Friedrich-Schiller-Universität Jena

Biologisch-Pharmazeutische Fakultät

Max-Planck-Institut für Chemische Ökologie, Jena

Abteilung Biochemie



seit 1558

"Klonierung und Expression einer putativen Geranyllinalool-

Synthase der Pappel"

Bachelorarbeit

zur Erlangung des Grades eines

Bachelor of Science

vorgelegt von

Sarah Köhler

aus Halle-Saale

Jena, September 2012

Gutachter:

Dr. Tobias G. Köllner

PD Dr. Klaus-J. Appenroth

Inhalt

Abkürzungsverzeichnis

Abbildungs- & Tabellenverzeichnis	
1. Einleitung	1
1.1 Abwehrmechanismen der Pflanzen und die Rolle von Terpenen	1
1.2 Terpen-Biosynthese	3
1.3 Duftstoff-Induktion	5
1.4 Die Pappel als Versuchsorganismus	6
1.5 Zielsetzung	7
2. Material und Geräte	8
2.1 Geräte	8
2.2 Chemikalien	8
2.3 Primer	9
2.4 Organismen	9
2.4.1 Pflanzenmaterial	9
2.4.2 Bakterien	9
3. Methoden	10
3.1 Anzucht und Kultivierung von Organismen	10
3.1.2 Pflanzenmaterial	10
3.1.3 Bakterien	10
3.2 Molekularbiologische Methoden	10
3.2.1 cDNA Synthese	10
3.2.2 Polymerase Kettenreaktion	11
3.2.3 DNA-Extraktion	12
3.2.4 TOPO Klonierung	12
3.2.5 Transformation	12
3.3 Plasmidpräparation	13

3.4 Konzentrationsbestimmung	14
3.5 DNA-Sequenzierung	14
3.6 Gel Nachweise	15
3.7 Expression und Proteinreinigung	17
3.8 Proteinassay	18
3.9 Pflanzenbehandlung	19
3.10 Duftstoffsammlung	19
3.11 Analyse mittels Gaschromatographie (GC) mit Massenspektrometrie (MS) und Flammenionisationsdetektion (FID)	20
3.12 Statistische Auswertung	21
4. Ergebnisse	22
4.1 Identifikation und Klonierung des Terpensynthasengens PtTPS10	22
4.2 Expression und Aktivitätstest der Geranyllinalool-Synthase	24
4.3 Duftstoffemission nach Induktion mit Alamethicin, Jasmonsäure und Auxin in Pe	opulus
trichocarpa	27
5. Diskussion	32
5.1 Das Terpensynthase Gen PtTPS10	32
5.2 Aktivität von PtTPS10	33
5.3 Elicitoren für die TMTT-Produktion	35
Literatur- und Quellenverzeichnis	38
Anhang	i

Abkürzungsverzeichnis

APS	Ammoniumpersulfat
BLAST	Basic Local Alignment Search Tool
cDNA	copy DNA
dest. Wasser	destilliertes (desionisiertes) Wasser
DMAPP	Dimethylallyldiphosphat
DMNT	(3, E)-4,8-Dimethyl-1,3,7-Nonatrien
DNA	Desoxyribonukleinsäure
dNTP	Desoxynukleotidtrisphosphat
DTT	Dithiothreitol
EDTA	Ethylendiamintetraessigsäure
eV	Elektrovolt
FPP	Farnesyldiphosphat
fwd. Primer	forward Primer
GC-MS	Gaschromatographie-Massenspektrometrie
GGPP	Geranylgeranylpyrophosphat
GPP	Geranylpyrophosphat
IPP	Isopentenyldiphophat
IPTG	Isopropyl-ß-D-thiogalactopyranosid
kDa	Kilo Dalton
MEP	2-C-Methylerythritol-4-phosphat
mRNA	Messenger Ribonukleinsäure
OD	Optische Dichte
PAGE	Polyacrylamidgelelektrophorese
PCR	Polymerasekettenreaktion
PEG	Polyethylenglykol
rev. Primer	reverse Primer

RNA	Ribonukleinsäure
SDS	Natriumdodecylsulfat
ssDNA	einzelsträngige DNA
TAE	Tris-Acetat-EDTA
TEMED	N, N ,N', N'-Tetramethylethylendiamin
TRIS	Tris(hedroxymethyl)aminomethan
TPS	Terpensynthase
UV	ultraviolett

Abbildungs- & Tabellenverzeichnis

Abb. 1.1: Chemische Strukturen einiger wichtiger induzierter Pflanzenduftstoffe nach	2
Herbivorie (nach Holopainen & Gershenzon, 2010).	
Abb. 1.2: Biosynthese von Terpenen in der Pflanze. (nach Bohlmann et al. 1998)	4
Abb. 3.1: Exsikkatorensystem	19
Abb. 4.1: Vergleich der Aminosäuresequenzen von PtTPS10-1, PtTPS10-2 und der	24
Datenbanksequenz	
Abb. 4.2: Kontrolle des exprimierten Proteins PtTPS10-1 (A) und PtTPS10-2 (B).	25
Abb. 4.3: GC-MS Analyse der Enzymreaktion von Pt TPS10 aus Populus trichocarpa.	27
Abb. 4.4.: Gaschromatographisches Spektrum der volatilen Stoffe von Pappelblättern nach	30
der Behandlung mit Wasser (A), Alamethicin (B), Jasmonsäure (C) und Auxin (D).	
Abb. 5.1: Angenommene Biosynthese des Homoterpens TMTT. GES: Geranyllinalool- Synthase nach (Herde et al. 2008)	34
Abb. 5.2: Mittelwerte einiger volatilen Duftstoffe (Mittelwert ng h ⁻¹ g ⁻¹ Blatt mit	35
Standarderror für 5 Replikate) von Kontrolle und Alamethicin im Vergleich.	

Tabelle 1: Freigesetzte flüchtige Verbindungen der Pappel (*Populus trichocarpa*) nach 16-32stündiger Behandlung mit Wasser (=Kontrolle), Alamethicin, Auxin und Jasmonsäure.

1. Einleitung

1.1 Abwehrmechanismen der Pflanzen und die Rolle von Terpenen

Pflanzen sind in ihrer Umwelt einer Vielzahl von Gefährdungen ausgesetzt. Durch ihre Rolle als Primärproduzenten stehen sie am Anfang jeder Nahrungskette und werden vor allem von herbivoren Fressfeinden bedroht. Zu ihrem Schutz haben Pflanzen eine Reihe von Verteidigungsstrategien entwickelt (Walling 2000; Baldwin & Preston 1999). Neben anatomischen Strukturen wie Kutikula, Dornen und Lignin-Einlagerungen werden auch Sekundärmetabolite zur Abwehr gebildet. Diese artspezifischen Stoffe haben auf das Wachstum und die Entwicklung der Pflanze keinen direkten Einfluss.

Stoffe zur Abwehr sind unter anderem Alkaloide, Glucosinolate, Flavonoide, Phenylpropanoide und Terpene (Dicke & Poecke 2002). Diese Verbindungen können sowohl einen direkten, wie auch einen indirekten Einfluss auf den betreffenden Schädling haben. Die Produktion von Verteidigungssubstanzen kann fraßhemmend, toxisch oder abschreckend auf Herbivoren wirken (Abdelgaleil 2010). Dies stellt eine Form der direkten Abwehr von Pathogenen und Herbivoren dar. Solche Verbindungen sind unter anderem Nikotin, Tannine und Alkaloide, die Geruch und Geschmack der Pflanze beeinflussen und diese somit abstoßend oder giftig für Herbivoren werden (Mazid et al. 2011). Die in die Umwelt abgegebenen flüchtigen Stoffe können auch eine indirekte Abwehr bilden, indem sie z.B. die Fressfeinde des Schädlings anlocken (Dicke & Loon 2000; Dicke 2009).

Bei den abgegeben volatilen Stoffen spielen vor allem Terpene in tritrophischen Interaktionen eine entscheidende Rolle, da diese erst durch Schädlingsbefall verstärkt gebildet werden (Loon et al. 2000; Mooney et al. 2012). Zusätzlich schützen Terpenoide auch gegen Pathogene und oxidativen Stress (Holopainen & Gershenzon 2010). Terpene haben vielfältige Wirkungen in pflanzlichen Organismen. Sie können Insekten durch Monoterpene wie Linalool, Citronellol, Campher, Myrcen und α /ß-Pinen zur Bestäubung anlocken (Knudsen et al. 1993). Weiterhin spielen sie auch eine wichtige Rolle im Primärmetabolismus. Dort sind Carotinoide und Chlorophyll mit Phytolseitenkette an der Photosynthese beteiligt. Weitere Terpenseitenketten können in Ubichinonen und Plastochinonen gefunden werden. Als Phytosterole sind Terpene zudem am Aufbau der Zellmembran beteiligt. Zur Wachstumsregulation kommen Gibberellane als Phytohormone zum Einsatz (Köllner 2004). Bislang sind etwa 35000 Terpene bekannt (Laupitz et al. 2004), welche den Hauptbestandteil der pflanzlichen ätherischen Öle bilden. Sie dienen durch ihre toxische oder fraßhemmende Wirkung der direkten chemischen Verteidigung und haben auch indirekte Funktionen, indem sie Entmophagen (Fressfeinde der Herbivoren) anlocken. Ein viel untersuchtes Beispiel des indirekten Schutzes durch Terpene ist die Kulturpflanze Mais. Diese emittiert direkt nach Raupenfraß ein komplexes Gemisch flüchtiger Verbindungen, das von der Schlupfwespe *Cortesia marginiventris* wahrgenommen wird und die Anwesenheit eines Wirtes zur Eiablage signalisiert (Turlings et al. 1990).

Die Pappel gibt nach Fraß z.B. von Raupen des Schwammspinners (*Lymantria dispar*), ein Gemisch an flüchtigen Stoffen ab, die ebenfalls Schlupfwespenarten anlocken können (Danner et al. 2011). Dadurch wird indirekt der Befall mit Fressfeinden vermindert und die Pflanze geschützt.

Das emittierte Stoffgemisch besteht aus Substanzen verschiedener Biosynthesewege wie Nitrilen, C₆-Volatilen, Aldoximen und Terpenen. Durch Herbivorie induzierte Duftstoffgemische enthalten dabei meist ähnliche Hauptkomponenten, sind aber in ihrer Zusammensetzung von der Pflanzenart und den Stressoren abhängig (Holopainen & Gershenzon 2010).



Abb.1.1: Chemische Strukturen einiger wichtiger induzierter Pflanzenduftstoffe nach Herbivorie (nach Holopainen & Gershenzon, 2010).

In *Populus trichocarpa*, der westlichen Balsam-Pappel und weiteren Pappelarten, wird nach Insektenbefall vor allem (*Z*)-3-Hexenylacetat, "green leaf volatiles" (GLV) und die Sesquiterpene (*E*,*E*)- α -Farnesen und (*E*)- β -Caryophyllen abgegeben (Arimura et al. 2004; Frost et al. 2007). Einige der Herbivor-induzierten Duftstoffe sind in Abbildung 1.1 dargestellt.

Das C_{16} -Homoterpen (*E,E*)-4,8,12-Trimethyltrideca-1,3,7,11-tetraene (TMTT) wird in vielen Pflanzen wie Baumwolle, Tomate und *Arabidopsis thaliana* nach Befall freigesetzt (Hegde et al. 2012; Ament et al. 2006; Herde 2006) und lässt demnach eine Funktion als Abwehrkomponente vermuten. Zudem konnte TMTT als Bestandteil der indirekten Abwehr in der Lima-Bohne (*Phaseolus lunatus*) bei Spinnmilbenbefall (*Tetranychus urticae*) nachgewiesen werden. Die Emissionsstoffe dienen der Raubmilbe *Phytoseiulus persimilis*, einem Fressfeind der Milbe, als Orientierungshilfe. Die beschädigten Pflanzen geben bei Befall mit Spinnmilben deutlich mehr TMTT als unbeschädigte Pflanzen oder als Pflanzen mit anderem Herbivoren-Befall ab (de Boer et al. 2004).

1.2 Terpen-Biosynthese

Terpene sind eine große und sehr vielfältige organische Stoffklasse, bestehend aus Isopreneinheiten mit 5 Kohlenstoffatomen. Das Isopentenyldiphosphat (IPP) und das Dimethylallyldiphosphat (DMAPP) sind die Ausgangsstoffe vielfältiger Biosynthesen. Die Einteilung erfolgt aufgrund der Anzahl der C₅-Einheiten in Hemi- (C₅, 1 Isopreneinheit), Mono- (C₁₀, 2 Isopreneinheiten), Sesqui- (C₁₅, 3 Isopreneinheiten), Di- (C₂₀, 4 Isopreneinheiten), Tri- (C₃₀, 6 Isopreneinheiten), Tetra- (C₄₀, 8 Isopreneinheiten) und Homoterpene (C₁₆).

Die Vielfalt der Terpene ergibt sich dabei nicht nur aus der unterschiedliche Anzahl der C₅-Einheiten, sondern auch durch deren Zyklisierung und andere Derivatisierungen (Habermehl et al. 2008). Die Biosynthesewege für IPP und DMAPP sind der Mevalonat-Weg im endoplasmatischen Retikulum und Cytosol und der 2-C-Methylerythritol-4-phosphat -Weg (MEP) in den Plastiden (McGarvey & Rodney Croteau 1995). Der Mevalonat-Weg ist auch in Archaeen, Pilzen und dem Menschen vorhanden. Es wurde zunächst angenommen, dass dies der einzige Syntheseweg in Pflanzen ist. Der Mevalonat-Weg synthetisiert über sechs Schritte IPP und DMAPP aus Acetyl-CoA und bildet damit den Ausgangspunkt für die Synthese von Sterolen, Brassinosteroiden, Polyprenol (ungesättigte Isoprenoidalkohole), Dolichole, Sesquiterpene und Farnesyl- oder Geranylgeranyl-Gruppen für die Proteinmodifikation.



Bei dem MEP-Weg sind Pyruvat und Glycerinaldehyd-3-phosphat die Ausgangsstoffe der Biosynthese (McGarvey & Croteau 1995; Adam et al. 2001).

Die drei zentralen Intermediate der Terpenbiosynthese sind Geranyldiphosphat (GPP), Farnesyldiphosphat (FPP) Geranylgeranyldiphosphat und (GGPP), die durch die Anlagerung von IPP-Molekülen an ein DMAPP-Molekül entstehen (Bohlmann et al. 1998). Spezifische Terpensynthasen (TPS) bilden die Grundgerüste ihnen aller aus Hemiterpene

Abb. 1.2: Biosynthese von Terpenen in der Pflanze. (nach aus ihnen die GruBohlmann et al. 1998)Terpene(Abb.1.2).

entstehen aus DMAPP, Monoterpene werden aus GPP gebildet, Sesquiterpene entstehen aus FPP Einheiten und Diterpene mit 20 Kohlenstoffatomen werden aus GGPP gebildet.

Die Vielfalt der Stoffklasse der Terpene lässt sich auf die große Anzahl von TPS zurückführen. Dazu kommt, dass viele TPS Multiproduktenzyme sind, die mehrere Produkte synthetisieren können (Degenhardt et al. 2009). Die anschließenden Modifikationen, wie Zyklisierung oder teilweise Degradation der Kohlenstoffgerüste, erhöht die strukturelle Komplexität der Terpene entscheidend (Habermehl et al. 2008). Terpensynthasen sind die zentralen Enzyme der Terpenbiosynthese und bestehen meist aus 550-850 Aminosäuren (Molekulargewicht 50-100 kDa) (Schnitzler & Steinbrecher 1999). Hoch konserviert ist ein DDxxD-Motif in der C-terminalen Domäne dieser Enzymen, welches den essentiellen metallischen Cofaktor bindet (z.B. Mg²⁺ oder Mn²⁺) (Degenhardt et al. 2009). Monoterpensynthasen besitzen am N-terminalen Ende ein Signal-Peptid, welches für den Transport des Proteins in die Plastiden notwendig ist. Dieses Signalpeptid kann strukturell sehr unterschiedlich sein, zeichnet sich aber meist durch einen hohen Gehalt an Threonin und Serin und wenigen sauren Aminosäuren aus (Bohlmann 1999). Das C₁₆-Homoterpen TMTT wurde in früheren Versuchen als Produkt des Diterpenalkohols (E,E)-Geranyllinalool angenommen, welcher aus GGPP synthetisiert wird (Boland et al. 1998; Herde et al. 2008; Lee et al. 2010). In Arabidopsis konnte die für diesen Schritt zuständige TPS und das kodierende Gen bereits als eine Geranyllinalool-Synthase identifiziert werden (Herde et al. 2008).

1.3 Duftstoff-Induktion

Elicitoren sind Substanzen, die als Botenstoffe in Pflanzen Abwehrreaktionen gegen Fressfeinde, Pilze, Bakterien und andere Krankheitserreger auslösen. Es sind ca. 250 Elicitoren bekannt (die meisten in Pilzen), die Pflanzen einen Pathogenbefall signalisieren (Arimura et al. 2011). Die Reaktionen von Pflanzen auf verschiedene Stressoren können hoch spezifisch sein. Mechanische Verletzungen aktivieren andere biochemische Antworten als Schädigungen durch Fraß. Selbst unterschiedliche Insektenarten und die Dauer des Fraßes verändern die Pflanzenreaktion (McCormick et al. 2012).

