

5. Anhang

5.1. Primerliste

Gene	Name	Sequenz	
<i>OsSET1</i>	SET1-9	GCT CGC TTT ATG AAC CAC AGC	
	SET1-10	ATG TCG GAA GTC CAA AAA CTG CTT	
<i>SUVH1</i>	Su1start	ATAGTCGACCGCATGGAAAGAGGTTGGTCAC	
	Su1-stop	ATAGTCGACTCCAAATGAGCCACGGCAATACGC	
	Su1-Start/NheI	ATAGCTAGCATGGAAAGAAATGGTGGTACA	
	Su1-Stop	ATACTCGAGAAATGAGCCACGGCAATACGC	
	Su1r908	TAACGCATCAAACCGCATAA	
	Su1f592	ACCAAGCTCAGAACCCACCG	
	<i>SUVH2</i>	Su2Start	ATAGTCGACATGAGTACATTGTTACCA
Su2Stop		ATAGTCGACCTAGTTGCAGATGGCGAG	
Su2StartNheI		ATAGCTAGCATGAGTACATTGTTACCA	
Su2Xho		ATACTCGAGGTTGCAGATGGCGAGCTTG	
Su2-1631B		ATAACATCCCCATTGATTGACAG	
mycSalI		ATAGTCGACATGGGCGGACGCGAACAAAAGTTG	
2RNAi3X/B		ATAGGATCCCTCGAGGCTCGTTCAC TTCAT	
2RNAi5-BamHI F		ATAGGATCCCTCAATCCTCCACCG	
2RNAi5X B		ATACTCGAGGGATCCCCCAAACCAGACTTCCCC	
2RNAi3BamHI		ATAGGATCCTTTGCTGTGGGGAAGTCT	
Su2-1290F		GATCAGCAGGACTGGCTGCGAG	
Su2r545		TCTCGCTAGGTCTCTCGGTC	
EndoSu2-1		TTG AGA CAA CCT CGA AGT AAT GCA AAC	
Su2 R 742		TGACTGGACCAACTATGTGCTTAT	
Su2F 610		CTAATGGCGGAGAGTATGAAGAAT	
Su2 R 231		TTCCGATTTCACTTCTAACTTTCC	
EndoSu2-81		AGGTGTTGTTTCTGTCTTCGGTTC	
EndoSu2- 30		AGGCCGGATCCGATTCGTGACCCG	
Su2f527		GACCGACGAGAGACCTAGCGAGA	
<i>SUVH3</i>		Su3-337F	TTTCTTCCCATTGTTGGAGCAC
		Su3r-657	GCATTTCCATCTTCTCGCTC
<i>SUVH4</i>	Su4r1227	CTCGGCAGTTACACCCAGTT	
	Su4f1010	TGGACGCATACCAACGAGTA	
<i>SUVH5</i>	Su5f-476	GGTCCATCCTCCAAGCATAA	
	Su5r-720	GACCCAAATGGTCTCCAGAA	
<i>SUVH6</i>	Su6f-320	TGCCTCTGAAAACGTGAGTG	
	Su6r-588	CTAGCGGCTGAGTTTGATCC	
<i>SUVH7</i>	Su7f-280	CACAACACATTTGCACCTCC	
	Su7r-524	GAATCGAAATCCCACGAGA	
<i>SUVH8</i>	Su8f-1103	ATGGTCCTGCTGCTACGAGT	
	Su8r-1368	GTCACTTGCCAGCAATCAGA	
<i>SUVH9</i>	Su9f-99	GGCCTTTCAACTTCCAAACA □	
	Su9r-414	CCTCACTAGCTCCGACGAAC	

