

## 6. Ergebnisse // Molekularbiologie

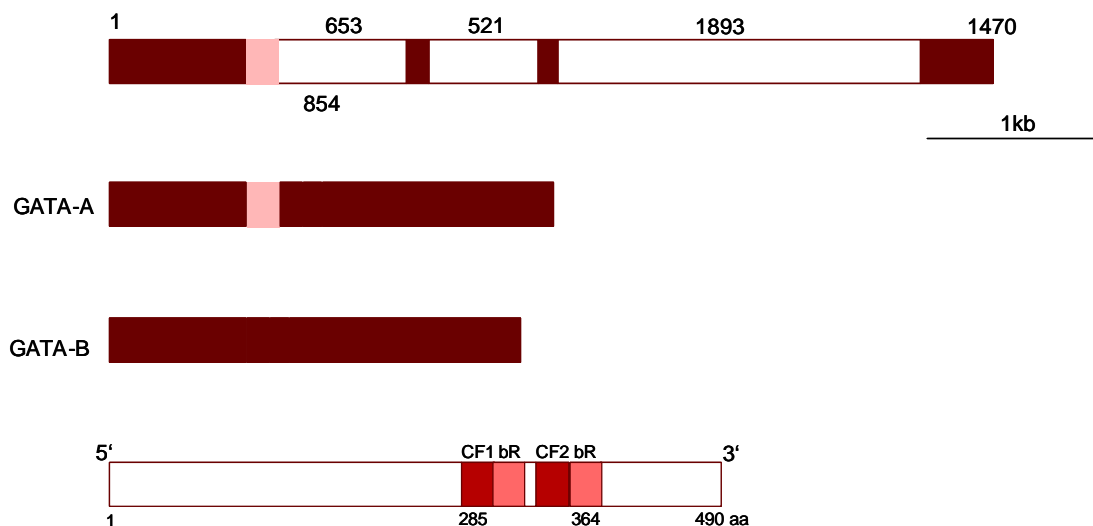
### **Isolierung eines *gata*-Homologs aus *Nematostella vectensis***

Sowohl in Invertebraten als auch Vertebraten spielen die Zinkfinger Transkriptionsfaktoren der GATA-Familie eine wichtige Rolle in der Differenzierung der Muskulatur. Um die Entwicklung der Muskulatur von *Nematostella vectensis* zu untersuchen, wurde aus diesem Organismus ein *gata*-Homolog isoliert und entsprechende Expressionsstudien durchgeführt.

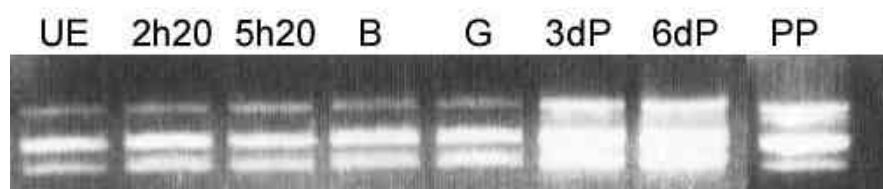
Zunächst wurden die Proteinsequenzen von GATA-Faktoren unterschiedlicher Organismen miteinander verglichen. Die Sequenzen der Zinkfingerdomänen und der sich anschließenden basischen Sequenz sind hochkonserviert, sie sind in den meisten Organismen nahezu identisch. Anhand der konservierten Regionen im GATA-Alignment wurde durch PCR mit degenerierten Oligonukleotiden ein 246bp langes cDNA-Fragment eines *gata*-Homologs aus *Nematostella* isoliert.

Um die komplette *gata*-Sequenz zu erhalten, wurden 5'- und 3'-RACE-Experimente durchgeführt. Der Volllängen-Klon hat inklusive der UTR-Seiten eine Länge von 2355bp, der Open-Reading-Frame (ORF) hat 1470bp. Im Vergleich zu der *Nematostella-gata*-Sequenz, die von Martindale et al. (2004) beschrieben wurde, handelt es sich bei dem von mir isolierten Gen um eine zweite Variante, die ein Indel von 201bp hat und damit einen ORF von 1470bp besitzt, der für ein Protein von 490AS (GATA-A) kodiert. Martindales kürzere Variante kodiert dagegen für nur 422AS (GATA-B). Die Analyse der genomischen Sequenz von *gata* ergab, dass sich das Gen aus vier Exons und drei Introns zusammensetzt. Exon 2 und Exon 3 beinhalten die konservierten Zinkfingerdomänen (Abbildung 26). Ein Vergleich der von mir identifizierten, längeren Variante mit der genomischen Sequenz zeigt, dass Exon 1 ein extended Exon ist. Mit flankierenden Primern, die sowohl die erste als auch die zweite *gata*-Variante einschließen, wurde in einer stadienspezifischen RT-PCR untersucht, ob eine der beiden Varianten differentiell exprimiert werden. Dies war nicht der Fall, die Varianten werden in allen Stadien exprimiert. Das Ergebnis der RT-PCR ist in Abbildung 27 dargestellt und zeigt auch, dass zudem eine dritte Splice-Variante identifiziert wurde, die eine weitere Variante des extended Exon darstellt. Alle drei Splice-

