATGCGCTTACGTATTAAAGAGTCGACATCCTGATGCTGAACATGCTGAGAATGGTGT
 TCGTCTCCACTTGGAAATACCTGTTGATCAAGCTGTTAAATCCTCCATCAAGATGCCAT
 TGATTAAGGCTGTTAGGTTAATTGAAATCTGGTCTATGTCCTGGTAATCATACACCT
 ATTGCGACCAAGGGGGAGTACCAAGACTTGTCCAGCTTGTGATGAGAAGTCAACAGGACGT
 GCAACGGCGTGGTCCAGGTGCTTCCAGTATGGTGTGAGGTAAGAATGGAAGAAATAGTCG
 AAGGCAGTGGAGCTTGCACATCTGGCTCGTGAATCATTAAATCGATCCATCATTGCGT
 GAATTGAACTGTATACCGACATTGTCAGCTTCTCTGATATGAAACACATTGTCGG
 AGTAGCAGCCGGCGTGTGAGTTGGCGCAAGATAAAGAAGGAGCAGATTCCATCGAAC
 GAGAAGGTGCTACGACCATTCTCACTGAACCTCTACATTCCGAAATGAAGGCATAGCTGCG
 TATGCCGAGCTGTTCTTCCATGTCGGAAGATAAAAGTCAAGACTACAAAAACAGCTT

ATCGGTTGAATTAACCAGCTCACTATTTAGAGACGATATGCCGTGGGAGCCTGGAAATACGG
 AAATGGCTGATATTTAACAACTCAGTCGTATCAGGACGAGCTCTACTCTCCCCACATCACT
 CAACAGAGCCAGACAAGCTCCATGCAGTACACAAACTCGTTCAACAAACACCCATTCTTCC
 TCAACAAACAACAACAACAGCAACCACCATTAACCGGTGGAAACCCGTGGTTGATT
 CGGATATGGCGCCGCTGCAGCCCCGGTAGAAAAAATGAGTAAAGGAGAAGAACCTTCACT
 GGAGTTGTCCCAATTCTGTTGAATTAGATGGTGTATGGGCACAAATTCTGTCAG
 TGGAGAGGGTGAAGGTGATGCAACATAACGAAAACCTACCCCTAAATTATTGCACTACTG
 GAAAACACTACCTGTTCCATGGCAACACTTGTCACTACTTCTGTTATGGTGTCAATGCTTT
 TCAAGATAACCCAGATCATATGAAACGGCATGACTTTCAAGAGTGCCATGCCGAAGGTTA
 TGTACAGGAAAGAACTATATTTCAAAAGATGACGGGAACTACAAGACACGTGCTGAAGTCA
 AGTTGAAGGTGATACCCCTGTTAATAGAATCGAGTAAAGGTATTGATTTAAAGAAGAT
 GGAAACATTCTGGACACAAATTGGAATACAACACTATAACTCACACAATGTATACATCATGGC
 AGACAAACAAAAGAATGGAATCAAAGTTAACTTCAAAATTAGACACAAACATTGAAGATGGAA
 GCGTTCAACTAGCAGACCAATTCAACAAAATCTCCAATTGGCGATGCCCTGCTTTTA
 CCAGACAACCATTACCTGTCACACAATCTGCCCTTCGAAAGATCCAACGAAAAGAGAGA
 CCACATGGCCTTCTTGAGTTGTAACAGCTGCTGGGATTACACATGGCATGGATGAACAT
 ACAAATAAGCTCCTTGAAGTAAAGTCACATCCACAAACAGGGGGTAGACTAGAAACT
 AACTTGTCAATTGTCATCAATTGACATTTCACAAATCCATCTGGGCTTTGTGCA
 CAACTTGCAGCCTTATAAAATTGTAATACAGATATCCACAAATGTAATAATTAAATA
 ACGGGGTTGTTATACAATAACGAATCTCTCATAATAATTATTATCCCCCGGTGGTCGT
 GTGTCTGCTGCCAGACATCATCAGAGGCAAACCTACTTTTAGACTACACGCCTTCAAA
 TGTGTGATCTATCCTTAAAGAAATCGCTGGCGCCCTGGTTAATCCCTGCTATCAATTGCA
 GAATCTCTCAGATGTGCCAGAAAGATATCCGGAGATGTCATTGGCCTCTAAATGGAGTA
 AGCTTTCTGCCAGACATTCTACTTCCCCTAAGTTGTTAGGTGCAAATTCCGCACTC
 GAAAAGACTGCTGCTGGTAATATGGTTCGTTACGCTCGATGGAAATAATTCCCTACC
 TCAACTGTACTGACGCCCTCATTGTTTATTGCGGAGGCCGTAAAACGAAGTTACGAT
 AACTAACAAAGTATCGACCAAGCACATTGCGTCATTGCTTATTGACGAGTCGTCTATTG
 AAAAATCCGGTATAAAATTAGTGGAAAAATGCCAAATGTGATCTTCTCCCTCTCC
 CCCCTTTCAATGTTGGGTCGTATGCTGGTTGAGCGAAAAATTGTTATGTGTCGCGT
 CAAAATCGAATTAAGGGGAAGGGGAATATAACGTGTTAAATTCCACAAATATTA
 TGTTCAAGGGGTTGTTAGGATAAACTTGTGTACATGTAATTGTCAGAGCAGAACTTGGG
 GGCAAATTCTTATTGTTACTATTGCGCTTATTAAATTTCACGCAATCGCTCCAAAATG
 TTCTCCAGTGCCCGGAATTGTTGTCAGAAATAATTATCGTTAAAAATTGCGCTAAATTAA
 ATACTACGCTTATAGGTTATACCATATGCAAATTCTCCGTTTCGTTAGTCATACTACTA
 AAAATAGAAACTTTCCGGATAACGTTACACATTTTAAAAACTCTCCGTTTGGG
 ATCAAATTGCGAAGACGGAAGAATTGAAAACGGAATGTACAGTCGACTCTCTAATTG
 ATTTCCAGGGGGAGGAAATTATATCGAATTAGAGAGAGAATCGAATTAGGAAGTGTCT
 CTAATTGAAATTCTTGTGGGGGGGGACTAGAAAAAATCGAATTACAGAGTGA
 AATTATATTGTAACCGCAAAAAAGGAATAAGACATGCATTGTTGGACAGTGCAGCACGA
 ATATTAAAGACTTTCAAGGATCTTAAAGATCTGAAAGTAGTCATCAATATTGACT
 GTTTTTATTAGCATATTATAAAATCAACGGCCCCATTACATCTTTAATGCAACCACT
 ACATCGTTCAAAGTTGGAAAACGGGCC

7.3.1.2 *HeActIIeGFPHeβ-Cat^{mut.}* (Klon C5)

<i>Bluescript_{SK}</i>	2221bp
(+Apal-Adaptor; ohne: Primer-Bindestellen, Polylinker, LacZ, f1-origin)	
<i>Linker</i>	6bp
<i>HeActII</i> (5`regul. Reg.)	1976bp
<i>eGFP</i>	714bp
<i>Heβ-Cat^{mut.}</i>	2445bp
<i>HeTermII</i> (3`regul. Reg.)	1569bp

GTGGCACTTTGGGGAAATGTGCGCGGAACCCCTATTGTTATTTCTAAATACATTCA
 AATATGTATCCGCTCATGAGACAATAACCTGATAATGCTCAATAATATTGAAAAAGGAA
 GAGTATGAGTATTCAACATTCCGTGTCGCCCTTATTCCCTTTTGCGGCATTTGCCTTC
 CTGTTTGCTCACCCAGAAACGCTGGTGAAAGTAAAGATGCTGAAGATCAGTGGGTGCA
 CGAGTGGTTACATCGAACTGGATCTCAACAGCGTAAGATCCTTGAGAGTTTCGCCCGA
 AGAACGTTCCAATGATGAGCACTTTAAAGTTCTGCTATGTGGCGGGTATTATCCGTA
 TTGACGCCGGCAAGAGCAACTCGGTCGCCGCATACACTATTCTCAGAATGACTTGGTTGAG
 TACTCACCAGTCACAGAAAAGCATCTTACGGATGGCATGACAGTAAGAGAAATTATGCAGTGC
 TGCCATAACCATGAGTGATAAACACTGCCAACTTACTCTGACAACGATCGGAGGACCGA
 AGGAGCTAACCGCTTTTGACAAACATGGGGATCATGTAACCTCGCCTTGATCGTTGGAA
 CCGGAGCTGAATGAAGCCATACCAAACGACGAGCGTGACACCACGATGCCCTGAGCAATGGC
 AACAACGTTGCCAAACTATTAACTGGCAACTACTTACTCTAGCTCCGGCAACAATTAA
 TAGACTGGATGGAGGCGATAAAAGTTGAGGACCACTCTCGCCTCGGCCCTCCGGCTGGC
 TGGTTATTGCTGATAAAATCTGGAGCCGGTGAGCGTGGGTCTCGCGTATCTGCAGCACT
 GGGGCCAGATGTTAAGCCCTCCGTATCGTAGTTATCTACACGACGGGAGTCAGGCAACTA
 TGGATGAACGAAATAGACAGATCGCTGAGATAGGTGCCACTGATTAAAGCATTGTAACTG
 TCAGACCAAGTTACTCATATATACTTAGATTGATTAAAACCTCATTTAAATTAAAAG
 GATCTAGGTGAAGATCCTTTGATAATCTCATGACCAAAATCCCTAACGTGAGTTTCGT
 TCCACTGAGCGTCAGACCCGTAGAAAAGATCAAAGGATCTTCTGAGATCCTTTCTG
 CGCGTAATCTGCTGCTGCCAAACAAAAACACCACCGCTACCGCGGTGGTTGTTGCCGGA
 TCAAGAGCTACCAACTCTTCCGAAAGGTAACTGGCTTCAGCAGAGCGCAGATACCAAATA
 CTGTCCTCTAGTGTAGCCGTAGTTAGGCCACCCTCAAGAACTCTGAGCACCCTACAGCGTGA
 TACCTCGCTCGCTAACCTGTTACAGTGGCTGCCAGTGGCAGTAAGTCGTGTCTTAC
 CGGGTTGGACTCAAGACGATAGTTACCGGATAAGGCGCAGCGGTGGCTGAACGGGGGTT
 CGTGCACACAGCCCAGCTGGAGCGAACGACCTACACCGAACTGAGATAACCTACAGCGTGA
 CTATGAGAAAGCGCCACGCCCTCCGAAGGGAGAAAGGCGGACAGGTATCCGTAAGCGGCA
 GGTCGGAACAGGAGAGCGCACGAGGGAGCTCCAGGGGAAACGCCCTGGTATCTTATAGTC
 CTGTCGGGTTCGCCACCTCTGACTTGAGCGTCATTGTGATGCTCGTCAGGGGGCG
 AGCCTATGGAAAAACGCCAGAACCGGCCCTTTACGGTCTGCCCTTTGCTGCCCTT
 TGCTCACATGTTCTGCGTTATCCCTGATTCTGTGGATAACCGTATTACCGCCTTG
 AGTGAGCTGATACCGCTGCCGCAGCGAACGACCGAGCGCAGCGAGTCAGTGAGCGAGGAA
 GCGGAAGAGCGCCAATACGCAAACCGCCCTCCCCGCGCGTTGGCGATTCAATTAGCAG
 CTGGCACGACAGGTTCCGACTGGAAAGCGGGAGTGAGCGCAACGAATTATGTGAGTT
 AGCTCACTCATTAGGCACCCCAAGGCTTACACTTATGCTTCCGGCTCGTATGTTGTGGA
 ATTGTGAGCGGATAACAATTACACAGGAAACAGCTATGACCATGATTACGCCAAGCTTGT
 TGTAACGACGCCAGTGAATTGAGCTCGTACCCGGGATCC**TCTAGTGAATGTTCACT**
TCGATATTTAGCAAGCGGTTAAAGTCGCAGGCATGTAAGTGCTCAATATTGCGCATCAGG
AGCAATTTCGCCGCAGTGAATTGTTCAAAAGTCAGGCCAACATGAGTTAATTTCATTGC

GTTAAATACGCAAATGTTTTTTCCGTTGAGCGAAGGCCATCGTGGCGCGAAACTTT
 AATCCCCATGGCCTGTCTCTTGTAGATCTGACGGCGAACAGACAAAAAGCTCTGGGA
 ACGAGGTTGTGCAGGAGTCGTAGCTCGTTAGGCAAATATACCCCACATAAAAATAGATCG
 CAGTAGGAAATTGCTAATTCTAGTCTCTAATTCAAATGCTAATCTACCCATGGGAAC
 GAGGATGGGCTTGTGTTAGTTGAAACTAATGGGTGTTGAGTTTCAGGCTGTTCTTATT
 TAATTTTAATTTTTAATGTTAAATCATGATTGTTCTTATGTTGGCTATTACTGC
 AATTTTCCAATCTGTTAGTAGCTTCCCTTAGCTACTAGAAGAGTGTCCATAT
 ATTGGCCTTTCTTCTGCGTCAACAATCTGAGATTGTTGAATGTTATTTTAAAAA
 CTGTCAGCTGTTACAGCTGATGTTCAAGTAATTCTAATCCGTTGCTGCTAAAATAAA
 ACTGTTAAGGGGTGGATTAGTGCTTCATACTTCAATTGTTATATATTTGTTATAAAGC
 TAGACACACCTGACTTCAAAACATAAGAAAATGCTGTTAGCGTTCTTGAACCTTAA
 CCATTTAAATTAGTCAAAACGAGAGTTATAGAGTTACTCATTGAAAACCACGTTCAA
 ACTAAAACTTCTTCATGCGTACAGTATTGAGGTTTATTGTCAGGTTGAAAGTTGCC
 CGTGTGATTTGTTAGAACGTGAACAACAAACAGTGCTGTACAGGATGGTGTAGGGAC
 AATCTAAATTACATAAAAAACATAACGGTTGCGTTCTATAATGCCATAAAATGTTGCT
 GAACTCTCCTTCATGTTGTTCAATGAAAAACTTAAAGTACTGCGAAGGAG
 TCAACTTCCGTTGGATACATGGTTCTATTGAGCTTAATACAATAGGTCTTGTGTA
 CATTGTTGAAACTAAATTGACGTTCTTCTTGTGTTGGTAAAAATTGATATTTAGAC
 AAAAAAATGCAAAGCATTGTAACCTATGCTGCAACTAAACTTTCCAATAATTGATCTT
 CCAAAATGTATGATCTGTTGAGAATGTCGAACCATGAGTTAGGAAAAATTACTGTC
 ATGAGAAAAAGAAGAAAATAGCCCCGGCAGGGATTAGCTAAAAACTTAAAAAGAAAAA
 AAAAAACGACCGGAAGAAATATTGTTATGGTCTTCGGAACATTGTCATTATGATGTC
 GTAGAAACCACCTTAATCGCTATCTCATTAAAATTCAACATTGTCATGTTGTTATGAG
 CTTTCGAGGGTTGTTGTCATATTGAGGGTATATAAAAAAATTATTTGTTGAAATT
 AAAACAAGTCATAATTAAATGGTCTTTATTGCAATTATTGTTAATGCAGTTAGAATCAC
 TTGCTAGAAAATATAGAAAAATTAAAGAACACTTAAATACTCGACATAATTCTTGT
 TTCCAACCCCCGTACAATCAAAGCGTTCTATTGTTGAGTCACAAACATTGCACTG
 CAGAATGTTCTTGCATATGGTTAGAAAACCTGCTATGTCATGAGCTTAAATTG
 CAGCCGGAGACAAAACGCCCTCACAGGTTCATTACGAACCTAAAGTAACATTGACAAGAC
 GTTCATTTTCTTCTTACACTCGTAAAAACTTAAACTCAAATGAGTAAAGGAGAAGAAC
 TTTTCACTGGAGTTGTCCTAACATTGTTGAATTAGATGGTATGTTAATGGGCACAAATT
 TCTGTCAGTGGAGAGGGTGAAGGTGATGCAACATACGGAAAACCTACCCCTAAATT
 CACTACTGGAAAACACTACCTGTCATGCCAACACTGTCACTACTTCTGTATGGTGT
 AATGCTTTCAAGATACCCAGATCATATGAAACGGCATGACTTTCAAGAGTGC
 GAAGGTTATGTACAGGAAAGAACTATATTGAAAGATGACGGGAACACTAACAGACACGT
 TGAAGTCAGTTGAAGGTGATACCCCTGTTAATAGAATCGAGTTAAAGGTATTGATT
 AAGAAGATGGAAACATTCTGGACACAAATTGGAATACAACACTATAACTCACAC
 ATGATGGCAGACAAAAGAATGGAATCAAAGTTAACCTCAAAATTAGACACAAATT
 AGATGGAAGCGTTCAACTAGCAGACCATTATCAACAAAACACTCCAAATTGG
 GCATGCCCTGAAAGATCCCAACGAA
 AAGAGAGACCACATGGTCTTCTGAGTTGTAACAGCTGCTGGGATTACACATGG
 CATGGA
 TGAACATACAAAATGCCACTTATTGATGATGCTCTAATGCTGTATGAAATATC
 AGCAGTAC
 AGTCATACGAGCAAGCCCTGACAGAGATGCTGTATGCTAGAGGATCGTC
 AAAAGTT
 GTTATGATGTATGAAAGTAACCAACCTAACAGACAACTTCAA
 AAATGAGATACGTGCAAT
 TGATAATCAGTTGAATCAAATGCATATGCAACGGCAAGGGATGGGAGATT
 ATGGTATGTC
 AGCAAGCTATGAATAAAATGAATCAAACAGCCATGT
 GGAATCAAGGCTATAACATTGATGTC
 GGTATTCAAGCTGCTGCACCAGCAATAAAAGGTGGTGA
 ATTGATGATGTC
 CCATTCTTCCAACAATTGCAATGGGAACAAAATT
 TCACTGGTGAACCTATGG
 ATGCTCAGA
 TGAATGAACAGTATAATAACACACGAAGCCATAGAGTGAGAGCTG
 CAATGTT
 CCTGAAACA
 ATGAATGATGGAATGG
 ATGATGTC
 ACCACAAACTCAA
 ATGG
 ACCCTGG
 AAATCCA
 ACTGCTG
 TACA