Gene	Name	Sequenz
<i>T-DNA</i>	LF1	ACCAGCGTGGACCGCTTG
	LR1	GTGGTCCGAAATCGGCAAAATCC
	LF2	GCGGTGAAGGGCAATCAGCTGTTG
<i>T-DNA</i>	LR2	ATAGGGTTGAGTGTTGTTCCAGTTTGG
	LF3	GTCAATTTGTTTACACCACAATATATC
	LR3	CACTACGTGAACCATCACCCAAATC
	LF11	GCCTGTATCGAGTGGTGATTTT
	LF87	GGTGTAACAAATTGACGCTTAGA
	LF119	TAATAACACATTGCCGACGTTTTT
	LR 33	CAAATCACCCTCGATACAGG
	LR 110	TCTAAGCGTCAATTTGTTTACACC
	35S-1HindIII	GAAAGAATGCTAACCCACAGATG
	35sd2fwd	AGGGTAATAT(CT)GGGAAA(CT)
	LR 133	GTCCGCAATGTGTTATTAAGTTGT
deg. Primer	Adeg2-2	NGTGCASWGTNTWGAA
	Adeg2	NGTCGASWGANAWGAA
	DegARA1	WGCNAGTNAGWANAAG
	DegARA2	AWGCANGNCWGANATA
<i>MET1</i>	Met1-6f	GTCAGGTATATATTTTCAGATTGTGG
	Met1-1153f	TCTGAACACCTGCCTCACAG
	Met1-6r	TGTATAAGACTGACCTTTCTCTTTG
	Met1-1346r	TGTGACTGAGAACCGCTGTC
	Met1-239f	ATCGTCCAACCAGGAGACTG
	Met1-428r	ATACTCCAATGCTCAACCCG
<i>CMT3</i>	CMT3-16F	AAGAGACCTGCGACAAAGGA
	CMT3-226R	GTGGCTGTACCTCAATCGGT
	CMT3-eF	TGGTCTGTTTTAGTGTCTAGGAATA
	CMT3-eR	GGTCTAAAGATAAATCCTAGGAAAA
<i>ACTIN</i>	Actinf250	ATGGAAAAGATATGGCATCACAC
	Actinr520	GAAGAGCATACCCCTCGTAGATT
<i>GFP</i>	GFP-NheIStop	<u>GCTAGCTTATTGTATAGTTCATCC</u>
	GFP-Start	<u>GGATCCATGAGTAAAGGAGAAG</u>
<i>DDM1</i>	DDM1f	GAGATCTCTACCCTCCTGT
	ddm1-2dRSa	TGAGCTACGAGCCATGGGTTTGTGAAACGTA
<i>EZA1</i>	EZA1F1239	GCGTGAGGTCCCAATTCTAA
	EZA1R1479	ACCATCATGGACCGAATTGT
<i>ATX5</i>	ATX5F105F	TTGAAGCCAACCTGATGTGGA
	ATX5R292R	TTGCAACACTGAGTGCATGA
<i>ASH1</i>	ASH1F211	GCCACTAAGAAGGGAAGCCT
	ASH1R406	CACCACAGAGACAACGCCT
<i>NPTII</i>	NptIIF	ATGATTGAACAAGATGGATTGCACGC
	NptIIR	TCAGAAGAACTCGTCAAGAAGGCG
<i>ATHILA</i>	Athila 817	TGAGGATGGGATAGAATAG
	Athila back	ATTAATCCCTAAAACACTATCTT

