

## Anhang:

**Tabelle 3.0:** Kandidatengenset (siehe auch 3.2.2): **ID:** Identifikationsnummer des cDNA-Klons; **Acc. Nr.:** Accessionnummer des ESTs in der Genbank; **Homologie:** zeigt den besten BlastX-Treffer in SwissProt bzw. SwissPir (Stand Februar 2004); **R(+/-):** (Regulation) gibt an ob das Gen induziert (+) oder reprimiert (-) ist; **RF:** (Regulationsfaktor) Mittelwert aus beiden biologischen Experimenten von „inokuliert“/Kontrolle zum jeweiligen Zeitpunkt; **C:** Cluster der Expressionsmusteranalyse („K-means“-Analyse), (siehe Abbildung 3.4); **DI:** mittlerer Differentialindex der inokulierten Versuche (siehe Abbildung 3.7) (**n.a.** nicht analysiert; \* 5 von 6 Verhältnissen waren größer bzw. kleiner 0). Gene mit **DI>0,4** wurden **rot** und Gene mit **DI<-0,4** wurden **blau** unterlegt; **EM:** (EM-Wert) gibt an ob das Gen ubiquitär oder gewebespezifisch exprimiert wird (siehe Abbildung 3.12).; **EM>2** heißt epidermisspezifisch exprimiert (**gelb** unterlegt). **EM<2** heißt mesophyllspezifisch exprimiert (**grün** unterlegt).

BlastX-Analyse Swissprot und Swisspir					Expressionsdaten:				
<u>ID</u>	<u>Acc. Nr.</u>	<u>Homologie</u>	<u>E-Wert</u>	<u>Funktionelle Klasse</u>	<u>R</u>	<u>RF</u>	<u>C</u>	<u>DI</u>	<u>EM</u>
<b>Zelltod:</b>									
HO09F07	CD055469	Mlo-ähnlich	2,0E-56	Zelltod-Regulation	+	9,9	2	0,52*	4,0
HO04F20	CD053484	Ceramid-Synthase	2,0E-78	Sphingolipid-Metabolismus	+	4,4	9	0,26	4,0
HO15O20	CD057701	Glutathion-S-Transferase	1,0E-76	Detoxifikation	+	8,4	4	0,64*	-1,5
HO12P05	CD056673	Glutathion-S-Transferase	1,0E-170	Detoxifikation	+	7,9	4	0,28	-0,4
HO40A04	CF542235	Glutathion-S-Transferase	3,0E-47	Detoxifikation	+	5,9	4	0,41	-0,6
<b>Zellwand:</b>									
HO13D15	CD056766	Peroxidase (sekretiert)	4,0E-56	Lignifizierung	+	3,0	1	0,61*	2,4
HO16C19	<i>submitted</i>	Peroxidase (sekretiert)	8,0E-39	Lignifizierung	+	12,1	9	0,1	2,3
HO02P04	CD053965	Peroxidase (sekretiert)	2,0E-20	Lignifizierung	+	9,5	9	0,18	1,9
HO14K08	CD057271	Zellulose-Synthase	3,0E-59	Zellwand-Metabolismus	+	4,6	0	0,09	2,7
HO14B14	CD057078	(1-3,1-4)-β-D-glucanase	0,0E+00	Zellwand-Metabolismus	-	2,3	3	-0,07	1,6
HO06G10	CD057946	Kaffeesäure-3-O-Methyltransferase	1,0E-73	Lignifizierung	+	7,6	5	0,27	0,5
HO12P08	CD056676	Zellwand assoziierte Ser/Thr Kinase	4,0E-48	Zellwand-Metabolismus	+	2,7	0	-0,38	0,6
HO16G15	<i>submitted</i>	Zellwand assoziierte Ser/Thr Kinase	1,0E-33	Zellwand-Metabolismus	+	5,7	1	0,23	1,0
HO08F24	CD055054	Glucan-1,3-β-Glucosidase	1,0E-72	Zellwand-Metabolismus	+	3,3	1	0,39	-0,3
HO03C22	CD053913	Exo-1,3-β-Glucanase	2,0E-61	Zellwand-Metabolismus	+	3,5	#	0,32	-1,0
HO40A02	CF542233	dTDP-Glucose 4-6-Dehydratase	6,0E-54	Zellwand-Metabolismus	+	2,4	#	0,1	0,2
HO10F22	CD055829	Peroxidase (sekretiert)	1,0E-82	Lignifizierung	-	4,7	3	-0,24	1,0
HO08L11	CD055151	Xyloglucan-Endotransglycosylase	1,0E-140	Zellwand-Metabolismus	-	3,0	3	0	-1,7
HO03F11	CD053849	α-Galactosidase	2,0E-91	Zellwand-Metabolismus	-	2,9	3	-0,23	1,2
HO14K07	CD057270	Chitinase	0,0E+00	Zellwand-Metabolismus	+	7,3	4	0,95*	-3,0
HO09K20	CD055594	Peroxidase (sekretiert)	0,0E+00	Lignifizierung	+	9,3	1	0,45	-4,7
HO13I11	CD056875	Glycin-reiches-Protein	1,0E-118	Zellwand-Metabolismus	+	3,5	8	-0,26	
<b>Membran:</b>									
HO02A01	CD054246	Lysophospholipase	9,0E-51	Lipid-Metabolismus	+	6,8	7	0,3	0,7
HO12G01	CD056482	Diacylglycerol-Kinase	7,0E-19	Lipid-Metabolismus	+	10,0	8	0,97*	0,1
HO06M04	CD057837	Phosphatidat-Phosphatase	7,0E-38	Lipid-Metabolismus	+	8,0	4	0,18	1,3
HO06D23	CD057973	Ca <sup>2+</sup> -ATPase	0,0E+00	regul. Membranprotein	+	5,5	2	0,19	0,5
HO03G05	CD053795	Lipoxygenase	2,0E-63	Lipid-Metabolismus	+	3,6	#	0,33	-1,3
HO08F05	CD055238	Membranprotein (mehrf. verankert)	6,0E-74	regul. Membranprotein	+	2,4	5	0,37	-0,2
<b>Photosynthese:</b>									
HO07B11	CD054703	Rubisco LSU	1,0E-115	Calvin-Zyklus	-	4,7	3	-0,11	-1,2
HO12D09	CD056429	Chlorophyll a/b bindendes Protein	0,0E+00	Licht-Reaktion	-	14,5	#	0,3	-2,3
HO04N12	CD058436	Rubisco SSU	1,0E-47	Calvin-Zyklus	-	4,0	3	0,06	-3,7
HO01I01	CD054417	Photosystem II 10 kda Polypeptid	0,0E+00	Licht-Reaktion	-	2,3	#	-0,16	-2,7