Alamethicin (Ala) wird von dem Pilz *Trichoderma viride* hergestellt. Es ist ein Peptidantibiotikum, dass Ionenkanäle in Membranen bildet (Engelberth et al. 2001). In der Lima Bohne (*Phaseolus lunatus*) und *Arabidopsis thaliana* konnte die TMTT-Synthese bereits erfolgreich mithilfe von Alamethicin induziert werden (Herde et al. 2008). Die Hauptkomponenten der Emission waren Methylsalicylate, (E,E)- α -Farnesen und das Homoterpen TMTT. Der durch Ala induzierte Signaltransduktionsweg behindert den Oktadekanoiden-Syntheseweg, sodass die Emission der typischerweise durch Jasmonsäure induzierten Duftstoffe verhindert wird. Dies ist wahrscheinlich auf ein erhöhtes Salicylsäure-Level zurückzuführen (Engelberth 2000). In Rosenkohlpflanzen (*Brassica oleracea* var. gemmifera) konnte nach Ala-Behandlung, ein erhöhtes Interesse der parasitoiden Schlupfwespe *Cotesia glomerata* an den Versuchspflanzen festgestellt werden (Bruinsma et al. 2009).

Eines der wichtigsten Phytohormone in der Abwehr gegen Herbivoren ist die Jasmonsäure (JA). Sie wird aus α-Linolensäure über den Oktadekanoid-Syntheseweg synthetisiert. Nach einer Herbivoren-Attacke steigt der Level von JA in der Pflanze stark an und löst die Produktion weiterer Proteine für den Pflanzenschutz aus. Es kommt zur Bildung von Lektinen, Proteaseinhibitoren und toxischen Sekundärmetaboliten. Zudem werden Gene induziert, die für die Schlüsselenzyme der Biosynthesen sekundärer Metabolite kodieren. JA muss allerdings zunächst aktiviert werden indem es mithilfe von JA-Konjugat-Synthasen (JAR) zu einer Bindung mit Aminosäuren kommt. Das Enzym JAR1 zeigt eine hohe Substratspezifität für Isoleucin und Jasmonsäure und scheint eine besonders große Bedeutung für die JA-abhängige Pflanzenverteidigung zu haben (Fonseca et al. 2009; Taiz & Zeiger 2010). Die durch Jasmonsäure induzierten Duftstoffe enthalten "green leaf volatiles" und Terpenoide (Dicke & Poecke 2002).

Auxin ist das erste Wachstumshormon, das in Pflanzen nachgewiesen werden konnte und viele Studien wurden zu seiner Funktionsweise erstellt. Signale von Auxin spielen in allen Aspekten der Pflanzenentwicklung eine Rolle und Auxin interagiert häufig mit weiteren Phytohormonen. Es fördert das Streckungswachstum, die Adventiv- und Seitenwurzelbildung, die apikale Dominanz und die kambialer Zellteilungsaktivität. Zudem werden photo- sowie gravitrope Bewegungen, die Fruchtentwicklung und Seneszenz koordiniert. Das natürliche Hauptauxin ist Indol-3-Essigsäure (IAA) und kommt in geringen Mengen (1-100 μg/kg Pflanzenmaterial) in allen höheren Pflanzen vor (Taiz & Zeiger 2010). Die Signaltransduktion von Auxin ist bereits gut untersucht (Delker et al. 2008). Auxin ist in die Abwehr von Pflanzenkrankheiten involviert. In Tomaten wurden hohe Level des Hormons gefunden, wenn ein Befall mit Pseudomonas solanaceraumand vorhanden war (Kazan & Manners 2009). Werden Goldruten (Solidago altissima) von Pflanzengalle-fressenden Insekten, wie den Raupen von Gnorimoschema gallaesolidaginis angefressen, steigt das Level der Indol-3-Essigsäure stark an. Zudem veränderte sich die Verteilung des Phytohormons in der Pflanze (Tooker & Moraes 2011). Im Gegensatz dazu sank der IAA-Pegel in wildem Tabak (Nicotiana attenuata) nach herbivorer Stimulation (Onkokesung et al. 2010). Es konnte nachgewiesen werden, dass sich Jasmonsäure und Auxin auch in Aspekten der Herbivorinduzierten Pflanzenprotektion stark gegenseitig beeinflussen (Erb et al. 2012).

1.4 Die Pappel als Versuchsorganismus

Die westliche Balsam-Pappel *Populus trichocarpa* gehört zu der Gattung der Pappel und damit zu der Familie der Weidengewächse (Salicaceae). Pappeln haben eine große ökologische Bedeutung und sind zudem zunehmend für die Wirtschaft interessant. Die Bäume werden zur Holz- und Papiergewinnung, als Energielieferanten und als natürlicher Wind- und Erosionsschutz genutzt (Wang et al. 2012). Ihr schnelles Wachstum, ihre Anspruchslosigkeit hinsichtlich des Nährstoffangebotes und ihre einfache Vermehrung sind Eigenschaften, die sie für diese Nutzung prädestinieren. Als Pionierpflanzen finden sie zudem Anwendung in der Rekultivierung und Bodensanierung von industriell genutztem Gelände (Minogue et al. 2012).

Die Pappel ist für die biotechnische und biochemische Forschung von großer Bedeutung und eine Vielzahl an Studien, im Besonderen zu gentechnischen Veränderungen, werden an ihr durchgeführt (Marchadier & Sigaud 2005). Die genetische Diversität der Art, die einfache Hybrid-Erzeugung, die gleichbleibende Anzahl an Chromosomen (2n=38), sowie die schnelle und einfache Vermehrung machen die Pappel zu einem beliebten Modellorganismus (Settler et al. 1996; OECD 2001; Jansson & Douglas 2007). *Populus trichocarpa* war der erste Baum mit vollständig sequenziertem Genom, welches mit ca. 480 Millionen Basenpaaren für einen Baum relativ klein ist (Tuskan et al. 2006). Zudem sind "expressed sequence tags" und Genexpressionsmuster nach Herbivorie bekannt (Danner et al. 2011; Ralph et al. 2006). Dies ermöglicht es das Wissen um den Sekundärmetabolismus der Pappel zu erweitern. Genfamilien können identifiziert und die molekulare Regulation der Terpenexpression untersucht werden. Im Genom der Pappel sind viele putative Terpensynthasen bereits lokalisiert (Cheng et al. 2007) und einige bestätigt worden (Martin & Bohlmann 2004; Danner et al. 2011).

Insektenschädlinge können eine Gefahr für (Nutz-) Wälder darstellen und die Larven mehrerer Herbivoren können Schäden in Pappelpopulationen verursachen. Dazu gehören unter anderem *Malacosoma disstria* (Rinngelspinner), *Lymantria dispar* (Schwammspinner), *Phyllonorycter tremuloidiella* (Miniermotte) *und Choristoneura conflictanal* (Wickler) (Ralph et al. 2006). Um neues Wissen über die Abwehr der Pappel gegenüber Herbivoren, zu erhalten ist die Identifikation weiterer Komponenten des Schutzmechanismus' und somit weiterer TPS nötig.

1.5 Zielsetzung

TMTT ist ein wichtiges Terpen für Interaktionen von Pflanzen mit der Umwelt und für die indirekte Abwehr (Herde et al. 2008; de Boer et al. 2004). In *A. thaliana* ist es bereits gelungen, die für die Herbivor-induzierte TMTT-Synthese verantwortliche Terpensynthase zu identifizieren (Herde et al. 2008). In der folgenden Arbeit soll versucht werden, die putative Geranyllinalool-Synthase (*PtTPS10*) der Pappel zu klonieren, zu exprimieren und deren Funktionalität zu ermitteln. Welche Elicitoren die Induktion der TMTT-Emission im Pappelblatt hervorrufen können ist bisher ungeklärt. Durch den Einsatz von Alamethicin, Auxin und Jasmonsäure sollte ein möglicher Auslöser gefunden werden.

2. Material und Geräte

2.1 Geräte

Geräte	Modell	Hersteller
GC-MS	6890 Series/ 5973 Series	Agilent Technologies
Geldokumentationsstation	GeneGenius Bio Imagine System	Syngene
Gelelektrophoresekammern	Mupid ^R –One/ i-Mupid	Advance
Inkubationsschrank	Heraeus B6120 Incubator	Kendro Laboratory Products
PCR-Maschinen	Primus 25/ Primus 96 ^{plus}	MWG-Biotech AG
Pipetten	Pipetman	Gilson
Pipettierhelfer	Micro Pipettierhelfer	BRAND GmbH
Photometer	Spectronic [®] 20 Genesys [™]	Spectronic Indutries
RNA-/DNA- Konzentrationsbestimmung	NanoDrop 2000C	PEQLAB Biotechnologie GmbH
Schüttelapparat	Тур 3011	GFL ^R
Sequenzanalysegerät	ABI PRISM Gene Sequenzer 3100	Applied Biosystems
Shaker 37°C	Ceromat ^R BS-1	B.Braun Biotech International
Sterile Arbeitsbank	Hera safe	Kendro Laboratory Products
Sterilisierungsofen 200°C	Heraeus	Kendro Laboratory Products
SuperQ Fallen	30 mg	ARS Inc.
Tischzentrifugen	PicoFuge [™] / Centrifuge 5415R	Stratagene/ Eppendorf
Vortexer	Vortex Genie2	Scientific Industries
Wasseraufbereitungssytem	Milli-Q synthesis	Merck
Wasserbad	Тур 1002	GFL ^R

2.2 Chemikalien

Soweit nicht anders vermerkt, wurden alle Chemikalien, Lösungsmittel, Medien und Antibiotika von Roth (Karlsruhe, Deutschland), Sigma-Aldrich (Seelze, Deutschland) und Bio-Rad (München, Deutschland) bezogen.

2.3 Primer

Alle aufgeführten Primer wurden von Sigma-Aldrich bezogen.

Name	Sequenz (5'→3')	T _m [°C]	Verwendung
PtTPS10-5	CACCATGGTTCCGGATATGTCCGAACC	76,8	PCR, fwd. Primer
PtTPS10-8	TCACATGAAACAGAATTTTAACTTCGGTG	68,9	PCR, rev. Primer
PtTPS10-7	CACCATGGCACAAATTAATGGTCTGGAG	73 <i>,</i> 5	Sequenzierung, fwd. Primer
PtTPS10-9	GGATGAAGAGCTATTAAAGCTTTG	65,8	Sequenzierung, fwd. Primer
PtTPS10-10	ATGCCAGTCTCAAGATACTCTTC	66,2	Sequenzierung, rev. Primer

2.4 Organismen

2.4.1 Pflanzenmaterial

Verwendet wurden Proben von *Populus trichocarpa* (Klon 625) aus Experimenten von Danner und Mitarbeitern (2011).

2.4.2 Bakterien

Zur Klonierung wurden folgende Escherichia coli Stämme verwendet.

Stamm	Genotyp
E. coli (TOP10, Invitrogen)	F- mcrA Δ(mrr-hsdRMS-mcrBC) φ80lacZΔM15 ΔlacX74 recA1
	araD139 ∆(araleu)7697 galU galK rpsL (StrR) endA1 nupG
E.coli (BL21 Star, Invitrogen)	F- ompT hsdSB (rB-mB-) gal dcm rne131 (DE3)

3. Methoden

3.1 Anzucht und Kultivierung von Organismen

3.1.2 Pflanzenmaterial

Die bereitgestellte RNA wurde aus den Blättern von *P. trichocarpa* (Klon 625) gewonnen. Die Bäume wurden unter Sommerbedingungen im Gewächshaus bis zu einer Höhe von 1 m gezogen (24°C, 60% Luftfeuchtigkeit und 16 h/ 8 h Belichtungsrhythmus).

Genauere Angabe zu den Wachstumsbedingungen, RNA-Extraktion und Induktion der Terpenbildung durch Herbivorie (*Lymantria dispar*) in "Four terpene synthases produce major compounds of the gypsy moth feeding-induced volatile blend of *Populus trichocarpa*" (Danner et al. 2011).

3.1.3 Bakterien

E. coli wurde bei 37°C über Nacht auf LB-Festmedium inkubiert. Das Medium enthielt Kanamycin in einer Konzentration von 100 µg ml⁻¹, wodurch das Wachstum von resistenten Bakterien unter Selektionsdruck gewährleistet werden konnte. Flüssigkulturen wurden im Schüttler bei 250 rpm inkubiert (18°C oder 37°C).

3.2 Molekularbiologische Methoden

3.2.1 cDNA Synthese

Die verwendete RNA (100 ng μ l⁻¹) war bereits in vorangegangenen Experimenten der Arbeitsgruppe von Dr. Tobias Köllner extrahiert und bei -80°C gelagert worden (Danner et al. 2011). Um einen DNA-Einzelstang zu erhalten, wurde eine Reverse Transkriptionsreaktion mit 1 μ g RNA angesetzt. Dabei wurde wie folgt vorgegangen:

1. Schritt

Komponente	Volumen
RNA	4 µl
Oligo-dt ₁₂₋₁₈	1 µl
dNTPs	1 µl
dest. Wasser	7 µl

Der Ansatz wurde anschließend 5 min im Thermocycler bei 65°C inkubiert und mit folgenden Komponenten versetzt:

2. Schritt

Komponente	Volumen
5x first strand Puffer	4 µl
DTT (0,1M)	1 µl
RNAse Out	1 µl
SuperScript III RT	1 µl

Die Reaktion erfolgte für 5 min bei 25°C, 60 min bei 50°C und anschließend 15 min bei 70°C im Thermocycler.

3.2.2 Polymerase Kettenreaktion

Bei der Durchführungen der PCR wurde der folgende 50 μ l Reaktionsansatz verwendet:

Komponente	Volumen
Puffer	10 µl
dNTPs	1 μl
forward Primer	2,5 μl
reverse Primer	2,5 μl
cDNA	1 µl
Phusion [®] High-Fidelity	
DNA Polymerase	0,5 μl
dest. Wasser	32,5 μl

Die Reagenzien wurden durchmischt und im Thermocycler inkubiert. Dabei wurde das aufgelistete Grundprogramm in verschiedenen Variationen genutzt.

	Zeit [s]	Temperatur [°C]
Denaturierung	30	98
Denaturierung	10	98
Annealing	30	55 - 35x
Amplifikation	45	72
Extension	300	72

Die Höhe der Annealing-Temperatur wurde in Abhängigkeit von der Länge und der Sequenz des Primers modifiziert. Die Temperatur der Amplifikation wurde von der verwendeten Polymerase bestimmt. Die Amplifikationszeit wurde zudem aufgrund der Länge des zu untersuchenden Gens auf 75 s verlängert.

3.3.3 DNA-Extraktion

Zur Kontrolle der erfolgreichen Amplifikation der Fragmente wurde eine Gelelektrophorese durchgeführt und eine klare Bande auf der erwarteten Höhe (ca. 2500 bp) erhalten. Der restliche Reaktionsansatz wurde ebenfalls per Agarose-Gelelektrophorese aufgetrennt und ohne längere UV-Belichtung eine Gel-Extraktion durchgeführt. Dazu wurde das QIAquick Gel Extraction Kit (Qiagen) verwendet. Das ausgeschnittene Agarosestück wurde gewogen und in 3 Volumina QG-Puffer in 10 min bei 50°C aufgelöst. Nachdem das DNA-Fragment an die Silikalgel-Membran gebunden hatte, wurde mit vorgewärmten EB-Puffer (70°C) eluiert.

3.3.4 TOPO Klonierung

Die heterologe Expression in *E. coli* wurde mit dem Champion pET Directional TOPO Expression Kit (Vektor pET102/D-TOPO) durchgeführt (Invitrogen). Für die erfolgreiche Klonierung von *PtTPS10* wurden verschiedene Ansätze getestet und schließlich mit folgendem Reaktionsansatz ein befriedigendes Ergebnis erzielt:

Komponente	Volumen
PCR-Produkt	4 µl
Salzlösung	1 μl
Vektor	1 μl

Die Reaktion wurde für 2,5 h bei Raumtemperatur belassen. Danach fand sofort die Transformation bzw. das Einlagern bei -20°C statt.

3.3.5 Transformation

Die Transformation von *E. coli* wurde durch die Hitzeschockmethode erreicht. 50 µl kompetente OneShot TOP 10 Zellen wurden langsam auf Eis aufgetaut, mit 1 µl des TOPO Cloning Ansatzes versetzt und weitere 20 min auf Eis inkubiert. Den darauf folgenden Hitzeschock erreichte man durch das Eintauchen des Reaktionsansatzes in ein 42°C heißes Wasserbad für 45 s. Nach einminütiger Abkühlung auf Eis wurden 125 µl SOC-Medium (Invitrogen) zugegeben und 45 min bei 37°C geschüttelt. Nach dem Auftragen mit Glaskugeln auf selektive Kanamycin-LB-Platten, folgte die Inkubation (37°C) über Nacht. Positive *E. coli*-Klone wurden per Kolonie-PCR mit folgendem Ansatz ausgewählt.

Komponente	Volumen
5X Green GoTaq [®] Reaktionspuffer	5 μl
dNTPs	0,5 μl
fwd. Primer	0,5 μl
rev. Primer	0,5 μl
Go-Taq [®] Polymerase	0,125 μl
dest. H ₂ O	18,375 μl

Mit sterilen Zahnstochern wurde eine *E. coli*-Kolonie auf der Platte angestochen und in das PCR-Gefäß übertragen. Für die Reaktion im Thermocycler wurden die Primer der PCR verwendet.