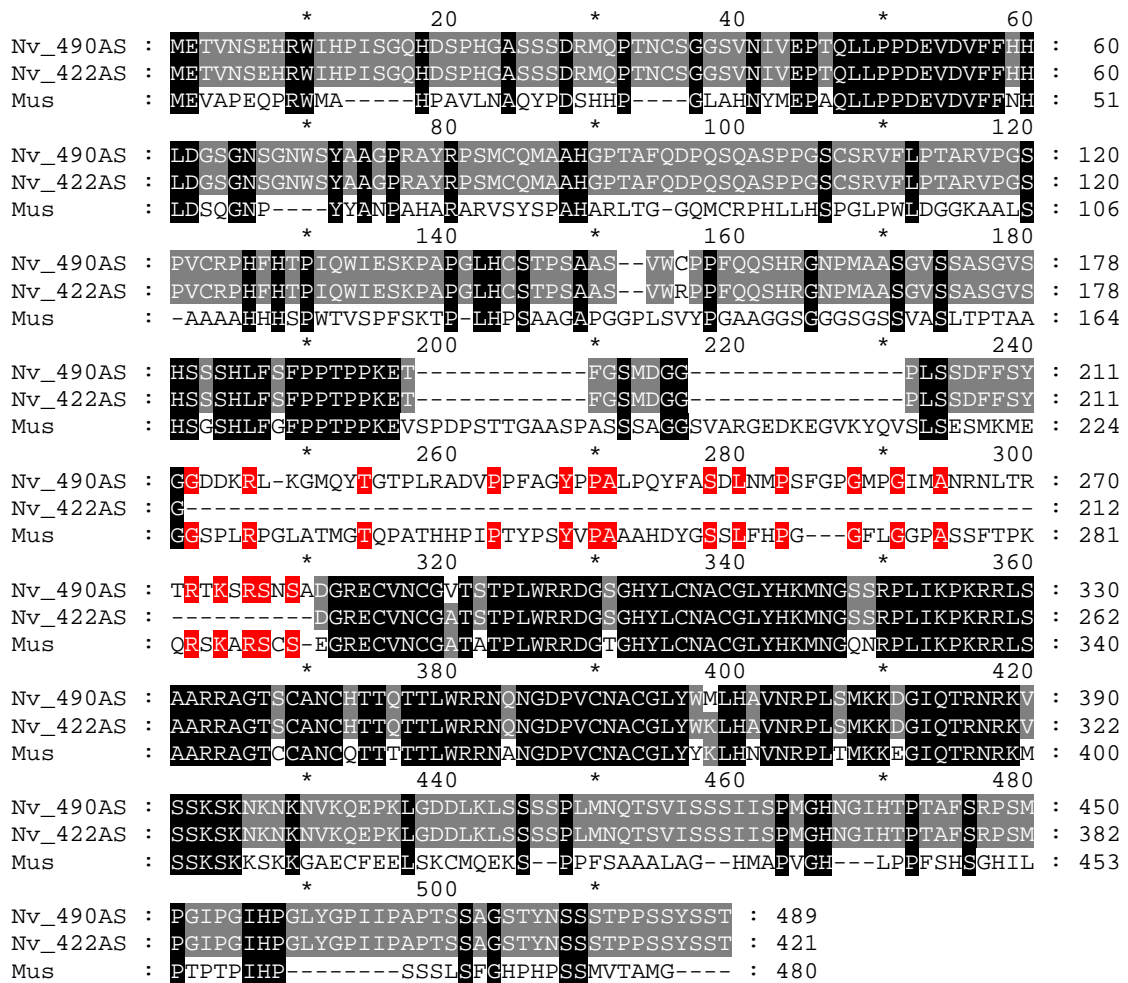
Varianten, *gata-a*, *gata-b* und *gata-c*, wurden kloniert und sequenziert (Sequenzen siehe Anhang). Abbildung 28 zeigt das Alignment des kurzen und langen GATA-Proteins sowie Maus GATA-2. Innerhalb des Bereichs, der dem kurzen Protein fehlt, befinden sich einzelne, konservierte AS. Der Vergleich mit der genomischen Sequenz ergab, dass es zwei alternative 3' Splice-Seiten innerhalb des ersten Introns gibt. Daraus resultiert ein kürzeres Exon 2, wie es in Martindale et al. (2004) dokumentiert wurde. Die Sonden für die *in situ* Hybridisierungen wurden mit einem Teilstück des Klons mit einer Länge von 1400bp durchgeführt. Innerhalb dieses Teilstücks wurden auch die Oligonukleotide für die RT-PCR gewählt und synthetisiert.



**Abbildung 26: Exon-Intron-Schema von *Nematostella-gata*.** Die dunkelroten Bereiche stellen Exons dar, die weißen Bereiche Introns. Der hellrote Bereich zeigt ein extended Exon in der *gata-A*-Variante. Das unterste Bild zeigt die Aminosäurestruktur von GATA mit den beiden konservierten Zinkfinger- und basischen Domänen (CF, Zinkfinger; bR, basische Region)



**Abbildung 27: RT-PCR der Splice-Varianten von *Nematostella-gata*.**



**Abbildung 28:** Sequenzvergleich der kurzen (422) und langen (490) Splice-Varianten mit GATA-2 der Maus. Die konservierten AS im Indel-Bereich sind rot unterlegt.

Die Länge des GATA-Proteins ist vergleichbar mit den Proteinsequenzen anderer Organismen, ausgenommen *Drosophila*. *Nematostella*-GATA besitzt zwei charakteristische Zinkfinger-Domänen (N-terminal und C-terminal) vom Typ CXNCX<sub>17</sub>CNXC mit jeweils einem angrenzenden konservierten basischen Bereich. Die für Proteine der GATA-4,5,6 Familie charakteristischen Aktivationsdomänen fehlen in *Nematostella* (Abbildung 29).