Gene	Name	Sequenz
<i>TNP2</i>	TNP2F97	GAAGCCATAGTGGCGTTGTA
	TNP2R382	CCGGAGTTTCAAGAACAGGA
<i>En/Spm</i>	En/SpmF160	CACCAATCACTGGAACATGC
	En/SpmR364	GTGCCTTCACGGTAGAGAGC
<i>Ta11</i>	Ta11F221	CGCAAAGGTAATGAGGCAT
	Ta11R481	CGCAGCAAAGTGGTCTACAA
<i>Ac</i>	AcF381	GATTACAAAGCCGGTCGAAG
	AcR485	ACTGAAACCGGAATGGTGAG
<i>Ty3</i>	Ty3F338	TGCTCCTTCGTAAAGGGAGA
	Ty3R521	ACCCCGTCTGCATGATACTC
<i>Dell-46</i>	Dell-2212F	GTGACGCCTCAGTCTGTGAA
	Dell-2368R	CAAAGCTTCTTGGGCTGAC
<i>Tnt1</i>	Tnt1F1884	CCTTGATCCAAAAGGCCAAA
	Tnt1R2082	AACAGAAAGCGCAGGAGTGT
<i>PttA1</i>	PttA1F84	ATCCTCAGCCACTGTTGGTC
	PttA1R321	CTGATCATCTCCGGTCTGGT
<i>Luciferase</i>	Lu1626B	GGCCTTTATGAGGATCTCTCTG
	LU8F	ACGCCAAAAACATAAAGAAAGG
	lucd2back	AACT(AG)CAACTCC(AG)ATAAAT
<i>GUS</i>	Gus-start	ATAGGATCCATGTTACGTCCTGTAGAAACCC
	Gus-stop	ATAGGATCCTTGTGGCCTCCCTGCTG
	GUS1212	GTGGTGATGTGGAGTATTG
	GUS 1576 rev	ATACTCTTCACTCCACAT
<i>TuMV</i>	TuMV-2841F	TGAAATCTCTAGCGAAGAAGGTG
	TuMV-3200R	TTTTCAATTGGCAAATCTTTCTGT
<i>RPP1-W</i>	RPP1F114	CAGTGGAACCTCATCGCTCA
	RPP1R305	CCAAGCTTCTGCACAATCAA
<i>RPS4</i>	RPS4F287	CGGATGAAGGAACACTCGTT
	RPS4R516	CTTCACCGCCTTCACAATTT
<i>Hcr9-9A</i>	Hcr9-9A285F	CAAGCGAGAAGTGGAGGAAC
	Hcr9-9°511R	CTCACCACCCTTCAAACCAT
<i>Cf-2.1</i>	Cf-2.1F1232F	AGCTTCAGGCCCTGTTGTTA
	Cf-2.1F1444R	TTCCATCCTGGCCATAGAG
<i>SDE3</i>	SDE3F2934	CTCAAGAAGCCGAGTGGAAC
	SDE3F3163	CTTCCACCCATCAGACCACT
<i>Hcr2-5b</i>	Hcr2-5bF189	GTGGAACAAGGGCATTGACT
	Hcr2-5bR383	AGAAGGAATCTCCCCTTGGA
<i>EDS1</i>	EDS1F287	CATTCCTCTGCTCCGAGAAC
	EDS1R506	CGTTTTAACGTCGGTTCGAT
<i>PR5</i>	PR5F438	ACGACGTGAGCCTCGTAGAT
	PR5R634	GCAACAATACTCCGGCTTGT
<i>PR1</i>	PR1R 268	G TTCAGGTT CAGGTGGAGGA
	PR1R 464	GCCCGTTAGAGTGAACAAGC
<i>Hcr2-0B</i>	HCR20BF1261	ACATTGAAGGCCAAGTACCG
	HCR20BR1495	AAACACCGGGGAATAGAACC

Gene	Name	Sequenz
AIG1	AIG1F35	AATTTCAGCAAATGGCCAAC
	AIG1R204	GTTCCCTGTACGCCCAACTA
OSM34	OSM34F563	ACGGTCAGGGATCATGTAGC
	OSM34R807	CACCCTCACACACACACA
LRR	AT3G25010F 440	GCATGCTTTCCGCTTTAGAC
	AT3G25010R595	TGAGGTGGTGCAACTCAAAG
HSP100/ClpB	HSP100/ClpBF516	AAGTTCATTCAACGCCAACC
	HSP100/ClpBR690	GTTTCCCAAACCGCTTATCA
USP	USP F105	GGGCACTTGAAAACCAAAA
	USP R349	CTCTGCCTTGATCCCATGAT
RPW8	RPW8F530	GGCGATAAAGTCCACCAAT
	RPW8R704	CTGGGCCTTCATTTCTTTGA
RPP5	RPP5 F1385	GGCTCAAACGTTGGATGAT
	RPP5R 1599	ATTAAGCATGCCTTGGAACG
18SrDNA	18SrDNA R478	TTAGCGACAAAGGGCTGAAT
	18SrDNA F214	CGCCTCTAAGTCAGAATCCG