**Fortsetzung Tabelle 3.0:** (Kontrolle: nichtinokulierte Pflanzen; „inokuliert“: inokulierte Pflanzen; *mlo5*: Pflanzen der isogenen Linie Ingrid BC *mlo5*; *Mlo*: Ingrid *Mlo*). Im elektronischen Northern berücksichtigte cDNA-Banken (siehe auch 3.2.2.7): **HZ**: Perikarp 0-7 dap (*days after pollination*); **HA**: Embryosack; **HB**: Karyopse 8-15 dap; **HF**: Karyopse 8-15 dap; **HY**: Karyopse 0-15 dap; **HS**: Embryo Scutellum; **HT**: frühes Endosperm; **HU**: keimender Samen 16-48 h; **HV**: keimender Samen 48-96 h; **HC**: Koleoptile drei Tage alt; **HX**: Apex; **HM**: männliche Blütenstände; **HI**: weiblicher Blütenstand; **HD**: Kallus; **HW**: Wurzel; **HP**: Epidermis; **HO**: Epidermis: *Bgt/Bgh* inokuliert. HO-spezifische Singeltons und HO-spezifische-Cluster wurden blau unterlegt.

	Kontrolle			„inokuliert“			Kontrolle/„inokuliert“			Elektronischer -Northern																				
	<i>mlo5/Mlo</i>			<i>mlo5/Mlo</i>			<i>mlo5</i>			<i>Mlo</i>			<u>HZ</u>	<u>HA</u>	<u>HB</u>	<u>HF</u>	<u>HY</u>	<u>HS</u>	<u>HT</u>	<u>HU</u>	<u>HV</u>	<u>HC</u>	<u>HX</u>	<u>HM</u>	<u>HI</u>	<u>HD</u>	<u>HW</u>	<u>HP</u>	<u>HO</u>	
	<u>6</u>	<u>12</u>	<u>24</u>	<u>6</u>	<u>12</u>	<u>24</u>	<u>6</u>	<u>12</u>	<u>24</u>	<u>6</u>	<u>12</u>	<u>24</u>																		
<b>Zelltod:</b>													-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	8	
													-	-	2	-	-	-	-	-	10	-	3	-	-	15	-	5	8	
													-	-	-	-	47	25	23	3	-	-	-	-	-	-	15	-	19	
													-	-	-	-	47	25	23	3	-	-	-	-	-	-	15	-	19	
													-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S	
<b>Zellwand:</b>													-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	11	
													-	-	-	-	-	-	-	-	7	6	-	-	-	3	-	-	3	
													2	-	-	-	-	-	-	3	7	-	-	-	-	-	-	-	3	
													-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	-	-	-	-	-	10	5	
													-	-	-	4	-	-	-	10	41	-	-	-	-	-	-	64	13	
													-	-	5	-	13	-	-	-	-	3	3	16	3	-	10	-	3	
													-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S	
													-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S	
													-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	-	-	3	
													-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	
													-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	
													-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	
													-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	
													-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	
													2	-	-	-	-	-	-	-	-	6	-	-	-	-	-	-	3	
													2	2	3	2	13	-	-	-	-	6	-	6	-	-	-	5	3	
													-	-	-	-	-	3	-	-	7	-	-	-	-	-	5	13		
													-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	20	-	11	
													3	-	-	-	-	13	25	7	10	-	-	-	-	3	-	15	8	
<b>Membran:</b>													-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S	
													-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S	
													-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S	
													-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	11	
													-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S	
													-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	
													6	-	-	9	-	-	-	-	3	6	-	-	3	-	-	-	3	
<b>Photosynthese:</b>													5	14	5	-	74	-	-	-	3	-	-	126	-	-	-	-	496	48
													11	9	-	-	17	-	-	-	7	-	9	42	-	-	-	152	5	
													9	23	11	-	-	-	-	-	10	-	-	29	-	6	-	275	85	
													-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	10	5	