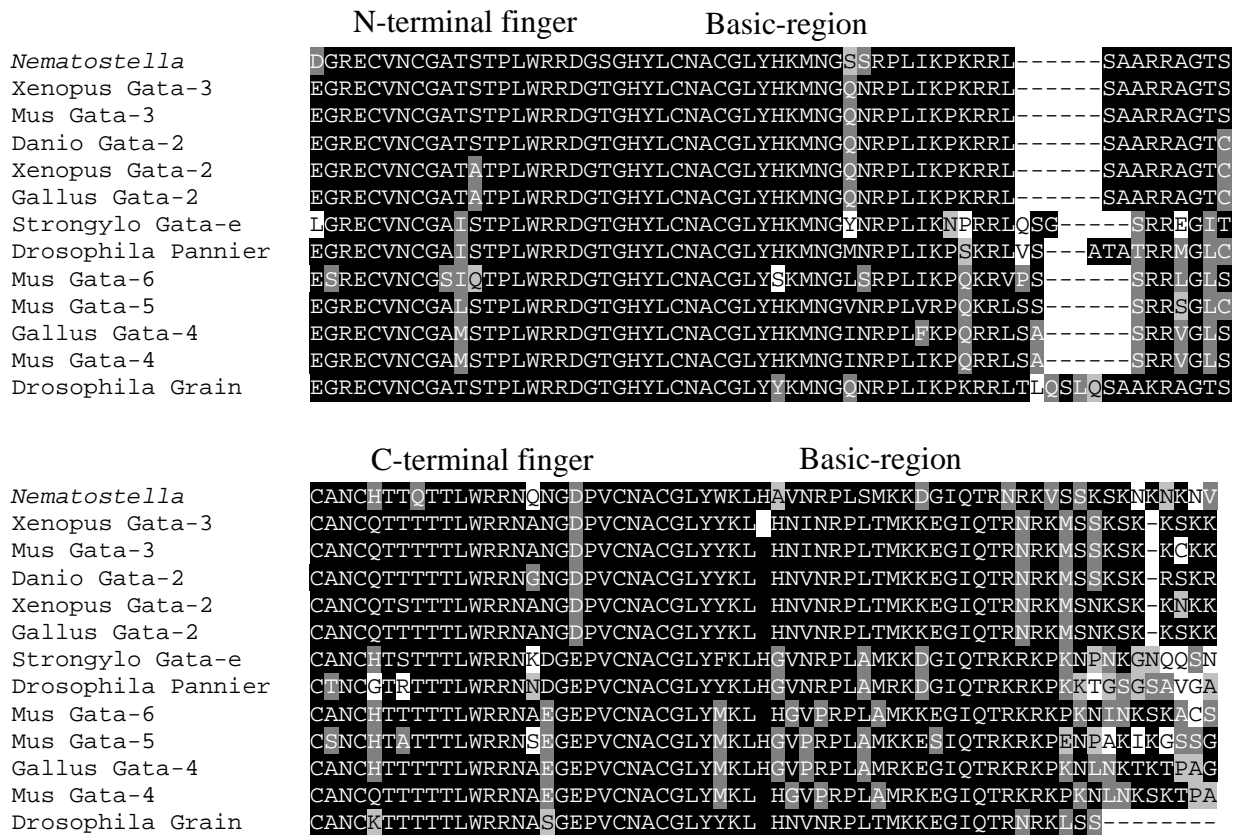


Abbildung 29: Alignment der konservierten Zinkfingerdomänen unterschiedlicher GATA-Faktoren

Eine phylogenetische Sequenzanalyse ergab, dass es sich um ein Homolog der GATA-Familie 1,2,3 handelt, dass im Gegensatz zur GATA-Familie 4,5,6 keine konservierte N-terminale Aktivierungsdomäne besitzt (Abbildung 30). Die Sequenz der Zinkfingerdomäne zeigt auf Aminosäureebene eine Identität zur Maus GATA-3 Sequenz von 94%. Die Analyse zeigt, dass *Nematostella*-GATA eine engere Verwandtschaft zu GATA-Faktoren der Vertebraten als zu denen der Invertebraten hat.



Abbildung 30: Phylogenetische Analyse der konservierten GATA-Zinkfingerdomänen

### Isolierung eines *myosin heavy chain* Homologs aus *Nematostella vectensis*

*Myosin heavy chain* (*MyHC*) ist ein Muskelmarkerprotein, das in allen Tieren vorhanden ist und dort bei der Muskelentstehung und -differenzierung eine Rolle spielt.

Ein C-terminales Fragment von *MyHC* wurde aus einem EST-screen (Technau et al., 2005) verschiedener embryonaler Stadien isoliert. Mit diesem Fragment bzw. der zugehörigen Proteinsequenz wurde ein Alignment erstellt (Abbildung 31). Das EST-Fragment konnte als Sonde für einen genome walk verwendet werden um aus dem assemblierten Genom von *Nematostella vectensis* die genomische Sequenz von *MyHC* zu identifizieren. Die genomische Sequenz von *MyHC* besteht aus 25kb.

```

MHC_8519_Nv: ADERSKKAAEFARAQAEIVSAQDHATAADRARMSAERIQKDIEMKLELEEAAGGKALKVQIKKLEQRVKEL
MHC_Podoco : SEDKQARAMAEVARLMSSELNSAQEATSTAEKSRQLVSKQVADLQSRLEDAEAQGGKGLKNQIRKLEQRIIMEL
Dugesia    : ANEQKKKATFDNTRLFDEIKQEQEHAQQAEBKARKNFESQLKDLQTKLDEAEANALKGGKKALSKLEQRIREL
Schmidtea  : ANEQKKKATFDNTRLFDEIKQEQEHAQQAEBKARKNFESQLKDELQSKLEAEANVLKGGKKALSKLEQRIREL
MHC_Pecten : ADERCKKAMADAARLADLRAEQDHSSQVEKVRKNLESQVKEFQIRLDEAEASSLKGGKKMIQKLESRVHEL
MHC_DM     : SEEKAKKAMVDAARLADLRAEQDHAQTQEKLRKALEQQIKELQVRLDEAEANALKGGKKMIQKLEQRVREL
Celegans_u : AEERSKATADATRLAELRQEQEHSQHVDRRLRKGLEQQLEIQVRLDEAEAAALKGGKKVIQKLEQRVREL
Gallus     : AEEKAKKATDAAMMAEELKKEQDTSAPHLERMKKNMEQTIKDLQKRLDEAEQIALKGGKKQIQKLESRVREL
human      : AEEKAKKATDAAMMAEELKKEQDTSAPHLERMKKNLEQTVKDLQHRLDEAEQIALKGGKKQIQKLETRIREL

MHC_8519_Nv: ERELDNEVKRSAESQKLAKKNERRMKEIQFQADEQDKNLARAFQENS DRMNKIKKMR TAVEEAEALAAANLA
MHC_Podoco : ESDVDTBARKGADAIKAAKSEKKVKELAFITIEDEHKRREPAQDTADKLNQKLLKMRMQLLEEAEQKSTWQS
Dugesia    : EGELDGEQKRHVETQKNARKSDRRLKEITFYCIDEDKKNQDRMQQLIENLQAKIKTYKRVVEEAEETAAVNLA
Schmidtea  : EGELDGEQKRHVETQKNARKSDRRLKEITFYCIDEDKKNQDRMQQLIESLQAKIKTYKRVVEEAEETAAVNLA
MHC_Pecten : EAELDNEQRRHAETQKNMRKADRRLKEITFYCIDEDKKNQDRMQQLIENLQAKIKTYKRVVEEAEETAAVNLA
MHC_DM     : ENELDGEQRRHADAQKNLRKSERVKEISFQSEEDRKNHERMODLVDKLQKIKTYKRVVEEAEETAAVNLA
Celegans_u : ESELDGEQRRFQDANKNLGRADRRVRELQFQVDEDKKNFRLQDLIDKLQKIKTYKRVVEEAEETAAVNLA
Gallus     : ENELDGEQRRNSDAQGARKFERRIKVETIYQSEEDKKNLARMQDLIDKLQKIKTYKRVVEEAEETAAVNLA
human      : EFELEGEQKKNTESVKGLRKYERRVKELIYQSEEDRKNVLRLODLVDKLVKVKSYKROAEAEDEQANAHIT

MHC_8519_Nv: RFRKAQTELEEAEEERVEQLSSSQKARGRARTSGV-
MHC_Podoco : KYKKAAVELEDAEERCEAAEAALQKARQARAGASGS
Dugesia    : KYRKIQEIEEDSEERADQAEQALQKLRANKRSSVS-
Schmidtea  : KYRKIQEIEEDFEERADQAEQALQKLRANKRSSVS-
MHC_Pecten : KYRKAQHELEEAEEERADTADSTLQKFRAKSRSSVSV
MHC_DM     : KFRKAQHELEEAEEERADLAEQAIKFRAKGRAGS--
Celegans_u : KYKQLTHOLEDAEERADQAENSLKMRKSRASAS-
Gallus     : KYRQQLHDLDDAEERAEIAESQVNKLRKSRDIGHM-
human      : KFRKAQHELEEAEEERADIAESQVNKLRKTRDFTS-

```

**Abbildung 31:** Alignment des *Nematostella MyHC*-Fragments (8519\_Nv), das aus einem EST-screen verschiedener embryonaler Stadien isoliert wurde.