	Zeit	Temperatur [°C]
Denaturierung	10 min	94
Denaturierung	30 s	94 -
Annealing	30 s	55 - 35x
Amplifikation	1,5 h	72
Extension	10 min	72

3.2 Plasmidpräparation

Mit Hilfe des QIAprep Spin Miniprep Kits (Qiagen) wurde die Isolierung der Plasmid-DNA aus Bakterienzellen erreicht. Dabei wurde das Prinzip der alkalischen Lyse modifiziert nach Bimboim & Doly (1979) genutzt.

Nach dem Animpfen von 4 ml LB-Kanamycin-Medium mit einem Bakterienklon, wurden die Kulturen über Nacht bei 37°C und 180 rpm geschüttelt, zentrifugiert (3800*g, 15 min, 4°C) und das Pellet in 250 µl Puffer 1 resuspendiert. Phospholipide und Proteinkomponenten der Zellwand wurden durch 250 µl Puffer 2 (mit SDS) gelöst und die DNA/Proteine durch NaOH denaturiert. Anschließend wurde die Probe mit 350 µl N3-Puffer neutralisiert und kleine Plasmidmoleküle renaturiert. Durch die folgende Zentrifugation (13000*g, 10 min, 4°C) wurden Proteine und nicht-renaturierte DNA von den anderen Bestandteilen abgetrennt und der plasmidhaltige Überstand auf eine Silicagelsäule aufgetragen. Diese wurde mit 500 µl PB- und 750 µl PE-Puffer gewaschen und anschließend mit 50 µl EB-Puffer eluiert.

3.3 Konzentrationsbestimmung

Die Bestimmung der erhaltenen DNA-Konzentrationen erfolgte mit Hilfe eines NanoDrop-Gerätes. Dabei handelt es sich um eine photometrische Messmethode, basierend auf dem Absorptionsmaximum von Nukleinsäuren bei 260 nm. Durch die Berechnung des Quotienten OD₂₆₀/OD₂₈₀ kann eine Aussage über die Reinheit einer Lösung gemacht werden. Bei reinen DNA-Lösungen liegt dieser Quotient zwischen 1,8 und 2 (Wilfinger et al. 1997).

3.4 DNA-Sequenzierung

Zur Sequenzbestimmung der klonierten Fragmente wurde das BigDye[™]-Kit (Perkin-Elmer) genutzt. Dabei erfolgt die Ermittlung der Sequenz nach Sanger per fluoreszenzmakierter Didesoxymethode.

Komponente	Volumen
BigDye [™] -Mix	2 µl
BD-Puffer	2 µl
Plasmid (20-100ng/ μl)	x μl
Primer	1 μl
dest.Wasser	5-x μl

Im Thermocylcer wurde folgendes Programm ausgeführt:

	Zeit [s]	Temperatur [°C]
Denaturierung	300	96
Denaturierung	10	96 – J
Annealing	20	variabel – 35x
Amplifikation	240	60

Der Reaktionsansatz wurde von nicht eingebauten Nukleotiden gereinigt und auf eine Sequenziermaschine aufgetragen. Die Analyse folgte mit dem Programm SeqMan Pro 8.02 von DNAStar[™] (Lasergene[®] 1988-2008), Sequenzvergleiche wurden mit BioEdit Version 7.0.9 (Bioedit Sequence Alignment Editor 1997–2007; T.A. Hall Software, Raleigh, NC, USA) durchgeführt.

3.5 Gel Nachweise

Die Auftrennung der DNA-Fragmente erfolgte über eine Agarose-Gelelektrophorese. Dabei wurde zunächst Agarose in 0,5x TAE-Puffer erwärmt und gelöst. Ethidiumbromid wurde in einer Endkonzentration von 1 ng ml⁻¹ zugegeben. Es interkaliert mit den Basen der DNA und ermöglicht auf diese Art und Weise das Sichtbarmachen der Nukleisäurebanden unter UV-Licht. Die zu untersuchenden Proben wurden vor dem Auftragen mit Ladepuffer versetzt und anhand eines 1kb-Markers verglichen. Die elektrophoretische Auftrennung erfolgte bei 100 V über einem Zeitraum von 0,5-1,5 Stunden. Der Bandenverlauf wurde mit dem UV Transilluminator (302 nm) sichtbar gemacht und mithilfe der Geldokumentationsanlage dokumentiert.

10x TAE-Puffer

Ladepuffer

Komponente	Konzentration
TRIS	0,4 M
EDTA-Na ₂ -Salz	0,01 M
Essigsäure	0,2 M
Komponente	Konzentration
Komponente Glycerin	Konzentration 50% [v/v]
Komponente Glycerin Bromphenolblau	Konzentration 50% [v/v] 0,05% [g]

Um Proteinlösungen aufzutrennen wurden SDS-Polyacrylamidgelelektrophoresen (SDS-PAGE) durchgeführt. Die zu untersuchenden Proben wurden in Puffer aufgenommen und anschließend bei 95°C für 5 min denaturiert. Unter einer konstanten Spannung von 70 V wurden die Proben im Sammelgel konzentriert und bei 150 V im Trenngel aufgetrennt. Als Marker diente der BenchMark[™] Pre-stained Proteinmarker von Invitrogen und der Ladepuffer war ein 1x SDS-Puffer. Im nächsten Schritt wurden die Proteine mit Coomassie-Blau unter Schütteln eingefärbt und im Folgenden über mehrere Stunden entfärbt.

2x Probenpuffer

Komponente	Konzentration
Tris-HCl pH 6,0	100 mM
SDS	4% [g/v]
2-Mercaptoethanol	10%
Glycerol	20% [v/v]
Bromphenolblau	0,1% [g/v]

Sammelgel 4%

Komponente	Konzentration
Tris-HCl pH 6,8	125 mM
Acrylamid/Bisacrylamid	4% (29:1)
SDS	0,1% [g/v]
APS	0,075% [g/v]
TEMED	0,05% [v/v]

Trenngel 12%

Komponente	Konzentration
Tris-HCl pH 8,8	375 mM
Acrylamid/Bisacrylamid	12% (29:1)
SDS	0,1% [g/v]
APS	0,075% [g/v]
TEMED	0,05% [v/v]

10x SDS-Puffer

Komponente	Konzentration
Tris	200 mM
Glycin	1,9 M
SDS	10% [g/v]

Coomassie-Färbelösung

Komponente	Konzentration
Methanol	45% [v/v]
Essigsäure	7% [v/v]

3.6 Expression und Proteinreinigung

Die gewünschten PCR-Produkte im pET-102D Vektor wurden in *E. coli* BL21 Star-Zellen transformiert und auf Kanamycin-haltige LB-Platten aufgetragen. Die gewachsenen Kulturen wurden zum Animpfen von 20 ml flüssigem LB-Kanamycin-Medium als Vorkulturen genutzt. Diese wurden bei 18°C und 250 rpm über das Wochenende (ca. 72 h) inkubiert. Sobald ein ausreichendes Wachstum der Zellen per OD-Messung ermittelt werden konnte, wurde eine Hauptkultur von 100 ml angelegt und bei 20°C inkubiert. Die Messung der optischen Dichte erfolgte mit dem Photometer Spectronic^R 20 GenesysTM von Spectronic Indutries. Als eine optische Dichte (OD_{600}) von 0,6-0,7 erreicht wurde, folgte die Induktion der Expression. Dazu wurden der Hauptkultur 100 µl IPTG [2 mM] beigemischt und über Nacht im 18°C-Schüttler inkubiert. Im Folgenden wurde eine Proteinreinigung bei 4°C durchgeführt. Zunächst erfolgte die Zentrifugation der Zellen bei 5000 xg für 10 min. Das erhaltene Pellet wurde mit 3 ml Lysepuffer versetzt und die Zellen mittels Sonikator (3 Zyklen à 30 s bei 65% Leistung) aufgeschlossen. Es folgt eine weitere Zentrifugation bei 16000 rpm für 20 min.

Für die folgende His-Tag-Aufreinigung wurde 1 ml entnommen, während der Rest der Lösung auf Entsalzungssäulen geladen wurde. Eluiert wurde mit 4 ml TPS-Assaypuffer und das gereinigte Protein wurde bei -20°C gelagert.

TPS-Assaypuffer

Komponente	Konzentration
Tris-HCl pH 7,5	10 mM
DTT	1 mM
Glycerol	10% [v/v]

Zur Abtrennung der heterolog mit His-Tag exprimierten Proteine wurden Ni-NTA Spinsäulchen (Qiagen) bei 4°C mit 600 μ l Lysepuffer equillibiert (2 min, 900 xg), 600 μ l Proteinlösung aufgetragen (5 min, 300 xg), zweifach mit 600 μ l Waschpuffer gespült (2 min, 900 xg) und zweifach mit 200 μ l Elutionspuffer eluiert.

Lysepuffer

Komponente	Konzentration
Tris-HCl pH 8	50 mM
NaCl	500 mM
Imadizol pH 8	20 mM
Tween20	1% [v/v]
Glycerol	10% [v/v]

Waschpuffer

Komponente	Konzentration
Tris-HCl pH 8	50 mM
NaCl	500 mM
Imadizol pH 8	20 mM
Glycerol	10% [v/v]

Elutionspuffer

Komponente	Konzentration
Tris-HCl pH 8	50 mM
NaCl	500 mM
Imadizol pH 8	250 mM
Glycerol	10% [v/v]

3.7 Proteinassay

Zur Aktivitätsbestimmung der in *E. coli* exprimierten Terpensynthase PtTPS10 wurden folgende Ansätze (V= 100 μl) in Glasgefäßen hergestellt:

Ansatz 1	Ansatz 2	Kontrolle
40 μl Proteinlösung	40 μl Proteinlösung	Kontrolle:
2 mM MgCl ₂	2 mM MgCl ₂	20 μl HCl
4 μl GGPP (1mg/ml)	8 μl FPP (1 mg/ml)	5 μl GGPP (1 mg/ml)
54 μl Assaypuffer	50 μl Assaypuffer	75 μl H₂O

Die Lösungen wurden mit einer Hexan-Schicht (100 μ l) überdeckt und 2 h bei Raumtemperatur inkubiert. Nach mehrminütigen Vortexen wurden die Gefäße in flüssigen Stickstoff eingetaucht, leicht aufgetaut, die organische Phase abgenommen und mittels GC analysiert (3.10).

3.8 Pflanzenbehandlung

Jeweils fünf Blätter der Pappel *P. trichocarpa* Klon 625 wurden von mehreren ca. 150 Tage alten Individuen entfernt. Die mittelgroßen Blätter wurden mit dem frisch abgeschnittenen Stiel in Lösungen mit Alamethicin (Ala), Auxin (IAA) und Jasmonsäure (JA) gestellt. Dabei waren die Blätter nur zu einem Drittel in die Lösung eingetaucht um die Respiration und Emission an der restlichen Blattoberfläche nicht zu behindern. Als Kontrolle diente ein Ansatz mit reinem Wasser. Lösungen mit Ala bestanden aus 15,2 mg/ml (\approx 50 µM) und 0,1% Ethanol. Bei der Herstellung der Auxin- (57 µM) und der JA-Behandlung (200 µM) wurden 100 mg/ml und 0,1% Ethanol verwendet. Mit diesem Versuch sollte untersucht werden, ob die Zugabe von Auxin, Jasmonsäure und Alamethicin Auswirkungen auf die Zusammensetzung und Menge, der abgegebenen Duftstoffe hat.

3.9 Duftstoffsammlung

Die Duftstoffsammlung der abgetrennten Blätter von *P. trichocarpa* erfolgte im Exsikkator mit Hilfe der "Closed-Loop-Stripping"-Methode über mehrere Stunden (Lorbeer, Mayr, Hausmann, & Kratzl, 1984; Tholl, Boland, & Hansel, 2006). Je 1-2 g Blattmaterial der 150 Tage alten Pflanzen



Abbildung 3.2: Exsikkatorensystem

wurden zunächst über Nacht für 16 h in Falcontubes mit Wasser und Induktor gestellt (siehe Kapitel 3.9). Dabei wurden pro Behandlung fünf Blätter vermessen. Das Falcontube wurde dann im gläsernen Exsikkator platziert. Bei diesen Exsikkatoren handelte es sich um Glasbehälter mit 3 l Fassungsvermögen, die mit einem Glasdeckel und speziellen Teflonstopfen luftdicht verschlossen waren. Die Schläuche des genutzten Druckluftverteilers wurden mit den Stopfen verbunden und ermöglichten so einen kontinuierlichen Luftdurchfluss (0,2 ml/l). Die Luft wurde dabei passiv durch einen weiteren Stopfen gedrückt, der eine Duftfalle mit Filtermaterial (30 mg Super Q) enthielt. Alle flüchtigen Substanzen wurden von der Aktivkohle über

einen Zeitraum von 5h absorbiert. Während dieses Zeitraumes befanden sich die Exsikkatoren mit Blattmaterial in einer Klimakammer mit 1 mmol m⁻² s⁻¹ photosynthetisch aktiver Strahlung, einer Temperatur von 24°C und 60%iger relativer Luftfeuchtigkeit. Die Fallen wurden zur Probengewinnung mit 0,2 ml Dichlormethan gespült welches als internen Standard Nonylacetat (~10 ng/ μ l) enthielt. Die erhaltenen Proben konnten dann ohne weitere Behandlung einer gaschromatographischen Analyse unterworfen werden.

3.10 Analyse mittels Gaschromatographie (GC) mit Massenspektrometrie (MS)

und Flammenionisationsdetektion (FID)

Die Kopplung eines Gaschromatographen (GC) an ein Massenspektrometer (MS) ermöglicht die Trennung gasförmiger Stoffgemische in ihre Reinstoffe und deren Identifikation. GC-MS beschreibt eine Möglichkeit zur Analyse der während des "Closed-Loop-Strippings" emittierten und mittels Elution herausgelösten Duftstoffe.

In dem Gaschromatographen der Firma Agilent Technologies wurden die Proben zu Beginn im Autosampler platziert und anschließend einzeln per "Splittless"- Injektion (bei 220°C) auf eine Chrompack CP-SIL-5 CB-MS Säule ((5%-phenyl)-methylpolysiloxa, 25 m x 0,25 mm i.d. x 0,25 μm Filmdicke; Varian) gegeben. Die Flüssigkeit der Probe verdampfte und wurde mittels Trägergas (Helium, 1 ml/min) in die Trennsäule des GC –Ofens befördert. Die Ausgangstemperatur der Säule lag bei 40 °C (3 min konstant) und wurde um 5°C pro Minute, schrittweise auf 240°C (3 min konstant) erhöht. Das gekoppelte Massenspektrometer wurde mit folgenden Einstellungen betrieben: Transferlinien-Temperatur: 230°C, Quelle: 230°C, Quadrupol-Temperatur: 150°C, lonisationspotential: 70 eV.

Als Chromatographie-Säulen wurde eine DB-WAX-Säule (Polyethylenglycerol, 30 m x 0,25 mm (Innendurchmesser) x 0,25 μ m (Filmdicke),) und eine DB5-MS-Säule (30 m x 0,25 mm (Innendurchmesser) x 0,25 μ m (Filmdicke)) von Agilent genutzt. Zur Bestimmung der quantitativen Mengen der Substanzen wurde ein GC-Gerät mit gekoppeltem Flammenionisierungsdetektor (FID) verwendet. Dabei quantifiziert das FID bei einer Detektortemperatur von 250°C, während die GC mit denselben Einstellungen und dem Trägergas Wasserstoff (2 ml/min) betrieben wurde.

Für die Identifizierung der Duftstoffe wurden die Datenauswertungsprogramme "MSD ChemStation Build 75(1989-2003)" (MS-Daten) und "HP ChemStation for LC 3D (1990-2000)" (FID-Daten) der Reihe "Enhanced ChemStation" von Agilent Technologies verwendet. Um die Daten in Microsoft Office weiter bearbeiten zu können wurde das Haus-interne DataTrans Programm genutzt. Die Retentionszeiten der erhaltenen Daten wurden mit den Zeiten bereits identifizierten Substanzen verglichen.

Der Abgleich des Massenspektrogramms mit den Referenzspektren der *Whiley* Bibliothek ermöglichte die Identifikation der emittierten Stoffe. Dabei entsprachen, die aus der FID erhaltenen Flächeneinheiten der Peaks, der Quantität des untersuchten Stoffes.

3.11 Statistische Auswertung

Die statistische Auswertung erfolgte mit dem Programm SigmaPlot 12.0 und Microsoft Excel. Es wurden Mittelwerte, Standardfehler der Mittelwerte und Signifikanz (p) der bestimmt. Der p-Wert wurde mithilfe des t-Tests errechnet, solange Varianzgleichheit und Normalverteilung gegeben war. War dies nicht der Fall (Shapiro-Wilk P<0,05), wurde der Kruskal-Wallis- Test für eine One Way Anova on Ranks verwendet. In einigen Fällen wurden die Daten logarithmiert um eine Normalverteilung zu erhalten. Lag das Signifikanzniveau (α) unter 5% (p<0,05), wurde der Unterschied als signifikant angenommen. Die signifikanten Unterschiede innerhalb einer Behandlung wurden mit dem Tukey-Test ermittelt und als F- oder H-Wert angegeben.