5.2. Sequenzen

5.2.1 Sequenz und Proteindomänen von *OsSET1*

1 MAGTRQTTSPMDNAAVVDAKPLRTLTPMFPAALGLHTFTAKENSSSIVCITPFGPYAGG
61 TEQAMPASIPPMFASPAAPADPNQRQPYAVHLNGAAPANGTANNTGVIPDLQIAVAGTVE
121 SAKRKRGRPKRVQDSSVPSAHLVPSAPGGNITAVQTPPSATTD**ESGKKRGRPKRVQDVP**
AT-hook **AT-hook**
181 VLSTPSAPQVDSTVFTPASAVNE**ESVTRKRGRPRRVQD**GADTSAPP IQSKYNEPVLQTPS
AT-hook
241 AVTLP**EDGKRKRGRPKRVPD**GAL IPLSHSGVSIDDDS**GEIITGKRGRPRKIDV**NLLNLPS
AT-hook **AT-hook**
301 LFSDDPRESVDNVLMFDALRRRLMQLDEVKQGAQQHNLKAGSIMMSAELR**RANKNKRI**G
361 **EVPGVVEVGD MFYFRIEMCLVGLNSQSMGIDYMSAKFGNEEDPVAISIVSAGVYENTEDD**
YDG-Domäne
421 **PDVLVYTGQMSGKDDQKLERGNLALERSLHRGNQIRVVRSVRDLTCPTGKIYIYDGLYK**
481 **IREAWVEKGTGFNVFKHLLRE**PGQPDGIAVWKKTEKWRENPS**RDHVILRDISYGAES**
541 **KPVCLVNEVDDEKGPSHFNYTTKLNRYRNSLSMRKMQGCNCASVCLPGDNNCSCTHRNAG**
N-SET-Domäne
601 **DLPYSASGILVSRMPMLYECNDSCTCSHNCRNRVVQKGSQIHFEVFKTGDRGWGLRSWDP**
661 **IRAGTFICEYAGEVIDRNSIIGEDDYIFETPSEQNLRWNYAPELLGEPSSDSSETPKQL**
SET-Domäne
721 **PIIISAKRTGNIARFMNHSCSPNVFWQPVLYDHGDEGYPHIAFFAIKHIPPMTELTYDYG**
781 **OSQGNVQLGINSGCRKSKNCLCWSRKCRGSFG**
C-SET-Domäne

5.2.2 Sequenz und Proteindomänen *AtSUVH2*

1 MSTLLFPFDLNLMPDSQSSTAGTTAGDTVVVTGKLEVKSEPIEEWQTPPSSTSDQSANTDL
61 IAEFIRISELFRSAFKPLQVKGLDGVSVYGLDSGAIIVAVPEKENRELIEPPPGFKDNRVS
121 TVVVSPKFERPRELARIAILGHEQRKELRQVMKRTRMTYESLRIHLMAESMKNHVLGQGR
181 RRRSDMAAAYIMRDRGLWLNY **DKHIVGPVTGVEVGDIFFYRMELCVGLGHGQTQAGIDCL**
YDG-Domäne
241 **TAERSATGEP IATSI VVSGGYEDDEDTGDLVYTG HGGQDHQHKQCDNQRLVGGNLMER**
301 **SMHYGIEV RVIRGIKYENSISSKVYVYDGLYKIVDWWFAVGKSGFGVFKFRLVRIEQPM**
N-SET-Domäne
361 **MGSAVMRFAQTLRNKPSMVRPTGYVSFDLSNKKENVPVFLYNDVDGDQEP RHYEYIAKAV**
421 **FPPGIFGQGGISRTGCECKLSCTDDCLCARKNGGEFAYDDNGHLLKGKHVVFECCGFCTC**
481 **GPSCKSRVTQKGLRNRLLEVFRSKETG WGVRTL DLIEAGAFICEYAGVVVTRLQAEILSMN**
SET-Domäne
541 **GDVMVYPGRFTDQWRNWGDL SQVYPDFVRPNYPSLPPLDF SMDVSRMRNVACYISHSKEP**
601 **NVMVQFV LHDHNHLMFPRVMLFALENISPLAELSLDYGLADEVNCKLAICN**
C-SET-Domäne

5.3. Liste der Insertionsorte für die Linien 35S*::*mycSUVH2*

35S*:: <i>myc</i> <i>SUVH2</i> #	Anzahl der Insertionen	Bac Klon	Position	Chr.	Bemerkungen
4	1	T23G18		1	At1g08280, Pos.894, Glycosyl Transferase Fam.29
5	1	T17B22	76.361	3	Intergenischer Bereich
6	1	F23F1	25.304	2	At2g30020, Pos.1.117, Proteinphosphatase2C
22	1	F16N3	115564		Intergenischer Bereich