Um einen *MyHC*-Volllängen-cDNA Klon zu isolieren, wurden anhand der genomischen Sequenz von *MyHC* die konservierten Bereiche durch Alignments ermittelt. Da es sich bei den konservierten Bereichen mit hoher Wahrscheinlichkeit um Exons handelt, wurden diese Sequenzbereiche als Primer zur Isolierung der cDNA verwendet. Es wurden sechs Teilfragmente der *MyHC*-cDNA isoliert und kloniert (Primer und Sequenzen siehe Anhang). Ein Vergleich der genomischen *MyHC*-Sequenz mit der cDNA-Sequenz ergab, dass 36 Exons für ein Protein kodieren, das aus 1988AS besteht (Sequenz siehe Anhang). Am N-terminalen Ende liegt eine etwa 100AS umfassender SH-Domäne, die in vielen, aber nicht allen *MyHC*s vorkommt und dessen Funktion noch unbekannt ist. Am Ende dieser SH-Domäne liegt die katalytische Motordomäne (Köpfchen), die ATPase-Aktivität besitzt. Ab ca. 1100AS bis hin zum C-terminalen Ende beginnt die Schwanzstruktur des Moleküls.

Die phylogenetische Analyse ergab (Abbildung 32), dass das *Nematostella*-MyHC näher mit den MyHCs der Protostomier verwandt ist. Die MyHCs der Deuterostomier bilden eine eigene Gruppe. Eine phylogenetische Auftrennung in eine Gruppe glatter und eine Gruppe gestreifter Muskulatur ist in diesem Baum nicht ersichtlich.

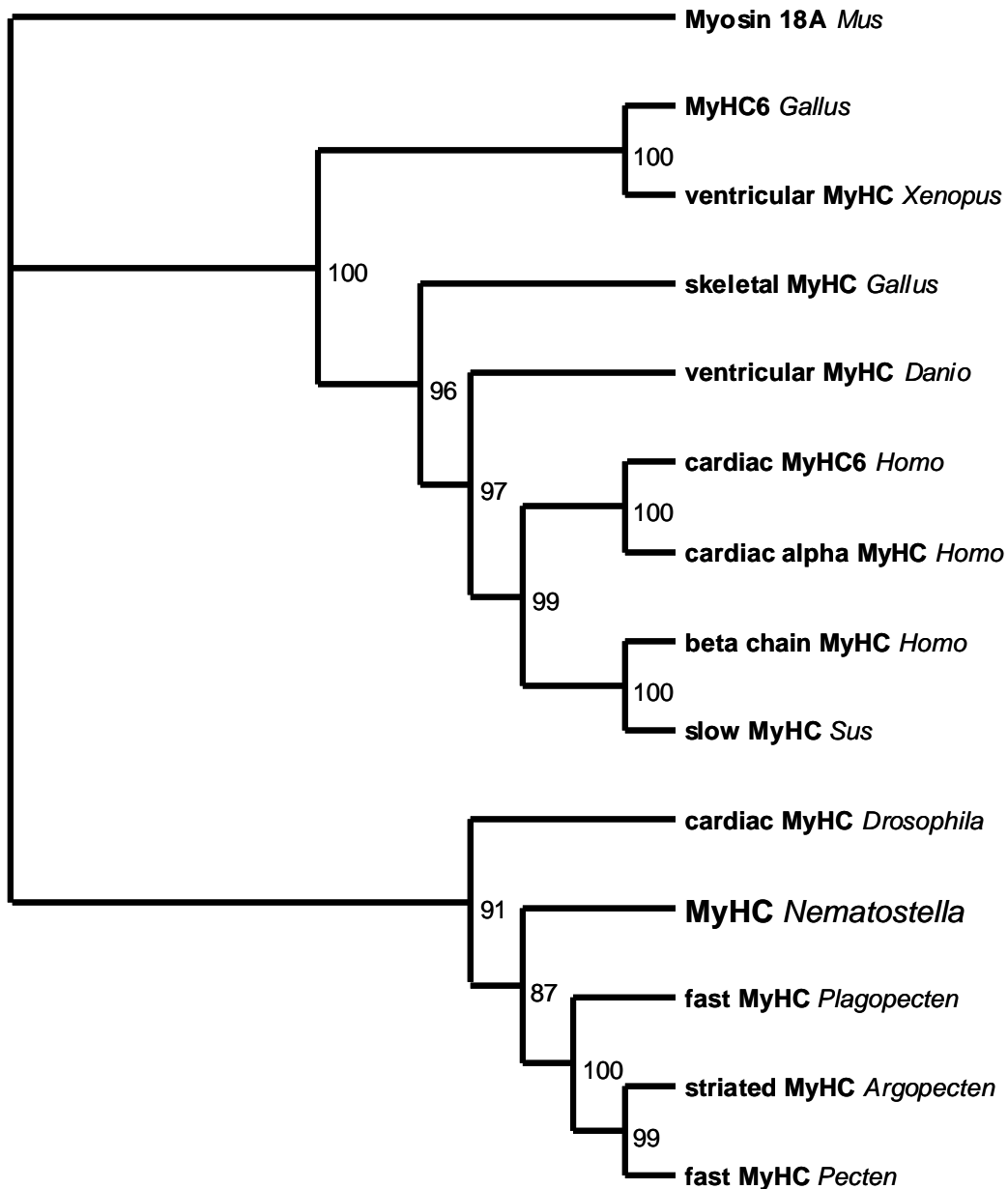


Abbildung 32: Phylogenetische Analyse der MyHC-Sequenz.