ACGCTTGGCTGAGCCTCCAAATGTTAAAAGCTGCTGTTGACTGATCAACTATCAAG
 ATGACGCTGATCTGGCAAATAGGGCTATACTGAACATTTCGTCTACTACATGAAGGTGAT
 TTGCAGACCGTTCAACAGGCTTCCACCAGGTGAATCAGCTAACTAAGAAAGAGGCCAGCTG
 CCATGCTGTTATGAATAACATGCAAATGGTAGCAACATTAGTAAAAGTAGCTACAAATTCCA
 ACGATGCTGAAACTGTTGATGTGCTGTTGGTGCATAACATGTCATCACAGACAA
 GGACTGTTGGCTATTTAAAAGGGTGTACAGCGTTAGTAAGACTCCGGTTATCG
 TGTGGAGGCTGTCGTATTTATGCAATCACCACCTACACAATCTCCTATTGCATCAAGAAG
 GTGCAAAGATGGCAGTCGGTGGCTACAGAAAATGATTGCACTGTTACATAAAA
 ACGAACGTTAAATTTGGCTATCGTTACAGATTGCTTACAGATTTGGCATATGGCAATCA
 GGAATCAAATTGATAATATTAGCATCAGGTGGACCCGTTGAGCTTGTGAAAATAATGAGAA
 GTTACACATATGAGAACGTTTATACACAACATGTCGTGTTGAAAGTTTATCTGTGTT
 TCCAGTAACAAACCAGCCATCGTTGAGGCTGGTGTACAGGCAATTGGCAACCATCTATC
 CCATCAGAGCACACGATTGGTCAAATTGTTGGACTCTCGTAACCTGTCATGTTG
 CGACCAAACAAGAAGGTTGGAAGGCTTGTGCAAATGCTAGTACAACCTTGCATCCAAC
 GATATCAATGTTGTCACATGTGCTGCTGGTATCTGCAACCTACCTGCAACAATCCAAG
 AAATAAGCAAGTCGTGTCAAGTCGGAGGTATTGAAGCTTGTACGTACTATCACGCAAG
 CTGGTACCGTGAAAGAGATCACTGAACCTGCTGTATGCGCTTACGTCAATTAAACGAGTCGA
 CATCCTGATGCTGAACATGCTGAGAATGGTGTGCTCCACTTGAATACCTGTTGAT
 CAAGCTGTTAAATCCTCCATCAAGATGCCATTGATTAAGGCTTGTATAGGTTAATTGAA
 ATCTTGGTCTATGTCCTGGTAATCATAACCTATTGCGACCAAGGGGAGTACCAAGACTT
 GTCCAGCTTTGATGAAGTCATACCAAGGACGTGCAACGGCGTGGTCCAGGTGCTCCAGTAT
 GGTTGATGGTGTAAAGAATGGAAGAAATAGTCGAAGGCACTGTTGGAGCTTGCACATCTGG
 CTCGTGAATCATTAAATCGATCCATCATTGTAATTGAACTGTATACCGACATTGTCAG
 CTTCTCTCTGATATCGAAAACATTGTCGAGTAGCAGCCGGTGTGAGTTGGC
 GCAAGATAAAAGAAGGAGCAGATTCCATCGAACGAGAAGGTGCTACGACCATTCTCACTGAAC
 TTCTACATTGCGAAATGAAGGCATAGCTGCGTATGCCAGCTGTTCTCGCATGTC
 GAAGATAAAAGTCAAGACTACAAAAACGCTTATCGGTTGAATTAACCAGCTCACTATTAG
 AGACGATATGCCGTGGAGCCTGGAAATACGGAAATGGCTGATATTAAACAACAGTCGT
 ATCAGGACGAGCTACTCTCCCCACATCACTAACAGAGCCAGACAAGCTCCATGCACT
 ACAAAACTCGTTCAACAAACACCCATTCTTCTCAACAAACAACAACAACAGCAACC
 ACCATTAACCGGTGGAAACCCGTGGTTGATTGGATATGTAAGCTCTTGAAGTAAAGTC
 ACATCCACAAACACAGGGTGGTAGACTAGAAACTAACATTGTCATTGTCATCAATTG
 CATTGTCATCTGGCTTTGTGACAACATTGCAAGCCTTATAAAATTGTTG
 AATACAGATATCCACAAAATGTAATAATTAAACGGGTTGTTATACAATAACGAATCT
 CTCATAATAATTATTATCCCCCGTGGTGTGCTGCTGCCAGACATCATCAGAGG
 CAAACTACTTTAGACTACACGCCCTCAAATGTTGATCTACCTTAAAGAAATCGC
 TGGGCCCTGGTTATCCCTGCTATCAATTGCGAATCTTCAGATGTGCAAGAAGAT
 ATCCGGAGATGTCAATTGCCCTAAATGGAGTAAGCTTTCTGCCAGACATTCTACTTC
 CCGCATAAGTTGTTAGGTGCAAATTCCCGACTCGAAAAGACTGCTGCTGGTAATATGGTT
 TCGTTGTTACGCTCGATGGAAATAATTCTACCTCAACTGTAACGTACTGACGCCCTATTGTT
 TTTTATTGCGGAGGCCGTAAAACGAAGTTACGATAACTAACAGTATCGACCGACATT
 TGCGTATTGCTTATTGACGAGTCGCTATTGAAAAACCCGGTATAAATTAGTGG
 AAAATGCCAAATGTGATCTTCTCCCTCTCCCCCTTTCAATGTTGGGTTGTA
 TGCTGGTTGAGCGGAAAATTTGATGTGCGCGTAAAATCGAATAAGGGAAAGGGAA
 ATAACGTGTTGTTAAATTCCACAAATATTGTTCAAGAGGGTTGAGGATAAAACTG
 TGTACATGTAATTGTCAGAGCAGAACTTGGTGGCAAATTCTTATTGACTATTG
 CGCTTATTAAATTTCACGCAATGCCCTCCAAATGTTCTCCAGTGCAGGAAATTGGTGCAG
 AAATAAAATTATGTTAAAAATTGCGCTAAAATTAATACTACGTTATAGGTTATACCA
 TGCAAATTCTCCGTTTCGTTAGTCATACTACTAAAATAGAAACTTCCGGATAACGTT
 TACACATTTTAAAAACTTCCGTTTGGGATCAAATTGTCGAGACCGAAGAAT

TTGAAAACGGAATGTACAGTCGACTCTAATTGATTTCCAGGGGGAGGAAATTTATATC
 GAATTAGAGAGAGAATCGAATTAGGAAGTGTCTCTAATTGAAATTATTTTTGGG
 GGGGGGGGACTAGAAAAAATCGAATTACAGAGTCAAATTATGTAAACTCGAAAAAAGG
 AATAAGACATGCATTTTGACAGTGCAGCACGAATATTAAAGACTTTCAAGGATCTT
 TTAAGATCTCTGAAAGTAGTCATCAATATTGACTGTTTTATTTAGCATATTATAAAAT
 CAACGCCCCATTACATCTTTAATGCAACCACATCGTTCAAAGTTGGAAAACGGG
 CCC

7.3.1.3 Überexpressionskonstrukt mit dem selbst-spaltenden Polypeptid 2A

7.3.1.3.1 *HeActIIeGFP2AHeβ-Cat^{mut.}* (Klon A3)

<i>BluescriptSK</i>	2221bp
(+Apal-Adaptor; ohne: Primer-Bindestellen, Polylinker, LacZ, f1-origin)	
<i>Linker</i>	6bp
<i>HeActII</i> (5`regul. Reg.)	1976bp
<i>eGFP</i>	714bp
<i>2A</i>	69bp
<i>Heβ-Cat^{mut.}</i>	2445bp
<i>HeActII</i> (3`regul. Reg.)	1569bp

GTGGCACTTTGGGGAAATGTGCGCGAACCCCTATTTGTTATTTCTAAATACATTCA
 AATATGTATCCGCTCATGAGACAATAACCCCTGATAAAATGCTCAATAATATTGAAAAGGAA
 GAGTATGAGTATTCAACATTCCGTGTCGCCCTTATCCCTTTGCGGCATTTGCCTTC
 CTGTTTGCTCACCCAGAAACGCTGGTGAAAGTAAAGATGCTGAAGATCAGTGGGTGCA
 CGAGTGGGTTACATCGAACTGGATCTAACAGCGGTAAGATCCTGAGAGTTTCGCCCGA
 AGAACGTTTCCAATGATGAGCACTTTAAAGTTCTGCTATGTGGCGGGTATTATCCGTA
 TTGACGCCGGCAAGAGCAACTCGTCGCCGCATAACTATTCTCAGAATGACTGGTTGAG
 TACTCACCAGTCACAGAAAAGCATCTACGGATGGCATGACAGTAAGAGAATTATGCAGTGC
 TGCCATAACCATGAGTGATAACACTGCGGCCAACTTACTCTGACAACGATCGGAGGACCGA
 AGGAGCTAACCGTTTGCACAACATGGGGATCATGTAACTCGCCTGATCGTTGGGAA
 CCGGAGCTGAATGAAGCCATACCAAACGACGAGCGTGACACCACGATGCCGTAGCAATGGC
 AACAACGTTGCCAAACTATTAACTGGCGAACTACTTACTCTAGCTCCCGCAACAAATTAA
 TAGACTGGATGGAGGCGATAAAAGTTGAGGACCACTCTGCGCTCGGCCCTCCGGCTGGC
 TGGTTATTGCTGATAAAATCTGGAGCCGGTGAGCGTGGGTCTCGCGGTATCATTGCAAGCACT
 GGGGCCAGATGGAAGCCCTCCGTATCGTAGTTATCTACACGACGGGAGTCAGGCAACTA
 TGGATGAACGAAATAGACAGATCGCTGAGATAGGTGCCTCACTGATAAGCATTGGTAACTG
 TCAGACCAAGTTACTCATATATACTTAGATTGATTAAAACCTCATTAAATTAAAAG
 GATCTAGGTGAAGATCCCTTTGATAATCTCATGACCAAAATCCCTAACGTGAGTTTCGT
 TCCACTGAGCGTCAGACCCGTAGAAAAGATCAAAGGATCTTCTGAGATCCTTTCTG
 CGCGTAATCTGCTGCTTGCACCAACAAAAACCGCTACCGCGTGGTTGTTGCCGGA
 TCAAGAGCTACCAACTCTTCCGAAGGTAACGGCTTCAGCAGAGCGCAGATACCAAATA
 CTGTCCTCTAGTGTAGCCGTAGTTAGGCCACCTCAAGAACTCTGTAGCACCGCCTACA
 TACCTCGCTCTGCTAACCTGTTACCAAGTGGCTGCTGCCAGTGGCGATAAGTCGTGCTTAC
 CGGGTTGGACTCAAGACGATAGTTACCGGATAAGGCGCAGCGGTGGCTGAACGGGGGTT
 CGTGCACACAGCCCAGCTGGAGCGAACGACCTACACCGAACTGAGATAACCTACAGCGTGAG