5.4 Reduzierte Transposon Expression in der Linie 35S*::mycSUVH2#5

Beschreibung	Locus	35S*::myc SUVH2#5	suvh2 (SALK N079574)	35S*::SUVH2 as#21
MuDR-like mudrA Protein	At4g18410	0,6	2,7	4,1
mutator-like Transposase	At1g12710	0,4	1,6	1,0
Transposase ähnlich zu Transposase (Tip100)	At3g29763	0,5	0,9	2,5
ähnlich zu Ac Transposase	At1g34240	0,7	2,3	3,2
Mutator-like Transposase ähnlich zu MURA	At2g14030	0,6	1,7	1,5
Mutator-Transposase ähnlich zu MURA Transposase	At2g11560	0,5	2,6	1,7
Mutator-like Transposase ähnlich zu mudrA	At1g35995	0,7	2,5	0,8
Mutator-like Transposase ähnlich zu MURA	At2g07330	0,7	2,9	1,7
ähnlich zu En/Spm-like Transposon	At1g42220	0,4	1,5	0,6
ähnlich zu En/Spm-like Transposon Protein	At2g12220	0,4	1,1	2,4
En/Spm Transposon verwandt zu CACTA/TNP2 Transposon	At2g10630	0,3	3,8	1,2
En/Spm-like Transposon Protein	At2g11540	0,3	2,0	1,0
En/Spm-like Transposon Protein	At2g11690	0,4	2,7	3,0
En/Spm-like Transposon Protein	At2g15090	0,7	5,0	0,5
putative Transposase	At3g30585	0,3	4,7	1,3
putatives Athila Transposon Protein	At4g07700	0,5	4,8	2,4
Athila ORF 1	At1g41797	0,1	1,4	0,9
Athila Retroelement ORF 1	At1g37060	0,3	6,5	8,7
Athila ORF 1	At3g31340	0,4	4,5	1,5
Ty3-gypsy-like Retroelement pol Polyprotein	At2g06190	0,7	2,0	1,6
Ta1-1 non-LTR Retroelement ähnlich Reverse Transkriptase	At3g31430	0,5	1,6	1,7
put. Retrotransposon, RIRE1	At4g10460	0,7	1,6	1,4
copia-like Retroelement pol Polyprotein	At2g19840	0,7	11,9	1,7
putatives Ta1 1-like non-LTR Retroelement	At2g17910	0,1	1,7	0,2

Beschreibung	Locus	35S*:: <i>myc</i> <i>SUVH2#5</i>	<i>suvh2</i> (SALK N079574)	35S*:: <i>SUVH2#21</i>
putative Retroelement gag/pol Polyprotein, Tat-like	At2g11940	0,5	1,7	0,7
putative transposon protein	At4g04280	0,4	1,2	0,8
put. non-LTR Retroelement Reverse Transkriptase	At2g16110	0,5	4,6	0,9
putatives Transposon Protein	At4g07490	0,6	1,4	1,6
putatives Transposon Protein	At4g04230	0,7	4,2	1,0
putatives Transposon Protein	At4g07540	0,7	5,3	2,2
Polyprotein	At1g36120	0,2	1,9	0,4
Polyprotein	At1g41825	0,4	1,0	4,1
Polyprotein	At1g44510	0,4	1,8	0,3
Polyprotein	At1g58889	0,4	1,9	0,8
putatives Retroelement pol Polyprotein	At2g07550	0,6	2,2	0,8
putatives Retroelement pol Polyprotein	At2g10760	0,6	8,0	1,3
putatives Retroelement pol Polyprotein	At2g25230	0,6	3,9	1,2
Transposon Protein ähnlich zu T21B4.1(AF007271)	At4g08605	0,6	2,6	1,6

5.5 Mutanten im *mycSUVH2*

Nummer	Mutante	Aminosäure- Position	Aminosäure-Austausch
1	5EMS 25	101	E/D
2	5EMS 555	312	R/K
3	5EMS 659	325	Y/Stop
4	5EMS 1	341	Frameshift GKSGFGVKNVFWWGF.
5	5EMS 563	346	V/A
6	5EMS 408	373	R/I
7	5EMS 403	506	G/D
8	5EMS 402	543	V/G
9	5EMS 412	582 591	M/T A/L
10	5EMS 739	614 622	L/M F/C
11	5EMS 909	637	G/S
12	5EMS 662	63	E/Q
13	5EMS 620	216	D/N
14	5EMS 724	596	H/Y
15	5EMS 393	187	A/S

5.6 Expressionveränderungen in 35S*::*mycSUVH2#5* Überexpressionspflanzen

5.6.1 Zusammenfassung der reprimierten Gene in 35S*::*mycSUVH2#5*

Beschreibung	Anzahl	Prozent %
Transposon	38	8
Pathogen	45	9
Senescence	39	8
Transport	52	11
Stress	28	6
Entwicklung	10	2
Blüte	9	2
Transkription/Translation	57	11
Stoffwechsel	102	20
unbekannte	114	24
<u>Summe</u>	<u>485</u>	<u>100%</u>