4. Ergebnisse

4.1 Identifikation und Klonierung des Terpensynthasengens PtTPS10

Um die molekularen Hintergründe für Pflanzen-Insekten Interaktionen mittels flüchtiger Verbindungen in der Pappel besser verstehen zu können, sollte das Gen für die Bildung von 4,8,12-Trimethyltrideca-1,3,7,11-Tetraen (TMTT) identifiziert werden. TMTT ist ein Terpen, das durch den Fraß an Blättern in vielen Pflanzen erhöht produziert wird. Aus der Literatur ist bekannt, dass in *Arabidopsis thaliana* nach Herbivorie eine Induktion der Emission von TMTT stattfindet (R. M. Van Poecke et al. 2001). Danner und Mitarbeiter (2011) konnten bereits Gene der Pappel bestimmen, die nach Herbivorie höhere Transkriptionslevels aufwiesen.

Zur Identifizierung des Terpensynthasesgens in *Populus trichocarpa* (Klon 625) konnte auf einen Sequenzvergleich der Geranyllinalool-Synthase aus *A. thaliana* mit potentiellen Kandidatengenen der Pappel zurückgegriffen werden. Dadurch konnte ein mögliches Geranyllinalool-Synthasegen *PtTPS10* (4734 Nukleotide) ermittelt werden (Herde et al. 2008). Um die Funktion des Gens zu bestätigen wurde cDNA aus Herbivor-induzierten Proben gewonnen (siehe 3.2.1). Der komplette "open reading frame" (ORF) wurde mithilfe einer PCR amplifiziert und mittels Agarosegel überprüft. Es folgte die Extraktion aus dem Gel und die Klonierung in *E. coli* mit Vektor pET102/D-TOPO. Die Transformation erfolgte in OneShot TOP 10 Zellen, welche auf Kanamycin-LB-Platten inkubiert wurden. Zur Selektion positiver Transformanten wurde eine Kolonie-PCR angewendet. Positive Klone wurden dann zur Plasmidpräperation im Flüssig-Medium inkubiert, bevor das aufgereinigte Plasmid zur Sequenzierung genutzt wurde (siehe 3.5).

Das sequenzierte Gen war 2502 Nukleotide lang und hatte ein ungefähres Molekulargewicht von 83 kDa. Dies liegt im Bereich der Molekulargewichte anderer pflanzlicher Diterpensynthasen. Die Aminosäurensequenz der Terpensynthase zeigte zwei verschiedene allelische Ausprägungen (*PtTPS10-1* und *PtTPS10-2*). Dabei entsprach eine Sequenz der Datenbanksequenz, während es in der Anderen zu zwei Basenabweichungen kam (siehe Anhang), die eine Aminosäurenveränderung an Position 647 bedeutete (Abb. 4.1). Zudem wurden für Terpensynthasen typische, hoch konservierte Sequenzmotive gefunden. Die Aspartat-reiche "DDxxD"-Region und das "NDxxSxxxE"-Motiv sind in die Bindung von Cofaktoren involviert und können beispielsweise Magnesium-Bindestelle kennzeichnen (Green et al. 2009).

	1() 2() २() 4() 5() 60) 7() 80
	1							
DODED 004-02010								
P0PTR_004803810	MVPDMSEPCQ	PMEKNCLDWV	LNNQNVEGEW	GEIDGHGMPT	TECLPATIAC	MIALKRWNAG	EMIIDKGMAP	TEANAERLIG
PtTPS10-1	MVPDMSEPCQ	PMFKNCLDWV	LNNQNVEGFW	GEYDGHGMPT	IECLPATIAC	MIALKRWNAG	EMIIDKGMAF	IEANAEKLIG
PtTPS10-2	MVPDMSEPCQ	PMFKNCLDWV	LNNQNVEGFW	GEYDGHGMPT	IECLPATIAC	MIALKRWNAG	EMIIDKGMAF	IEANAEKLIG
	90) 100) 110) 120	0 130) 140) 150	160
POPTR 004s03810	ETYDSNCPRW	FATVEPAMVE	MAOTNGLETT	FPDRTKRVEM	STEYKREOTL	EREELVDKYH	YPPLLSYLEA	LPALYNFDOR
P+TPS10_1	FTYDSNCDDW	FATVEDAMVE	MAOTNELETT	FDDDTKDVFM	STEVEPEOTI	FREELVOKVH	VDDLLSVLFA	T.DAT.VNEDOF
	ETIDONCERW	PAIVPPAMVE	MAQINGLEII	PPDRINKVEM	SIFIKEQID	EREEDVDRIII	UPDIIGUIDEA	TEATINEDQE
PTTPS10-2	EIIDSNCPRW	FAIVFPAMVE	MAQINGLEII	FPDRIKRVEM	SIFIKREQIL	EREELVDRIH	IPPLLSILEA	LPALINFDQE
	170) 180) 190	200) 210) 220) 230) 240
P0PTR 004s03810	DALKHLHADG	SLFQSPSATA	SAFMATGNKD	CLNYLQTLVQ	KCTNGVPQTY	PMDEELLKLC	MVNQLQRLGL	AEHFNQEIEE
PtTPS10-1	DALKHLHADG	SLFQSPSATA	SAFMATGNKD	CLNYLQTLVQ	KCTNGVPQTY	PMDEELLKLC	MVNQLQRLGL	AEHFNQEIEE
PtTPS10-2	DALKHTHADG	SLFOSPSATA	SAFMATGNKD	CLNYLOTLVO	KCTNGVPOTY	PMDEELLKLC	MVNOLORIGI.	AEHENOETEE
		<u>2</u>		<u>-</u>				<u>x</u>
	250) 260	ן 27נ	า วยเ	n 291	ر ۲ ۲ ۲) 31(320
	230	200	. 2/(201	. 291		, JI(
	••••	••••	••••		••••	••••	••••	
P0PTR_004s03810	LLEQVYRNYM	NRESWPKWTN	SMATQLYKDS	LAFCLLRMHG	FRVSPCMMVL	NYASTYKHCV	FLLLHSFFFP	GMFCWFLLEE
PtTPS10-1	LLEQVYRNYM	NRESWPKWTN	SMATQLYKDS	LAFCLLRMHG	FRVS		₽	WMFCWFLLEE
PtTPS10-2	LLEQVYRNYM	NRESWPKWTN	SMATQLYKDS	LAFCLLRMHG	FRVS		P	WMFCWFLLEE
								-
	33() 340) 350) 360) 37() 380) 39() 400
	1 1							
DODTE 004-02910	EVODOTESNU	EVECOUTINU			CDVIIEVOOR	MCNEDOUTVD	FDEFUENTEU	
P0P1R_004803810	EVQDQIESNH	LIFSSVILNV	IRAIDLMEPG	DHELEEARSF	SKLLERITS	MGNEDQHTVP	PSPHSVIKH	ELRE PWMARL
PtTPS10-1	EVQDQIESNH	EXESSVILNV	YRATDLMFPG	DHELEEARSF	SRKLLEKTTS	MGNEDQHTVP	FPSFHSVIKH	ELRFPWMARL
PtTPS10-2	EVQDQIESNH	EYFSSVILNV	YRATDLMFPG	DHELEEARSF	SRKLLEKTTS	MGNEDQHTVP	FPSFHSVIKH	ELRFPWMARL
	410) 420) 430) 440) 450) 460) 47() 480
DODTR 004e03810	DHLEHRMWME	FKNSSFFKFN	VKHWNTVMMW	TNTOREDTCR	LSCLHNDKLK	OT AVENVETR	OTTYKSELEE	T.TRWSKSWGT.
D+mpc10_1	DUI EUDMEME	FENCO	TW	MCKECEN	LOCI INDRI K	OT AVENUEED	QITINOLLEE	TEDMOROWGE
	DHLEARMWME	ERNSSG	Tw	MGKTSFHK	LSCLHNDKLK	QLAVKNIEFK	QTTIKSELEE	LIRWSKSWGL
PtTPS10-2	DHLEHRMWME	EKNSSG	LW	MGKTSFHR	LSCLHNDKLK	QLAVKNYEFR	QTTYKSELEE	LTRWSKSWGL
	490) 500) 510) 520	⁰ 0000 ⁵³⁰) 540) 550) 560
P0PTR 004s03810	SDMGFGREKT	AYCYFAVAAS	TSLPODSEIR	MMVAKSAIVI	TVADDFYDME	GSLDDLEKIT	DAVORWDATG	LSGHSKTIFD
PtTPS10-1	SDMGFGREKT	AYCYFAVAAS	TSLPODSETR	MMVAKSATVT	TVADDEYDME	GSLDDLEKTT	DAVORWDATG	LSGHSKTIFD
D+TDS10_2	SDMCECPERT	AVCVEAVAAS	TELDODEFTD	MMUAKSATUT	TVADDEVDME	CSLDDLEKTT	DAVORWDATC	LSCHSKTIED
FCIF5IO Z	SDMGF GREAT	AICITAVAAS	TOTEODETK	MINAKOALVI	I VADDE IDME	GSHDDHERTT	DAVQANDAIG	LISGHISKITED
	F 7 (0 (1)			
	5/(J 580	. 590		J 1010	J 620	, 630	. 640
	••••			••••	••••	••••	••••	
P0PTR_004s03810	ALDSLVNELA	RKYFRQHGTD	ITNSLRDIWS	ETFASWFTEA	KWSKSGFIPA	AEEYLETGMT	SIASHTLVLP	ASCFLSPSIP
PtTPS10-1	ALDSLVNELA	RKYFRQHGTD	ITNSLRDIWS	ETFASWFTEA	KWSKSGFIPA	AEEYLETGMT	SIASHTLVLP	ASCFLSPSIP
PtTPS10-2	ALDSLVNELA	RKYFRQHGTD	ITNSLRDIWS	ETFASWFTEA	KWSKSGFIPA	AEEYLETGMT	SIASHTLVLP	ASCFLSPSIP
	650) 660) 67() 680) 691) 701) 71() 720
	1 1		NDxxSxxx	Ĕ,			. /1	. ,20
					· · · · · · · ·			
P0PTR_004s03810	DYKLNPVQYE	SITKLLMVIP	RELNDIQSYK	KEQKEGKTNF	VLLHLKENPE	ADIEDSIAYA	REILDKKKKE	LLEHALMDGF.
PtTPS10-1	DYKLNPVQYE	SITKLLMVIP	RLLNDIQSYK	KEQKEGKTNF	VLLHLKENPE	ADIEDSIAYA	REILDKKKKE	LLEHALMDGF
PtTPS10-2	DYKLNPAQYE	SITKLLMVIP	RLLNDIQSYK	KEQKEGKTNF	VLLHLKENPE	ADIEDSIAYA	REILDKKKKE	LLEHALMDGF
						70/) 79(008 0
	730) 740) 750) 760		J /01	, , , , , , , , , , , , , , , , , , , ,	
	730) 74() 750) 76() ///(···· / · · · · / ·	, , , , , , , , , , , , , , , , , , ,	
P0PTR 004«በ3810	730) 740 HLSCVKVFOM) 750 FFDSSNRYDS) 760 NTEMFOLION	 AFYT PVEVCA		 KORYPTVVAS	
POPTR_004s03810	730) 74(HLSCVKVFQM	750 FFDSSNRYDS) 76(NTEMFQDIQK	AFYIPVEVGA	PKPLPPHPGS	KQRYPTVVAS	YHFNQRYKNR
POPTR_004s03810 PtTPS10-1	730 NDFSKPCRHL NDFSKPCRHL	740 HLSCVKVFQM HLSCVKVFQM	750 FFDSSNRYDS FFDSSNRYDS) 76(NTEMFQDIQK NTEMFQDIQK	AFYIPVEVGA	PKPLPPHPGS	 KQRYPTVVAS KQRYPTVVAS	 YHFNQRYKNR YHFNQRYKNR
P0PTR_004s03810 PtTPS10-1 PtTPS10-2	730 NDFSKPCRHL NDFSKPCRHL NDFSKPCRHL	740 HLSCVKVFQM HLSCVKVFQM HLSCVKVFQM) 75(FFDSSNRYDS FFDSSNRYDS FFDSSNRYDS	760 NTEMFQDIQK NTEMFQDIQK NTEMFQDIQK	AFYIPVEVGA AFYIPVEVGA AFYIPVEVGA	PKPLPPHPGS PKPLPPHPGS PKPLPPHPGS	 KQRYPTVVAS KQRYPTVVAS KQRYPTVVAS	 YHFNQRYKNR YHFNQRYKNR YHFNQRYKNR
P0PTR_004s03810 PtTPS10-1 PtTPS10-2	730 NDFSKPCRHL NDFSKPCRHL NDFSKPCRHL	740 HLSCVKVFQM HLSCVKVFQM) 75(FFDSSNRYDS FFDSSNRYDS FFDSSNRYDS	760 NTEMFQDIQK NTEMFQDIQK NTEMFQDIQK	AFYIPVEVGA AFYIPVEVGA AFYIPVEVGA	PKPLPPHPGS PKPLPPHPGS PKPLPPHPGS	KQRYPTVVAS KQRYPTVVAS KQRYPTVVAS	YHFNQRYKNR YHFNQRYKNR YHFNQRYKNR
POPTR_004s03810 PtTPS10-1 PtTPS10-2	730 NDFSKPCRHL NDFSKPCRHL NDFSKPCRHL 810	0 740 HLSCVKVFQM HLSCVKVFQM HLSCVKVFQM 0 820	75(FFDSSNRYDS FFDSSNRYDS FFDSSNRYDS 830	760 NTEMFQDIQK NTEMFQDIQK NTEMFQDIQK	AFYIPVEVGA AFYIPVEVGA AFYIPVEVGA	PKPLPPHPGS PKPLPPHPGS PKPLPPHPGS	KQRYPTVVAS KQRYPTVVAS KQRYPTVVAS	 YHFNQRYKNR YHFNQRYKNR YHFNQRYKNR
P0PTR_004s03810 PtTPS10-1 PtTPS10-2	73(NDFSKPCRHL NDFSKPCRHL NDFSKPCRHL 81(0 740 HLSCVKVFQM HLSCVKVFQM 0 820) 75(FFDSSNRYDS FFDSSNRYDS FFDSSNRYDS 0 83(760 NTEMFQDIQK NTEMFQDIQK NTEMFQDIQK	AFYIPVEVGA AFYIPVEVGA AFYIPVEVGA	PKPLPPHPGS PKPLPPHPGS PKPLPPHPGS	KQRYPTVVAS KQRYPTVVAS KQRYPTVVAS	 YHFNQRYKNR YHFNQRYKNR YHFNQRYKNR
POPTR_004s03810 ptTPS10-1 ptTPS10-2 POPTR_004s03810	73(NDFSKPCRHL NDFSKPCRHL NDFSKPCRHL 81(IIRLAANSVV	740 HLSCVKVFQM HLSCVKVFQM HLSCVKVFQM 820 SHPISGNPYM	750 FFDSSNRYDS FFDSSNRYDS FFDSSNRYDS FFDSSNRYDS 830 830 KMPMAPKLKF	760 NTEMFQDIQK NTEMFQDIQK NTEMFQDIQK	AFYIPVEVGA AFYIPVEVGA AFYIPVEVGA	PKPLPPHPGS PKPLPPHPGS PKPLPPHPGS	KQRYPTVVAS KQRYPTVVAS KQRYPTVVAS	YHFNQRYKNR YHFNQRYKNR YHFNQRYKNR YHFNQRYKNR
P0PTR_004s03810 PtTPS10-1 PtTPS10-2 P0PTR_004s03810 P+TPS10-1	730 NDFSKPCRHL NDFSKPCRHL 810 IIRLAANSVV IIRLAANSVV) 74(HLSCVKVFQM HLSCVKVFQM HLSCVKVFQM 0 82(SHPISGNPYM SHPISGNPYM	750 FFDSSNRYDS FFDSSNRYDS FFDSSNRYDS FFDSSNRYDS MBMAPKLKF KMPMAPKLKF	760 NTEMFQDIQK NTEMFQDIQK NTEMFQDIQK CFM CFM	AFYIPVEVGA AFYIPVEVGA AFYIPVEVGA	 PKPLPPHPGS PKPLPPHPGS PKPLPPHPGS	 KQRYPTVVAS KQRYPTVVAS KQRYPTVVAS	 YHFNQRYKNR YHFNQRYKNR YHFNQRYKNR
P0PTR_004s03810 PtTPS10-1 PtTPS10-2 P0PTR_004s03810 PtTPS10-1	730 NDFSKPCRHL NDFSKPCRHL NDFSKPCRHL 810 IIRLAANSVV IIRLAANSVV	0 74(HLSCVKVFQM HLSCVKVFQM HLSCVKVFQM 0 82(SHPISGNPYM SHPISGNPYM SHPISGNPYM	750 FFDSSNRYDS FFDSSNRYDS FFDSSNRYDS FFDSSNRYDS 0 830 KMPMAPKLKF KMPMAPKLKF	760 NTEMFQDIQK NTEMFQDIQK NTEMFQDIQK CFM CFM CFM	AFYIPVEVGA AFYIPVEVGA AFYIPVEVGA	 PKPLPPHPGS PKPLPPHPGS PKPLPPHPGS	 KQRYPTVVAS KQRYPTVVAS KQRYPTVVAS	 YHFNQRYKNR YHFNQRYKNR YHFNQRYKNR

Abb. 4.1: Vergleich der Aminosäuresequenzen von *PtTPS10-1*, *PtTPS10-2* und der Datenbanksequenz. Die Abbildung zeigt ein Alignment der zwei gefundenen Allele aus *Populus trichocarpa* und der Datenbanksequenz. Abweichungen sind auf grauem Hintergrund eingerahmt, während identische Sequenzen schwarz auf weißem Hintergrund abgebildet sind. Das N-terminale Signalpeptid dient der Lokalisation der Proteine an der Plastidenmembran und ist unterstrichen. Grau hinterlegte und mit "DDxxD" und "NDxxSxxE" beschriftete Aminosäuren sind hoch konservierte Motive, an denen metallische Cofaktoren binden. Das Alignment wurde mit MegAlign erstellt.