## Isolierung der Promoterregion von *MyHC*

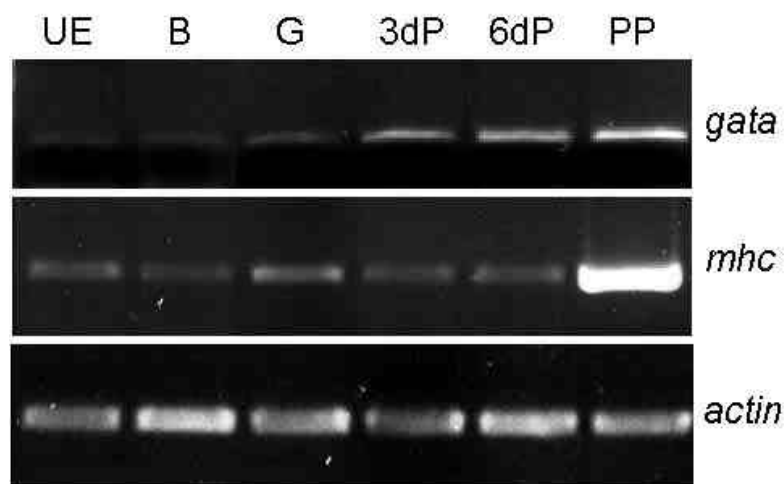
Ausgehend von dem 5'Ende der genomischen *MyHC*-Sequenz wurden die GATA-Bindestellen innerhalb des *MyHC*-Promoters identifiziert. Eine Analyse mit TESS – einer Software zur Vorhersage von Bindestellen in DNA-Sequenzen ergab 16 putative Bindestellen für GATA. Für funktionelle Studien wurden 1.8kb der Promoterregion von *MyHC* isoliert, mit der Vorhersage für die GATA-Bindestellen verglichen und in ein Reporterkonstrukt ligiert (Plasmidkarte siehe Anhang).

## Expressionsanalyse von *gata* und *Myosin Heavy Chain*

### Zeitliche Expressionsanalyse

Eine zeitliche Expressionsanalyse durch RT-PCR zeigt, dass *Nematostella gata* in allen Stadien der Embryonalentwicklung exprimiert wird (UE, unbefruchtete Eier; 2h20min und 5h20min, frühe Teilungsstadien; Blastula; Gastrula; 3d Planulae; 6d Planulae; PP, Primärpolypen). Die Expression von *gata* ist in den Planula-Stadien verstärkt und bleibt dann weitgehend konstant (Abbildung 33).

Die Expressionsanalyse durch RT-PCR von *MyHC* zeigt, dass *MyHC* in unbefruchteten Eiern und embryonalen Stadien schwach exprimiert wird. Die Expression steigt in den Primärpolypen stark an und nimmt im adulten Polypen wieder ab (Abbildung 33).



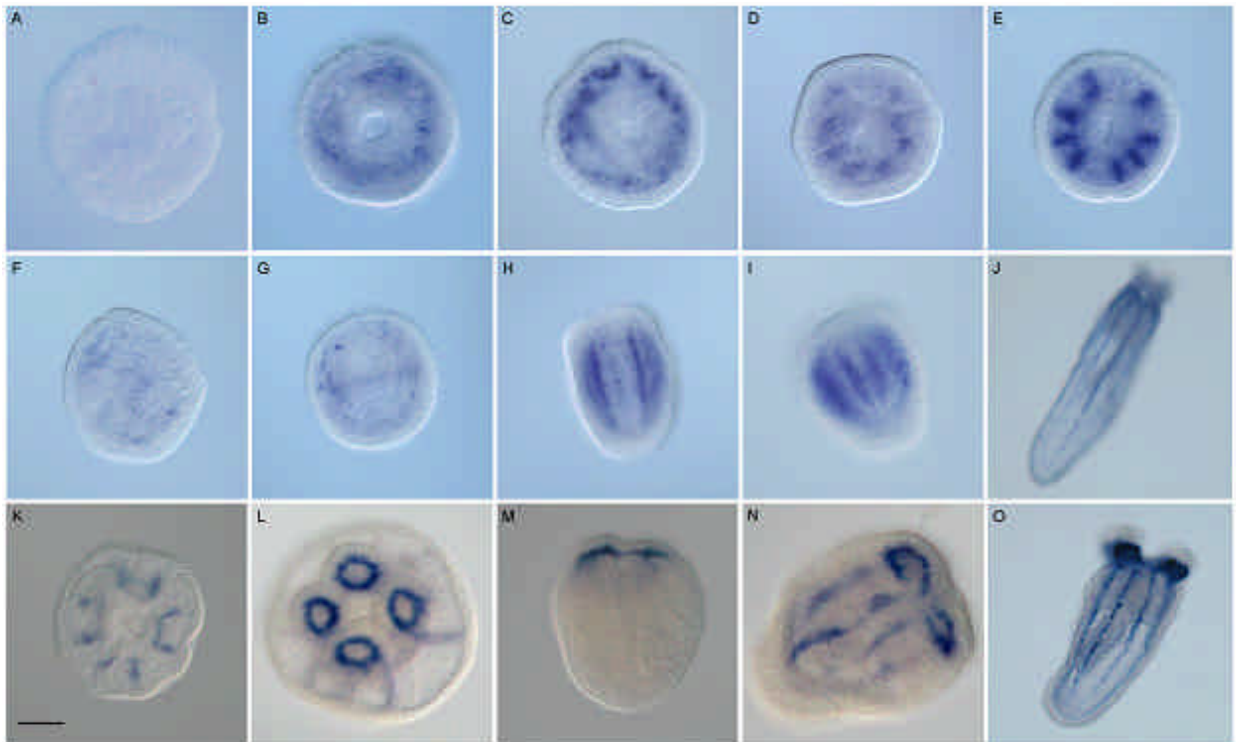
**Abbildung 33:** Zeitliche Expressionsanalyse durch RT-PCR. Vergleich der Expression von *gata* und *MyHC* mit *actin*. UE, unbefruchtete Eier; B, Blastula; G, Gastrula; 3dP, 3 Tage alte Planula; 6dP, 6 Tage alte Planula; PP, Primärpolyp.