CTATGAGAAAGGCCACGCCCTCCGAAGGGAGAAAGGCCGACAGGTATCCGGTAAGCGGCAG
 GGTGGAACAGGAGAGCGCACGAGGGAGCTCCAGGGGAAACGCCCTGGTATCTTATAGTC
 CTGTCGGGTTGCCACCTCTGACTTGAGCGTCATTGTGATGCTCGTAGGGGGCGG
 AGCCTATGGAAAAACGCCAGCAACGCCCTTTACGGTCTGCCCTTGTGCCCTT
 TGCTCACATGTTCTTCGCGTTATCCCCTGATTCTGTGGATAACCGTATTACGCCCTTG
 AGTGAGCTGATACCGCTGCCGAGCCGAACGACCGAGCGCAGCGAGTCAGTGAGCGAGGAA
 CGGAAAGAGGCCAATACGCAAACGCCCTCCCCGCCGCGTTGCCGATTCAATTAGCAG
 CTGGCACGACAGGTTCCGACTGGAAAGCGGGAGTGAGCGAACGCAATTAGTGGAGTT
 AGCTCACTCATTAGGCACCCAGGCTTACACTTATGCTCCGGCTCGTAGTGTGTGGA
 ATTGTGAGCGGATAACAATTACACAGGAAACAGCTATGACCATGATTACGCCAAGCTGT
 TGTAAAACGACGGCCAGTGAATTGAGCTCGGTACCCGGGATCC**TCTAGT****GAATGTT**CACT
 TCGATATTTAGCAAGGGGTTAAAGTCGAGGCATGTAAGTGCTCAATTAGTGCACATCAGG
 AGCAATTTCGCCGCAGTGATTGTTCAAAAGTCAAGCCAACATGAGTTAATTTCAGTGC
 GTTAAATACGCAAATGTTTTCCGTTGAGCGAACGCCATCGTGGCGCGAAACTT
 AATCCCCATGGCCTGTGTTCTCTTGTAGATCTGACGGCGAACAGACAAAAAGCTCTGGGA
 ACGAGGTTGTGCGAGGAGTCGTAGCTCGTAGGCAAATACCCACATAAAAAGATCG
 CAGTAGGAAATTGCTAATTCTAGTCTCTCTAATTCAAATGCTAATCTACCCATGGGAAC
 GAGGATGGCTGTGTTAGTTGAAACTAATGGGTGTTGAGTTTCAGGCTGTTCTTATT
 TAATTTTAATTTCATGATTGTTCTCTTGTGCTTATGTTGGCTATTACTGC
 AATTTTCAAATCTGTTAGTAGCTTCTCTTAGCTACTAGAAGAGTGTCCATAT
 ATTGGCCTTTCTTCGCGTGCACAAATCTGAGATTGTTGAATGTTATTTTAAAA
 CTGTCAGCTGTTACAGCTGATGTTCAAGTAATTCTAACCGTTGCTGCTAAAAATAAA
 ACTGTTAAGGGGGTGGATTAGTGCTTCATACTTCAATTGTTATATATTGTTATAAACG
 TAGACACACCTGTACTTCAAAACATAAGAAAAATGCTGTTAGCGTTCTTGAACCTTAA
 CCATTTAAATTAGTCAAAACGAGAGTTATATAGAGTTACTCATGAAAACCACGTTCAA
 ACTAAAACTTCTCATCGTACAGTATTGAGGTTTATTGCTACGTTGTAAGTTGCC
 CGTGTGATTTGTTAGAAACGTGAACAACAAACAGTGCTGTACAGGATGGTGCAGGGAC
 AATCTAAATTACATAAAAACATAACGGTGCCTATAATGCCATAAAATAGTTGCT
 GAACTCTCCTCATCGTCTGTTCAATGAAAAACTTAAAGTACTGCGAAGGAG
 TCAACTTCGCTGGATACATGGTTCTATTGCTGTTCTGTTGTTGAAATTTGAC
 CATTGTTGAAACTAAATTGACGTTCTTCTGTTGTTGTTGTTGAAATTTGATATTTAGAC
 AAAAATGCAAAGCATGTAACCTATGCTGCAACTAAACTTTCCAATAATTGATCTT
 CAAAATGTATGATCTGTTGAGAATGTCGAACCATGAGTTAGGAAAAATTACTGTC
 ATGAGAAAAAAAAGAAGAAAATAGCCCCGGCAGGGATTAGCTTAAACTTAAAGAAAA
 AAAAAGACCGGAAGAAATATTGATGGTCTCGGAACATTGTCATTATGATGCTC
 GTAGAAACCACCTTAATCGCTATCTCATTAAAATTCAACATTGCTGATGTTGTTATGAG
 CTTTCGAGGGTTGTTGCCATATTGAGGGGTATATAAAAAAATTATTTGTTGAAATT
 AAAACAAGTCATAATTAAAATGGCTTTATTGAAATTATTTAATGCAAGTTAGAATC
 TTGCTAGAAAATATAGAAAAAATTAAAGAACACTTAAACTCGACATAATTGTTGTT
 TTCCAACCCCGTACAATCAAAGCGTTCTATTGTTGAGTCAAACAATGAACTTGCACG
 CAGAATGTTCTTTGCCATATAGGTTAGAAAACCTGCTATCGTATGAGCTTAAATTG
 CAGCCCGAGACAAAACGCCCTCACCAGGTTCATTACGAACCTAAAGTAACATTGACAAGAC
 GTTCATTCTTCTTACACTCGTAAAAACTAAACTCAAAATGAGTAAAGGAGAAGAAC
 TTTTCACTGGAGTTGTCCTAACATTGTTGAAATTAGATGGTGTGTTAATGGGCACAAATT
 TCTGTCAGTGGAGAGGGTGAAGGTGATGCAACATACGGAAAACCTACCCCTAAATTATG
 CACTACTGGAAAACACTACCTGTTCCATGGCCAACACTTGTCACTACTTCTGTTATGGTGTTC
 AATGCTTTCAAGATAACCAGATCATATGAAACGGCATGACTTTCAAGAGTGCCATGCC
 GAAGGTTATGTACAGGAAAGAACTATATTTCAAAGATGACGGGAACTACAAGACACGTGC
 TGAAGTCAAGTTGAAGGTGATACCCCTGTTAATAGAATCGAGTTAAAGGTATTGATT
 AAGAAGATGAAACATTCTGGACACAAATTGGAATACAACACTCACACAATGTATAC

ATCATGGCAGACAAACAAAAGAATGGAATCAAAGTTAACTTCAAAATTAGACACAACATTGA
 AGATGGAAGCGTTCAACTAGCAGACCATTATCAACAAAATACTCCAATTGGCGATGCCCTG
 TCCTTTACCAAGACAACCATTACCTGTCCACACAATCTGCCCTTCGAAAGATCCAACGAA
 AAGAGAGACCACATGGCCTTCTGAGTTGTAACAGCTGCTGGATTACACATGGCATGGA
 TGAACATACAAAATGGGATCCGGAGCAACAAACTTCTCGTACTAAAGCAGGCCGGAGATG
TAGAAGAAAACCCAGGACCAATGGCACTTATTGATGATCCTAATGCTCGTATGAAATATCAG
 CAGTACCACTACGAGCAAGCCTCTGACAGAGATGCTCGTATGCTAGAGGATCGTCGTCA
 AAAGTTGGTTATGATGTATGAAAGTAACCAACCTAACAGACAACAACCTCAAAATGAGATAC
 GTGCAATTGATAATCAGTTGAATCAAATGCATATGCAACGCCAGGGATGGGAGATTGGT
 ATGCATCAGCAAGCTATGAATAAAATGAATCAAACAGCCATGTGGAATCAAGGCTATAACAT
 TGATGCTGGTATTCAAGCTGCTGCACCAGCAATAAAAGGTGGTATTGATGATGATGTAT
 CATCGCACCACTCTTCCAACAATTGAAATGGGAAACAAATTTCACTGGTGAACCTATGGAT
 GCTCAGATGAATGAACAGTATAAAACACACGAAGCCATAGAGTGAGAGCTGCAATGTTCC
 TGAAACAATGAATGATGGAATGGATATACCACAAACTCAAATGGACCCCTGGAAATCCAACG
 CTGTACAACGCTGGCTGAGCCTCCAAATGTTAAAAGTGTGCTGTGACTTGAATCAAC
 TATCAAGATGACGCTGATCTGGCAAATAGGGCTATACCTGAACATTACGTCTACTACATGA
 AGGTGATTTGCAGACCGTTCAACAGGCTTCCACCATGGTGAATCAGCTAACTAAGAAAGAGG
 CCAGCTGCCATGCTGTTATGAAATAACATGCAAATGGTAGCAACATTAGTAAAGTAGCTACA
 AATTCCAACGATGCTGAAACTGTCGATGTGCTGTTGGCTTGCATAACATGTCTCATCA
 CAGACAAGGACTGTTGGCTATTTTAAAAGTGGTGGTATACCAGCCTAGTAAGACTCCTTG
 GTTATCGTGTGGAGGCTGCTGTTATGCAATCACCACCTACACAATCTCCTATTGCAT
 CAAGAAGGTGCAAAGATGGCAGTCCGGTGGCTGGCTTACAGAAAATGATTGCACTGTT
 ACATAAAACGAACGTTAAATTTGGCTATCGTTACAGATTGCTTACAGATTGGCATATG
 GCAATCAGGAATCAAATTGATAATATTAGCATCAGGTGGACCCGTTGAGCTGTGAAAATA
 ATGAGAAAGTTACACATATGAGAAGCTTTTATACACAAACATGTCGTCTTGAAAGTTTATC
 TGTGTGTTCCAGTAACAAACCAGCCATCGTTGAGGCTGGTATGCAGGCATTGGCAAACC
 ATCTATCCCCTCAGAGCACACGATTGGTCAAAATTGTTGTGGACTCTCGTAACCTGTCT
 GATGTGGCGACCAAACAAGAAGGTTGGAAGGCTTGTGCAAATGCTAGTACAACCTTGC
 ATCCAACGATATCAATGTTGTCACATGTGCTGCTGGTATCTGTCGAACCTTACCTGCAACA
 ATCCAAGAAATAAGCAAGTCGTGTCAGTCGGAGGTATTGAAGCTCTGTACGTACTATC
 ACGCAAGCTGGTGACCGTGAAGAGATCACTGAACCTGCTGTATGCGCTTACGTATTAAAC
 GAGTCGACATCCTGATGCTGAACATGCTGAGAATGGTGTCTCCTACGGAAATACCTG
 TTTGATCAAGCTGTTAAATCCTCCATCAAGATGCCATTGATTAAGGCTGTATAGGTTA
 ATTGAAATCTGGTCTATGTCCTGGTAATCATACACCTATTGCGGACCAAGGGGGAGTACC
 AAGACTTGTCCAGCTTGATGAAGTCATACCAAGGACGTGCAACGGCGTGGTCCAGGTGCTT
 CCAGTATGGTGTGGTGAAGAATGGAAGAAATAGTCGAAGGCACGTGGAGCTTGCAC
 ATCTGGCTCGTGAATCATTAAATCGATCCATCATTGTCGAATTGAACTGTATACCGACATT
 CGTACAGCTCTCTGATATGAAACATTGTCGAGTAGCAGCCGGCGTGTGTG
 AGTTGGCGCAAGATAAAAGAAGGAGCAGATTCCATCGAACGAGAAGGTGCTACGACCATTCTC
 ACTGAACCTCTACATTGCGAAATGAAGGCATAGCTGCGTATGCCGAGCTGTTCTTGC
 CATGTCGGAAGATAAAAGTCAAGACTACAAAAACGTTATCGGTTGAATTAAACCAGCTCAC
 TATTTAGAGACGATATGCCGTGGGAGCCTGGAAATACGGAAATGGCTGATATTTAACAACT
 CAGTCGTATCAGGACGAGCTACTCTCCCCACATCACTAACAGAGCCAGACAAGCTCCAT
 GCAGTACACAAACTCGTTCAACAAACACCCATTCTTCTCAACAAACAACAACAAC
 AGCAACCACCATTAACGGTGGAAACCCGTGGTTGATTGGATATGTAAGCTCCTGAAAGT
AAAAGTCACATCCACAAACACAGGGTGGTAGACTAGAAACTAACTGTCATTGTCATCA
 ATTTGACATTTCAAAATCCATCTGGGTTTGTGACAACTTGCAAGCCTTATAAA
 TTTTGTAATACAGATATCCACAAAATGTAATAATTAAATAACGGGTGTTATACAATAA
 CGAATCTCTCATAATAATTATTATTCCCGGTGGTGTGCTGCTGCGAGACATCA
 TCAGAGGCAAACCTACTTTAGACTACAGCCTTCAAATGTCGATCTATCCTTAAAG

**AAATCGCTGGGCCCTGGTTAACCCCTGCTATCAATTTCAGATGTGCAC
GAAAGATATCCCGAGATGTCAATTGCCCTCAAATGGAGTAAGCTTTCTGCCAGACATT
CTACTTCCCGCATAAGTTGTTAGGTGCAAATTCCCGACTCGAAAAGACTGCTGCTGGTAA
TATGGTTTCGTTACGCTCGATGGAATAATTCCCTACCTCAACTGTACTGACGCCCTC
ATTGTTTTTATTGCGGAGGCCGTCAAAACGAAGTTACGATAACTAACAAAGTATCGACCAG
CACATTTCGTCATTGCTTATTGACGAGTCGTCTATTGAAAAATCCGGGTATAAATT
AGTGGGAAAATGCCGAAATGTGATCTTTCTCCCTCTCCCCCTTTCAATGTTG
GTTCGTATGCTGGTTGAGCGGAAAATTGTATGTCGCGTCAAATCGAATTAAGGGAA
GGGAAATATAACGTGTGTTAAATTCCACAAATATTATGTTAGAGGGTTGAGGAT
AAACTTGTGTACATGTAATTGTCAGAGCAGAACTTGGTGGCAAATTCCCTTATTGTCAC
TATTTGCGCTTATTAAATTTCACGCAATGCCCTCAAATGTTCCAGTGCAGGAAATT
GGTGCAGAAATAAAATTATCGTAAAAAATTGCGCTAAAATTAATACGCTTATAGGTTA
TACCATATGCAAATTCTCCGTTTCGTTAGTCATACTACTAAAAATAGAAACTTTCCGGA
TAACGTTACACATTAAAAACTCTCCGTTTGGGATCAAATTGTCGAAGACG
GAAGAATTGAAAACGGAATGTACAGTCACTCTAATTGATTTCCAGGGGAGGAAAT
TTATATCGAATTAGAGAGAGAATCGAATTAGGAAGTGTCTCTAATTGAAATT
TTTGCCCCGGGGGACTAGAAAAATCGAATTACAGAGTGAATTATGTCGAAACTCGCA
AAAAAGGAATAAGACATGCATTGGACAGTGCAGCACGAATATTAAAGACTTTCAA
GGATCTTAAGATCTGAAAGTAGTCATCAATTGACTGTTTATTAGCATATT
TATAAATCAACGGCCCATTACATCTTTAATGCAACCACATCGTTCAAAGTTGGA
AAACGGCCC**

7.3.2 Überexpressionskonstrukte mit *HeGsc*

7.3.2.1 *HeActIIHeGsceGFP* (Klon E1)

<i>BluescriptSK</i>	2221bp
(+ ApaI-Adaptor; ohne: Primer-Bindestellen, Polylinker, LacZ, f1-origin)	
<i>Linker</i>	6bp
<i>HeActII</i> (5`regul. Reg.)	1976bp
<i>HeGsc</i> (cds cDNA)	876bp
<i>NotI-Cassette</i>	27bp
<i>eGFP</i>	714bp
<i>HeTermII</i> (3`regul. Reg.)	1569bp

GTGGCACTTTGGGGAAATGTGCGCGAACCCCTATTGTTATTCTAAATACATTCA
AATATGTATCCGCTCATGAGACAATAACCTGATAATGCTCAATAATATTGAAAAGGAA
GAGTATGAGTATTCAACATTCCGTGTCGCCCTTATTCCCTTTGCGGCATTGCTTC
CTGTTTGCTACCCAGAAACGCTGGTGAAAGTAAAGATGCTGAAGATCAGTGGTGCA
CGAGTGGGTTACATCGAACTGGATCTCAACAGCGGTAAGATCCTTGAGAGTTTCGCCCGA
AGAACGTTCCAATGATGAGCACTTTAAAGTTCTGCTATGTCGGCGGGTATTATCCGTA
TTGACGCCGGCAAGAGCAACTCGGTGCCGCATACACTATTCTCAGAATGACTGGTTGAG
TACTCACCAGTCACAGAAAAGCATCTACGGATGGCATGACAGTAAGAGAAATTATGAGTC
TGCCATAACCAGACTGATAACACTGCCAACCTACTCTGACAACGATGGAGGACCGA
AGGAGCTAACCGTTTGCAACACATGGGGATCATGTAACTCGCCCTGATCGTTGGGAA
CCGGAGCTGAATGAAGCCATACCAAACGACGAGCGTGCACACCACGATGCCCTGAGCAATGGC
AACAACGTTGCCAAACTATTAACTGGCGAACTACTACTCTAGCTCCGGCAACAATTAA