In *Arabidopsis thaliana* wurde die Geranyllinalool-Synthase als Diterpensynthase charakterisiert (Herde 2006). Im Allgemeinen haben Mono- und Diterpensynthasen ein N-terminales Signalpetid, das den Transport und Lokalisation an die Plastiden ermöglicht. Da diese als Syntheseort für die GPP- und GGPP-Biosynthese dienen (Bohlmann et al. 1998). Auch die untersuchte Sequenz wies ein aus 33 Aminosäuren bestehendes Signal-Peptid auf (Abb. 4.1).

4.2 Expression und Aktivitätstest der Geranyllinalool-Synthase

Für die biochemische Charakterisierung wurde das Gen in den pET-102D Expressions-Vektor in *E.coli* inseriert. Der verwendete Vektor ermöglichte die induzierbare Expression von PtTPS10 mit His-Tag in den Bakterienzellen durch die Zugabe von IPTG. Am Ende der Induktionsphase wurden die Bakterien durch Ultraschallaufschluss lysiert und das rekombinante Protein über eine Nickel-NTA-Säule aufgereinigt (3.7). Die Analyse der Reinigungsschritte erfolgte mit Hilfe einer SDS-Page (3.6) dargestellt in Abbildung 4.2.





Abb. 4.2: Kontrolle des exprimierten Proteins PtTPS10-1 (A) und PtTPS10-2 (B). Das in *E. coli* BL21 Star überexprimierte Protein wurde über eine Nickel-NTA-Säule gereinigt. Dargestellt ist das mit Coomassie angefärbte SDS-Gel der einzelnen Fraktionen. Der Pfeil kennzeichnet die Bande des überexprimierten Enzyms bei ca. 80 kDa. M: Vorgefärbter Proteinmarker; 1: Proteinrohextrakt nach der Zentrifugation; 2:Durchlauf nach Zugabe des Lysepuffers; 3: Durchlauf nach Zugabe des Waschpuffers; 4: eluiertes Protein nach erster Eluation; 5: eluiertes Protein nach zweiter Elution

Die SDS-Gele bzw. Proteine wurden mit Coomassie-blue angefärbt und mit UV-Licht belichtet. Der Enzym-Rohextrakt von *E. coli* (Abb. 4.2) zeigte noch keine klaren Banden und wurde über Nickel-NTA-Säulen gereinigt. Im Vergleich dazu zeigten die Eluate deutlich weniger Banden von sehr geringer Intensität. Im SDS-Gel A sind nur sehr schwache Banden bei 15, 30 und 55 kDa sichtbar. Diese entsprachen nicht der erwarteten Größe des Proteins (ca. 83 kDa). PtTPS10-2 hingegen zeigte eine schwache Bande bei ca. 80 kDa, die dem Protein entsprechen könnte. Die SDS-Polyacrylamidgele zeigten somit, dass das Konstrukt in nur sehr geringen Mengen (*PtTPS10-2*) bzw. nicht erfolgreich (*PtTPS10-1*) in *E. coli* exprimiert werden konnte.

Zum Testen der Enzymaktivität des vorhandenen aufgereinigten Proteins wurden PtTPS10-1 und PtTPS10-2 mit dem potentiellen Substrat Geranylgeranyldiphosphat (GGPP) und dem Cosubstrat Magnesiumchlorid inkubiert und das erhaltene Produkt mittels GC-MS analysiert (Abb. 4.3). Zusätzlich wurde PtTPS10-2 auch mit FPP als Substrat inkubiert, um eine mögliche andere Enzymfunktion zu testen bzw. ausschließen zu können.

Als Kontrolle diente eine Probe mit HCl. Die Zugabe der Säure protonierte den Carbonylsauerstoff und erhöhte somit die Elektrophilie des Kohlenstoffatoms. So wurde der Angriff eines Wassermoleküls gefördert und die Reaktion auch ohne Enzym katalysiert (Müller-Esterl 2004).



Abb. 4.3: GC-MS Analyse der Enzymreaktion von Pt TPS10 aus *Populus trichocarpa***.** Das Protein wurde heterolog in *E. coli* BL21 Star-Zellen exprimiert und über Ni-NTA Spinsäulchen von Qiagen gereinigt. Protein, Substrat (GGPP/FPP), Magnesiumchlorid und Essaypuffer wurden 2 h mit Hexan überdeckt bei Raumtemperatur inkubiert. Die organische Phase der Proben wurde abgenommen und die Enzymprodukte per GC-MS analysiert. Zur Identifikation der einzelnen Substanzen wurden die Massenspektren und Retentionszeiten mit Standards aus Spektrenbibliotheken verglichen. A: zeigt die Kontrolle mit HCl und dem erwartetem Hauptprodukt Geranyllinalool; B:PtTPS10-1 mit GGPP; C: PtTPS10-2 mit GGPP; & D: PtTPS10-2 mit FPP, zeigten keine Enzymaktivität

Die erhaltenen Spektren wurden soweit möglich mit Spektrenbibliotheken verglichen (*Whiley*). Als Hauptprodukt der gereinigten und enzymatisch aktiven Terpensynthase wurde (*E*,*E*)-Geranyllinalool erwartet.

Allerdings ist deutlich zu sehen, dass sowohl bei Inkubation mit GGPP, als auch mit FPP keine Enzymaktivität aufgezeichnet werden konnte. Nur in der Kontrolle konnte das Produkt aufgezeichnet werden. Wie bereits das SDS-Gel (Abb. 4.2) vermuten lässt, ist die nicht vorhandene Enzymaktivität auf die geringe Menge an gereinigtem Protein zurückzuführen.

4.3 Duftstoffemission nach Induktion mit Alamethicin, Jasmonsäure und Auxin in

Populus trichocarpa

Pappelblätter von ca. 150 Tage alten Pflanzen wurden für 16 h in Lösungen mit Alamethicin (Ala), Jasmonsäure (JA), Auxin (IAA) und zur Kontrolle mit Wasser gestellt. Die Duftstoffe wurden über fünf Stunden in Exsikkatoren mit Hilfe von Aktivkohlefallen gesammelt. Die absorbierten Verbindungen wurden mit Dichlormethan aus den Fallen gespült und die erhaltenen Proben mittels GC-MS analysiert (Abb. 4.4).

Die GC-Analyse der induzierten Proben (mit Ala, JA, IAA) und der Kontrolle (Wasser) ergab 36 volatile Bestandteile von denen 23 näher identifiziert werden konnten (Tabelle 1). Darunter waren vier Monoterpenoide, vier Sesquiterpenoide, drei Homoterpenoide und drei grüne Blattstoffe ("green leaf volatiles"). Die restlichen Verbindungen konnten hauptsächlich als Aromaten oder Aldoxime klassifiziert werden. Die Emission der abgegeben Stoffe unterschied sich in den verschiedenen Behandlungen qualitativ und quantitativ. Insgesamt wurden von der Kontrolle 24 Duftstoffe abgegeben. Bei der Behandlung mit Alamethicin wurden 26 Verbindungen, bei Auxin- und Jasmonsäure-Behandlung je 25 Verbindungen verzeichnet. Signifikante Unterschiede sind in Tabelle 1 dargestellt.

Alamethicin induzierte die Abgabe von (*E*)-TMTT, während in der Kontrolle nur Spuren des Terpens festzustellen war. Auch 2-Phenylethanol, Methylsalicylat und Aldoxim 2 traten in deutlich größeren Mengen als bei der Kontrolle auf. Mit Auxin behandelte Proben emittierten signifikant mehr (*E*)-ß-Ocimen und (*Z*)-Epoxyocimen als die Kontrolle. Allerdings konnte keine (*E*)-TMTT Emission verzeichnet werden. Auch bei der Induktion mit Jasmonsäure gab es keine (*E*)-TMTT Emission, jedoch deutlich gesteigerte Abgaben von 1-Hexanol und Benzylcyanid, Aldoxim 1 und Aldoxim 2. (*E*,*E*)- α -Farnesen und (*E*)-ß-Ocimen wurden von allen Behandlungen stark emittiert und waren auch in der Kontrolle vorhanden. Dies deutet auf eine konstitutive Emission und leichte Induzierbarkeit hin.



Retentionszeit [min]



Abb. 4.4.: Gaschromatographisches Spektrum der volatilen Stoffe von Pappelblättern nach der Behandlung mit Wasser (A), Alamethicin (B), Jasmonsäure (C) und Auxin (D). Die Blätter wurden von 150 Tage alten Bäumen gewonnen und für 16 h in die entsprechenden Lösungen gestellt. Die Duftstoffsammlung erfolgte für 5 h in Exsikkatoren. Die Fallen der Exsikkatoren wurden nach Spülung mit Dichlormethan per Gaschromatographie und Massenspektrometrie ausgewertet und mithilfe von FID quantifiziert. Die mit unterschiedlichen Lösungen induzierten Pflanzen gaben dabei unterschiedliche volatile Stoffe ab: 1: Linalool (10,9 min); 2: Interner Standard (15,6 min); 3: (*E*)ß-Caryophyllene (18,1 min); 4: (*E*,*E*)- α -Farnesen; 5: DMNT (11,1 min); 6: Methylsalicylat (13 min); 7: Ui-C15 (19,6 min); 8: (*E*)-TMTT (21,2 min) ; 9: (*Z*)-Epoxyocimen (11,8 min).

Tabelle 1: Freigesetzte flüchtige Verbindungen der Pappel (Populus trichocarpa) nach 16-stündiger Behandlung mit Wasser (=Kontrolle), Alamethicin, Auxin und Jasmonsäure. Dargestellt ist die Emissionsrate als Mittelwert ±SEM in ng/g Frischgewicht pro h (n=5). Die ermittelten p-Werte beziehen sich auf einen Vergleich aller Werte mittels One-Way Anova. Nicht-normalverteilte Werte (Shapiro-Wilk P<0,050) wurden per Kruskal-Wallis One Way Anova on Ranks* untersucht. In einigen Fällen wurden die Daten logarithmiert, um eine Normalverteilung zu erhalten(~). Zusätzlich sind die signifikanten Unterschiede innerhalb der Behandlungen (Tukey Test) und die ermittelten F- oder H-Werte angegeben.

-

Bestandteile	Alamethicin	Auxin	Jasmon-	Kontrolle	p-Wert	F-Wert;	Signifikante
			säure			H-Wert	Unterschiede
Monoterpenoide							
(Z)-ß-Ocimen	311 ±80	264 ±73	119 ±28	69 ±46	0,036	3,615	Ala-Ctr nein
(<i>E</i>)-ß-Ocimen	1641 ±450	5036	2245	1197	0,031	3,8056	IAA-Ctr ja
		±1436	±474	±798			IAA-Ala nein
							JA-Ctr nein
(<i>Z</i>)- Epoxyocimen~	13 ±5	148 ±52	83 ±31	26 ±23	0,024	4,150	IAA-Ctr ja
							IAA-Ala nein
							JA-Ctr nein
Linalool~	21 ±5	20 ±5	26 ±8	23 ±7	0,889	0,208	-
Ui-C10	15 ±5	29 ±7	14 ±3	8 ±5	0,07	2,860	-
<u>Homoterpenoide</u>							
DMNT~	95 ±25	49 ±31	86 ±36	28 ±10	0,087	2,614	-
(<i>Z</i>)-TMTT*	8 ±6	0 ±0	0 ±0	0 ±0	0,097	6,31	-
(E)-TMTT*	126 ±52	0 ±0	0 ±0	0 ±0	<0,001	18,506	Ala-JA ja
							Ala-IAA ja
							Ala-Ctr ja
							Ctr-JA nein
<u>Sesquiterpenoide</u>							
α-Humulen	20 ±5	17 ±4	22 ±6	15 ±5	0,845	0,271	-
(<i>E</i>)-ß-							
Caryophyllen*	15 ±7	152 ±69	27 ±7	192 ±115	0,174	4,966	-
Germacrene D*	11 ±6	11±3	11 ±6	14 ±6	0,948	0,360	-
(<i>E,E</i>)-α-Farnesen	1530 ±388	1375	1416	436 ±280	0,142	2,087	-
		±342	±381				
Ui-C15~	82 ±29	60 ±14	83 ±25	38 ±16	0,202	1,728	-
<u>Grüne Blattduftstoff</u>	<u>e</u>						
(E)-2-Hexenol~	46 ±7	37 ±13	68 ±20	34 ±9	0,214	1,667	-
(E)-2-Hexenal*	123 ±28	68 ±66	195 ±102	15 ±15	0,022	9,678	Ala-Ctr nein
1-Hexanol~	149 ±42	240	556 ±363	27 ±13	0,047	3,318	JA-Ctr ja
		±214					JA-IAA nein
							Ala-Ctr nein

Aromaten und Aldeh	<u>Aromaten und Aldehyde</u>									
Hexenyl-benzoate*	0 ±0	12 ±9	29 ±28	6 ±4	0,184	4,834	-			
Benzaldehyd~	23 ±4	28 ±10	47 ±24	25 ±7	0,752	0,404	-			
Benzaldehyd, 3,4-	14 ±14	2 ±1	2 ±2	25 ±23	0,893	0,615				
dimethyl*							-			
2-Phenylethanol~	87 ± 24	11 ±3	10 ±2	16 ±7	<0,001	11,232	Ala-IAA ja			
							Ala-JA ja			
							Ala-Ctr ja			
							Ctr-IAA nein			
Benzylbenzoat	1 ±1	20 ±8	16 ±6	0 ±0	0,026	4,017	IAA-Ctr nein			
Benzylcyanid	34 ±9	26 ±9	56 ±19	2 ±2	0,013	10,750	JA-Ctr ja			
							JA-IAA nein			
							Ala-Ctr nein			
1H-Indol*	27 ±10	24 ±8	55 ±15	21 ±8	0,140	5,476	-			
(<i>Z</i>)-3-Hexenyl	5 ±4	7 ±2	11 ±9	4 ±2	0,595	1,891	-			
benzoate*										
Methylsalicylat~	190 ±58	17 ±12	10 ±4	6 ±2	<0,001	12,334	Ala-Ctr ja			
							Ala-IAA ja			
							Ala-JA ja			
							JA-Ctr nein			
<u>Andere</u>										
Aldoxim 1~	20 ±7	72 ±69	291 ±132	7 ±2	0,029	3,886	JA-Ctr ja			
							JA-IAA nein			
							Ala-Ctr nein			
Aldoxim 2~	115 ±21	72 ±42	89 ±11	23 ±7	0,005	6,419	Ala-Ctr ja			
							Ala-IAA nein			
							JA-Ctr ja			
							IAA-Ctr nein			
Unknown 1*	10 ±5	0 ±0	2 ±2	4 ±3	0,305	3,627	-			
Unknown 3*	18 ±7	3 ±2	9 ±2	12 ±6	0,035	8,587	Ala-IAA ja			
							Ala-Ctr nein			
							JA-IAA nein			
Unknown 2	9 ±4	30 ±10	8 ±2	16 ±9	0,174	1,878	-			

5. Diskussion

Die durch Herbivorie induzierte Abgabe von flüchtigen Substanzen ist ein weitverbreiteter Mechanismus der pflanzlichen Abwehr. Er dient zur Anlockung von Prädatoren oder Parasitoiden der angreifenden Insekten. Die Duftstoff-Bouquet-Zusammensetzung ist abhängig von der Art des Angreifers. Dies macht die Funktion der einzelnen Bestandteile und deren Synthese zu einer interessanten Fragestellung. Um die biosynthetischen Prozesse verstehen zu können, müssen die korrespondierenden Gene identifiziert werden. In der Limabohne, Tomate und weiteren Pflanzen wurde eine erhöhte Abgabe von (*E*,*E*)-4,8,12-Trimethyltrideca-1,3,7,11-tetraen (TMTT) nach Herbivorie festgestellt (Kant et al. 2004; Kost & Heil 2006). In dieser Arbeit ist es gelungen das *PtTPS10*-Gen der Pappel zu klonieren und zu sequenzieren. Es wurde angenommen, dass dieses Gen für eine Geranyllinalool-Synthase kodiert und demzufolge die Synthese von (*E*,*E*)-Geranyllinalool, einer Vorstufe von TMTT, ermöglicht. Die Induktion der TMTT-Synthese kann über verschiedene Elicitoren erfolgen. In den durchgeführten Experimenten stellte sich dabei Alamethicin als besonders geeignet heraus.

5.1 Das Terpensynthase Gen PtTPS10

Die induzierte TMTT-Emission aufgrund von biotischen Faktoren wurde bereits in mehreren Pflanzenarten beschrieben (Williams et al. 2005; Ament et al. 2006). Dies deutet darauf hin, dass diese Art von Abwehrreaktion weit verbreitet und von evolutionärem Vorteil ist. Es ist zu vermuten, dass Geranyllinalool-Synthasen auch in vielen anderen Pflanzenarten präsent sind. Ament und Mitarbeiter (2006) beschrieben eine, durch Insektenfraß hervorgerufene erhöhte Aktivität einer Geranyllinalool-Synthase in der Tomate, die auch mit einer erhöhten Emission vom TMTT einherging.