<u>ID</u>	<u>Acc. Nr.</u>	<u>Homologie</u>	<u>E-Wert</u>	<u>Funktionelle Klasse</u>	<u>R</u>	<u>RF</u>	<u>C</u>	<u>DI</u>	<u>EM</u>
<b>Primärmetabolismus:</b>									
HO14D18	CD057126	NADH-Pyrophosphatase	5,0E-70	Nukleotid-Metabolismus	+	5,3	7	0,42	3,1
HO13E12	CD056786	$\beta$ -Amylase	0,0E+00	Zucker-Metabolismus	+	6,0	6	-0,94	5,5
HO07F11	CD054787	Glutamat-Decarboxylase	2,0E-85	GABA- <i>Shunt</i>	+	3,9	5	0,07	3,3
HO06B11	CD058061	Zellwand-Invertase	1,0E-146	Zucker-Metabolismus	+	2,1	5	0,07	2,2
HO03M02	CD053679	Anthranilat-Synthase	1,0E-132	Tryptophan-Metabolismus	+	9,6	2	0,53*	-0,5
HO10M15	CD055977	Anthranilat-Synthase	4,0E-77	Tryptophan-Metabolismus	+	5,3	4	0,88*	-0,7
HO03K07	CD053728	$\beta$ -Galactosidase	3,0E-26	Zucker-Metabolismus	+	6,9	1	0,63*	-1,1
HO05N02	CD058128	Glutamat-Decarboxylase	1,0E-136	GABA- <i>Shunt</i>	+	5,5	1	0,72*	0,4
HO11O07	CD056326	Adenosylhomocysteinase	1,0E-156	Methionin-Metabolismus	+	6,1	4	0,38	-1,4
HO16A19	<i>submitted</i>	Aldose-1-Epimerase-ähnlich	2,0E-20	Zucker-Metabolismus	+	5,3	9	0,39	-0,3
HO06F12	CD057966	Chorismat-Synthase	5,0E-43	Shikimat-Weg	+	5,2	0	0,44	-0,1
HO13H19	CD056859	Chorismat-Synthase	2,0E-49	Shikimat-Weg	+	3,1	0	0,06	1,0
HO06G20	CD057905	Cytochrome P450 Reduktase	0,0E+00	Electronentransport	+	7,2	2	0,39	-0,7
HO01D14	CD054482	Indol-3-Glycerin-P-Synthase	5,0E-77	Tryptophan-Metabolismus	+	3,2	0	0,23	-0,2
HO01P15	CD054236	Malat-Dehydrogenase	1,0E-110	Malat- <i>shuttle</i>	+	3,9	0	0,24	-0,2
HO40A13	CF542234	Methionin-Synthase	9,0E-47	Methionin-Metabolismus	+	8,2	9	0,32	0,4
HO09M16	CD055634	Methionin-Synthase	1,0E-113	Methionin-Metabolismus	+	5,5	0	-0,02	1,1
HO07K06	CD054886	Polyphosphat/ATP-NAD-Kinase	7,0E-97	Cofactor-Synthese	+	8,5	4	0,13	0,8
HO09I06	CD055536	Transaldolase	7,0E-93	Glykolyse-Pentose-P-Weg	+	3,3	0	-0,02	0,3
HO14J07	CD057248	Transaldolase	3,0E-61	Glykolyse-Pentose-P-Weg	+	2,9	0	0,12	-0,3
HO06I23	CD057867	Mannose-6-phosphat-Isomerase	1,0E-44	Zucker-Metabolismus	-	7,7	3	-0,05	0,6
HO10E23	CD055807	Diphosphatase	0,0E+00	allgemein	-	4,8	3	-0,19	0,1
HO06B04	CD058054	ATP-Synthase UE b (vakuolär)	1,0E-78	unbekannt	-	3,3	3	-0,49	-0,2
HO13A03	CD056687	ATP-Synthase $\beta$ -Chain	0,0E+00	Erzeugung von Energie	-	2,4	5	0,59	0,2
HO15N08	CD057671	6-Phosphogluconolactonase-ähnl.	9,0E-84	oxidativer Pentose-P Met.	-	2,7	#	-0,52*	-2,2
HO40A10	CF542227	Homocystein-S-Methyltransferase	5,0E-34	Methionin-Metabolismus	+	15,2	2	0,51*	-
<b>Transkription &amp; Translation &amp; Proteolyse:</b>									
HO10M21	CD055983	Serin-Proteinase (Subtilisin ähnlich)	2,0E-58	Proteinabbau	+	12,8	9	0,52	3,8
HO14K19	CD057280	Serin-Proteinase (Subtilisin ähnlich)	3,0E-41	Proteinabbau	+	8,1	4	0,43	3,4
HO10K23	CD055938	Transformer-2-ähnlich	1,0E-35	“Spleißen”	-	11,3	3	-0,22	-1,1
HO12H22	CD056515	Legumain-ähnliche Protease	2,0E-45	Proteinabbau	-	6,4	3	0,61	2,3
HO13E23	CD056796	Aspartat-Proteinase	5,0E-98	Proteinabbau	-	4,0	3	-0,57	2,1
HO11O24	CD056338	Zink-Finger-Protein	9,0E-19	Transkription	+	2,8	#	-0,56*	0,3
HO08P18	CD055348	Subtilisin-Chymotrypsin-Inhibitor	0,0E+00	Proteinabbau	+	5,1	0	-0,51	-1,3
HO05L01	CD058171	Endoplasmin	0,0E+00	molekulares Chaperone	+	4,9	7	0,22	-0,3
HO14H07	CD057204	Anthocyanin-Gen-Regulator PAC1	5,0E-88	Transkription	+	4,4	0	0,24	-0,2
HO05K04	CD058184	40S ribosomales Protein	7,0E-80	Translation	+	3,8	0	0,01	-0,9
HO07G09	CD054807	Aleuron-Ribonuclease	0,0E+00	RNA-Metabolismus	+	3,1	5	-0,05	0,3
HO08O05	CD055315	<i>Scarecrow</i> -ähnliches Protein 9	3,0E+00	Transkription	+	2,5	5	0,22	-0,2
HO04H06	CD053473	Exostosin-2	2,0E-64	Protein-N-Glycosylierung	+	2,5	5	0,31	-0,3
HO07B06	CD054698	Protein der QM-Familie	1,0E-179	Translation	+	9,1	6	0,1	-2,2
HO14F24	CD057176	Protease-Inhibitor	0,0E+00	Proteinabbau	+	5,6	4	0,4	-2,7
HO11H08	CD056192	Nucellin	7,0E-23	Proteinabbau	+	4,3	0	-0,02	-
HO10I08	CD055881	DNA-bindendes Protein	5,0E-55	Transkription	+	4,3	8	0,78	-
<b>Aktive Sauerstoffspezies:</b>									
HO09L22	CD055617	Germin-ähnliches Protein 4	0,0E+00	ROS-Bildung	+	7,5	9	0,66*	4,1
HO15E16	CD057490	Germin-ähnliches Protein 4	1,0E-149	ROS-Bildung	+	15,3	9	0,07	4,3
HO01P12	CD054282	Germin-ähnliches Protein 4	0,0E+00	ROS-Bildung	+	13,5	9	0,15	4,0
HO11H17	CD056200	Germin-ähnliches Protein 4	0,0E+00	ROS-Bildung	+	12,9	9	0,51	4,2
HO05L14	CD058179	Germin-ähnliches Protein 4	1,0E-122	ROS-Bildung	+	7,8	9	0,35	4,5
HO14F03	CD057158	Monodehydroascorbat-Reduktase	1,0E-112	ROS-Scavenging	+	3,4	#	0,07	2,1
HO11P16	CD056353	gp91-Phox	4,0E-86	ROS-Bildung	+	2,7	0	0,1	-0,1
HO14P21	CD057390	Fe/Ascorbat-abh. Oxidoreduktase	6,0E-74	ROS-Scavenging	+	3,9	7	0,44	0,1
HO03E01	CD053875	Glutaredoxin	6,0E-39	ROS-Scavenging	-	3,8	3	-0,1	-0,7