TAGACTGGATGGAGGCCGATAAAAGTTGCAGGACCACTTCTGCGCTCGGCCCTCCGGCTGGC
 TGGTTTATTGCTGATAAAATCTGGAGCCGGTGAGCGTGGGTCTCGCGTATCATTGCAGCACT
 GGGGCCAGATGGTAAGCCTCCCGTATCGTAGTTATCTACACGACGGGAGTCAGGCAACTA
 TGGATGAACGAAATAGACAGATCGCTGAGATAGGTGCCTCACTGATAAGCATTGGTAAC
 TCAGACCAAGTTACTCATATATACCTTAGATTGATTAAAACCTCATTAAATTAAAAG
 GATCTAGGTGAAGATCCTTTGATAATCTCATGACCAAAATCCCTAACGTGAGTTTCGT
 TCCACTGAGCGTCAGACCCGTAGAAAAGATCAAAGGATCTTCTTGAGATCCTTTTCTG
 CGCGTAATCTGCTGCTTGCAAACAAAAAACCACCGCTACCAGCGGTTGGTTGTTGCCGGA
 TCAAGAGCTACCAACTCTTTCCAAGGTAACTGGCTTCAGCAGAGCGCAGATAACAAATA
 CTGTCCTCTAGTGTAGCCGTAGTTAGGCCACCACCTCAAGAACTCTGTAGCACCGCCTACA
 TACCTCGCTCTGCTAATCCTGTTACAGTGGCTGCCAGTGGCATAAGTCGTGCTTAC
 CGGGTTGGACTCAAGACGATAGTTACCGGATAAGGCGCAGCGGTGGCTGAACGGGGGTT
 CGTGCACACAGCCCAGCTGGAGCGAACGACCTACACCGAACTGAGATAACCTACAGCGTGAG
 CTATGAGAAAGGCCACGCTCCGAAGGGAGAAAGGCGGACAGGTATCCGTAAGCGGCAG
 GGTCGGAACAGGAGAGCGCACGAGGGAGCTCCAGGGGAAACGCCCTGGTATCTTATAGTC
 CTGTCGGGTTCGCCACCTCTGACTTGAGCGTCAAGGAGCTGAGCGAGTCAGTGAGCGAGGAA
 AGCCTATGGAAAAACGCCAGCAACGCCCTTTACGGTTCCCTGGCCTTTGCTGGCCTTT
 TGCTCACATGTTCTTCCTGCGTTACCCCTGATTCTGTGGATAACCGTATTACGCCCTTG
 AGTGAGCTGATACCGCTCGCCGAACGACCGAGCGCAGCGAGTCAGTGAGCGAGGAA
 GCGGAAGAGGCCAATACGCAAACGCCCTCTCCCCGCGCTGGCCGATTCAATTAAATGCAG
 CTGGCACGACAGGTTCCGACTGGAAAGCGGGCAGTGAGCGCAACGAAATTAAATGTGAGTT
 AGCTCACTCATTAGGCACCCCCAGGCTTACACTTATGCTTCCGGCTCGTATGTTGTGGA
 ATTGTGAGCGGATAACAATTTCACACAGGAAACAGCTATGACCATGATTACGCCAAGCTTGT
 TGTAAAACGACGCCAGTGAATTGAGCTCGTACCCGGGATCC**TCTAGT****GAATGTT**ACT
TCGATATTTAGCAAGGCCGTTAAAGTCGCAGGATGTAAGTGCTCAATATTGCGCATCAGG
 AGCAATTTCGCCGCAGTGATTGTTCAAAAGTCAGGAAACATGAGTTAATTTCAGTTGC
 GTTAAATACGCAAATGTTTTCCGTTGAGCGAAGGCCATCGTGGCGCGAAACTTT
 AATCCCCATGGCCTGTGTTCTTTGTTAGATCTGACGGCGAACAGACAAAAAGCTCTGGGA
 ACGAGGTTGTGCAGGAGTCGTAGCTCGTTAGGCAAATACCCACATAAAAATAGATCG
 CAGTAGGAAATTGCTAATTCTAGTCTCTCAATTCAAATGCTAATCTACCCATGGGAAC
 GAGGATGGGCTTGTGTTAGTTGAAACTAATGGGTGTTGAGTTTCAGGCTGTTCTTATT
 TAATTTCATTTTAAATGTTAAATCATGATTGTTCTTATGTTGGCTATTACTGC
 AATTTCCTAAATCTCGTGTGTTAGTAGCTTCTCTTAGCTACTAGAAGAGTGTCCATAT
 ATTGGCCTTTCTTCTCGTGCAACAACTGAGATTGTTGAATGTTATTTTAA
 CTGTCAGCTGTTACAGCTGATGTTCAAGTAATTCTAATCCGTTGCTGCTAAAAATAAA
 ACTGTTAAGGGGTGGATTAGTGCTTCATACTTCAATTGTTATATATTGTTATAAAGC
 TAGACACACCTGTACTTCAAAACATAAGAAAAATGCTGTTAGCGTTCTTGAACCTTAA
 CCATTTAAATTAGTCAAAACGAGAGTTATAGAGTTACTCATGAAAACACGTTCAA
 ACTAAAACTTCTCATCGTACAGTATTGAGGTTTATTGCTACAGGTTAAAGTGGCC
 CGTGTGTTAGAAACGTGAACAACAAACAGTGCTGTACAGGATGGGTGTCAGGGAC
 AATCTAAATTACATAAAAACATAACGGTTGCGTTCTATAATGCCATAAAATAGTTGCT
 GAACTCTCTCCTCATCGTGTGTTCAATGAAAAACTTAAAGTACTGCGAAGGAG
 TCAACTTCGCTGGGATACATGGTTCTATTGAGCTTAAATACAATAGGTCTTGTGTTGTA
 CATTGTTGAAACTAAATTGACGTTCTTCTTGTGTTGTTGTTGAAATTGATATATTAGAC
 AAAAATGCAAAGCATGTAACCTATGCTGCAACTAAACTTCAATAATTGATCT
 CAAAATGTATGATCTGTTGAGAATGTCGAACCATGAGTTAGGAAAAATTACTTGTACGT
 ATGAGAAAAAGAAGAAAATAGCCCCGGCAGGGATTAGCTAAAAACTTAAAGAAAAAA
 AAAAACGACCGGAAGAAATATTTCATGGTCTCGGAACATTGTCATTATGATGCTC
 GTAGAAACCACCTTAATCGTATCTCATTAAATTCAACATTCTGCATGTTGTTATGAG
 CTTCGAGGGTTGTTGCCATATTGAGGGTATATAAAAATTATTGTTGTTGAAATT

ATAACGTTACACATTTTAAAAAACTCTCCGGGGATCAAATTGTGCGAAGAC
 GGAAGAATTGAAAACGGAATGTACAGTCGACTCTAATTGATTTCAGGGGGAGGAAA
 TTTATATCGAATTAGAGAGAGAATCGAATTAGGAAGTGTCTCTAATTCAATTGAAATT
 TTTTGGGGGGGGGGACTAGAAAAAAATCGAATTACAGAGTGAAATTATATTGAAACTCGC
 AAAAAAGGAATAAGACATGCATTGGACAGTGCAGCACGAATATTAAAGACTTTTCA
 AGGATCTTTAAGATCTCTGAAAGTAGTCATCAATATTGACTGTTTTATTAGCATATT
 TTATAAAATCAACGGCCCCATTTACATCTTTAATGCAACCACATCGTTCCAAAGTTGG
 AAAACGGGCC

7.3.2.2 *HeActIIeGFPHeGsc* (Klon A6)

<i>Bluescript_{SK}</i>	2221bp
(+ApaI-Adaptor; ohne: Primer-Bindestellen, Polylinker, LacZ, f1-origin)	
<i>Linker</i>	6bp
<i>HeActII</i> (5`regul. Reg.)	1976bp
<i>eGFP</i>	714bp
<i>HeGsc</i> (cds cDNA)	876bp
<i>HeTermII</i> (3`regul. Reg.)	1569bp

GTGGCACTTTGGGGAAATGTGCGCGAACCCCTATTGTTATTCTAAATACATTCA
 AATATGTATCCGCTCATGAGACAATAACCTGATAAAATGCTCAATAATATTGAAAAGGAA
 GAGTATGAGTATTCAACATTCGGTGTGCCCTTATTCCCTTTGCGGCATTTGCCTTC
 CTGTTTGCTCACCCAGAAACGCTGGTGAAAGTAAAAGATGCTGAAGATCAGTGGGTGCA
 CGAGTGGGTTACATCGAACTGGATCTCAACAGCGTAAGATCCTTGAGAGTTTCGCCCGA
 AGAACGTTCCAATGATGAGCATTAAAGTTCTGCTATGTGGCGCGTATTATCCGTA
 TTGACGCCGGCAAGAGCAACTCGTCGCCGCATAACTATTCTCAGAATGACTTGGTTGAG
 TACTCACCAGTCACAGAAAAGCATCTTACGGATGGCATGACAGTAAGAGAATTATGCAGTGC
 TGCCATAACCATGAGTGATAACACTGCCAACCTACTTCTGACAACGATCGGAGGACCGA
 AGGAGCTAACCGTTTGCACACATGGGGATCATGTAACCTCGCTTGATCGTTGGAA
 CCGGAGCTGAATGAAGCCATACCAAAACGACGAGCGTGCACACCACGATGCCTGTAGCAATGGC
 AACAACGTTGCCAAACTATTAACTGGCGAACTACTTACTCTAGCTCCGGAACAAATTAA
 TAGACTGGATGGAGGCGATAAAGTTGAGGACCACTCTGCGCTGGCCCTCCGGCTGGC
 TGGTTATTGCTGATAAAATCTGGAGCCGGTGAGCGTGGGTCTCGCGGTATCATTGCAGCACT
 GGGGCCAGATGTAAGCCCTCCGTATCGTAGTTATCTACACGACGGGAGTCAGGCAACTA
 TGGATGAACGAAATAGACAGATCGCTGAGATAGGTGCCTCACTGATTAAGCATTGGTAAC
 TCAGACCAAGTTACTCATATATACTTGTAGATTAAACTTCATTAAATTAAAG
 GATCTAGGTGAAGATCCTTTGATAATCTCATGACCAAAATCCCTAACGTGAGTTTCGT
 TCCACTGAGCGTCAGACCCGTAGAAAAGATCAAAGGATCTTCTGAGATCCTTTCTG
 CGCGTAATCTGCTGCTGCCAACAAAAACACCAGCTACAGCGGGTTGTTGCCGGA
 TCAAGAGCTACCAACTCTTCCGAAGGTAACGGCTTCAGCAGAGCGCAGATACCAAATA
 CTGTCCTCTAGTGTAGCCGTAGTTAGGCCACCACTCAAGAACTCTGAGCACCCTAC
 TACCTCGCTCTGCTAATCCTGTTACCAAGTGGCTGCTGCCAGTGGCGATAAGTCGTGTCTTAC
 CGGGTTGGACTCAAGACGATAGTTACCGGATAAGGCGCAGCGGTGGCTGAACGGGGGTT
 CGTGCACACAGCCAGCTGGAGCGAACGACCTACACCGAACTGAGATACTACAGCGTGAG
 CTATGAGAAAGGCCACGCTCCGAAGGGAGAAAGGCGGACAGGTATCCGGTAAGCGGCAG
 GGTGGAACAGGAGAGCGCACGAGGGAGCTCCAGGGGAAACGCCGGTATCTTATAGTC

CTGTCGGGTTCGCCACCTCTGACTTGAGCGTCGATTTGTGATGCTCGTCAGGGGGGCGG
 AGCCTATGGAAAAACGCCAGCAACGC GGCTTTACGGTCTGGCTTTGCTGGCTTT
 TGCTCACATGTTCTTCCTGCGTTATCCCCTGATTCTGTGGATAACCGTATTACGCCCTTG
 AGTGAGCTGATACCGCTGCCGAGCGAACGACCGAGCGAGCGAGTCAGTGAGCGAGGAA
 GCGGAAGAGCGCCCAATACGCAAACCGCCTCTCCCCGCGCGTTGGCGATTCAATTATGCAG
 CTGGCACGACAGGTTCCGACTGGAAAGCGGGAGTGAGCGCAACGCATTAAATGTGAGTT
 AGCTCACTCATTAGGCACCCCAAGGCTTACACTTATGCTTCCGGCTCGTATGTTGTGGA
 ATTGTGAGCGGATAACAATTACACAGGAAACAGCTATGACCATTACGCCAAGCTTGT
 TGTAAAACGACGGCCAGTGAATTGAGCTCGGTACCCGGGATCC**TCTAGTGAATGTTCACT**
TCGATATTTAGCAAGGCGTTAAAGTCGCAGGCATGTAAGTGCTCAATATTGCGCATCAGG
 AGCAATTGCCCCGACTGATTGTTCAAAAGTCAAGCCAACATGAGTTAATTTCATTGC
 GTTAAATACGCAAATGTTTTCCGTTGAGCGAACGCCATCGTGGCGCGAAACTTT
 AATCCCCATGGCCTGTGTTCTCTTGTAGATCTGACGGCGAACAGACAAAAAGCTCTGGGA
 ACGAGGTTGTGCAGGAGTCGTAGCTCGTAGGCAAATACCCACATAAAAGATCG
 CAGTAGGAAATTGCTAATTCTAGTCTCTAATTCAAATGCTAATCTACCCATGGGAAC
 GAGGATGGGCTGTGTTAGTTGAAACTAATGGGTGTTAGTTCAAGGCTGTTCTTATT
 TAATTTTAATTGTTAATGTTAAATCATGATTGTTCTTATGTTGGCTATTACTGC
 AATTGTTCAAATCTGTTAGTAGCTTCTCTAGCTACTAGAACAGTGTCCATAT
 ATTGGCCTTTCTGCGTGAACAACTGAGATTGTTGAATGTTATTGTTAAAA
 CTGTCAGCTGTTACAGCTGATGTTCAAGTAATTCTAATCCGTTGCTGCTAAAATAAA
 ACTGTTAAGGGGTGGATTAGTGCTTCATACTTCAATTGTTATATATTGTTATAAGC
 TAGACACACCTGTACTTCAAAACATAAGAAAAATGCTGTTAGCGTTCTTGAACCTTAA
 CCATTTAAATTAGTCAAAACGAGAGTTATAGAGTTACTCATTGAAAACCACGTTCAA
 ACTAAAACTTCTTCATGCGTACAGTATTGAGGTTTATTGCTACGTTGTAAGTTGCC
 CGTGTGATTTGTTAGAAACGTGAACAACAAACAGTGCTGTACAGGATGGTGCAGGGAC
 AATCTAAATTACATAAAAACATAACGGTTGCGTTCTATAATGCCATAAATAGTTGCT
 GAACTCTCTCCTCATCGTGTGTTCAATGAAAACCTAAATGACTGCGAAGGAG
 TCAACTTCGCTGGATACATGGTTCTATTAGCGTTAATACAATAGGTCTGTTGTA
 CATTGTTGAAACTAAATTGACGTTCTTCTGTTCTGGTAAAAATTGATATATTGAC
 AAAAAAATGCAAAGCATTGTAACCTATGCTGCAACTAAACTTTCAATAATTGATCTT
 CCAAAATGTATGATCTGTTGAGAATGCGAACCATGAGTTAGGAAAAATTACTGTC
 ATGAGAAAAAAAGAAGAAAATAGCCCCGGCAGGGATTAGCTAAAAACTTAAAAAGAAAA
 AAAAAACGACCGGAAGAAATATTGTTATGGTCTTCGGAACATTGTCATTATGATGCTC
 GTAGAAACCACCTTAATCGCTATCTCATTAAAATTCAACATTTCTGCATGTTGTTATGAG
 CTTCGAGGGTTGTTGCCATATTAGGGGTATATAAAAAAATTATTGTTGAAATT
 AAAACAAGTCATAATTAAATGGTCTTTATTGCAATATTATTTAATGCAAGTTAGAATCAC
 TTGCTAGAAAATATAGAAAAAAATTAAAGAACACTTAAATACTCGACATAATTCTGTT
 TTCAACCCCCGTACAATCAAAGCGTTCTATTGTTGAGTCAAAACATGAACTTGCACG
 CAGAACATGTTCTTGTGCAATATGGTTAGAAAACCTGCTATCGTGTATGAGCTTAAATTG
 CAGCCCGGAGACAAAACGCCCTCACCAGGTTATTACGAACCTAAAGTAACATTGACAAGAC
 GTTCATTTCCTTCTTACACTCGTAAAAACTAAACTCAAA**ATGAGTAAAGGAGAAGAAC**
 TTTCACTGGAGTTGTCCTATTGTTGAATTAGATGGTATGTTAATGGGCACAAATT
 TCTGTCAGTGGAGAGGGTGAAGGTGATGCAACATACGGAAAACCTACCCCTAAATTATTG
 CACTACTGGAAAACACTACCTGTTCCATTGCCAACACTGTCACTACTTCTGTTATGGTGTTC
 AATGCTTTCAAGATACCCAGATCATATGAAACGGCATGACTTTCAAGAGTGCCATGCC
 GAAGGTTATGTACAGGAAAGAACATATTGTTCAAAGATGACGGGAACCTACAAGACACGTGC
 TGAAGTCAAGTTGAAGGTGATACCCCTGTTAATAGAATCGAGTAAAAGGTATTGATT
 AAGAAGATGAAACATTCTGGACACAAATTGGAATACAACATAACTCACACAATGTATAC
 ATCATGGCAGACAAACAAAAGAATGGAATCAAAGTTAACTTCAAAATTAGACACACAACATTGA
 AGATGGAAGCGTTCAACTAGCAGACCATTATCAACAAAATACTCCAATTGGCGATGCCCTG