Das *PtTPS10*-Gen der Pappel wurde durch den Vergleich mit bekannten Genen aus *Arabidopsis thaliana* als eine putative Geranyllinalool-Synthase identifiziert. Die experimentell ermittelte Sequenz von 833 Aminosäuren entsprach der Datenbanksequenz (94%), wurde allerdings in zwei allelischen Varianten gefunden. Eine BLAST Analyse (http://www.ncbi.nlm.nih.gov/) mit der Sequenz des Pappelproteins ergab, dass PtTPS10 sehr große Ähnlichkeiten zu einer putativen (*E,E*)-Geranyllinalool-Synthase (61%) aus *Vitis vinifera* und einer Ent-Kaurensynthase von *Ricinus communis* (62%) hat. Die Kaurensynthase ist eine Diterpensynthase und katalysiert den ersten Syntheseschritt von GGPP zur Gibberellinsäure (Bensen et a. 1995).

Vergleiche von Aminosäuresequenzen pflanzlicher Terpensynthasen und weitere Untersuchungen an Terpensynthasen haben mehrere konservierte Bereiche bestimmt (Chen et al. 1994). Die in der durchgeführten Sequenzierung erhaltenen Genmotive "DDxxD" und "NDxxSxxxE" sind solche hochkonservierte Aminosäuresequenzen, die als Bindungsorte für metallische Cofaktoren dienen. Über diese Mg²⁺-Kationen wird die Bindung zur Diphosphatgruppe des Substrates hergestellt.

Im Wunderbaum (*Ricinus communis*) konnte eine Diterpensynthae (Casbenesynthase) gereinigt und vollständig sequenziert werden. Ein Vergleich mit anderen Zyklasen ermöglichte die Identifizierung eines typischen N-terminalen Plastidentransportpeptids' (Mau & West 1994). Während Sesquiterpensynthasen hauptsächlich im Cytosol und am endoplasmatischen Retikulum wirken, sind Mono- und Diterpensynthasen an Plastiden aktiv. Die Plastidenmembran ist der Ort der GPP- und GGPP-Biosynthese (Bohlmann et al. 1998). Demnach benötigen die meisten Monound Diterpensynthase eine Transitpeptidsequenz. Die aus *P. trichocarpa* isolierte Synthase besitzt ein N-terminales Signalpeptid und lässt sich damit den Mono- oder Diterpensynthasen zuordnen. Auch die Geranyllinalool-Synthase in *Arabidopsis thaliana* wurde als Diterpensynthase klassifiziert (Herde 2006). Daher kann festgehalten werden, dass die Primärstruktur der Geranyllinalool-Synthase ihrer angenommenen Funktion als Diterpensynthase entspricht.

5.2 Aktivität von PtTPS10

Es wurde erwartet, dass das untersuchte Enzym hauptsächlich GGPP zu (*E*,*E*)-Geranyllinalool umsetzt. Durch Experimente mit der Limabohne wurde die These aufgestellt, dass Geranyllinalool in einem enzymatischen Schritt in TMTT umgewandelt wird (Boland et al. 1998). Geranyllinalool wird wiederum aus Geranylgeranyldiphosphat gebildet (Abb. 5.1).

Die heterologe Expression von PtTPS10 als aktives rekombinantes Protein, sollte die vermutete Gernayllinalioolsynthese-Funktion bestätigen. Mittels GC-MS Produkte der enzymatischen Reaktion identifiziert werden. Daraus können Rückschlüsse auf die Proteinfunktion gezogen werden. Das eingesetzte Protein zeigte keine katalytischer Fähigkeiten, was vor allem durch zu geringe Menge an eingesetztem Enzym zu erklären ist (Abb. 4.2). Die Synthese von (*E,E*)-Geranyllinalool aus dem C20-Substrat GGPP konnte nicht experimentell bestätigt werden.



(E,E,E)-geranylgeranyl diphosphate



(E,E)-geranyllinalool



TMTT



Bei der Expression der Arabidopsis thaliana Geranyllinalool-Synthase in-planta konnte die Emission von Geranyllinalol und TMTT nachgewiesen werden (Herde 2006). Auch bei diesen Untersuchungen gab es Schwierigkeiten das Gen heterolog in E. coli und Hefe zu exprimieren. In keinem der beiden Organismen konnte eine Geranyllinalool-Synthase-Aktivität im Proteinextrakt gemessen werden. Möglicherweise könnte durch die Verbesserung der Wachstumsbedingungen der Expression eine Überexpression erreicht werden. Die Länge des Gens und der komplexe Aufbau könnten die Klonierung erschwert haben. Das N-Terminale Signalpeptid dient zur Lokalisation an den Chloroplasten und könnte durch seine Struktur eine Bildung als lösliches Protein in E. coli behindern. Des Weiteren könnten zusätzliche Cofaktoren, wie z.B. Kalium für die Aktivität des Enzyms benötigt werden (Green et al. 2009). Für zukünftige Experimente wären Versuche mit trunkierten Varianten des Enzyms empfehlenswert um

dessen Aktivität bestätigen zu können. Die Ermittlung weiterer Cofaktoren wäre eine Möglichkeit die Erfolgschancen des Experimentes zu erhöhen. Die Kontrolle zeigte ein deutliches Geranyllinalool-Signal, dass durch die saure Hydrolyse von GGPP synthetisiert wurde.

Es konnte nicht eindeutig nachgewiesen werden, dass *PtTPS10* tatsächlich ein Enzym mit den Eigenschaften einer die Geranyllinalool-Synthase in der Pappel repräsentiert. Die Tatsache, dass das Gen aus cDNA amplifiziert werden konnte und eine Sequenzierung möglich war, zeigt aber, dass es unter Herbivorie transkribiert wurde.

5.3 Elicitoren für die TMTT-Produktion

Die Analyse des Duftstoff-Bouquets' aus den Blättern von *Populus trichocarpa* sollte klären, unter welchen Bedingungen die Geranyllinalool-Synthase exprimiert und möglichst viel TMTT abgegeben wird. Zu diesem Zweck wurde mit drei verschiedenen Verbindungen als Elicitoren gearbeitet.

Alamethicin ist ein bekannter Induktor der TMTT-Synthese in *A. thaliana* und induziert auch die Synthese der verantwortlichen Geranyllinalool-Synthase (Herde 2006). In der Limabohne wurde dies bereits 2000 von Engelberth und Mitarbeitern berichtet. Alamethicin stammt aus dem Pilz *Trichoderma viride* und aktiviert Abwehrgene, indem es die Öffnung von Ionenkanälen bewirkt (Engelberth et al. 2001; Jabs et al. 1997). Ähnlich wie in *A.thaliana* (Herde et al. 2008) erhöhten sich bei der Alamethicin-Behandlung Methylsalicylat und TMTT gegenüber der Kontrolle (Abb.5.1).



Abb.5.2: Mittelwerte einiger volatilen Duftstoffe (Mittelwert ng h⁻¹ g⁻¹ Blatt mit Standarderror für 5 Replikate) von Kontrolle und Alamethicin im Vergleich. Pappelblätter wurden für 16 h mit Alamethicin behandelt indem sie in wässrige Lösungen platziert wurden. Mithilfe von Exsikkatoren wurden Duftstoffe über 5 h gesammelt. Dichlormethan diente zur Gewinnung der Proben aus den genutzten Aktivkohlefiltern. Die Volatiles wurden per GC-MS und Datenbank Abgleich identifiziert und mit FID quantifiziert. Die Berechnung der Mittelwerte und Standardfehler, sowie die Erstellung des Balkendiagramms erfolgten mit Microsoft Excel 2010. Die Zahlen über den Säulenpaaren zeigen die p-Werte eines t-Tests, der die Emission des genannten Stoffes zwischen Kontrolle und Alamethicin-Probe vergleicht. Werte unter 0,05 gelten dabei als signifikant.

In der Kontrolle waren Spuren von Methylsalicylat enthalten. Allerdings konnte auch hier ein großer Anstieg der Methylsalicylat-Emission nach Alamethicin-Behandlung beobachtet werden.

Alamethicin kann somit als ein effizienter Induktor der Geranyllinalool- bzw. TMTT-Produktion in *P. trichocarpa* angesehen werden. In *Brassica oleracea* konnte nachgewiesen werden, dass Alamethicin eine deutlich stärkere Abwehrreaktion hervorruft als Jasmonsäure (Bruinsma et al. 2009). Methylsalicylat wird in vielen Pflanzen nach pathogenem Befall emittiert und könnte einen positiven Effekt (z.B. als Salicylsäure) in der indirekten Abwehr haben (Shulaev et al. 1997). In der Lima-Bohne wurde bereits belegt, dass Alamethicin die Salicylat-Biosynthese erhöht (Engelberth et al. 2001). Allerdings wurde die Untersuchungen die Repression der Jasmonsäuresynthese durch Salicylsäure in mehreren Untersuchungen belegt (Doares et al. 1995). Es wurde vorgeschlagen, das Salicylsäure den Oktadekanoiden-Syntheseweg inhibiert, welcher entscheidende Abwehrsignale synthetisiert. Alamethicin eignet sich demnach nur bedingt zum Schutz vor Herbivoren.

Auxin ist ein bedeutendes Phytohormon, das in eine Vielzahl von Prozessen in der Pflanze involviert ist. In *P. trichocarpa* wurden nach Behandlung mit Auxin mehr (*E*)-ß-Ocimen und (*Z*)-Epoxyocimen als in der Kontrolle abgegeben. Allerdings scheint seine Bedeutung in der indirekten Abwehr in der Pappel auf den ersten Blick marginal, da entscheidende Abwehrstoffe nicht stärker emittiert werden (signifikante Induktion nur von (*E*)-ß-Ocimen). Allerdings ist es an vielen weitere Signalkaskaden beteiligt und reguliert so indirekt die Abwehr mit. Auxin hat in Untersuchungen gezeigt, dass es die Abwehrantworten von Salicylsäure unterdrückt. Auch Interaktionen mit der Jasmonsäure sind für die pflanzliche Abwehr wichtige Prozesse (Erb et al. 2012).

Jasmonsäure ist ein Signalmolekül das die Reaktionen der Pflanze auf Verletzungen, Herbivorie und Pathogene induziert. Die durch Jasmonsäure geregelten Signalwege gehören zu den Hauptregulatoren der pflanzlichen Abwehr gegen Arthropoden und Pathogene. Die Zerstörung von Pflanzenzellen löst die Synthese des Phytohormones Jasmonoyl-L-Isoleucin aus und aktiviert Signalkaskaden, die die Aktivierung von Abwehrgenen bewirken (Koo & Howe 2009; Taiz & Zeiger 2010). Herbivorie und mechanische Verletzungen lösen unterschiedliche Reaktionen in einer Pflanze aus. In der hybriden Pappel (*Populus trichocarpa x deltoides*) wurde bei beiden Arten von Angriffen Linalool, Benzylcyanid, DMNT, (*E*)- β -Ocimen, Germacrene D und (*E*,*E*)- α -Farnesene abgegeben. Bei Raupenfraß an der Pappel wurden deutlich größere Mengen an DMNT, (*E*)- β -Ocimen und Germacrene D emittiert, als bei mechanischen Verletzungen der Blätter (Arimura et al. 2004).

In dem vorliegenden Versuch konnte durch die Behandlung mit Jasmonsäure keine (*E*)-TMTT Emission induziert werden. Vergleicht man durch Herbivorie induzierte Proben (Danner et al. 2011) mit Jasmonsäure-behandelten Proben fällt auf, dass bei (Z)-ß-Ocimen und (*E*)-ß-Ocimen nur eine geringe, 2-5-fache Erhöhung der Emission mit Jasmonsäure erfolgt. Bei Herbivorie treten die Stoffe 20-30 Mal so stark auf wie in ihrer Kontrolle.

Auch die DMNT-Emission wurde mit JA nur verdreifacht, während es bei Insektenfraß zu einem hundertfachem Wert kam. Auffällig ist, dass es bei JA-behandelten Proben sowohl bei den Mono-, Homo- und Sesquiterpenen meist nur zur Verdopplung der Emissionen kommt. Bei Herbivorie kommt es dagegen z.T. zu 100-fachen Abgaben bei Benzylcyanid und Germacrene D. 1-Hexanol und Benzylcyanid werden in 20-facher Menge nach JA Behandlung abgeben und auch Aldoxime treten verstärkt auf (40x). Insgesamt erhöhen sich die Emissionen bei Herbivorie deutlicher und bei mehr Verbindungen gibt es klare Abgrenzungen zur Emission der Kontrollpflanze.

Literatur- und Quellenverzeichnis

- Abdelgaleil, S. a. M., 2010. Molluscicidal and insecticidal potential of monoterpenes on the white garden snail, Theba pisana (Muller) and the cotton leafworm, Spodoptera littoralis (Boisduval). *Applied Entomology and Zoology*, 45(3), pp.425–433.
- Ament, K., Van Schie, C.C. & Bouwmeester, H.J., 2006. Induction of a leaf specific geranylgeranyl pyrophosphate synthase and emission of (E,E)-4,8,12-trimethyltrideca-1,3,7,11-tetraene in tomato are dependent on both jasmonic acid and salicylic acid signaling pathways. *Planta*, 224(5), pp.1197–208.
- Arimura, G., Huber, D.P.W. & Bohlmann, J., 2004. Forest tent caterpillars (Malacosoma disstria) induce local and systemic diurnal emissions of terpenoid volatiles in hybrid poplar (Populus trichocarpa × deltoides): cDNA cloning, functional characterization, and patterns of gene expression of (–)-germacr. *The Plant Journal*, 37(4), pp.603–616.
- Arimura, G.-I., Ozawa, R. & Maffei, M.E., 2011. Recent advances in plant early signaling in response to herbivory. *International journal of molecular sciences*, 12(6), pp.3723–39.
- Baldwin, I.T. & Preston, C.A., 1999. The eco-physiological complexity of plant responses to insect herbivores. *Planta*, 208, pp.137–145.
- Bimboim, H. & Doly, J., 1979. A rapid alkaline extraction procedure for screening recombinant plasmid DNA. *Nucleic acids research*, I, p.1983.
- de Boer, J.G., Posthumus, Maarten a & Dicke, Marcel, 2004. Identification of volatiles that are used in discrimination between plants infested with prey or nonprey herbivores by a predatory mite. *Journal of chemical ecology*, 30(11), pp.2215–30.
- Bohlmann, J., 1999. MONOTERPENE SYNTHASES FROM GRAND FIR (ABIES GRANDIS). *WO Patent WO*/1999/002,030, 272(35), pp.21784–21792.
- Bohlmann, J., Meyer-Gauen, G. & Croteau, R, 1998. Plant terpenoid synthases: molecular biology and phylogenetic analysis. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 95(8), pp.4126–33.
- Boland, W., Gäbler, A. & Gilbert, M., 1998. Biosynthesis of C 11 and C 16 homoterpenes in higher plants; stereochemistry of the Cî—, C-bond cleavage reaction. *Tetrahedron*, 54, pp.14725–14736.
- Bruinsma, M., Pang, B. & Mumm, R., 2009. Comparing induction at an early and late step in signal transduction mediating indirect defence in Brassica oleracea. *Journal of experimental botany*, 60(9), pp.2589–99.
- Chen, a, Kroon, P. a & Poulter, C.D., 1994. Isoprenyl diphosphate synthases: protein sequence comparisons, a phylogenetic tree, and predictions of secondary structure. *Protein science : a publication of the Protein Society*, 3(4), pp.600–7.
- Cheng, A., Lou, Y. & Mao, Y., 2007. Plant terpenoids: biosynthesis and ecological functions. *Journal of Integrative Plant Biology 2007*, 49(2), pp.179–186.
- Clavijo McCormick, A., Unsicker, S.B. & Gershenzon, J., 2012. The specificity of herbivore-induced plant volatiles in attracting herbivore enemies. *Trends in plant science*, 17(5), pp.303–10.