## Räumliche Expressionsanalyse

Die räumliche Expressionsanalyse durch *in situ*-Hybridisierung unterstützt diese Ergebnisse. Die Expression von *gata* im Gastrula-Stadium zeigt sich als diffuses Muster im Entoderm. In der Gastrula wird *gata* als Ring um die Blastoporus-Region exprimiert. Während der Entwicklung der Planularlarve und dem Metamorphosestadium zum Primärpolypen beschränkt sich die *gata* Expression auf acht longitudinale Streifen entlang der Körperachse vom Blastoporus zur Fußregion in den Bereichen, wo sich die Anlagen der Mesenterien befinden. Aufgeklappte Polypen und Querschnitte adulter Polypen von *Nematostella* zeigen, dass *gata* weiterhin in den Mesenterien exprimiert wird. Detaillierte Aufnahmen der Schnitte zeigen deutlich, dass *gata* fast im gesamten Mesenterium ausgenommen der Retraktormuskulatur exprimiert wird (Abbildung 34A-J).

Eine Expressionsanalyse durch *in situ* Hybridisierung zeigt eine Akkumulation der *MyHC* Expression in der Planularlarve in den Bereichen der zukünftigen Tentakeln. Während der weiteren Entwicklung der Planularlarve zum Primärpolypen dehnt sich die *MyHC* Expression von der Blastoporus Region bis zum aboralen Ende in den Anlagen der acht Mesenterien. In Primärpolypen wird *MyHC* entodermal in den Tentakeln und in den Mesenterien exprimiert (Abbildung 34K-O).



**Abbildung 34:** Räumliche Expressionsanalyse mittels *in situ*-Hybridisierung. Vergleich der Expressionen von *gata* (A-J) und *MyHC* (K-O) in Planularlarven und Primärpolypen. *Gata* wird zunächst um den Blastoporus exprimiert, die Expression beschränkt sich mit weiterer Entwicklung immer mehr auf den Bereich der späteren Mesenterien. Auch *MyHC* wird in den zukünftigen Mesenterien und, additiv, in den Tentakeln exprimiert. Größenstandard gültig für alle Bilder: 100µm.

Aufgeklappte und Querschnitte adulter Polypen von *Nematostella* zeigen, dass die *MyHC* Expression auf die Tentakel und Mesenterien begrenzt bleibt. Die Querschnitte zeigen deutlich eine Lokalisierung von *MyHC* an der Basis eines jeden Mesenteriums, in der sogenannten „Rosettenstruktur“, ebenso wie in der Retraktormuskulatur in der Mitte der Mesenterien.

Die Expressionen von *gata* und *MyHC* ähneln sich, sie sind beide in den Mesenterien lokalisiert. Die Schnittpräparate zeigen aber deutlich, dass die Expressionen in unterschiedlichen Geweben im Mesenterium stattfinden. Während die Expression von *gata* früher startet und auf weitere Gewebe innerhalb des Mesenteriums zutrifft, wird *MyHC* ausschließlich in den Bereichen der Muskulatur exprimiert. Ein Vergleich zeigt, dass beide Gene in scheinbar komplementären Mustern exprimiert werden (Abbildung 36A,D,G und B,E,H).

## Visualisierung von F-Actin durch Phalloidin

Die vom Grünen Knollenblätterpilz (*Amanita phalloides*) stammenden Phallotoxine, insbesondere das Phalloidin, schädigen die Zellen lebender Organismen durch deren Aufnahme in das Cytoplasma und Bindung an Actinfilamente (Wieland und Govindan, 1974; Faulstich et al., 1975). Diese Eigenschaft wurde verwendet, um F-Actin von *Nematostella vectensis* durch eine Färbung mit fluoreszenzmarkiertem Phalloidin sichtbar zu machen und damit den Nachweis von Muskelgewebe zu erbringen.

Unterschiedliche Entwicklungsstadien von *Nematostella* wurden mit fluoreszenzmarkiertem Phalloidin behandelt um die Entwicklung der Muskulatur in den Tieren zu detektieren. Die Färbungen implizieren, dass das muskuläre F-Actin während der Metamorphose von Planularlarve zum Primärpolypen zunächst im Bereich der späteren Tentakeln und im ersten auswachsenden Mesenterienpaar gebildet wird. In Primärpolypen, wo die Mesenterien noch nicht soweit ausgewachsen sind, um den Körper zu unterteilen, ist das muskuläre Actin an der Basis der acht auswachsenden Mesenterien lokalisiert, die sich von den Tentakeln bis zum Fuß strecken. Konfokale Bilder zeigen, dass die Muskelfibrillen in der Körperwand rundherum orientiert sind, sie liegen senkrecht zur parietalen Muskulatur an der Basis der Mesenterien und in der Retraktormuskulatur (Abbildung 35).