6 12 24    6 12 24    6 12 24    6 12 24    HZ HA HB HF HY HS HT HU HV HC HX HM HI HD HW HP HO

Primärmetabolismus:

										4																			5
									84	2	6			52							10								8
								9					22					15						20	29	27			27
																		3						5					3
																													3
										2																			3
																													S
								9					22					15						20	29	27			27
								23	6			2	52				41	27	18	35	10	3	25					5	
								11															10						3
								3								3	7												5
								3								3	7												5
										2	4				22			6	3				6	15					5
																													3
								2								10	3		6										13
																													S
										6				4			10			16	3	6	15					13	
													2						3				5					3	
								6		3	6	9			7		9		6	7								5	
								6		3	6	9			7		9		6	7								5	
																3	7												5
								2		3	2					3				6	3	6	15	5	5				5
																				10									3
								8	9	8	10			16	19	7	31	39	24	13	3	12		5				11	
										3	2					3				6									5
																													S

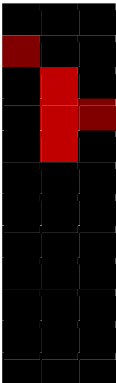


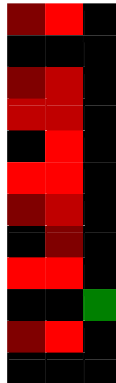








Transkription & Translation & Proteolyse:

																										15		16	
																													8
																4			3			3							3
								6		5		39						7											3
								2		2							3	10	9					9	5	20			3
																							6						3
																							6						3
								8	11		4	30	6			7	3			3	7	6	15					5	
																7				7									5
								5	6	3	4	9	9			10	7	3	12	6	10	3	10					3	
								5		2								3				15	25						3
																													3
																9			3				9	5					5
								27	20	6	25	13	22	31	36	34	9	28	16	27	18			5				5	
																							25						3
																	6												3
								8	11	5	4					3	3		6		6		6						5

Aktive Sauerstoffspezies:

																											5	51	
																													5
																													5
																													8
																													45
								2											6	3			6	20	25				5
								2		2					6		3	3		3		3							5
																	3							15	5				11
																													S