- Danner, H., Boeckler, G.A. & Irmisch, S., 2011. Four terpene synthases produce major compounds of the gypsy moth feeding-induced volatile blend of Populus trichocarpa. *Phytochemistry*, 72(9), pp.897–908.
- Degenhardt, J., Köllner, T.G. & Gershenzon, J., 2009. Monoterpene and sesquiterpene synthases and the origin of terpene skeletal diversity in plants. *Phytochemistry*, 70(15-16), pp.1621–37.
- Delker, C., Raschke, A. & Quint, M., 2008. Auxin dynamics: the dazzling complexity of a small molecule's message. *Planta*, 227(5), pp.929–41.
- Dicke, Marcel, 2009. Behavioural and community ecology of plants that cry for help. *Plant, cell & environment*, 32(6), pp.654–65.
- Dicke, Marcel & Loon, J.J. a., 2000. Multitrophic effects of herbivore-induced plant volatiles in an evolutionary context. *Entomologia Experimentalis et Applicata*, 97(3), pp.237–249.
- Dicke, Marcel & Poecke, R.M.P.V., 2002. Signaling in plant-insect interactions : signal transduction in direct and indirect plant defence. *Oxford University Press*, 3(Plant Signal Transduction), pp.289–316.
- Doares, S., Narváez-vpsquez, J. & Conconi, A., 1995. Salicylic Acid Inhibits Synthesis of Proteinase Inhibitors in Tomato Leaves Induced by Systemin and Jasmonic Acid. *Plant physiology*, 108(4), pp.1741–1746.
- Engelberth, J, Koch, T & Schüler, G., 2001. Ion channel-forming alamethicin is a potent elicitor of volatile biosynthesis and tendril coiling. Cross talk between jasmonate and salicylate signaling in lima bean. *Plant physiology*, 125(1), pp.369–77.
- Engelberth, J., 2000. Differential signalling and plant-volatile biosynthesis. *Biochemical Society transactions*, 28(6), pp.871–2.
- Engelberth, Jürgen, Koch, Thomas & Boland, W., 2000. Channel-Forming Peptaibols Are Potent Elicitors of Plant Secondary Metabolism and Tendril Coiling **., 140363(10), pp.1860–1862.
- Erb, M., Meldau, S. & Howe, GA, 2012. Role of phytohormones in insect-specific plant reactions. *Trends in plant science*, 17(5), pp.250–259.
- Fonseca, S., Chini, A. & Hamberg, M., 2009. (+)-7-iso-Jasmonoyl-L-isoleucine is the endogenous bioactive jasmonate. *Nature chemical biology*, 5(5), pp.344–50.
- Frost, C.J., Appel, H.M. & Carlson, J.E., 2007. Within-plant signalling via volatiles overcomes vascular constraints on systemic signalling and primes responses against herbivores. *Ecology letters*, 10(6), pp.490–8.
- Green, S., Squire, C.J. & Nieuwenhuizen, N.J., 2009. Defining the potassium binding region in an apple terpene synthase. *The Journal of biological chemistry*, 284(13), pp.8661–9.
- Habermehl, G., Hammann, P. & Krebs, H.C., 2008. Naturstoffchemie: Eine Einführung 3rd ed., Springer Verlag.
- Hegde, M., Oliveira, J.N. & da Costa, J.G., 2012. Aphid antixenosis in cotton is activated by the natural plant defence elicitor cis-jasmone. *Phytochemistry*, 78(2012), pp.81–8.
- Herde, M., 2006. Identifi kation und Regulation einer durch Insektenfraß induzierbaren Geranyllinalool-Synthase in Arabidopsis thaliana, Göttingen.

- Herde, M., Gärtner, K. & Köllner, T.G., 2008. Identification and regulation of TPS04/GES, an Arabidopsis geranyllinalool synthase catalyzing the first step in the formation of the insect-induced volatile C16homoterpene TMTT. *The Plant cell*, 20(4), pp.1152–68.
- Holopainen, J.K. & Gershenzon, J., 2010. Multiple stress factors and the emission of plant VOCs. *Trends in plant science*, 15(3), pp.176–84.
- Jabs, T., Tschope, M. & Colling, C., 1997. Elicitor-stimulated ion fluxes and O2- from the oxidative burst are essential components in triggering defense gene activation and phytoalexin synthesis in parsley. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 94(9), pp.4800–5.
- Jansson, Stefan & Douglas, C.J., 2007. Populus: a model system for plant biology. *Annual review of plant biology*, 58, pp.435–58.
- Kant, M.R., Ament, K. & Sabelis, M.W., 2004. Differential Timing of Spider Mite-Induced Direct and Indirect Defenses in Tomato Plants 1 [w]., 135(May), pp.483–495.
- Kazan, K. & Manners, J.M., 2009. Linking development to defense: auxin in plant-pathogen interactions. *Trends in plant science*, 14(7), pp.373–82.
- Knudsen, J., Tollsten, L. & Bergström, L., 1993. Floral scents—a checklist of volatile compounds isolated by head-space techniques. *Phytochemistry*, 33(2), pp.253–280.
- Koo, A.J.K. & Howe, G., 2009. The wound hormone jasmonate. Phytochemistry, 70(13-14), pp.1571–80.
- Kost, C. & Heil, M., 2006. Herbivore-induced plant volatiles induce an indirect defence in neighbouring plants. *Journal of Ecology*, 94(3), pp.619–628.
- Kreuzwieser, J., Schnitzler, J. & Steinbrecher, R., 2008. Biosynthesis of organic compounds emitted by plants. *Plant Biology*, 1, pp.149–159.
- Köllner, T., 2004. Molekulare und genetische Aspekte der Biosynthese von komplexen Sesquiterpengemischen in Mais.
- Laupitz, R., Gräwert, T. & Rieder, C., 2004. Stereochemical studies on the making and unmaking of isopentenyl diphosphate in different biological systems. *Chemistry & biodiversity*, 1(9), pp.1367–76.
- Lee, S., Badieyan, S. & Bevan, D.R., 2010. Herbivore-induced and floral homoterpene volatiles are biosynthesized by a single P450 enzyme (CYP82G1) in Arabidopsis. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 107(49), pp.21205–10.
- Loon, J.J. a., Boer, J.G. & Dicke, Marcel, 2000. Parasitoid-plant mutualism: parasitoid attack of herbivore increases plant reproduction. *Entomologia Experimentalis et Applicata*, 97(2), pp.219–227.
- Lorbeer, E., Mayr, M. & Hausmann, B., 1984. Zur Identifizierung flüchtiger Substanzen aus biologischem Material mit Hilfe der CLSA (Closed Loop Stripping Apparatus). *Monatshefte für Chemie/* ..., 1112, pp.1107–1112.
- Marchadier, H. & Sigaud, P., 2005. Poplars in biotechnology research. Gene, 55, pp.2003–2004.
- Martin, D.M. & Bohlmann, J., 2004. Identification of Vitis vinifera (-)-alpha-terpineol synthase by in silico screening of full-length cDNA ESTs and functional characterization of recombinant terpene synthase. *Phytochemistry*, 65(9), pp.1223–9.

- Mau, C.J. & West, C. a, 1994. Cloning of casbene synthase cDNA: evidence for conserved structural features among terpenoid cyclases in plants. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 91(18), pp.8497–501.
- Mazid, M., Khan, T. & Mohammad, F., 2011. Role of secondary metabolites in defense mechanisms of plants. *Biol. Med*, 3(2), pp.232–249.
- McGarvey, D. & Croteau, Rodney, 1995. Terpenoid metabolism. The Plant Cell, 7(July), pp.1015–1026.
- Minogue, P.J., Miwa, M. & Rockwood, D.L., 2012. Removal of nitrogen and phosphorus by Eucalyptus and Populus at a tertiary treated municipal wastewater sprayfield. *International journal of phytoremediation*, 14(10), pp.1010–23.
- Mooney, K. a, Pratt, R.T. & Singer, M.S., 2012. The tri-trophic interactions hypothesis: interactive effects of host plant quality, diet breadth and natural enemies on herbivores. *PloS one*, 7(4), p.e34403.
- Müller-Esterl, W., 2004. *Biochemie: Eine Einführung für Mediziner und Naturwissenschaftler* 1. Auflage., München: Elsevier Ltd.
- OECD, 2001. CONSENSUS DOCUMENT ON THE BIOLOGY OF POPULUS L. (POPLARS). Series on Harmonization of Regulatory Oversight in Biotechnology No., (16).
- Onkokesung, N., Gális, I. & von Dahl, C.C., 2010. Jasmonic acid and ethylene modulate local responses to wounding and simulated herbivory in Nicotiana attenuata leaves. *Plant physiology*, 153(2), pp.785– 98.
- Van Poecke, R.M., Posthumus, M a & Dicke, M, 2001. Herbivore-induced volatile production by Arabidopsis thaliana leads to attraction of the parasitoid Cotesia rubecula: chemical, behavioral, and geneexpression analysis. *Journal of chemical ecology*, 27(10), pp.1911–28.
- Ralph, S., Oddy, C. & Cooper, D., 2006. Genomics of hybrid poplar (Populus trichocarpax deltoides) interacting with forest tent caterpillars (Malacosoma disstria): normalized and full-length cDNA libraries, expressed sequence tags, and a cDNA microarray for the study of insect-induced defences. *Molecular ecology*, 15(5), pp.1275–97.
- Rohdich, F. & Hecht, S., 2002. Studies on the nonmevalonate terpene biosynthetic pathway: metabolic role of IspH (LytB) protein. *PNAS*, 99(3), pp.1158–1163.
- Settler, R.F., Bradshaw, H.D. & Heilman, P.E., 1996. *Biology of Populus and its implications for management and conservation*, NRC Research Press.
- Shulaev, V., Silverman, P. & Raskin, I., 1997. Airborn signalling by methyl salicylate in plant pathogen resistance. *Nature*, 385(20), pp.718–721.
- Taiz, L. & Zeiger, E., 2010. *Plant Physiology* 5th ed., Sinauer.
- Tholl, D., Boland, W. & Hansel, A., 2006. Practical approaches to plant volatile analysis. *The Plant journal : for cell and molecular biology*, 45(4), pp.540–60.
- Tooker, J.F. & Moraes, C.M., 2011. Feeding by a gall-inducing caterpillar species alters levels of indole-3acetic and abscisic acid in Solidago altissima (Asteraceae) stems. *Arthropod-Plant Interactions*, 5(2), pp.115–124.
- Turlings, T.C., Tumlinson, J.H. & Lewis, W.J., 1990. Exploitation of herbivore-induced plant odors by hostseeking parasitic wasps. *Science (New York, N.Y.)*, 250(4985), pp.1251–3.

- Tuskan, G. a, Difazio, S. & Jansson, S, 2006. The genome of black cottonwood, Populus trichocarpa (Torr. & Gray). *Science (New York, N.Y.)*, 313(5793), pp.1596–604.
- Walling, L., 2000. The myriad plant responses to herbivores. *Journal of Plant Growth Regulation*, pp.195–216.
- Wang, K., Yang, H. & Guo, S., 2012. Organosolv fractionation process with various catalysts for improving bioconversion of triploid poplar. *Process Biochemistry*, 47(10), pp.1503–1509.
- Wilfinger, W., Mackey, K. & Chomczynski, P., 1997. Effect of pH and ionic strength on the spectrophotometric assessment of nucleic acid purity. *BioTechniques*.
- Williams, L., Rodriguez-Saona, C. & Paré, P.W., 2005. The piercing-sucking herbivores Lygus hesperus and Nezara viridula induce volatile emissions in plants. *Archives of insect biochemistry and physiology*, 58(2), pp.84–96.

Anhang

Genomische Nukleotidsequenz von *PtTPS10-1* und *PtTPS10-2*.

	10	20) 30) 40) 50) 60) 7() 80
P0PTR_004s03810	ATGGTTCCGG	ATATGTCCGA	ACCATGTCAA	CCCATGTTCA	AGAACTGCTT	GGATTGGGTG	CTCAACAACC	AGAACGTAGA
PtTPS10-1	ATGGTTCCGG	ATATGTCCGA	ACCATGTCAA	CCCATGTTCA	AGAACTGCTT	GGATTGGGTG	CTCAACAACC	AGAACGTAGA
PtTPS10-2	ATGGTTCCGG	ATATGTCCGA	ACCATGTCAA	CCCATGTTCA	AGAACTGCTT	GGATTGGGTG	CTCAACAACC	AGAACGTAGA
	90	0 100) 110) 120) 130) 140) 150	160
P0PTR 004s03810	AGGGTTCTGG	GGAGAGTATG	ATGGCCATGG	CATGCCCACT	ATTGAATGCC	TTCCTGCAAC	AATTGCTTGC	ATGATTGCAC
PtTPS10-1	AGGGTTCTGG	GGAGAGTATG	ATGGCCATGG	CATGCCCACT	ATTGAATGCC	TTCCTGCAAC	AATTGCTTGC	ATGATTGCAC
PtTPS10-2	AGGGTTCTGG	GGAGAGTATG	ATGGCCATGG	CATGCCCACT	ATTGAATGCC	TTCCTGCAAC	AATTGCTTGC	ATGATTGCAC
	170) 180) 190	200) 210) 220) 230	240
P0PTR 004s03810	TCAAACGGTG	GAATGCAGGA	GAAATGATTA	TTGATAAAGG	TATGGCCTTC	ATTGAAGCTA	ACGCAGAGAA	GCTTATTGGA
PtTPS10-1	TCAAACGGTG	GAATGCAGGA	GAAATGATTA	TTGATAAAGG	TATGGCCTTC	ATTGAAGCTA	ACGCAGAGAA	GCTTATTGGA
PtTPS10-2	TCAAACGGTG	GAATGCAGGA	GAAATGATTA	TTGATAAAGG	TATGGCCTTC	ATTGAAGCTA	ACGCAGAGAA	GCTTATTGGA
	250	260	270	280	290) 300) 310) 320
P0PTR 004s03810	GAGATATATG	ACTCTAACTG	TCCTCGTTGG	TTTGCCATCG	TTTTCCCTGC	AATGGTTGAG	ATGGCACAAA	TTAATGGTCT
PtTPS10-1	GAGATATATG	ACTCTAACTG	TCCTCGTTGG	TTTGCCATCG	TTTTCCCTGC	AATGGTTGAG	ATGGCACAAA	TTAATGGTCT
PtTPS10-2	GAGATATATG	ACTCTAACTG	TCCTCGTTGG	TTTGCCATCG	TTTTCCCTGC	AATGGTTGAG	ATGGCACAAA	TTAATGGTCT
	330	340) 35() 360) 37() 380) 390	400
P0PTR 004s03810	GGAGATCATT	TTTCCTGATC	GGATAAAGAG	GGTTGAGATG	AGCATATTCT	ACAAAAGGGA	ACAAATTCTT	GAAAGGGAAG
PtTPS10-1	GGAGATCATT	TTTCCTGATC	GGATAAAGAG	GGTTGAGATG	AGCATATTCT	ACAAAAGGGA	ACAAATTCTT	GAAAGGGAAG
P+TPS10-2	GGAGATCATT	TTTCCTGATC	GGATAAAGAG	GGTTGAGATG	AGCATATTCT	ACAAAAGGGA	АСАААТТСТТ	GAAAGGGAAG
	410) 420) 430) 440) 450) 460) 470	480
P0PTR 004s03810	AACTTGTGGA	CAAGTATCAT	TATCCTCCAT	TACTATCATA	TCTTGAAGCA	TTGCCTGCTC	TATATAATTT	TGATCAAGAA
P+TPS10-1	AACTTGTGGA	СААСТАТСАТ	TATCCTCCAT	ТАСТАТСАТА	TCTTGAAGCA	TTGCCTGCTC		TGATCAAGAA
P+TPS10-2	AACTTGTGGA	CAAGTATCAT	TATCCTCCAT	ТАСТАТСАТА	TCTTGAAGCA	TTGCCTGCTC	ΤΑΤΑΤΑΑΤΤΤ	TGATCAAGAA
1011010 1		012101110111			101101210011	1100010010		
	490	D 500	510) 52() 53() 54() 55(560
	1 1							
DODTD 001-03810			TCCCCATCCT	•••••	AATCCCCCTC	TCCTACACCA		
P+TPS10-1	CATCCACTTA	ACCACTTCCA	TCCCCATCCT	TCATTATTCC	AATCCCCCTC	TGCTACAGCA	AGIGCIIICA	TCCCTACTCC
D+TDS10 1	GATGCACTTA	AGCACTIGCA	TGCCGATGGT	TCATTATICC	AATCCCCCTC	TGCTACAGCA	AGIGCIIICA	TGGCTACTGG
FCIF5IO Z	GAIGCACIIA	AGCACIIGCA	IGCCGAIGGI	ICATIATICC	ANICCCCCIC	IGCIACAGCA	AGIGCIIICA	IGGCIACIGG
	57(n 580	590	600	D 61(620) 63(640
	1 1				1 1	1 1		1 1
POPTR 004s03810	AAACAAACAC	TCCTTCAATT	ACCTTCAAAC	 	ΔΔΔΨΩΨΔΩΨΔ	ATGGAGTCCC	ΑCAAACTTAT	CCTATGGATC
P+TPS10-1	AAACAAACAC	TCCTTCAATT	ACCUTCAAAC	TTTAGTICAN	AAATCTACTA	ATCGACTCCC	ACAAACTTAT	CCTATCCATC
	AAACAAAGAC	TGCTTGAATT	ACCUTCANAC	TITAGIICAA	AAAIGIACIA	ATGGAGICCC	ACAAACIIAI	COMARCOARC
PUIPSI0-2	AAACAAAGAC	IGCIIGAAII	ACCITCAAAC	TITAGITCAA	AAATGIACIA	AIGGAGICCC	ACAAACITAT	CCIAIGGAIG
	650) <i>660</i>					. 710	. 720
	0.00				5 590	J 700) /1(120
D0DTD 004-02010			···· <u> <u> </u> </u>	···· ···· ▲▲町町CCA ▲▲C		CCTCACCATT	····	····
D+mpc10_1	AAGAGCIAIT	AAAGCIIIGI	ATGGIIAACC	AATTGCAAAG	GIIGGGIITG	CCTCACCATT	TIAACCAAGA	CARRCAACAA
	AAGAGUTATT	AAAGCTITGT	AIGGITAACC	ANTIGCAAAG	GIIGGGIIIG	COMCACCATT		CATTIGAAGAA
PUTPSIU-Z	AAGAGCTATT	AAAGCTTTGT	ATGGTTAACC	AATTGCAAAG	GTTGGGTTIG	GCTGAGCATT	TTAACCAAGA	GATTGAAGAA
		ע די די ר	1			. / () /	. ////	
	730) 740) 750) /6(J //(J /80	J /90	
DODED 004-02010	730) 74(
P0PTR_004s03810	730	0 740 AAGTTTACAG	GAATTACATG		CATGGCCAAA	 ATGGACAAAT		
POPTR_004s03810 PtTPS10-1	730 CTGCTGGAAC CTGCTGGAAC	740 AAGTTTACAG AAGTTTACAG	GAATTACATG	AACCGAGAGT	CATGGCCAAA CATGGCCAAA	ATGGACAAAT	TCGATGGCAA	CACAGCTATA