5.6.2 Änderung der Expression einiger Transposons

Beschreibung	35S*:: <i>mycSUVH2#5</i>	35S*:: <i>SUVH2as#21</i>	<i>suvh2</i>
putatives Retroelement Polyprotein del1-46	0,1	0,12	0,6
Retrovirus verwandte pol Polyprotein Tnt1	0,4	3,00	1,10
putative PttA-1 (En/Spm)	0,07	0,8	0,61
Ta1-1 non-LTR Retroelement ähnlich zu retroviralen gag (Nucleocapsid)	0,2	1,5	2,1
Athila Retroelement ORF 1	0,3	0,9	1,4
En/Spm Transposon	0,5	1,8	0,8
Ac-like Transposase (Ac/Ds)	0,9	1,3	0,8

5.6.3 Änderung der Expression einiger an der Pathogenantwort beteiligter Gene

	Beschreibung	35S*:: <i>myc</i> <i>SUVH2#5</i>	35S*:: <i>SUVH2</i> <i>as#21</i>	<i>suvh2</i>
At1g33960	AIG1, RPS2- und avrRpt2-abh. frühe Induktion nach Infektion mit <i>Pseudomonas</i>	0,01	0,62	0,61
At3g25020	Resistenz Protein, Leucine Rich Repeat 24 Kopien	0,07	0,99	0,47
At1g63660	ähnlich zu RPP1-WsC	0,07	1,63	0,65
At4g13900	ähnlich zu Hcr9-9A	0,9	1,12	0,76
At4g16960	ähnlich zu RPP5	0,12	1,09	0,62
At3g53240	ähnlich zu Cf-2.1	0,14	1,72	2,14
At2g21110	disease Resistenz response Protein fungi	0,24	2,59	1,47
At1g72840	disease Resistenz, Apoptosis, <i>tRNA processing</i> TIR-NBS-LRR	0,24	2,33	1,34
At3g23120	ähnlich Hcr2-5b, <i>Leucine Rich Repeat</i> 20 Kopien	0,27	0,81	0,72
	Beschreibung	35S*:: <i>myc</i> <i>SUVH2#5</i>	35S*:: <i>SUVH2</i> <i>as#21</i>	<i>suvh2</i>
At2g15040	Resistenz, Nickel Ionen bindende RNA Komplex	0,33	1,62	1,15
At2g15320	<i>Leucine-Rich Repeat</i> disease Resistenz	0,33	1,30	0,83
At3g51040	Resistenz Protein, CC-NBS-LRR, Shikimat Kinase Aktivität	0,43	1,74	0,82
At5g45250	Rezeptor Aktivität (TIR-NBS-LRR), RPS4	0,45	1,74	0,65
At5g14930	disease Resistenz Protein EDS1	0,46	1,69	0,71
At3g25010	disease Resistenz, Leucine Rich Repeat 23 copies	0,47	1,22	0,70
At3g25930	universal Stress protein (USP)	0,12	0,63	1,56
At5g15450	ähnlich zu HSP100/ClpB	0,29	1,84	0,91
At1g05460	RNA Helikase Aktivität SDE3 virus induced gene silencing VIGS	0,15	0,70	1,73
At4g11850	Pathogen Abwehrantwort (Bakterien)	0,17	1,03	0,75
At3g57260	systemisch notwendiges Resistenzprotein	0,12	0,90	0,65
At3g48030	Aktivität Lipase Klasse 3, Resistenz	0,15	1,35	0,62
At3g50480	RPW 8 Protein, Mehltau	0,22	1,04	0,62
At5g45500	Leucine Rich Repeat LRR	0,41	1,58	0,80
At5g37790	ähnlich zu Pto Kinase Interaktor1 Pti1	0,25	2,31	1,47
At2g17820	Photosynthese Dunkelreaktion Chlorophyll Biosynthese, Pathogen induzierbar	0,37	0,51	1,56
At4g26600	proliferating- Zell nucleolar antigen P120	0,10	1,85	1,53
At5g06040	self-incompatibility Protein	0,17	2,43	4,23
At5g45240	Resistenz Protein, TIR-NBS-LRR, Apoptosis	1,50	0,21	0,63
At5g47280	Resistenz Protein Abwehrantwort NBS-LRR	1,60	0,44	0,52
At4g13880	Protein Hcr2-0B	2,27	0,75	0,19
At3g01420	feebly ähnliches Protein, Zelltod, Pathogenantwort	1,84	0,76	0,09
At4g11650	Abwehrantwort pathogene Bakterien, OSM34	3,97	1,77	0,47
At1g19320	Pathogenese verwandtes Protein 5 PR5	1,53	0,26	0,30
At1g01310	Pathogenese verwandtes Protein1, PR1	3,76	0,56	0,41