<u>ID</u>	<u>Acc. Nr.</u>	<u>Homologie</u>	<u>E-Wert</u>	<u>Funktionelle Klasse</u>	<u>R</u>	<u>RF</u>	<u>C</u>	<u>DI</u>	<u>EM</u>
<b>Sekundärmetabolismus:</b>									
HO13H24	CD056864	Phenylalanin-Ammonium-Lyase	1,0E-132	Phenylpropan-Weg	+	7,3	10	-0,03	1,3
HO08E06	CD055215	4-Cumaroyl-CoA-Ligase	1,0E-81	Phenylpropan-Weg	+	3,4	5	0,11	2,3
HO03B04	CD053877	Phenylalanin-Ammonium-Lyase	1,0E-80	Phenylpropan-Weg	+	11,9	4	0,66*	0,8
HO07H20	CD054839	Phenylalanin-Ammonium-Lyase	0,0E+00	Phenylpropan-Weg	+	8,1	0	0,75*	-0,3
HO02E07	CD054136	Tryptophan-Decarboxylase	7,0E-69	Indolalkaloid Metab.	+	9,5	4	0,84*	0,0
HO40A06	CF542248	4-Cumaroyl-CoA-Ligase	1,0E-10	Phenylpropan-Weg	+	23,7	4	0,43	1,2
HO07H15	CD054835	4-Cumaroyl-CoA-Ligase	1,0E-169	Phenylpropan-Weg	+	4,0	0	0,1	0,3
HO14I10	CD057227	Zimtsäure-Hydroxylase	0,0E+00	Phenylpropan-Weg	+	3,7	0	0,11	-0,1
HO15O04	CD057687	Phenylalanin-Ammonium-Lyase	2,0E-95	Phenylpropan-Weg	+	18,0	4	0,11	0,1
HO15F23	CD057523	Flavanon-3-Hydroxylase	2,0E-56	Flavonoid-Biosynthese	+	4,1	10	-0,09	-0,5
HO11N14	CD056310	Phenylalanin-Ammonium-Lyase	0,0E+00	Phenylpropan-Weg	+	9,4	4	0,3	0,1
HO02K06	CD054075	Lycopene-β-Cyclase	2,0E-42	Carotinoid-Synthese	-	3,9	3	-0,38	0,7
<b>Sekretion:</b>									
HO12F09	CD056469	HvSNAP 34	5,0E-49	Sekretion	+	3,5	5	0,69*	1,3
HO02F02	CD054150	Elicitor induced/secretory granules	8,0E-51	Sekretion	+	15,8	4	0,15	2,1
HO12N23	CD056658	Syntaxin	2,0E-32	Sekretion	+	2,3	0	0	2,4
<b>Signalweitergabe:</b>									
HO10E22	CD055806	Protein-Kinase-Rezeptor	1,0E-61	Signalerkennung	+	21,9	1	0,93*	3,9
HO15I04	CD057574	GMP-Kinase	2,0E-49	Signalweitergabe	+	5,1	4	0,18	1,4
HO04P08	CD058416	GAMYb-Transkription-Faktor	0,0E+00	Gibberellin-Signalweg	+	3,3	0	0,11	2,8
HO14G19	CD057186	Protein-Kinase-Rezeptor	0,0E+00	Signalweitergabe	+	2,8	0	0,32	1,6
HO03N23	CF542254	farnesylirendes Protein	6,0E-52	Signalweitergabe	-	2,9	11	-0,03	2,1
HO06F18	CD057932	12-OPD-Reduktase	2,0E-62	Jasmonat-Signalweg	+	3,3	5	0,42	-0,5
HO14H18	CD057214	ARM-Motiv enthaltendes Protein	2,0E-36	Signalweitergabe	+	3,2	0	0,07	0,9
HO10E18	CD055803	NBS-LRR ähnlich	1,0E-67	Signalerkennung	+	3,6	0	0,14	1,3
HO01K17	CD054355	NBS-LRR ähnlich	2,0E-35	Signalerkennung	+	2,8	0	0,34	-0,8
HO11C08	CD056085	Protein-Kinase	1,0E-116	Signalweitergabe	+	2,9	0	-0,31	0,3
HO08H24	CD055073	Protein-Kinase	3,0E-25	Signalweitergabe	+	2,8	10	0,16	0,3
HO12P14	CD056679	Protein-Kinase	1,0E-50	Signalweitergabe	+	2,4	0	-0,15	0,5
HO12J07	CD056548	Protein-Kinase-Rezeptor	2,0E-40	Signalerkennung	+	5,5	7	0,57	0,3
HO15N01	CD057664	Protein-Kinase-Rezeptor	7,0E-52	Signalerkennung	+	4,1	7	0,36	-1,4
HO13M17	CD056972	Protein-Kinase-Rezeptor	0,0E+00	Signalerkennung	+	3,6	10	0,25	0,9
HO08B09	CD055157	Protein-Kinase-Rezeptor	5,0E-37	Signalerkennung	+	3,4	5	0,49	0,5
HO06N14	CD054654	Protein-Kinase-Rezeptor	1,0E-32	Signalerkennung	+	3,4	2	0,35	-1,2
HO05C04	CD058348	<i>Somatic embryog. receptor-like</i>	2,0E-67	Signalerkennung	+	3,2	5	0,42	-0,7
HO04G13	CD053499	Protein-Kinase	1,0E-107	Signalweitergabe	-	7,3	11	-0,32	-0,1
HO04M04	CD058522	Protein-Kinase	1,0E-76	Signalweitergabe	-	6,9	3	-0,3	-0,5
HO08E05	CD055214	Adenylyl-Cyclase	6,0E-55	Signalweitergabe	-	2,5	11	0,23	-1,3
HO01O12	CD054291	Protein-Kinase-Rezeptor	9,0E-16	Signalerkennung	+	3,3	1	0,48	-2,0
HO11F10	CD056154	12-OPD-Reduktase	7,0E-49	Jasmonat-Signalweg	+	11,1	8	-0,46*	-
HO10N20	CD056000	Protein-Kinase	3,0E-92	Signalweitergabe	+	7,0	7	-0,02	-
HO05A19	CD058363	Protein-Kinase-Rezeptor	4,0E-23	Signalerkennung	+	4,4	1	0,26	-

<u>6</u> <u>12</u> <u>24</u>			<u>6</u> <u>12</u> <u>24</u>			<u>6</u> <u>12</u> <u>24</u>			<u>6</u> <u>12</u> <u>24</u>			<u>HZ</u>	<u>HA</u>	<u>HB</u>	<u>HF</u>	<u>HY</u>	<u>HS</u>	<u>HT</u>	<u>HU</u>	<u>HV</u>	<u>HC</u>	<u>HX</u>	<u>HM</u>	<u>HI</u>	<u>HD</u>	<u>HW</u>	<u>HP</u>	<u>HO</u>
<b>Sekundärmetabolismus:</b>																												
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	-	-	8
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S
				2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	11
				-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	-	-	6	-	-	-	10	-	8
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	6	-	-	11
				2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	7	6	6	-	-	-	3	40	-	-	5
				2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	11
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	15	-	8
				-	-	3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3
<b>Sekretion:</b>																												
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	5	-	3
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	11
				3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3
<b>Signalweitergabe:</b>																												
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S
				2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	5
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	8
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	13
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	6	-	-	3
				-	-	2	-	-	3	-	-	-	-	-	-	-	-	7	3	-	-	-	-	12	-	-	3	
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S
				5	-	3	-	4	-	6	-	-	-	-	-	-	3	3	-	-	-	-	-	7	-	15	-	5
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	8
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	5
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	13
				-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	6	3	-	-	5
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	5
				-	-	-	-	2	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S