TCCTTTACAGACAACCATTACCTGTCCACACAATCTGCCCTTCGAAAGATCCCAACGAA
 AAGAGAGACCACATGGCCTTCTGAGTTGTAACAGCTGCTGGGATTACACATGGCATGGA
 TGAACATACAAAATGAGTTCCTCTTGATCAAAACTTGCTCAACTCAGATAAAACTTCAG
 TAAACAAGAAAATGCTGAGCACGATGACATGCCCTATGAATTACGTGAGAGAATTCAAAC
 GGACCACCGCCGAGGAATGCTCATATGTCATCAAAACTTGTGTCGGCAGACATTTGAAATA
 TCTGAGAAGACATCATATTGTTACAACCATCAACGATACCAAAAGTAGCATGGATCTGAGTG
 AAACAAAGGAGATACAATCTAACCTTGCAAATGCGATGTTGTCGTGCTCGGTGTGCTAT
 GAGTGGTATATGAAGTGGGAGAAGTATTATTCTCCACGACATGGCTCTCGATACGACA
 ATCGTGTGTCACCAGTGAATCTATCCCTAGTTCATCACCACCACAATCATCAAGGT
 TATCAAAACCCTATGGACTCTATTCCCATAACCTAGAGGACTCAACGAACCGGATTGTAAT
 ACAAACGGATTCGTAGAACACAGGACGATTTCTGATGAACAGCTCAACTGTTGGA
 AAGAATGTTCAGTCAAACACACTATCCGACGTACTGATGCGCAGAAAAATTGCACAGATAA
 TAAATTAAACAGAAGAAAAAGTCGAGGTATGGTTCAAAAACAGACGAGCGCGGTGGAGAAAA
 CAAAAGAAAGAAGTTCACGAGACGAAAAATACAAACGTCAATTAAACCGATAC
 AGGCAGTTCTAAATTGGACAGCAGCAGTACGTTATGCCGTATCTCCATGCAAACATTAG
 CAACATTCAACCGACACGTCCGAGAAATTATGTTGGCGTGAGAAAAGACAGCGAAGATGTG
 ACAAAATAAACACAAACGTTAACGCTCCTGAAAGTAAAGTCACATCCACAAACAGGG
 TGGTAGACTAGAAACTAACCTGTCATTTGTCATCAATTGACATTTCACATCCATC
 TTGGGCTTTGTGCACAACTTGCAAGCCTTATAAATTGTTGTAATACAGATATCCACAAAA
 TGTAATAATTAAACGGGGTGTATACAATAACGAATCTCTCATAATAATTATT
 TCCCCCGGTGGTGTCTGCTGCGAGACATCATCAGAGGCAAACATTACTTTTTAGA
 CTACACGCCCTTCAAATGTGTGATCTATCCTTAAGAAATCGCTGGCGCCCTGGTTAATCC
 CTGCTATCAATTGCGAATCTCTCAGATGTGACGAAAGATATCCGGAGATGTCAATT
 GCCTCTAAATGGAGTAAGCTTTCTGCCAGACATTCTACTTCCGATAAGTTGTTAGGT
 GCAAATTCCGCACTCGAAAAGACTGCTGCTGGTAATATGGTTCGTTACGCTCGAT
 GGAAATAATTCCCTACCTCAACTGTAACGCCCCCTTCAATTGTTGGGTTCGTATGCTGGTTGAGCGGAAAAA
 TTTGTATGTGTCGCGTCAAATCGAATTAAGGGGAAGGGGAATATAACGTGTTGTTGTTA
 AATTCCACAAATATTATGTTCAGAGGGTTGTTAGGATAAACTTGTGACATGTAATTGTC
 GAGCAGAACTTGGGTGCAAATTCTTATTGCTACTATTGCGCTTATTAAATTTCACGC
 AATCGCCTCCAAATGTCCTCAGTGCAGGAAATTGGTGAGAAATAATTATCGTAAAAA
 AATTGCGCTAAATTAATACTACGCTTATAGGTTATACCATATGCAAATTCTCCGTTTC
 GTTAGTCATACTACTAAAAATAGAAACTTTCCGGATAACGTTACACATTTTAAAAAA
 CTTCTCCGTTTGGGATCAAATTGTCGAGACGGAAGAATTGAAAACGGAATGTACAG
 TCGACTCTCTAATTGATTTCCAGGGGGAGGAAATTATCGAATTAGAGAGAGAATCGA
 ATTAGGAAGTGTCTCTAATTGAAATTTTTTTTGGGGGGGGGGACTAGAAAAAA
 TCGAATTACAGAGTGAATTATATTGTAACACTCGAAAAAGGAATAAGACATGCATT
 GGACAGTGCAGCACGAATATTAAAGACTTTCAAGGATTTAAGATCTCTGAAAGTAG
 TCATCAATATTGACTGTTTTTATTAGCATATTAAATCAACGGCCCCATTACATC
 TTTAATGCAACCAACTACGTTCCAAGTTGGAAAACGGCCC

7.3.3 Bi-cistronische Expressionskonstrukte mit IRES

7.3.3.1 *HeGscHeGsc^{gDNA}IRESeGFP* (Klon D5)

<i>BluescriptSK</i>	2172bp
(+ApaI-Adaptor; ohne: Primer-Bindestellen, Polylinker, LacZ, f1-origin)	
<i>HeGsc</i> (5`regul. Reg.)	2756bp
<i>HeGsc</i> (cds gDNA)	2574bp
<i>IRES</i>	566bp
<i>eGFP</i>	714bp
<i>HeGsc</i> (3`regul. Reg.)	907bp

GTGGCACTTTCGGGAAATGTGCGCGAACCCCTATTGTTATTTCTAAATACATTCA
 AATATGTATCCGCTCATGAGACAATAACCCCTGATAAAATGCTCAATAATATTGAAAAAGGAA
 GAGTATGAGTATTCAACATTCCTGTCGCCCTTATTCCCTTTGCGGCATTTCGCCTTC
 CTGTTTGCTCACCCAGAAACGCTGGTGAAAGTAAAAGATGCTGAAGATCAGTTGGGTGCA
 CGAGTGGGTTACATCGAACTGGATCTAACAGCGGTAAGATCCTGAGAGTTTCGCCCGA
 AGAACGTTTCCAATGATGAGCATTAAAGTTCTGCTATGTGGCGGGTATTATCCCGTA
 TTGACGCCGGCAAGAGCAACTCGGTCGCCGCATAACTATTCTCAGAATGACTGGTTGAG
 TACTCACCAGTCACAGAAAAGCATCTTACGGATGGCATGACAGTAAGAGAATTATGCAGTGC
 TGCCATAACCATGAGTGATAACACTGCGGCCAACTTACTCTGACAACGATCGGAGGACCGA
 AGGAGCTAACCGTTTGCACACATGGGGATCATGTAACTCGCCTGATCGTTGGAA
 CCGGAGCTGAATGAAGCCATACCAAACGACGAGCGTGACACCACGATGCCTGTAGCAATGGC
 AACAACGTTGCCAAACTATTAACTGGCGAACTACTTACTCTAGCTCCGGCAACAATTAA
 TAGACTGGATGGAGGCGATAAAAGTTGCAGGACCACTTCTGCGCTCGGCCCTCCGGCTGGC
 TGGTTATTGCTGATAAAATCTGGAGCCGGTGAGCGTGGTCTCGCGGTATCATTGCAGCACT
 GGGCCAGATGGAAGCCCTCCGTATCGTAGTTATCTACACGACGGGAGTCAGGCAACTA
 TGGATGAACGAAATAGACAGATCGCTGAGATAGGTGCTCACTGATAAGCATTGTAACTG
 TCAGACCAAGTTACTCATATATACTTAGATTGATTAAAACCTCATTAAATTAAAAG
 GATCTAGGTGAAGATCCCTTTGATAATCTCATGACCAAAATCCCTAACGTGAGTTCTG
 TCCACTGAGCGTCAGACCCGTAGAAAAGATCAAAGGATCTTCTGAGATCCCTTTCTG
 CGCGTAATCTGCTGCTTGCACACAAAAACACCACCGCTACAGCGGTGGTTGTTGCCGGA
 TCAAGAGCTACCAACTCTTCCGAAGGTAACTGGCTTCAGCAGAGCGCAGACACAAATA
 CTGTCCTCTAGTAGCCGTAGTTAGGCCACCTCAAGAAACTCTGTAGCACCGCCTACA
 TACCTCGCTCTGCTAACCTGTTACAGTGGCTGCTGCCAGTGGCGATAAGTCGTCTTAC
 CGGGTTGGACTCAAGACGATAGTTACCGGATAAGGCGCAGCGGTGGCTGAACGGGGGTT
 CGTGCACACAGCCCAGCTGGAGCGAACGACCTACACCGAACTGAGATAACCTACAGCGTGAG
 CTATGAGAAAGCGCCACGCTCCGAAGGGAGAAAGCGGGACAGGTATCCGGAAGCGGCAG
 GGTGGAACAGGGAGAGCGCACGAGGGAGCTTCCAGGGGAAACGCCGGTATCTTATAGTC
 CTGTCGGGTTTCGCCACCTCTGACTTGAGCGTCATTGTGATGCTGTCAGGGGGCGG
 AGCCTATGAAAAACGCCAGCAACGCGGCCCTTTACGGTTCTGGCCTTTGCTGGCCTTT
 TGCTCACATGTTCTTCTGCGTTATCCCTGATTCTGTGGATAACCGTATTACGCCCTTG
 AGTGAGCTGATAACGCTGCCAGCGAACGACCGAGCGCAGCGAGTCAGTGAGCGAGGAA
 GCGGAAGAGCGCCAATACGCAAACCGCCTCTCCCGCGCGTTGGCGATTCAATTAGCAG
 CTGGCACGACAGGTTCCGACTGGAAAGCGGGAGTGAGCGCAACGCAATTAAATGTGAGTT
 AGCTCACTCATTAGGCACCCAGGCTTACACTTATGCTCCGGCTCGTATGTTGTGGA
 ATTGTGAGCGGATAACAATTACACAGGAAACAGCTATGACCATGATTACGCCAAGCTTG
 TATCACGACATCACTCACTGTGACAGAAAAACACGGCTATTATTGAGACAGTACAGTA

AGTAATAGACGTACCTGCTCAAGGCACAGAAATTAAAAGATTATACTGGTATTAAAGAGA
AACACGTTTACATAATTACTGGTCTTTATCCTATGTTTATCGAATCGTACCTTCTA
AAAACAAAGAGAAACGCGCTAGAAGAGGTGATAATTGAATATAAGGTAAGTCCTGTAAGGTT
TATCAAACACTGTCATCATTGGGCCACATTGTATCTGAAGAACGAGACAACTCAGCAGAA
AGCAAGAAAACACTGCTTTAAAAGAATACACAGGTTGTTAATGTCGTTAGTATCAA
GTGCAGGCTTGTAAAGAACATGGGGAGGGAGCAATCGCTAAAAATAACTTAAGATTCTAAG
ATCAGCAATATTGATTAAACCACAAGTAGCTACATAACGGACTCTGGTAAGCTATGGTACT
AAGTAAAATTGGCATCAAATTCTCCAATTGCTTCAAAACTAATAAAAGTAAAAATAAAA
TATTTGAAAATCTTAAACGGTTAAATCTTCACTTGAAATTGGTAGCTCGTCTGAGTTA
ATTCTCCAACCTTCTCATCACATAACCTCTACAAACGTACGTAGTAATGTAAGCAGATA
TAATCCTGGGACAAAATAGACATCGTCTCACATGGTTCTCTGGGCTGCTTACCGCA
AAATACTCCTCTTCTGATCTCGGGAAAAGAAGTGTGTCCTGTTTCCGGCTCAGAC
AATAAGTACTACTACTAAAAAGAAAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAAA
GAGAGAAAAGAAAAG
AACCCAAGAAAACACCTTGTGAAGTTATAAAAGTGGGAGAACTGATGTTAGTTATGCC
TGCTACAAATGCTGTTAGCGAACGATGTTTCCAGCTTGAACCGCATAAAACTTACCTTC
GAGCTACAACCACGTACACGGATGAATAATTGATGGTATTACATATTACAAATCATA
ACTGATAATATGAAGTAGCAAACAAATTATTGAAAAGAGAGAGAAAGTCATTCAAGGAATATT
GGATACTTCAATAGATCATTATTATAAAACTCACTGAATGTTTAAAGGGACTGGCAGCAC
ATTTTAAAATGCCAAATGCGATGTAATTCTAAAAAGTGCAGCACCCCTAAAATTCT
AGTGTCTTATTATTATTATTGATGCTGTAATGTAATAACGTATCTCTTCTAC
CTTTGGTTCTAATGAAAATTCTAAGTTGATGCCAATTAAACAATGCATTCT
AAATTACTAAAATATCGAAACATTCTCGTATTAACTGAACCATGAGATCGTTGAC
GTCTGGAAGAACATTCCGCCAATCTAGAGATGTAAGGAAATTAGTAATTCT
ATATTATTGCTCTGCCCATTAAAGTTAGGTTATAGCTAGATGAGAAAGTTAGAC
AACACTTATGCCGAGATGTTGCCACAACCTTCACTACCAACACAACCTGGTCTTATTGAG
TATGAAAATAGTTATAACGTGACAATTGAGGAATCCGTTATCCCCGCAAACACTGACGT
AATTTTTATTGACGAAAATGAGGCGAGACTTGTATCATATGTTCGCTCTGAGGGTTGA
AGCATAAAATAGTTAACATAACACCTAAAGTTATGACACACATTCTGTTGATTCTGCATA
CCAACTTGATACCAGGGTTACTCTTCAATTAAAGAACGAAAAGAAAGACCTGTGAACG
AAATTGCTACATGCCGTTGAGTGAACATTATAAGCCTGTTACTTTCTTGTACA
TAAATAATTGTTGCGTATAGAAACGGATATAGAGATGCATTATAATCAAAGAAGCTGAT
TGAATTCTTTATCGAAAGTCAAATTATTAAAAGCTCTCCTGCCGATTAAATGTAATT
CATTCCCTGGGTTGATGTTGAGTTGTCAGAAGAACAAACATTATTGGTCAAAGTTGT
CCAGTTCTCACACAGTCATAGAATCAATCATGTATTACGACACTATTGACGGAAAATT
AAAGCCGTTAAATCAGAATAATTAAAGGAAATCAAATGGAGAGATTGCAACTAAATAACA
TGTATTATAATAACAATAAACTCAATTCAATAAGAAATTAAACCCATATGTTCACACGTGTG
TAAACTGCAGAATGCAATAAGTATCGCGCTGTCGCCGAAATGTAACACTGACTTTATAA
ATAGCTGATCAGATTAAACGGGATGTTTAAATCGATTGCACTGGCACAGACAGGATATGG
AAAAAAACTGTTAAAGTCGGCTTGTGGAAGATTGTAAGGAAACTTACAAACAAAAGACAACATA
GATATAGAATTAAAGTATGACAACAAATAATTCTTCAATTCCCTACCGTTATATTCAAGCTGAA
AGCGTCACGTCAGTAACAACTGCCGATATTGGAGACAAACTGTACGTGAGCGGTGTACA
AGAAGAGCGATAACGATAAGATCCTGGTACTCATCAATAACACAAACCTCGTGTGGAGAGC
AACAACTTATATAAAATAGAGAAGAATGAGTTCTTGTACAAAACCTGCTCAACTCAGA
TAAACTTCACTGAAACAAAGAAAATGCTGAGCACGATGACATGCCCTATGAATTACGTGAGA
GAATTCAAACGGACCACCGCCGAGGAATGCTCATATGTCATCAAACCTTGTGGCAGAC
ATTGGAAATATCTGAGAACATCATATTGTTACAACCATCAACGATACCAAAGTAGCAT
GGATCTGAGTGAACAAAGGAGATACAATCTAATCTGCAAATGCGATGTGTTCGTGT
CGGTGTGCTATGAGTGGTATATGAAAGTGGGAGAAGTATTATTCTCTTCCACGACATGGCTTC
TCGATACGACAATCGTGTGTCACCGAGGGTATGCATGCTTAACCCATTATTATTCGTGGTGT