	810	820) 830) 840) 850) 860) 870	880
POPTR_004s03810 PtTPS10-1 PtTPS10-2	CAAAGACTCT CAAAGACTCT CAAAGACTCT	 TTGGCATTTT TTGGCATTTT TTGGCATTTT	GTCTACTGAG GTCTACTGAG GTCTACTGAG	GATGCATGGA GATGCATGGA GATGCATGGA	 TTTCGTGTAT TTTCGTGTAT TTTCGTGTAT	CTCCATGTAT CTCCATG CTCCATG	 GATGGTTCTT	 AACTATGCCA
	89(900) 91() 92() 93() 94() 95(960
					···· ····			
POPTR_004s03810 PtTPS10-1 PtTPS10-2	GTACTTACAA	GCACTGCGTC	TTCTTACTCC	TTCATTCCTT	TTTTTTTTCCA	GGGATGTTTT GATGTTTT GATGTTTT	GTTGGTTCTT GTTGGTTCTT GTTGGTTCTT	ACTTGAAGAA ACTTGAAGAA ACTTGAAGAA
	97() 98() 991	1.00	10	10	20 103	30 1040
P0PTR_004s03810 PtTPS10-1	GAAGTTCAAG GAAGTTCAAG	ATCAAATAGA ATCAAATAGA	AAGCAACCAT AAGCAACCAT	GAATATTTCT GAATATTTCT	CAAGTGTAAT CAAGTGTAAT	TCTTAATGTT TCTTAATGTT	TATCGAGCTA TATCGAGCTA	CCGATCTTAT CCGATCTTAT
PtTPS10-2	GAAGTTCAAG	ATCAAATAGA	AAGCAACCAT	GAATATTTCT	CAAGTGTAAT	TCTTAATGTT	TATCGAGCTA	CCGATCTTAT
	105	50 106	50 107	70 108	30 109	90 110	00 111	.0 1120
POPTR 004s03810	 GTTTCCTGGA	GACCATGAAC	TTGAGGAGGC	AAGGTCATTT	 TCAAGGAAGT	 TGCTTGAGAA	AACCACATCA	 ATGGGAAACG
PtTPS10-1	GTTTCCTGGA	GACCATGAAC	TTGAGGAGGC	AAGGTCATTT	TCAAGGAAGT	TGCTTGAGAA	AACCACATCA	ATGGGAAACG
PC1P510-2	GITICCIGGA	GACCATGAAC	TIGAGGAGGC	AAGGICAITI	TCAAGGAAGT	IGCIIGAGAA	AACCACATCA	AIGGGAAACG
	113	30 114	40 115	50 116	50 117	70 118	30 119	0 1200
P0PTR_004s03810	AAGACCAACA	TACTGTTCCT	TTTCCAAGTT	TCCACTCGGT	GATTAAGCAT	GAGTTGAGGT	TTCCATGGAT	GGCTCGACTG
PtTPS10-1 PtTPS10-2	AAGACCAACA AAGACCAACA	TACTGTTCCT TACTGTTCCT	TTTCCAAGTT TTTCCAAGTT	TCCACTCGGT TCCACTCGGT	GATTAAGCAT GATTAAGCAT	GAGTTGAGGT GAGTTGAGGT	TTCCATGGAT TTCCATGGAT	GGCTCGACTG GGCTCGACTG
	121	10 122	20 123	30 124	40 125	50 126	50 127	70 1280
P0PTR_004s03810	GATCACCTGG	AGCATAGAAT	GTGGATGGAA	GAAAAGAATA	GCTCCGAAGA	AAAAGAAAAT	GTCAAGCACT	GGAACATAGT
PtTPS10-1 PtTPS10-2	GATCACCTGG GATCACCTGG	AGCATAGAAT AGCATAGAAT	GTGGATGGAA GTGGATGGAA	GAAAAGAATA GAAAAGAATA	GCTCCG GCTCCG		GTC GTC	T T
	129	90 130	00 131	.0 132	20 133	30 134	10 135	50 1360
P0PTR_004s03810	AATGATGTGG	ACTAATATTC	AAAGGTTTGA	TACCTGCAGG	TTATCATGCC	TTCATAATGA	CAAACTTAAG	CAACTGGCTG
PtTPS10-1 PtTPS10-2	ATGGATGGG- ATGGATGGG-		AAAGACCTCC AAAGACCTCC	TTCC-ATAGG TTCC-ATAGG	TTATCATGCC TTATCATGCC	TTCATAATGA TTCATAATGA	CAAACTTAAG CAAACTTAAG	CAACTGGCTG CAACTGGCTG
	137	70 138	30 139	0 140	00 141	LO 142	20 143	30 1440
P0PTR 004s03810	 TGAAAAACTA	CGAGTTTCGA	CAAACGACAT	ACAAGAGTGA	ATTGGAAGAA	 CTGACAAGGT	GGTCTAAGAG	 CTGGGGCCTT
PtTPS10-1 PtTPS10-2	ТGАААААСТА ТGАААААСТА	CGAGTTTCGA CGAGTTTCGA	CAAACGACAT CAAACGACAT	ACAAGAGTGA ACAAGAGTGA	ATTGGAAGAA ATTGGAAGAA	CTGACAAGGT CTGACAAGGT	GGTCTAAGAG GGTCTAAGAG	CTGGGGGCCTT CTGGGGGCCTT
	145	50 146	50 147	70 148	30 149	90 150	0 151	1520
POPTR_004s03810 PtTPS10-1 PtTPS10-2	AGTGACATGG AGTGACATGG AGTGACATGG	GGTTCGGCCG GGTTCGGCCG GGTTCGGCCG	AGAGAAAACT AGAGAAAACT AGAGAAAACT	GCGTATTGCT GCGTATTGCT GCGTATTGCT	ACTTTGCCGT ACTTTGCCGT ACTTTGCCGT	TGCTGCTAGC TGCTGCTAGC TGCTGCTAGC	ACATCACTAC ACATCACTAC ACATCACTAC	CTCAGGATTC CTCAGGATTC CTCAGGATTC CTCAGGATTC
	153	30 154	10 154	50 156	50 15	70 159	30 150	1600
POPTR_004s03810 PtTPS10-1 PtTPS10-2	TGAGATCAGA TGAGATCAGA TGAGATCAGA	ATGATGGTAG ATGATGGTAG ATGATGGTAG	CAAAGAGTGC CAAAGAGTGC CAAAGAGTGC	TATAGTTATC TATAGTTATC TATAGTTATC	ACAGTTGCTG ACAGTTGCTG ACAGTTGCTG	ATGATTTTTA ATGATTTTTA ATGATTTTTA	TGATATGGAA TGATATGGAA TGATATGGAA	GGCTCTCTTG GGCTCTCTTG GGCTCTCTTG
	161	162	20 163	30 164	40 165	50 166	50 167	70 1680
DODTE 004-03910		 ^^^^						
PtTPS10-1 PtTPS10-2	ATGATTTGGA ATGATTTGGA	AAAAATCACA AAAAATCACA AAAAATCACA	GATGCAGTTC GATGCAGTTC	AGAGATGGGA AAAGATGGGA	TGCTACGGGC TGCTACGGGC TGCTACGGGC	TTGAGTGGCC TTGAGTGGCC TTGAGTGGCC	ACAGTAAGAC ACAGTAAGAC ACAGTAAGAC	TATCTTTGAT TATCTTTGAT TATCTTTGAT
	169	90 170	00 171	.0 172	20 173	30 174	10 175	50 1760
P0PTR_004s03810 PtTPS10-1	 GCCCTTGACA GCCCTTGACA	 GCCTTGTGAA GCCTTGTGAA	 CGAATTAGCA CGAATTAGCA	 AGAAAATACT AGAAAATACT	 TCCGGCAACA TCCGGCAACA	 CGGAACCGAT CGGAACCGAT	 ATAACAAACA ATAACAAACA	 GTCTCCGAGA GTCTCCGAGA
PtTPS10-2	GCCCTTGACA	GCCTTGTGAA	CGAATTAGCA	AGAAAATACT	TCCGGCAACA	CGGAACCGAT	ATAACAAACA	GTCTCCGAGA
	177	70 178	30 179	90 180	00 181	LO 182	20 183	30 1840
P0PTR_004s03810	 TATATGGAGT	GAAACATTTG	CTTCCTGGTT	TACGGAAGCT	∣ AAATGGAGTA	AAAGTGGATT	CATACCTGCA	 GCTGAAGAGT
PtTPS10-1 PtTPS10-2	TATATGGAGT TATATGGAGT	GAAACATTTG GAAACATTTG	CTTCCTGGTT CTTCCTGGTT	TACGGAAGCT	AAATGGAGTA AAATGGAGTA	AAAGTGGATT	CATACCTGCA	GCTGAAGAGT GCTGAAGAGT

	185	50 186	60 18	70 188	80 189	90 190	0 191	1920
P0PTR_004s03810	ATCTTGAGAC	TGGCATGACA	TCTATTGCTT	CACACACCTT	GGTTCTTCCA	GCTTCATGTT	TCTTGAGTCC	AAGCATACCA
PtTPS10-1	ATCTTGAGAC	TGGCATGACA	TCTATTGCTT	CACACACCTT	GGTTCTTCCA	GCTTCATGTT	TCTTGAGTCC	AAGCATACCA
PtTPS10-2	ATCTTGAGAC	TGGCATGACA	TCTATTGCTT	CACACACCTT	GGTTCTTCCA	GCTTCATGTT	TCTTGAGTCC	AAGCATACCA
	193	30 194	40 19	50 190	60 197	70 198	30 199	90 2000
P0PTR_004s03810	GATTACAAAC	TAAATCCAGT	CCAATATGAA	AGCATTACCA	AATTATTAAT	GGTCATCCCT	CGTTTGTTGA	ATGACATACA
PtTPS10-1	GATTACAAAC	TAAATCCAGT	CCAATATGAA	AGCATTACCA	AATTATTAAT	GGTCATCCCT	CGTTTGTTGA	ATGACATACA
PtTPS10-2	GATTACAAAC	TAAATCCAG <mark>C</mark>	CCAATATGAA	AGCATTACCA	AATTATTAAT	GGTCATCCCT	CGTTTGTTGA	ATGACATACA
	201	10 202	20 203	30 204	40 205	50 206	50 201	70 2080
	••••			••••	••••			
P0PTR_004s03810	GAGTTATAAG	AAGGAACAAA	AGGAAGGGAA	AACCAACTTT	GTTTTGCTCC	ACTTGAAAGA	AAATCCAGAG	GCAGACATCG
PtTPS10-1	GAGTTATAAG	AAGGAACAAA	AGGAAGGGAA	AACCAACTTT	GTTTTGCTCC	ACTTGAAAGA	AAATCCAGAG	GCAGACATCG
PtTPS10-2	GAGTTATAAG	AAGGAACAAA	AGGAAGGGAA	AACCAACTTT	GTTTTGCTCC	ACTTGAAAGA	AAATCCAGAG	GCAGACATCG
	200	0.0	0.0.0.1	1.0 01/	DO 01/	0.01	10 01	0 01.00
	203	90 210	JU 21.	10 212	20 21.	30 214	10 213	0 2160
DODED 004-03010								
PUPTR_004803810	AAGATTCAAT	TGCCTACGCC	AGAGAGATTC	TTGACAAAAA	GAAGAAAGAG	CTGCTGGAAC	ATGCTCTAAT	GGATGGTTTT
PtTPSIU-1	AAGATTCAAT	TGCCTACGCC	AGAGAGATTC	TTGACAAAAA	GAAGAAAGAG	CTGCTGGAAC	ATGCTCTAAT	GGATGGTTTT
PUIPSI0-2	AAGATTCAAT	IGCCIACGCC	AGAGAGATIC	TIGACAAAAA	GAAGAAAGAG	CIGCIGGAAC	AIGCICIAAI	GGAIGGIIII
	21	70 219	210	90 220	10 22 [.]	10 223	20 223	2240
	1 1	1 1	1 1		1 1	1 1	1 1	1 1
POPTR 004s03810	ΑΑΤGΑΤΤΤCT	CTAAACCTTG	CAGGCATCTC	CACTTATCTT	GTGTGAAAGT	TTTTCAGATG	TTCTTTGATT	CCAGCAATAG
PtTPS10-1	AATGATTTCT	CTAAACCTTG	CAGGCATCTC	CACTTATCTT	GTGTGAAAGT	TTTTCAGATG	TTCTTTGATT	CCAGCAATAG
PtTPS10-2	AATGATTTCT	CTAAACCTTG	CAGGCATCTC	CACTTATCTT	GTGTGAAAGT	TTTTCAGATG	TTCTTTGATT	CCAGCAATAG
	225	50 226	60 22	70 228	80 229	90 230	0 231	2320
POPTR 004s03810	ATATGACTCC	AACACAGAAA	TGTTTCAAGA	CATTCAAAAA	GCATTTTATA	TTCCTGTAGA	AGTTGGAGCA	CCAAAGCCTC
PtTPS10-1	ATATGACTCC	AACACAGAAA	TGTTTCAAGA	CATTCAAAAA	GCATTTTATA	TTCCTGTAGA	AGTTGGAGCA	CCAAAGCCTC
PtTPS10-2	ATATGACTCC	AACACAGAAA	TGTTTCAAGA	CATTCAAAAA	GCATTTTATA	TTCCTGTAGA	AGTTGGAGCA	CCAAAGCCTC
	233	30 234	40 23	50 230	60 23	70 238	30 239	2400
P0PTR_004s03810	TGCCTCCTCA	TCCCGGATCA	AAACAGAGAT	ATCCAACAGT	AGTAGCCAGC	TATCACTTCA	ATCAGCGGTA	CAAAAATCGA
PtTPS10-1	TGCCTCCTCA	TCCCGGATCA	AAACAGAGAT	ATCCAACAGT	AGTAGCCAGC	TATCACTTCA	ATCAGCGGTA	CAAAAATCGA
PtTPS10-2	TGCCTCCTCA	TCCCGGATCA	AAACAGAGAT	ATCCAACAGT	AGTAGCCAGC	TATCACTTCA	ATCAGCGGTA	CAAAAATCGA
	0.47			~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~				
	24.	10 242	20 24.	30 244	40 243	50 246	50 24	/0 2480
D+mpc10_1	ATCATTAGAT	TGGCTGCAAA	CAGIGITGIT	TCTCATCCTA		TCCATACATG	AAGATGCCTA	TGGCACCGAA
PUTPOID-1	ATCATTAGAT	TGGCTGCAAA	CAGIGITGIT	TCTCATCCTA		TCCATACATG	AAGATGCCTA	TGGCACCGAA
FCIPSIO-2	ATCATTAGAT	IGGUIGUAAA	CAGIGIIGIT	ICICATCOTA	TTCAGGAAA	ICCATACATG	AAGATGUUTA	IGGCACCGAA
	240	90 250	20					
POPTR 004s03810	GTTAAAATTC	TGTTTCATGT	A-					
PtTPS10-1	GTTAAAATTC	TGTTTCATGT	GA					

PtTPS10-2 GTTAAAATTC TGTTTCATGT GA

Danksagungen

An dieser Stelle möchte ich mich bei all denen bedanken, die zum Gelingen dieser Arbeit beigetragen haben.

Vor allem möchte ich Herrn Dr. Tobias Köllner für die Bereitstellung des interessanten Themas, für die Begutachtung dieser Bachelorarbeit und für die Möglichkeit die vorliegende Arbeit in der Abteilung Biochemie am Max-Planck-Institut für Chemische Ökologie durchzuführen zu können, herzlich danken. Besonders dankbar bin ich für die gute Betreuung und die vielen hilfreichen Hinweise im Labor und zum Verfassen dieser Arbeit.

Bei Sandra Irmisch, Vinzenz Handrick und Philipp Zeltner möchte ich mich für die vielen Hilfestellungen und ihre Geduld bei der Beantwortung meiner Fragen bedanken.

Des Weiteren gilt mein Dank PD Dr. Klaus-J. Appenroth vom Institut für Pflanzenphysiologie der FSU Jena für die Bereitschaft zur Erstellung eines Gutachtens dieser Arbeit.

Den Mitgliedern der Abteilung Biochemie danke ich für die nette Zusammenarbeit und angenehme Arbeitsatmosphäre im Labor.

Ein ganz spezieller Dank gilt meiner Familie für ihre Unterstützung und ihr Vertrauen. Meiner Schwester möchte ich besonders für die Unterstützung bei der Korrektur der Arbeit danken.

Ehrenwörtliche Erklärung

Ich erkläre hiermit ehrenwörtlich,

dass die vorliegende Arbeit ohne fremde Hilfe angefertigt wurde und dass die Übernahme wörtlicher Zitat aus der Literatur sowie die Verwendung der Gedanken anderer Autoren gekennzeichnet wurden. Zudem erkläre ich, dass diese Bachelorarbeit zu keiner anderen Prüfung vorgelegt wurde.

Ich bin mir bewusst, dass eine falsche Erklärung rechtliche Folgen haben wird.

Ort, Datum

Unterschrift