<u>ID</u>	<u>Acc. Nr.</u>	<u>Homologie</u>	<u>E-Wert</u>	<u>Funktionelle Klasse</u>	<u>R</u>	<u>RF</u>	<u>C</u>	<u>DI</u>	<u>EM</u>
<b>Transport:</b>									
HO03A06	CD053942	ABC-Transporter (MRP-ähnlich)	3,0E-95	Transporter	+	4,3	5	0,68*	-0,6
HO14E18	CD057149	ABC-Transporter (PDR-ähnlich)	3,0E-28	Transporter	+	5,4	10	0,33	0,4
HO40A12	CF542226	ABC-Transporter (PDR-ähnlich)	1,0E-24	Transporter	+	4,0	5	-0,09	-0,1
HO01L03	CD054363	ABC-Transporter (PDR-ähnlich)	1,0E-44	Transporter	+	3,3	0	0,15	-0,6
HO09I07	CD055537	ADP/ATP-Carrier (mitochondrial)	0,0E+00	Transporter	+	2,9	5	-0,05	-0,6
HO06J04	CD057871	ADP/ATP-Carrier (plastidär)	4,0E-68	Transporter	+	5,3	5	0,42*	-0,3
HO01I10	CD054402	Aminosäure-Permease 1	5,0E-37	Transporter	+	2,9	0	0,06	0,1
HO13G09	CD056830	ANT-Gen	3,0E-49	Transporter	+	4,4	1	-0,09	-0,2
HO13M15	CD056970	Exportin-7	1,0E-32	Transporter	+	5,6	1	-0,05	0,7
HO12F18	CD056476	Hexose-Transporter	4,0E-71	Transporter	+	10,5	4	0,52*	-0,2
HO02I03	CD054089	Zucker-Transporter	2,0E-35	Transporter	+	4,1	1	0,42	0,7
HO15G24	CD057539	Zucker-Transporter	1,0E-76	Transporter	+	3,1	5	0,28	1,1
HO09E02	CD055443	Zucker-Transporter	3,0E-86	Transporter	+	2,4	10	0,21	-1,0
<b>Funktion unklar:</b>									
HO40A11	CF542236	Retrotransposon	5,0E-65	unklar	+	8,8	1	0,99*	2,1
HO14J02	CD057243	WCI-5 (TaPR-17)	1,0E-80	unklar	+	9,4	9	0,13	1,7
HO09G22	CD055505	Lipid-Transfer-Protein	3,0E-11	unklar	+	9,2	0	0,09	1,5
HO40A05	CF542232	kupferbindendes Protein (blau)	1,0E-46	unklar	+	5,4	2	0,16	1,3
HO04B17	CD053582	Salztoleranz-Protein	2,0E-40	unklar	+	11,8	1	-0,14	1,6
HO03I07	CD053768	HvPR-17	0,0E+00	unklar	+	5,3	7	0,64*	-1,0
HO11C07	CD056107	Uclacyanin	3,0E-23	unklar	+	4,4	0	0,47*	1,1
HO40A01	CF542230	Hydrolase ( $\alpha$ - $\beta$ "fold")	7,0E-26	unklar	+	3,9	0	0,35	0,6
HO05N22	CD058116	kupferbindendes Protein (blau)	1,0E-34	unklar	+	9,8	4	-0,04	0,2
HO03O03	CD053640	FIERG2-Protein	3,0E-54	unklar	+	6,5	0	0,44	-1,8
HO06P13	CD058506	Oxidoreduktase	3,0E-44	unklar	+	7,3	2	0,44	-0,7
HO09F06	CD055468	RNA bindendes Protein 2	4,0E-15	unklar	+	4,6	0	-0,25	0,7
HO12L20	CD056603	SRG1-Protein (PR10)	8,0E-38	unklar	+	6,0	2	0,36	-0,8
HO04M23	CD058448	Heparanase	2,0E-61	unklar	+	3,7	2	0,09	-0,3
HO09K14	CD055589	TaWIR1	3,0E-47	unklar	+	4,6	9	0,67	-2,2
HO14K22	CD057283	LRR-enthaltendes Protein	1,0E-52	unklar	+	4,4	7	0,6	-2,1
HO15M05	CD057646	Lipid-Transfer-Protein	3,0E-20	unklar	+	4,0	8	-0,3	-
HO09H23	CD055529	Lipid-Transfer-Protein	4,0E-20	unklar	-	3,7	11	0,03	2,5
HO01D23	CD054490	paf93-Gen	0,0E+00	unklar	-	2,7	11	-0,29	1,9
HO07P16	CD055010	Trockenheit induziertes Protein	7,0E-48	unklar	-	2,3	3	-0,48	-
HO09F19	CD055478	Nodulin-ähnliches Protein	4,0E-32	unklar	-	4,0	3	-0,19	0,2
HO14B10	CD057074	$\beta$ -Glucosidase	1,0E-49	unklar	-	5,1	3	-0,3	-0,3
HO11B12	CD056077	Aldehyd-Dehydrogenase	1,0E-152	unklar	-	4,6	3	-0,23	-0,1

	<u>6</u>	<u>12</u>	<u>24</u>	<u>6</u>	<u>12</u>	<u>24</u>	<u>6</u>	<u>12</u>	<u>24</u>	<u>HZ</u>	<u>HA</u>	<u>HB</u>	<u>HF</u>	<u>HY</u>	<u>HS</u>	<u>HT</u>	<u>HU</u>	<u>HV</u>	<u>HC</u>	<u>HX</u>	<u>HM</u>	<u>HI</u>	<u>HD</u>	<u>HW</u>	<u>HP</u>	<u>HO</u>	
<b>Transport:</b>																											
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	-	3	-	-	3	
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S	
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S	
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	5	
				45	24	18	10	48	54	34	13	31	42	31	42	30	18	116	-	-	-	-	-	-	-	8	
				-	-	-	-	4	3	-	-	-	-	3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S	
				45	24	18	10	48	54	34	13	31	42	31	42	30	18	116	-	-	-	-	-	-	-	8	
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	-	-	3	-	-	-	3	
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	5	
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	5	
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	5	
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	
<b>Funktion unklar:</b>																											
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S	
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	5	3	
				9	20	-	6	9	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	7	-	-	-	16	
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S	
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S	
				2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	18	-	-	-	5	15	19		
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S	
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S	
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	11	
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	11	
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	5	
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	8	
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	5	
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S	
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	
				5	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	328	-	-	-	-	-	-	20	
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	13	
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	5	
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S	
				2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	10	
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S	
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	6	-	-	-	-	-	-	3	
				-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	5	-	3	