TTGAGTAACACTTCTGTTATATGAGATATAAGCCAGAAATTTTGACTTTACTTT
 TCCCTATTGACGTCTGCAAAAACAATGAAGTCAGCATTGGATGTCAAATCACTTATTCT
 TTCGGCTTACTTACTGTGACAAGTTAATAATCACATCGAAAACCTACCACCCAAAATGCC
 CCCTCCACCTAAAATAGGGTTAATATGATATGAATTATGGTGTGGATGTTCTAATCTTGG
 AGTTACTTTCCCTAGCAGTATTATGTAAAGAAGTTCTTACCTCAAAAAAAATTTGA
 TCTGTTACGAGATTGTAAGGTTAATTTCAGAATCTATCCCTCAGTTTCACTACCCACCA
 CCACAATCATCAAGGTTATCAAAACCTATGGACTCTATTCCCACCTAGAGGACTCAA
 CGAACCGGATTGTAATACAAACGGTTTCTGAGAACACAGGACGATTTCTGATGAAC
 AGCTTCAACTGTTGAAAGAATGTTCACTACACACTATCCAGACGTACTGATGCGGAA
 AAAATTGCACAGATAATAAATTAAACAGAAGAAAAAGTCGAGGTGAGTTAATATGAAGACAA
 AAAAATTAAATATTAACAAAACCAACGAGTCATTAGTTGAAACACTTCCGAAATAGAA
 TCAAATCTGTCCGAAAGATAGCCAAAAAAAAGAATTTCGTGCACTGTTACACAATTAGAAAA
 GTTTGGATTGAAAAAAATAGCGGTATTATAATGAAAAACCAAACAAATTAGGTCAAAAT
 AAACATAGAGAGTTTGGTTGCGTGAGGGTAATTACTTCATTGGATTGAAGACTTC
 TTTCACATTACGGTAAAATATTATGGGAGAATATTCCCACTTAAGTTCTTCTACAT
 TCTTGACATCTTAACCTAAATTACTTTCCCTGTTTAATTGGATCATACTTAACCG
 AACGTTATAGCGTAGAAATCACCAGTCGCTATCTTCTTTAAGAGAGAATTTCAGCGTA
 GTCGATTAATATTGAAAATGAAAACGATATTTCATCTCAATGATAATTGTAAGATTG
 ACTACTTCTTATAGGCTATTGTTGAATAAGAATTATAACGCTTCAATGATAATC
 CGTTTATAGCGTAGAAATCACCAGTCGCTATCTTCTTTAAGAGAGAATTTCAGCGTA
 GAAATCACCAGTCGCTATCTTCTTTAAGAGAGAATTTCACCTAAATTCTTCAT
 ATGTTACAACCTAACTAATTCTCAGTCGGTTGATAAAATAAAACACCGCAAAAGGTGCT
 ACCATTAAATATTACAATAATTGGAATGGCTGATTATTAAAATCAGAGGGAGAAGGGGTG
 TAATTAAACATTGCAAGTTGTTGAAATTACCGTTGTTCTACACGAAATT
 CATAGTTATCATCGATAGAGATCGAGTATGAAAAACGAAATTAAAAATAATTAAATAAAA
 TACAAATTACTTTGCTTACCAATGACCTAAACCGAGTCAGAAAAGATCTGGTCTTATT
 TTGTTTAAATACAGCGATAAGAAAAAAATGGTTATCGTGTGTTCATCCTCGGGGGTTTAA
 TCCTGGACTTGCTCCTGAAAAAGAGTCGAGCTGCTTCAATTCTATTCTGAATCGCAT
 TTAGGCATAAAATCGATCGGTATAAATTATTCACATTCTTTACTTCATTACTTT
 CCCCTCAAACAAACAACCTTCCGCTCTCTCAAAGCACGTTGCTGTAACATCTTCATC
 ATATCATAAAAGCATACTAAATTGGCAAGTAAACTAAAATAAAACACTTTTAGGTAT
 GGTTCAAAACAGACGAGCGCGGTGGAGAAAACAAAAGAAAAGAAGTCACGAGACCGAAAAA
 TACAAACGTCAATTAAAAAAATCCGATACAGGCCTCTAAATTGGACAGCAAAAGTAC
 GTTATCGCCGTCTCCATGAAAATATTGCAACATTCAACCGACACGTCGAGAAATT
 ATGTTGGCGTGAGAAAAGACAGCGAAGATGTGACAAAATAAACACAAACGTTAACCCCC
 CCCCTAACGTTACTGGCGAAGCCGTTGGAATAAGGCCGGTGTGCGTTGTCTATATGTTA
 TTTCCACCATATTGCCGTCTTGGCAATGTGAGGGCCGGAAACCTGGCCCTGTCTTCTT
 GACGAGCATTCTAGGGTCTTCCCTCTGCCAAAGGAATGCAAGGTCTGTTGAATGTCG
 TGAAGGAAGCAGTTCTGGAAAGCTTCTGAAAGACAAACACGTCGAGCTGACCGACCTTGC
 AGGCAGCGGAACCCCCCACCTGGGACAGGTGCCTCTGCCAAAGCCACGTGTATAAGA
 TACACCTGCAAAGGCCACAACCCAGTGCCACGTTGTGAGTTGGATAGTTGTGAAAGAG
 TCAAATGGCTCTCTCAAGCGTATTCAACAAGGGCTGAAGGATGCCAGAAGGTACCCAT
 TGTATGGGATCTGATCTGGGGCTCGGTGCACATGCTTACATGTTAGTCGAGGTTAAA
 AAACGTCTAGGCCCGAACCAACGGGACGTGGTTTCTTGGAAAAACACGATGATAATA
 CCATGAGTAAAGGAGAAGAACTTTCACTGGAGTTGCTTCAATTCTGTTGAATTAGATGGT
 GATGTTAATGGCACAATTCTGTCAGTGGAGAGGGTGAAGGTGATGCAACATACGGAAA
 ACTTACCCCTAAATTATTGCACTACTGGAAAACACTACCTGTTCCATGCCAACACTTGTCA
 CTACTTCTGTTATGGTGTCAATGCTTCAAGATAACCCAGATCATATGAAACGGCATGAC
 TTTTCAAGAGTGCCATGCCGAAGGTTATGTACAGGAAAGAACTATATTTCAAAGATGA
 CGGAAACTACAAGACACGTGCTGAAGTCAAGTTGAAGGTGATACCCTGTTAATAGAATCG

AGTTAAAAGGTATTGATTTAAAGAAGATGGAAACATTCTGGACACAAATTGGAATACAAC
TATAACTCACACAATGTATACATCATGGCAGACAAACAAAAGAATGGAATCAAAGTTAACCT
CAAAATTAGACACAAACATTGAAGATGGAAGCGTTCAACTAGCAGACCATTACCTGTCCACACAATCTGCC
CTCCAATTGGCAGGGCCTGTCTTTACAGACAACCATTACCTGTCCACACAATCTGCC
CTTTCGAAAGATCCCACGAAAAGAGAGACCATGGTCCTCTGAGTTGTAACAGAGCTGC
TGGGATTACACATGGCATGGATGAACTATACAAATAAACTGGTTCCAATATGTTAAATATA
TTATAATCTAATATTGTATATATTACTTCATAAAAGGATTAACGAAAATCGTTGTTAGT
TCCTATAGACCATGAACGTCTGATAGACATTGGATATATACTCCTCATTAAAGAAGCCATT
TATAATACCTATTGTGTGAACGTGACAAACCATGTCGGCATAAGAGGAGATACATTAAAA
AAATAAACTTTAATCTATGATTCCCCATTCTCGTTCCAGAGGCTCGTAATCCTGAAGAGGGT
TATCAAGAGATCTGAGGATGAGAATGAGGTTCAAGGTGACTCAATCCATTCTAATTACTTT
AGGCTAAAAAAATCACACCCTGTCAAAACATTATTTTAGTAACACAGATTACACGCCATT
TTTGTGTCGTCTCTCGATGTTTCTTGCCAACCTGTCAACAAATTCTTGATACGATCT
TGTTTTTAAAGAAATTCCGCCACGTGATTGAAACGTTCTAATATTTGTCATTTCTT
AAAATTTGTATGACTTACCATGGTAAAAAAATTCACTAGTTTCCGGGGATAGCTATTTG
TTGACAGTATTATCTGAAACATAATGAGATTTCTATTATTTAAATCAAAACCTCAA
AACTGTCTAATTGTTAATTCACTTATACACTGTATTGTTGATTGTTGTAATTAT
TGTTATTTATCACTTAGAGTTTTAGATTGCATTCTCGATTAAGTCTATTGCAAGACCA
GAATATTGTAATTACACATATTTAGAATTAAAGATACCGATTACTATTATATTCTCCTA
ACATAAACGTGTTATTTATTTGCATTTATCAAAGAGTCTGGTTATCTATAGGA
GAGTATTAGAA GGGCCC

7.3.3.2 *HeActIIHeGsc^{cDNA}IRESeGFP* (Klon G3)

<i>BluescriptsK</i>	2221bp
(+ApaI-Adaptor; ohne: Primer-Bindestellen, Polylinker, LacZ, f1-origin)	
<i>Linker</i>	6bp
<i>HeActII</i> (5`regul. Reg.)	1976bp
<i>HeGsc</i> (cds cDNA)	879bp
<i>IRES</i>	566bp
<i>eGFP</i>	714bp
<i>HeActII</i> (3`regul. Reg.)	1569bp

GTGGCACTTTGGGGAAATGTGCGCGGAACCCCTATTGTTATTTCTAAATACATTCA
AATATGTATCCGCTCATGAGACAATAACCTGATAAAATGCTCAATAATATTGAAAAAGGAA
GAGTATGAGTATTCAACATTCCGTGTCGCCCTTATTCCCTTTTGCGGCATTTGCCCTC
CTGTTTGCTCACCCAGAAACGCTGGTGAAAGTAAAGATGCTGAAGATCAGTTGGGTGCA
CGAGTGGGTTACATCGAACTGGATCTCAACAGCGGTAAGATCCTGAGAGTTTCGCCCGA
AGAACGTTCCAATGATGAGCACTTTAAAGTTCTGCTATGTGGCGGGTATTATCCGTA
TTGACGCCGGCAAGAGCAACTCGGTCGCCGCATACACTATTCTCAGAATGACTTGGTTGAG
TACTCACCAGTCACAGAAAAGCATCTTACGGATGGCATGACAGTAAGAGAATTATGCAGTGC
TGCCATAACCAGTGAAGTATAACACTGCGGCCAACTTACTTCTGACAACGATCGGAGGACCGA
AGGAGCTAACCGTTTGACAAACATGGGGGATCATGTAACTCGCCCTGATCGTTGGGAA
CCGGAGCTGAATGAAGCCATACCAAAACGACGAGCGTGACACCACGATGCCGTAGCAATGGC
AACAAACGTTGCCAAACTATTAACGGCAACTACTTACTCTAGCTCCGGCAACAATTAA
TAGACTGGATGGAGGCAGGATAAAAGTTGCAGGACCACTCTGCGCTGGCCCTCCGGCTGGC

TGGTTTATTGCTGATAAAATCTGGAGCCGGTGAGCGTGGGTCTCGCGGTATCATTGCAGCACT
 GGGGCCAGATGGTAAGCCTCCCGTATCGTAGTTATCTACACGACGGGAGTCAGGCAACTA
 TGGATGAACGAAATAGACAGATCGCTGAGATAGGTCGCTCACTGATTAAGCATTGTAAC TG
 TCAGACCAAGTTACTCATATATACTTAGATTGATTAAAACCTCATTTAATTAAAAG
 GATCTAGGTGAAGATCCCTTTGATAATCTCATGACCAAAATCCCTAACGTGAGTTTCGT
 TCCACTGAGCGTCAGACCCGTAGAAAAGATCAAAGGATCTTCTTGAGATCCTTTCTG
 CGCGTAATCTGCTGCTTGCACAAAAAAACCACCGCTACCGCGTGGGTTGTTGCCGGA
 TCAAGAGCTACCAACTCTTCCGAAGGTAACTGGCTTCAGCAGAGCGCAGATAACCAAATA
 CTGTCCTCTAGTGTAGCCGTAGTTAGGCCACCTCAAGAACTCTGTAGCACCGCCTACA
 TACCTCGCTCTGCTAATCCTGTTACAGTGGCTGCTGCCAGTGGCGATAAGTCGTCTTAC
 CGGGTTGGACTCAAGACGATAGTTACCGGATAAGGCGCAGCGGTGGCTGAACGGGGGTT
 CGTGCACACAGCCCAGCTGGAGCGAACGACCTACACCGAACTGAGATAACCTACAGCGT GAG
 CTATGAGAAAGCGCCACGCCAGCTCCGAAGGGAGAAAGGCGGACAGGTATCCGTAAGCGG CAG
 GGTGGAACAGGAGAGCGCACGAGGGAGCTTCCAGGGGAAACGCCGGTATCTTATAGTC
 CTGTCGGGTTTCGCCACCTCTGACTTGAGCGTCGATTTGTGATGCTCGTCAGGGGGCGG
 AGCCTATGGAAAAACGCCAGCAACGCCCTTTACGGTCTGCCCTTGTGGCCTTT
 TGCTCACATGTTCTTCTGCGTTATCCCCGATTCTGTGGATAACCGTATTACGCCCTTG
 AGTGAGCTGATACCGCTGCCGAGCGAACGACCGAGCGAGTCAGTGAGCGAGGAA
 GCGGAAGAGCGCCCAATACGCAAACGCCCTCTCCCGCGCTGGCGATTCAATTAGCAG
 CTGGCACGACAGGTTCCGACTGGAAAGCGGGCAGTGAGCGCAACGCAATTATGTGAGTT
 AGCTCACTCATTAGGCACCCAGGCTTACACTTATGCTCCGGCTCGTATGTTGTGGA
 ATTGTGAGCGGATAACAATTACACAGGAAACAGCTATGACCATGATTACGCCAAGCTTGT
 TGTAAAACGACGGCCAGTGAATTGAGCTCGGTACCCGGGATCC**TCTAGTGAATGTTCACT**
 TCGATATTTAGCAAGGGTTAAAGTCGCAGGCATGTAAGTGCTCAATATTGCGCATCAGG
 AGCAATTTCGCCGACTGATTGTTCAAAAGTCAGCCAACATGAGTTATTTTACTTGC
 GTTAAATACGCAAATGTTTTTCCGTTGAGCGAACGCCATCGTGGCGGAAACTTT
 AATCCCCATGCCGTGTTCTTTGTTAGATCTGACGGCGAACAGACAAAAAGCTCTGGGA
 ACGAGGTTGTGCAGGAGTCGTAGCTCGTTAGGCAAATACCCACATAAAATAGATCG
 CAGTAGGAAATTGCTAATTCTAGTCTCTCAATTCAAATGCTAATCTACCCATGGGAAC
 GAGGATGGCTGTGTTAGTTGAAACTAATGGGTGTTGAGTTTCAGGCTGTTCTTATT
 TAATTTTAATTTCATGTTAGATGTTAAATCATGATTGTTCTTATGTTGGCTATTACTGC
 AATTTTCAAATCTGTTAGTAGCTTCTCTTAGCTACTAGAAGAGTGTCCATAT
 ATTGGCCTTTCTTCTGCGTCAACAACTGAGATTGTTGAATGTTATTAAAA
 CTGTCAGCTGTTACAGCTGATGTTCAAGTAATTCTAATCCGTTGCTGCTAAAATAAA
 ACTGTTAAGGGGTGGATTAGTGCCTCATACTTCAATTGTTATATTTGTTATAAGC
 TAGACACACCTGTACTTCAAAACATAAGAAAAATGTCGTTAGCGTTCTTGAACCTTAA
 CCATTTAAATTAGTCAAACGAGAGTTATATAGAGTTACTCATGAAAACCACGTTCAA
 ACTAAAACTTCTCATGCGTACAGTATTGAGTTTATTGTCAGGTTGAAAGTTGCC
 CGTGTGATTTGTTAGAAACGTAACAAACACAGTGCTGTACAGGATGGTGCAGGGAC
 AATCTAAATTACATAAAAACATAACGGTTGCGTTCTATAATGCCATAAAATGTTGCT
 GAACTCTCCTTCATCGTGTGTTCAATGAAAACCTAAAAATGACTGCGAAGGAG
 TCAACTTCGCTGGATACATGGTTCTATTAGCGTTAATACAATAGGTCTTGTGTTGTA
 CATTGTTGAAACTAAATTGACGTTCTTCTGTTCTGGTAAAAATTGATATTTAGAC
 AAAAATGCAAAGCATGTAACCTATGTCGAACACTAAACTTTCCAATAATTGATCT
 CCAAAATGTATGATCTGTTGAGAATGTCGAACCATGAGTTAGGAAAAATTACTGTA
 ATGAGAAAAAGAAGAAAATAGCCCCGGCAGGGATTAGCTAAAAACTTAAAGAAAA
 AAAAACGACCGGAAGAAATATTGTTAGGTCTCGGAACATTGTCATTTATGATGCTC
 GTAGAAACCACCTTAATCGTATCTCATTAAAATTCAACATTCTGCATGTTGTTATGAG
 CTTCGAGGGTTGTTGCCATATTCAAGGGGTATATAAAAAAATTATTTGTTGAAATT
 AAAACAAGTCATAATTAAATGGTCTTTATTCAATGCAATTATTTAATGCAAGTTAGAATCAC