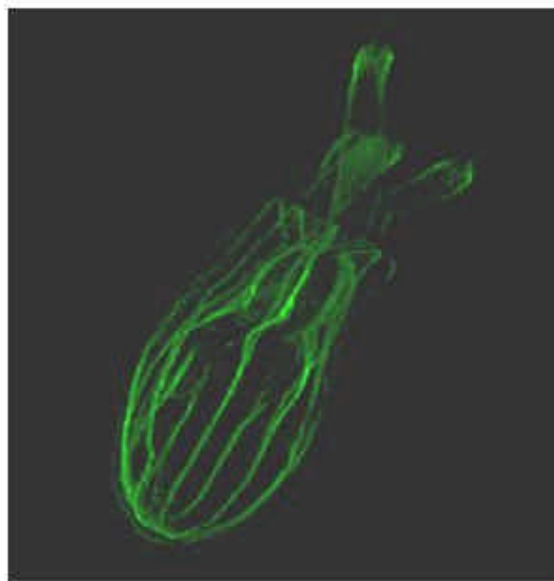
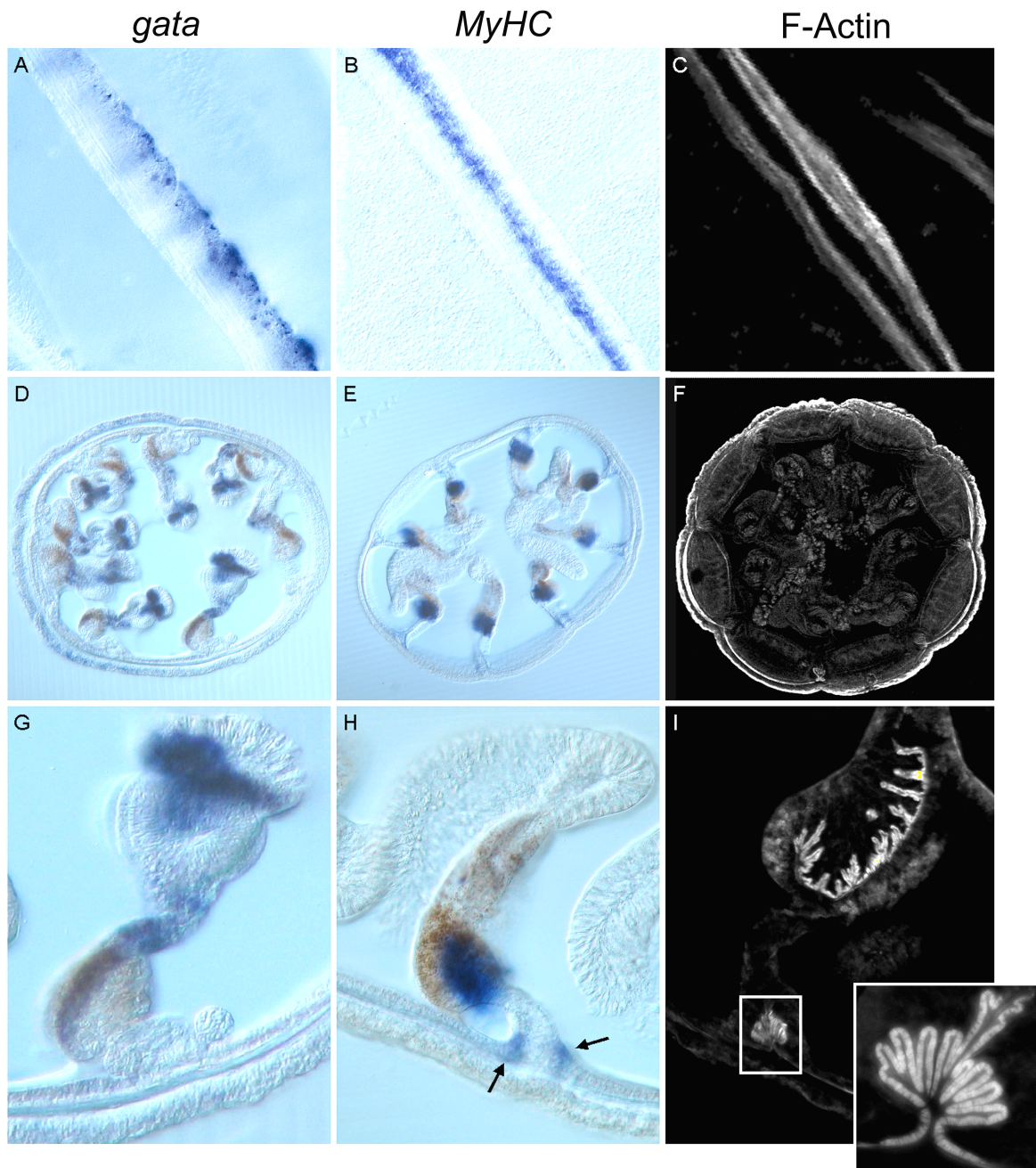


Abbildung 35: Konfokale Aufnahme eines Primärpolypen, angefärbt mit Alexa 488 Phalloidin.

### Vergleich der Expression mit der Lokalisation von F-Actin

Die Schnitte adulter Polypen zeigen eine starke F-Actin Lokalisierung in der Retraktormuskulatur der Mesenterien und an deren Basis, der Rosettenstruktur. Die Verteilung von F-Actin in den mesenterialen Muskeln ist identisch mit der Expression von *MyHC*. Die Phalloidinfärbung macht die Organisation der Muskelzellen innerhalb der Mesenterien deutlicher als die Expressionsmuster der beiden Gene *gata* und *MyHC*. Die Zellen der entodermalen Gewebeschicht der parietalen und retraktalen Muskulatur sind tief mit der Mesogloea verankert. Durch die Anatomie dieser Muskulatur ist damit eine starke Kontraktion des ganzen Tieres gewährleistet (Abbildung 36).



**Abbildung 36:** Vergleich der Expression von *gata* (A,D,G) und *MyHC* (B,E,H) mit der Lokalisierung von F-Actin (C, F, I) in adulten Polypen. A, B und C sind Flat mounts, D, E und F sind Querschnitte und G, H und I Mesenterien adulter Polypen. Die Bilder zeigen, dass die Expressionen von *gata* (A,D,G) und *MyHC* (B,E,H) innerhalb der Mesenterien komplementär sind. Die *MyHC*-Expression konzentriert sich auf den Bereich des Mesenteriums, der auch die Muskelzellen enthält. Dass es sich in diesem Bereich um die Muskulatur handelt, zeigt auch die Phalloidin-Färbung in I. Im Gegensatz dazu wird *gata* im angrenzenden Bereich exprimiert, indem sich keine Muskelzellen befinden.

## 7. Diskussion

Diploblastische Tiere sind früh während der Evolution entstanden, sie besitzen nur eine Körperachse, die oral-aborale. Das Auftreten der zweiten Körperachse, charakteristisch für die Bilaterier, scheint während der Evolution im Tierreich eng mit dem Auftreten des Mesoderms verknüpft zu sein (Technau, 2001). Durch die Evolution des Mesoderms konnten komplizierte Körperbaupläne erst entstehen und somit zur gegenwärtigen Formenvielfalt im Tierreich geführt haben (Technau, 2001). Um dem Zeitpunkt der Entstehung des Mesoderms bzw. der zweiten Körperachse während der Evolution näherzukommen, untersucht man Organismen, die bereits vor diesen Ereignissen evolvierten. *Nematostella vectensis* ist ein solcher Organismus und wurde aus diesem Grund in den letzten Jahren als Modellorganismus für die Molekular- und Entwicklungsbiologie etabliert. Während ein Schwerpunkt der *Nematostella*-Forschung auf den molekularbiologischen Grundlagen der Entwicklung liegt, ist die Histologie und Gewebestruktur des Tieres noch weitgehend unbekannt. Eine histologische Studie sollte demnach den Zugang für ein zelluläres Verständnis des Organismus ermöglichen und die Basis für die Interpretation der molekularbiologischen Ergebnisse bilden. Da im Rahmen dieser Arbeit mesoderm- bzw. muskelspezifische Gene isoliert und charakterisiert wurden, beschränken sich die histologischen Studien auf die Muskulatur von *Nematostella*, insbesondere ihrer Entwicklung in den Mesenterien.