<u>ID</u>	<u>Acc. Nr.</u>	<u>Homologie</u>	<u>E-Wert</u>	<u>Funktionelle Klasse</u>	<u>R</u>	<u>RF</u>	<u>C</u>	<u>DI</u>	<u>EM</u>
<b>Funktion unbekannt:</b>									
HO07G15	CD054816	unbekannt	8,0E-72	unbekannt	+	2,5	5	0,25	2,6
HO02D24	CD054171	unbekannt	2,0E-53	unbekannt	+	3,8	5	-0,08	3,3
HO12E03	CD056444	unbekannt	2,0E-50	unbekannt	+	2,3	10	0,18	2,3
HO03M03	CD053680	unbekannt	9,0E-63	unbekannt	+	2,2	0	-0,09	1,6
HO07I05	CD054848	unbekannt	5,0E-77	unbekannt	-	2,8	11	-0,13	2,2
HO10E10	CD055796	unbekannt	3,0E-68	unbekannt	+	4,3	8	-0,88*	-1,2
HO10B14	CD055734	unbekannt	1,0E-81	unbekannt	+	11,0	8	0,26	0,3
HO01I09	CD054401	unbekannt	6,0E-24	unbekannt	+	5,8	0	0,32	0,5
HO14M23	CD057327	unbekannt	6,0E-97	unbekannt	+	5,3	10	0,17	0,7
HO01C15	CD054536	unbekannt	5,0E-33	unbekannt	+	5,2	0	0,24	-0,2
HO12B19	CD056393	unbekannt	3,0E-46	unbekannt	+	5,1	1	0,09	-0,5
HO01B13	CD054542	unbekannt	1,0E-30	unbekannt	+	3,9	1	0,41	0,1
HO40A03	CF542228	unbekannt	3,0E-18	unbekannt	+	4,7	2	0,18	-0,3
HO12I08	CD056524	unbekannt	3,0E-29	unbekannt	+	2,9	10	-0,4	1,1
HO06L17	CD057826	unbekannt	8,0E-50	unbekannt	+	2,7	5	0,15	-0,4
HO04M10	CD053366	unbekannt	9,0E-85	unbekannt	-	5,8	3	-0,21	-0,7
HO10B22	CD055741	unbekannt	6,0E-89	unbekannt	-	3,9	11	-0,38	1,0
HO06D14	CD058003	unbekannt	1,0E-65	unbekannt	-	2,6	3	-0,08	-0,8
HO02H12	CD054111	unbekannt	4,0E-47	unbekannt	-	2,4	3	-0,28	-1,1
HO10K20	CD055931	unbekannt	2,0E-11	unbekannt	+	4,2	8	-0,63*	-
<b>kein Treffer:</b>									
HO14P06	CD057376	kein Treffer		kein Treffer	+	13,6	7	0,51	1,9
HO40A09	CF542247	kein Treffer		kein Treffer	+	9,3	0	-0,55	2,2
HO05I14	CD058210	kein Treffer		kein Treffer	+	8,4	10	-0,36	2,2
HO03H16	CD053787	kein Treffer		kein Treffer	+	8,1	1	0,39	3,3
HO15I12	CD057572	kein Treffer		kein Treffer	+	4,9	10	0,07	2,8
HO12P18	CD056682	kein Treffer		kein Treffer	+	4,3	5	0,2	1,5
HO02K10	CD054078	kein Treffer		kein Treffer	+	4,0	0	0,15	1,5
HO15C07	CD057435	kein Treffer		kein Treffer	+	3,4	1	-0,1	1,4
HO02G09	CD054120	kein Treffer		kein Treffer	+	3,1	0	-0,23	1,5
HO02O10	CD053972	kein Treffer		kein Treffer	+	2,9	0	0,05	1,9
HO12I10	CD056525	kein Treffer		kein Treffer	+	3,2	0	0,47*	0,6
HO40A16	CD053463	kein Treffer		kein Treffer	+	3,2	0	0,27	0,2
HO06N01	CD054644	kein Treffer		kein Treffer	+	11,9	10	-0,16	0,7
HO11A09	CD056058	kein Treffer		kein Treffer	+	4,3	7	0,22	0,5
HO09L02	CD055599	kein Treffer		kein Treffer	+	4,1	10	0,58	-0,5
HO07F18	CD054800	kein Treffer		kein Treffer	+	3,9	10	-0,09	0,6
HO12C06	CD056404	kein Treffer		kein Treffer	+	3,5	0	0,05	0,3
HO14E07	CD057139	kein Treffer		kein Treffer	+	3,3	10	0,23	-0,3
HO02B06	CD054228	kein Treffer		kein Treffer	+	3,2	1	0,09	0,1
HO02H02	CD054101	kein Treffer		kein Treffer	+	3,2	8	0,31	0,8
HO04C16	CD053551	kein Treffer		kein Treffer	-	3,4	3	-0,56*	0,4
HO06K04	CD057851	kein Treffer		kein Treffer	+	5,6	9	0,54*	-3,3
HO06J21	CD057887	kein Treffer		kein Treffer	+	7,3	7	0,07	-4,1
HO11D06	CD056112	kein Treffer		kein Treffer	-	15,3	11	0,05	-3,1
HO14E24	CD057155	kein Treffer		kein Treffer	-	3,6	11	0,12	-2,0
HO04H05	CD053472	kein Treffer		kein Treffer	+	4,2	10	0,78*	-
HO40A15	CD053549	kein Treffer		kein Treffer	+	3,4	8	-0,17	-