TGCTTATTGACGAGTCGTCTATTGAAAAATCCGGGTATAAATTAGTGGGAAAATGCC
 GAAATGTGATCTTCTCCCTCTCCCCCTTTCAATGTTGTGGGTCGTATGCTGGTT
 GAGCGGAAAATTGTATGTCGCGTAAAATCGAATTAAAGGGGAAGGGGAATATAACGTG
 TGTTTGTAAATTCCACAAATTATGTTCAGAGGGTTGAGGATAAAACTGTGTACATG
 TAATTGTCAGAGCAGAACCTTGGGTGGCAAATTCTTATTGTAATGCGCTTATT
 AATTTCACGCAATGCCCTCCAAAATGTTCTCCAGTGCAGGGAAATTGGTGCAGAAATAAAT
 TATCGTAAAAAATTGCGCTAAAATTAAACTACGCTTATAGTTTATACCATATGCAAATT
 CTTCCGTTTCGTTAGTCATACTACTAAAAATAGAAACTTCCGGATAACGTTACACATT
 TTTTAAAAAAACTCTCCGTTTGGGATCAAATTGTCGAAGACGGAAGAATTGAAAAC
 GGAATGTACAGTCGACTCTCTAATTGATTTCCAGGGGGAGGAATTTATATCGAATTAGA
 GAGAGAATCGAATTAGGAAGTGTCTCTAATTGAAATTATATTGTAACACTCGAAAAAGGAATAAGAC
 ATGCATTTTGACAGTGCAGCACGAATATTAAAGACTTTCAAGGATCTTAAAGATC
 TCTGAAAGTAGTCATCAATATTGACTGTTTTATTAGCATATTAAATCAACGGCC
 CCATTACATTTAATGCAACCACTACATCGTTCCAAAGTTGGAAAACGGCCC

7.3.4 Tandem-Expressionskonstrukt

7.3.4.1 *HeActII51ASActeGFP-HeActIIHeGsc*

<i>Bluescript_{SK}</i>	2221bp
(+Apal-Adaptor; ohne: Primer-Bindestellen, Polylinker, LacZ, f1-origin)	
<i>Linker</i>	6bp
<i>HeActII</i> (5`regul. Reg.)	1976bp
<i>51ASActII</i>	153bp
<i>NotI-Cassette</i>	27bp
<i>eGFP</i>	714bp
<i>HeActII</i> (3`regul. Reg.)	1569bp
<i>Linker</i>	2bp
<i>HeActII</i> (5`regul. Reg.)	1976bp
<i>HeGsc</i> (cds cDNA)	876bp
<i>HeActII</i> (3`regul. Reg.)	1569bp

GTGGCACTTTGGGGAAATGTGCGCGGAACCCCTATTGTTATTCTAAATACATTCA
 AATATGTATCCGCTCATGAGACAATAACCCTGATAAATGCTCAATAATATTGAAAAGGAA
 GAGTATGAGTATTCAACATTCCGTGTCGCCCTTATTCCCTTTGCGGCATTTGCCCTC
 CTGTTTGCTCACCCAGAACGCTGGTAAAGTAAAGATGCTGAAGATCAGTTGGTGCA
 CGAGTGGGTTACATCGAACTGGATCTAACAGCGGTAAGATCCTTGAGAGTTTCGCCCGA
 AGAACGTTCCAATGATGAGCAGTTAAAGTTCTGCTATGTCGGCGGGTATTATCCGTA
 TTGACGCCGGCAAGAGCAACTCGGTGCCGCATACACTATTCTCAGAATGACTTGGTTGAG
 TACTCACCAGTCACAGAAAAGCATCTTACGGATGGCATGACAGTAAGAGAATTATGCACTGC
 TGCCATAACCAGTGAACACTGCGGCCACTTACTCTGACAACGATCGGAGGACCGA
 AGGAGCTAACCGTTTGCACAAACATGGGGATCATGTAACTCGCCCTGATCGTTGGGAA
 CCGGAGCTGAAGCCATACCAACGACGAGCGTACACCACGATGCCCTGAGCAATGGC
 AACAAACGTTGCCAAACTATTAACTGGCGAAACTACTACTCTAGCTCCGGCAACAATTAA
 TAGACTGGATGGAGGCAGGATAAAAGTTGCAGGACCACTCTGCGCTCGGCCCTCCGGCTGGC
 TGGTTATTGCTGATAAAATCTGGAGCCGGTGAGCGTGGGTCTCGCGGTATCATTGCACT

GGGGCCAGATGGAAGCCCTCCGTATCGTAGTTATCTACACGACGGGGAGTCAGGCAACTA
 TGGATGAACGAAATAGACAGATCGCTGAGATAGGTGCCTCACTGATTAAGCATTGGTAAC TG
 TCAGACCAAGTTACTCATATATACTTTAGATTGATTAAAACCTCATTAAATTAAAAG
 GATCTAGGTGAAGATCCTTTGATAATCTCATGACCAAAATCCCTAACGTGAGTTTCGT
 TCCACTGAGCGTCAGACCCCGTAGAAAAGATCAAAGGATCTTCTTGAGATCCTTTCTG
 CGCGTAATCTGCTGCTGCAAACAAAAACCACCGTACCCAGCGGTGGTTGTTGCCGGA
 TCAAGAGCTACCAACTCTTTCGAAGGTAACTGGCTTCAGCAGAGCGCAGATAACCAAATA
 CTGTCCTCTAGTGTAGCCGTAGTTAGGCCACCACTCAAGAACTCTGTAGCACCACCGCTACA
 TACCTCGCTCTGCTAATCCTGTTACCAGTGGCTGCTGCCAGTGGCAGTAAGTCGTGCTTAC
 CGGGTTGGACTCAAGACGATAGTTACCGATAAGGCGCAGCGGTGGCTGAACGGGGGTT
 CGTGCACACAGCCCAGCTGGAGCGAACGACCTACACCGAACTGAGATAACCTACAGCGTGAG
 CTATGAGAAAGCGCCACGCTTCCGAAGGGAGAAAGGGACAGGTATCCGTAAGCAGCAG
 GGTCGGAACAGGAGAGCGCACGAGGGAGCTCCAGGGGAAACGCCGGTATCTTATAGTC
 CTGTCGGGTTGCCACCTCTGACTTGGAGCGTCAAGGCTTACGGTTCCGGCTTTGCTGGCCTT
 AGCCTATGGAAAAACGCCAGCAACGCCCTTACGGTTCCGGCTTTGCTGGCCTT
 TGCTCACATGTTCTTCTGCGTATCCCCTGATTCTGTGGATAACCGTATTACGCCCTTG
 AGTGAGCTGATACCGCTGCCAGCCGAACGACCGAGCGCAGCGAGTCAGTGAGCGAGGAA
 CGGAAAGAGGCCAATACGCAAACGCCCTCCCCGCGCTGGCCGATTCAATTACGAG
 CTGGCACGACAGGTTCCGACTGGAAAGCGGGAGTGAGCGCAACGCAATTATGTGAGTT
 AGCTCACTCATTAGGCACCCAGGTTTACACTTATGCTTCCGGCTCGTATGTTGTGGA
 ATTGTGAGCGGATAACAATTACACAGGAAACAGCTATGACCATGATTACCCAAGCTTGT
 TGTAAAACGACGGCCAGTGAATTGAGCTCGGTACCCGGGATCC**TCTAGT****GAATGTTCACT**
 TCGATATTTAGCAAGGGTTAAAGTCGCAGGCATGTAAGTGCTCAATATTGCGCATCAGG
 AGCAATTGGCCCGCACTGATTGTTCAAAAGTCAGGAAACATGAGTTAATTGTTACTTGC
 GTTAAATACGAAAATGTTTTCCGTTGAGCGAAGGCCATCGTGGCGCGAAACTTT
 AATCCCCATGGCTGTTCTTTGTTAGATCTGACGGCGAACAGACAAAAAGCTCTGGGA
 ACGAGGTTGTGCGAGGAGTCGTAGCTCGTTAGGCAAATATACCCACATAAAAATAGATCG
 CAGTAGGAAATTGCTAATTCTAGTCTCTAATTCAAATGCTAATCTACCCATGGAAC
 GAGGATGGGCTGTTAGTTGAAACTAATGGGTTGAGTTTCAGGCTGTTATT
 TAATTTTAATTGTTAATGTTAAAATCATGATTGCTGTTATGTTGGCTATTACTGC
 AATTTTCAAATCTGCTGTTAGTAGCTTCTCTAGCTACTAGAAGAGTGTCCATAT
 ATTGGCCTTTCTGCGTGCAACAACTGAGATTGTTGAATGTTATTTTAAAA
 CTGTCAGCTGTTACAGCTGATGTTCAAGTAATTCTAATCCGTTGCTGCTAAAAATAAA
 ACTGTTAAGGGGTGGATTAGTGCTTCATACTTCAATTGTTATATATTGTTATAAGC
 TAGACACACCTGACTTCAAAACATAAGAAAAATGCTGTTAGCGTTCTTGAACCTTAA
 CCATTTAAATTAGTCAAAACGAGAGTTATAGAGTTACTCATTGAAAACCACGTTCAA
 ACTAAAACTTCTTCATGCGTACAGTATTGAGGTTTATTGCTACGGTGTAAAGTTGCC
 CGTGTGATTGTTAGAAACGTGAACAAACAAACAGTGTACAGGATGGTGTAGGGAC
 AATCTAAATTACATAAAAAACATAACGGTTGCGTTCTATAATGCCATAAAATGTTGCT
 GAACTCTCCTCATCGTGTGTTCAATGAAAAACTTAAAGACTGACTGCGAAGGAG
 TCAACTTGCCTGGATACATGGTTCTATTGCGTTAATACAATAGGTCTGTTGTA
 CATTGTTGAAACTAAATTGACGTTCTTCTGTTCTGGTAAAAATTGATATTTAGAC
 AAAAATGCAAAGCATTGTAACCTATGCTGCAACTAAACTTTCCAATAATTGATCTT
 CAAAAATGTATGATCTGTTGAGAATGTCGAACCATGAGTTAGGAAAAATTACTGTACGT
 ATGAGAAAAAGAAGAAAATAGCCCCGGCAGGGATTAGCTAAAAACTTAAAGAAAA
 AAAAACGACCGGAAGAAATATTGTTATGGTCTCGGAACATTGTTCTTATGATGCTC
 GTAGAAACCACCTTAATCGCTATCTCATTAAATTCAACATTTCTGCATGTTGTTATGAG
 CTTTCGAGGGTTGTTGTCATATTGAGGGGTATATAAAAAATTATTTGTTGAAATT
 AAAACAAGTCATAATTAAAGTCTTTATTGAAATATTAAATGCAAGTTAGAACATCAC
 TTGCTAGAAAATAGAAAAATTAAAGAACACTTAAACTCGACATAATTCTGTT