<u>6</u>	<u>12</u>	<u>24</u>	<u>6</u>	<u>12</u>	<u>24</u>	<u>6</u>	<u>12</u>	<u>24</u>	<u>6</u>	<u>12</u>	<u>24</u>	<u>HZ</u>	<u>HA</u>	<u>HB</u>	<u>HF</u>	<u>HY</u>	<u>HS</u>	<u>HT</u>	<u>HU</u>	<u>HV</u>	<u>HC</u>	<u>HX</u>	<u>HM</u>	<u>HI</u>	<u>HD</u>	<u>HW</u>	<u>HP</u>	<u>HO</u>												
<b>Funktion unbekannt:</b>												-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	11
																														5										
																													8											
																													S											
																												29	11											
																													3											
																													3											
																													S											
																													8											
																													3											
																													8											
																													5											
																													S											
																													3											
																													3											
																													5											
																													3											
																													3											
																													5											
																													3											
																													8											
<b>kein Treffer:</b>												-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S
																														S										
																													S											
																													5	19										
																													S											
																													3											
																													16											
																													5											
																													5											
																													S											
																													3											
																													S											
																													5	3										
																													S											
																													15	3										
																													3											
																													S											
																													3											
																													3											
																													8											
																													5											
																													S											
																													S											
																													S											
																													S											
																													S											

<u>ID</u>	<u>Acc. Nr.</u>	<u>Homologie</u>	<u>E-Wert</u>	<u>Funktionelle Klasse</u>	<u>R</u>	<u>RF</u>	<u>C</u>	<u>DI</u>	<u>EM</u>
		<b>Bgh-Gene</b>							
HO14N21*	CD057347	HSP 70	1,0E-78	molekulares Chaperone	+	14,7	n.a.		2,2
HO08J20	CD055129	Retrotransposon	1,0E-170	Transposon	+	12,9	n.a.		3,7
HO05G22	CD058283	14-3-3-Protein	3,0E-54	regul. Membranprotein	+	14,1	n.a.		2,7
HO16M07	<i>submitted</i>	14-3-3-Protein	9,0E-92	regul. Membranprotein	+	13,5	n.a.		2,9
HO08B23	CD055171	18S ribosomale RNA	1,0E-159	RNA-Metabolismus	+	5,0	n.a.		1,6
HO03N20	CD053635	Chitinase	0,0E+00	Zellwand-Metabolismus	+	3,8	n.a.		2,2
HO07O11	CD054986	Elongationsfaktor-1- $\alpha$	1,0E-104	Translation	+	5,6	n.a.		2,7
HO08J10	CD055120	GAP-Dehydrogenase	1,0E-176	Glykolyse	+	9,6	n.a.		2,5
HO04A02*	CD053626	kein Treffer		kein Treffer	+	26,3	n.a.		3,7
HO09I03	CD055533	Serin-Carboxypeptidase	7,0E-84	Proteinabbau	+	9,0	n.a.		2,7
HO11C09	CD056086	Tetraspanin	9,0E-34	Entwicklung	+	4,5	n.a.		1,4
HO09E08*	CD055449	Ras-Transkriptionsfaktor	5,0E-77	Transkription	+	10,0	n.a.		2,3
HO04A11	CD053606	unbekannt	5,0E-44	unbekannt	+	4,9	n.a.		2,1
HO06N16	CD054656	unbekannt	2,0E-69	unbekannt	+	15,8	n.a.		4,2
HO01C21	CD054508	unbekannt	1,0E-127	unbekannt	+	14,5	n.a.		3,9
HO08O06	CD055316	unbekannt	0,0E+00	unbekannt	+	12,4	n.a.		2,7
HO16O01	<i>submitted</i>	unbekannt	1,0E-159	unbekannt	+	10,7	n.a.		2,6
HO05D13	CD058315	unbekannt	2,0E-142	unbekannt	+	14,6	n.a.		0,2
HO10M16	CD055978	kein Treffer		kein Treffer	+	14,1	n.a.		0,5
HO05L15	CD058180	kein Treffer		kein Treffer	+	2,8	n.a.		1,2
HO15J13	CD057592	$\beta$ -1,3-Glucanosyltransferase	2,0E-51	Zellwand-Metabolismus	+	5,4	10		1,0
HO04M11	CD053367	unbekannt	2,0E-88	unbekannt	+	7,2	n.a.		0,4
HO02A18	CD054260	unbekannt	1,0E-120	unbekannt	+	5,0	n.a.		0,4
HO14D22	CD057130	Ribonucleoprotein	3,0E-32	unklar	+	5,5	n.a.		-2,5
HO08B21	CD055169	unbekannt	0,0E+00	unbekannt	+	7,9	n.a.		-

<u>6</u>	<u>12</u>	<u>24</u>	<u>6</u>	<u>12</u>	<u>24</u>	<u>6</u>	<u>12</u>	<u>24</u>	<u>HZ</u>	<u>HA</u>	<u>HB</u>	<u>HF</u>	<u>HY</u>	<u>HS</u>	<u>HT</u>	<u>HU</u>	<u>HV</u>	<u>HC</u>	<u>HX</u>	<u>HM</u>	<u>HI</u>	<u>HD</u>	<u>HW</u>	<u>HP</u>	<u>HO</u>				
<i>Bgh</i> -Gene:									-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S				
									-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3				
									-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	5				
									-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S				
									-	-	-	-	-	3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3				
									-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	5			
									-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	27				
									-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	11			
									-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S			
									-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S			
									-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S			
									-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S			
									-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S			
									-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S			
									-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	5			
									-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S			
									-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S			
									-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S			
									-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	5			
									-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S		
									-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S		
									-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S		
									-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	5		
									-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S	
									-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S	
									-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S