TTCCAACCCCCGTACAATCAAAGCGTTCTATTGTTTGAGTCAAACAATGGAACCTGCACG
 CAGAATGTTCTTTGCCATATATGGTTAGAAAACCTGCTATCGTGTATGAGCTTAAATTGCG
 CAGCCCGGAGACAAAACGCCCTCACCAGGTTATTACGAACCTAAAGTAACATTGACAAGAC
 GTTCATTTTTCTCTTACACTTCGTAaaaaACTAAACTCAAAATGCCGATGATGATGTTG
 CTGCTCTCGTAGACAATGGATCTGGTATGTGCAAAGCTGGATTGCTGGAGATGATGCT
 CCAAGAGCTGTCCTCCCTCAATCGTCGGACGTCCCCGTATCAGGGAGTCATGGTTGGTAT
 GGGACAAAAAGCGGCCGCTGCAGCCCCGGTAGAAAAAATGAGTAAAGGAGAAGAACCTTTCA
 CTGGAGTTGTCCTAATTCTGTTGAATTAGATGGTGTATGGCACAAATTTCGTC
 AGTGGAGAGGGTAGAGGTGATGCAACATA CGAAAACCTACCCCTAAATTATTCGACTAC
 TGGAAAACACTACCTGTTCCATGGCCAACACTTGTCACTACTTCTGTATGGTGTCAATGCT
 TTTCAAGATAACCAGATCATATGAAACGGCATGACTTTCAAGAGTGCCTGCCGAAGGT
 TATGTACAGGAAAGAACTATATTTCAAAGATGACGGAACTACAAGACACGTGCTGAAGT
 CAAGTTGAAGGGTGTACCCCTGTTAATAGAATCGAGTTAAAGGTATTGATTTAAAGAAG
 ATGGAAACATTCTGGACACAAATTGGAATACAACACTACACACAATGTATACATCATG
 GCAGACAAACAAAAGAATGGAATCAAAGTTAACTTCAAAATTAGACACACAACATTGAAGATGG
 AAGCGTTCAACTAGCAGACCATTATCAACAAACTCCAATTGGCGATGCCCTGTCCTT
 TACCAAGACAACCAATTACCTGTCACACAACTCTGCCCTTCGAAAGATCCAAACGAAAAGAGA
 GACCACATGGTCCTTCTGAGTTGTAACAGCTGCTGGGATTACACATGGCATGGATGAACT
 ATACAAATAAGCTCCTGAAAGTAAAGTCACATCCACAAACACAGGGTGGTAGACTAGAAA
 CTAACATTGTCATTTGTCATCAATTGACATTTCAAAAATCCATCTGGGCTTTGTC
 CACAACTTGCAAGCCTATAAATTGTAATACAGATATCCACAAATGTAATAATTAA
 TAACGGGGTTGTTATACAATAACGAATCTCTCATAATAATTATTATTCCCCCGGTGGTC
 GTGTGTCTGCGAGACATCATCAGAGGCAAACCTACTTTTTAGACTACACGCCTTCA
 AATGTGTGATCTACCTTAAGAAATCGCTGGCCCTTGGTTATCCCTGCTATCAATT
 GCGAATCTCTCAGATGTCAGAAAGATATCCGGAGATGTCATCGCTCTAAATGGAG
 TAAGCTTTCTGCCAGACATTCTACTTCCGCATAAGTTGTTAGGTGCAAATTCCGCAC
 TCGAAAAGACTGCTGCTGGTAATATGGTTCGTTACGCTCGATGGAAATAATTCTA
 CCTCAACTGTACTGACGCCCTCATTGTTTTATTGCGGAGGCCGTAAAACGAAGTTACG
 ATAACATAACAAGTATCGACCAGCACATTGCGTCATTGCTTATTGACGAGTCGCTTATT
 TGAAAAATCCGGGTATAAATTAGTGGAAAATGCCAAATGTGATCTTCTCCCTCT
 CCCCCCTTTCAATGTTGTTGCTATGCTGGTTGAGCGGAAAATTGTTATGTGTC
 GTCAAAATCGAATTAGGGAAAGGGAAATAACGTGTGTTAAATTCCACAAATAT
 TATGTTCAAGGGTTGTAAGGATAAAACTTGTGTACATGTAATTGTCAGAGCAGAACTTGG
 GTGGCAAATTCTTATTGTTGCGCTTATTGTTACGCAATCGCTCCAAAA
 TGTTCTCCAGTGCAGGGAAATTGCGCAGAAATAATTATCGTTAAAAAATTGCGCTAAAAT
 TAATACTACGTTATAGGTTATACCATATGCAAATTCTCCGTTTCGTTAGTCATACTAC
 TAAAAAATAGAAACTTTCCGGATAACGTTACACATTTTAAAAACTTCTCCGTTTTG
 GGATCAAATTGCGAAGACGGAAAGAATTGAAAACGGAATGTACAGTCAGTCCTTAATT
 CGATTTCCAGGGGGAGGAAATTATATCGAATTAGAGAGAGAATCGAATTAGGAAGTGTCT
 CTCTAATTGCAATTCTTCTTGGGGGGGGGACTAGAAAAAAATCGAATTACAGAGT
 GAAATTATATTGTAACCTCGCAAAAAGGAATAAGACATGCATTGTTGGACAGTGCAGCAC
 GAATATTAAAGACTTTCAAGGATCTTAAAGATCTGAAAGTAGTCATCAATTG
 CTGTTTTATTAGCATATTATAACACGGCCATTACATCTTAAATGCAACCA
 CTACATCGTTCCAAAGTTGGAAAACGTGAATGTCACCTCGATATTAGCAAGGC
 GGTAAAGTCGCAGGCATGTAAGTGCCTAATTGCGCATCAGGAGCAATTG
 GCTTCAAAAGTCAGGCAACATGAGTTAATTTCAGTGCCTTAAATACG
 CAAAATGTTTTCTCTTCT
 TTGTTAGATCTGACGGCGAACAGACAAAAAGCTGGGAACGAGGTTGTCAGGAGTC
 AGCTCGTTAGGCAAATACCCACATAAAAATAGATCGCAGTAGGAAATTG
 GCTAATTCTAATTGCTAATTGCTAATTCTACCCATTGGGAACGAGGATGG
 GCTTGTGTTAGTT

TGAAACTAATGGGTGTTGAGTTTCAGGCTGTTCTATTAAATTAAATTGGTAAATGTT
 AAAATCATGATTGTTCTTATGTTGGCTATTACTGCAATTTCACAAATCTCGTGTT
 TAGTAGCTTCCTCTTAGCTACTAGAAGAGTGTCCATATATTGGCCTTTCTTCATGC
 GCAACAATCTGAGATTGTTGAATGTTATTTTAAAACGTCAAGCTGTTACAGCTGAT
 GTTTCAAGTAATTCTAATCCGTTGCTGCTAAAAAATAAAACGTCAAGGGGGTGGATTAGT
 CTTCATACTTCAATTGTTATATATTGTTATAAGCTAGACACACCTGTACTTC
 CATAAGAAAAATGTCTGTTAGCAGTTGAACCTTAACCATTAAATTAGTCAAAACGA
 GAGTTATAGAGTTACTCATTGAAAACCACGTTCAAACAAACTTTCTCATGCGTAC
 AGTATTGAGGTTTATTGTCAGGTTGAAAGTTGCCCGTGTGATTTGTTAGAAC
 TGAACAAACAAACAGTGCTGTACAGGATGGTGTCAAGGGACAATCTAAATTACATA
 TAACGGTTGCCTCTATAATGCCATAAAATAGTTGCTGAACCTCTCCTCATCGTCT
 GTTGGTTCAATGAAAAACTTAAACGACTGCGAAGGGAGTCACCTTCGCTGGATACATGG
 TTTCTATTGAGCTTAATACAATAGGTCTGTTGTACATTGTTGAAACTAAATTGACGT
 TTTCTTCTGTTCTGGTAAAAATTGATATATTAGACAAAAAAATGCAAAGCATTGTAAC
 CTATGCTGCAACTAAACCTTCCAATAAATTGATCTTCCAAAATGTATGATCTGTTGAG
 AATGTCGAACCATGAGTTAGGAAAAATTACTTGTACGTATGAGAAAAAGAAGAAAATAG
 CCCCCGGCAGGGATTAGCTAAAAACTTAAAAAGAAAAAAACGACCGGAAGAAATATT
 TTTATGGTCTCGGAACATTGTTCATTTATATGATGCTGTTGAGACCCACCTTAATCGCTAT
 CTCATTAACATTCAACATTGTCATGTTGTTATGAGCTTGCAGGGTTGTTGCCATAT
 TCAGGGGGTATATAAAAAATTATTTGTTGAAATTAAACAGTCATAATTAAATGG
 TCTTTATTGAAATATTATTTAATGCACTGAGTTAGAATCACTGCTAGAAAAATATAGAAAAAA
 TTAAAGAACACTTAAACTCGACATAATTCTGTTTCCAACCCCGTACAATCAAA
 GCGTTCTATTGTTGAGTCACAAACATGGAACCTGCACGAGAATGTTCTTGCATATA
 TGGTTAGAAAACCTGCTATCGTGTATGAGCTTAAATTGCGAGCCGGAGACAAAACGCCCTC
 ACCAGGTTCATTACGAACCTAAAGTAACATTGACAAGACGTTCATTTCTCTTACACTT
 CGTAAAAAAACTAAACTCAAAATGAGTTCCCTTGTATGCAAAACTGCTCAACTCAGATAAA
 CTTTCAGTAAACAAGAAAACGCTGAGCACGATGACATGCCCTATGAATTACGTGAGAGAAT
 TTCAACGGACCACGCCGAGGAATGCTCATATGTCATCAAAACTGTTGTCAGACATTT
 TGAAATATCTGAGAACATCATATTGTTACAACCATAACGATAACCAAGTAGCATGGAT
 CTGAGTGAAACAAAGGAGATAACATCTAATCTGCAATGCGATGTTGTCGTGCTCGGT
 GTGCTATGAGTGGTATATGAAGTGGAGAAGTATTATTCTCTCCACGACATGGCTCTCGA
 TACGACAATCGTGTGTCACCAGTGAATCTATCCCTCAGTTTCAATCACCACCAACATCA
 TCAAGGTTATCAAAACCTATGGACTCTATTCCCATAACCTAGAGGACTCAACGAACCGGA
 TTGTAATACAAACGGATTGTCAGAAGACACAGGGACGATTTCTGTATGAAACAGCTCAAC
 TGTTGGAAAGAATGTTCACTAAACACACTATCCGACGTACTGATGCGCGAAAAATTGCA
 CAGATAATAAATTAAACAGAAGAAAAAGTCAGGGTATGGTTCAAAACAGACGAGCGCGGTG
 GAGAAAACAAAAGAAAGAAGTTCACGAGACCGAAAAATACAAACGTCAATTAAATTGCA
 CCGATAACAGGCGTTCTAAATTGAGACAGCAGAAAGTACGTTATGCCGTATCCATGCAAA
 ATATTAGCAACATTGACACGACACGTCGAGAAATTATGTTGGCGTGAGAAAAGACAGCGA
 AGATGTGACAAAAATAAACACAAACGTTTAAGCTCCTGAGTAAAGTCACATCCACAAAC
 AACAGGGTGGTAGACTAGAAACTAACTTGTCAATTGTCATCAATTGACATTTC
 ATCCATCTGGCTTTGTGCAACACTGCAAGCCTATAAATTGTAATACAGATATC
 CACAAAATGTAATAATTAAACGGGGTTGTTATACAATAACGAATCTCTCATATAATT
 TATTATTCCCCCGGTGGTGTGTCGAGACATCATCAGAGGAAACTTACTTT
 TTTAGACTACACGCCTTCAAAATGTGTGATCTATCCTTAAGAAATCGCTGGCGCCCTGG
 TTAATCCCTGCTATCAATTGCGAATCTTCAGATGTGCAAGACGAAAGATATCCGGAGATG
 TCAATTGCGCTCTAAATGGAGTAAGCTTTCTGCCAGACATTCTACTTCCCGATAAGTT
 GTTAGGGCAAATTCCCGCACTCGAAAAGACTGCTGCTGGTAATATGGTTCTGTTAC
 GCTCGATGGAAAATAATTCCACCTCAACTGTACTGACGCCCTCATTGTTTTATTGCGGA
 GGCGTCAAAACGAAGTACGATAACTAACAGTATCGACCGACATTGCGTCATTGCT

TTATTGACGAGTCGTCTATTGAAAAATCCCGGGTATAAATTAGTGGGAAAAATGCCGAA
TGTGATCTTTCTCCCTCTCCCCCTTTCAATGTTGTGGGTCGTATGCTGGTGAGC
GGAAAAATTGTATGTGCGGTCAAAATCGAATTAAGGGGAAGGGGAATATAACGTGTGTT
TTGTTAAATTCCACAAATATTATGTTAGGAGGGTTGTAGGATAAACTTGTACATGTAAT
TTGTCCAGAGCAGAACCTTGGGTGGCAAATTCCCTATTGTTACTATTTGCCTTATTAATT
TTCACGCAATGCCCTCCAAAATGTTCTCCAGTGCAGGAAATTGGTGCAGAAATAAATTATC
GTTAAAAAATTGCGCTAAATTAAACTACGCTTATAGTTTACCATATGCAAATTCTC
CGTTTCGTTAGTCATACTACTAAAAATAGAAACTTTCCGGATAACGTTACACATTTTT
TAAAAAAATTCTCCGTTTTGGGATCAAATTGTCGAAGACGGAAGAATTGAAAACGAA
TGTACAGTCGACTCTCTAATTGATTTCCAGGGGGAGGAAATTATATCGAATTAGAGAGA
GAATCGAATTAGGAAGTGTCTCTAATTGAAATTATATTGAAACTCGCAAAAAGGAATAAGACATGC
ATTTTTGGACAGTGCAGCACGAATTAAAGACTTTCAAGGATCTTTAAGATCTCTG
AAAGTAGTCATCAATATTGACTGTTTTATTTAGCATATTTATAAAATCAACGGCCCCAT
TTACATCTTTAATGCAACCACATCGTTCCAAAGTTGGAAAACGGGCC

Danksagung

Mein ganz besonderer Dank gilt Prof. Dr. G. Plickert für die Überlassung dieses faszinierenden Themas. Seine intensive Betreuung, ständige Diskussionsbereitschaft und hilfreichen Ratschläge trugen maßgeblich zum Gelingen dieser Arbeit bei.

Herrn Prof. Dr. S. Roth möchte ich für die Übernahme des Koreferats herzlich danken.

Mein aufrichtiger Dank gilt auch Dr. M. Kroher, dass er sich bereit erklärt hat als zusätzlicher Gutachter dieser Arbeit zu fungieren.

Ein herzlicher Dank gilt auch Dr. R. Heiermann für die ständige Diskussionsbereitschaft und die guten Ratschläge.

Herzlich möchte ich mich bei den Mitgliedern der Arbeitsgruppe Plickert sowie Gerald Firmenich für die gute Arbeitsatmosphäre und vielseitige Unterstützung bedanken, insbesondere aber auch bei Anja Nonn, die mir immer hilfsbereit mit Rat und Tat zur Seite stand und stets ein offenes Ohr für meine Problemchen hatte.

Erklärung

Ich versichere, dass ich die von mir vorgelegte Dissertation selbständig angefertigt, die benutzten Quellen und Hilfsmittel vollständig angegeben und die Stellen der Arbeit - einschließlich Tabellen, Karten und Abbildungen -, die anderen Werken im Wortlaut oder dem Sinn nach entnommen sind, in jedem Einzelfall als Entlehnung kenntlich gemacht habe; dass diese Dissertation noch keiner anderen Fakultät oder Universität zur Prüfung vorgelegen hat; dass sie - abgesehen von unten angegebenen Teilpublikationen - noch nicht veröffentlicht worden ist, sowie, dass ich eine solche Veröffentlichung vor Abschluss des Promotionsverfahrens nicht vornehmen werde. Die Bestimmungen der Promotionsordnung sind mir bekannt. Die von mir vorgelegte Dissertation ist von Prof. Dr. G. Plickert betreut worden.

Teile der vorliegenden Arbeit wurden bereits veröffentlicht:

Künzel, T., Heiermann, R., Frank, U., Müller, W., Tilmann, W., Bause, M., Nonn, A., Helling, M., Schwarz, R.S. and Plickert, G. (2010). Migration and differentiation potential of stem cells in the cnidarian *Hydractinia* analysed in eGFP-transgenic animals and chimeras. Dev. Biol. 348, 120-129.

Köln, den _____

Lebenslauf

Persönliche Daten

Name: Timo Künzel
Geburtsdatum: 4.2.1979 in Köln

Schulische Ausbildung und Wehrdienst

1986 - 1990 Städtische Gemeinschaftsgrundschule Europaring in Köln
1990 - 1997 Heinrich-Heine-Gymnasium in Köln
1997 - 1999 Integrierte Gesamtschule Holweide in Köln (Abitur)
1.7.1999 - 30.4.2000 Wehrdienst (Hauptgefreiter)

Hochschulausbildung

1.10.2000 - 10.7.2007 Studium der Biologie an der Universität zu Köln Thema der Diplomarbeit: Photoorientierung in Hydrozoen
1.10.2009 Beginn der Promotion am Zoologischen Institut der Universität zu Köln in der Arbeitsgruppe von Prof. Dr. G. Plickert; Thema der Dissertation: Axiales Patterning und seine Steuerung in der Embryogenese eines basalen Metazoen, *Hydractinia echinata*

Beruflicher Werdegang

1.08.2001 - 31.12.2001 Studentische Hilfskraft am Zoologischen Institut der Universität zu Köln in der Arbeitsgruppe von Prof. Dr. G. Plickert
18.08.2003 - 17.11.2003 Studentische Hilfskraft am Zoologischen Institut der Universität zu Köln in der Arbeitsgruppe von Prof. Dr. G. Plickert
10.08.2007 - 10.10.2007 Wissenschaftliche Hilfskraft am Zoologischen Institut der Universität zu Köln in der Arbeitsgruppe von Prof. Dr. G. Plickert
11.10.2007 - 10.09.2012 Wissenschaftlicher Mitarbeiter (1/2 Stelle) zur Betreuung von Praktikanten und Diplomanden am Zoologischen Institut der Universität zu Köln in der Arbeitsgruppe von Prof. Dr. G. Plickert