### **Histologische Grundlagen der Muskelentstehung in *Nematostella vectensis***

Die Edwardsiidae – Exoten innerhalb der Anthozoen

*Nematostella vectensis* gehört innerhalb der Anthozoen zu den Hexacoralliern, Familie: Edwardsiidae, die Tentakelanzahl und die Anzahl der Mesenterien der Tiere beträgt sechs oder ein Vielfaches davon. Der Gastralraum von *Nematostella* ist aber nur durch acht Mesenterien unterteilt, ein Charakteristikum, das die Edwardsiidae auszeichnet. Die histologischen Studien haben gezeigt, dass die acht Mesenterien in vier Paaren auswachsen. Die Mesenterien des ersten Paares entwickeln sich asymmetrisch

gegenüberliegend. Ein zweites und drittes Paar wird in der Regel neben dem ersten Paar, ein letztes Paar wird neben dem zweiten Paar gebildet.

Abbildung 37 zeigt die Anordnung der Mesenterien und Muskelfahnen (Retraktormuskulatur) in *Nematostella* (Abbildung 37D) im Vergleich zu anderen Hexacoralliern (Abbildung 37A-C). Nach Daly et al. (2003) gibt es drei verschiedene Möglichkeiten der Anordnung der Mesenterien in Hexacoralliern: Unpaare Paare, paarig-monomorphe Paare sowie paarig-dimorphe Paare. Die histologische Analyse der Mesenterienanordnung in *Nematostella* hat gezeigt, dass die acht Mesenterien immer vollständig und paarig-monomorph sind. Die Anordnung der Muskelfahnen (Abbildung 37D) zeigt, dass die Retraktormuskulatur von drei Paaren in die gleiche Richtung läuft. Ein Paar hat die Retraktormuskulatur entgegengesetzt gerichtet. Häufig liegt im Bereich entgegengesetzter Muskelfahnen ein oder mehrere Siphonoglyphen. Anhand der histologischen Analyse konnte jedoch keine eindeutige Aussage darüber getroffen werden, wo und wie viele Siphonoglyphen in *Nematostella* vorhanden sind.

Da die meisten Hexacorallier durch ein juveniles Stadium mit acht Mesenterien gehen (wie im adulten *Nematostella* Polypen), könnte *Nematostella* eine pädomorphe Art sein, d.h. eine Art, die eine phänotypische Ausprägung larvaler oder juveniler Merkmale in adulten Tieren zeigt. Die asymmetrische Abfolge in der Bildung der Mesenterien sowie die einseitige Anordnung der Retraktormuskeln von *Nematostella* unterstützt die Hypothese, dass Cnidarier, insbesondere Anthozoen eine ursprüngliche Bilateralsymmetrie aufweisen, die in abgeleiteten Klassen, z.B. den Hydrozoen und Scyphozoen durch die charakteristische Radiärsymmetrie abgelöst wird.

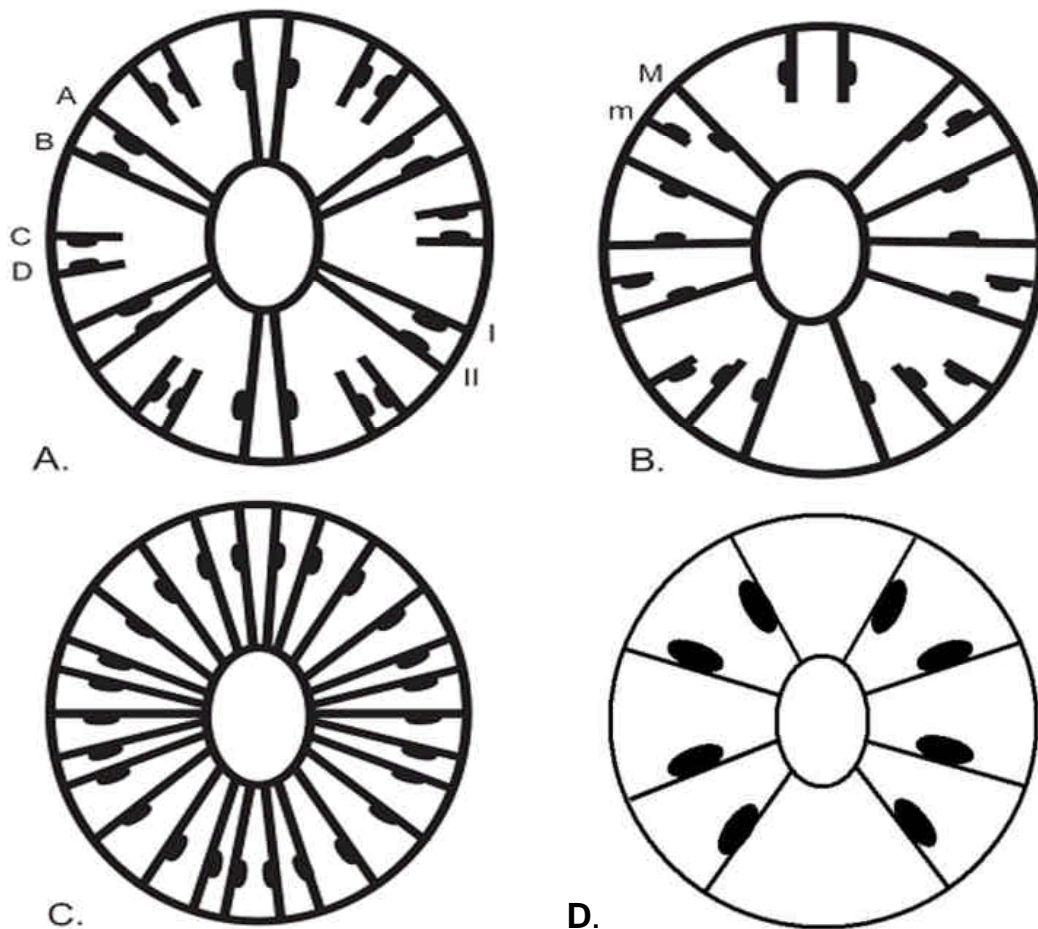


Abbildung 37: Schema der Querschnitte von Hexacoralliern (Daly et al. 2003) im Vergleich zum *Nematostella*-Querschnitt (D). Die Ovale zeigen die Lage der Retraktormuskulatur entweder links oder rechts innerhalb des Mesenteriums. A zeigt eine für Actiniaria, Scleractinia und Corallimorpharia, B zeigt eine für Zoanthidae, C eine für Cerantharia typische Anordnung. Die Buchstaben innerhalb der Bilder weisen auf die Art der Mesenterien hin: A,B,I und II sind vollständige, C und D unvollständige Mesenterien. A und B, C und D, I und II sind paarig; I und II sind mit A und B gepaart. M und m sind dimorphe Mesenterien.

### Die Funktion der Mesenterienmuskulatur

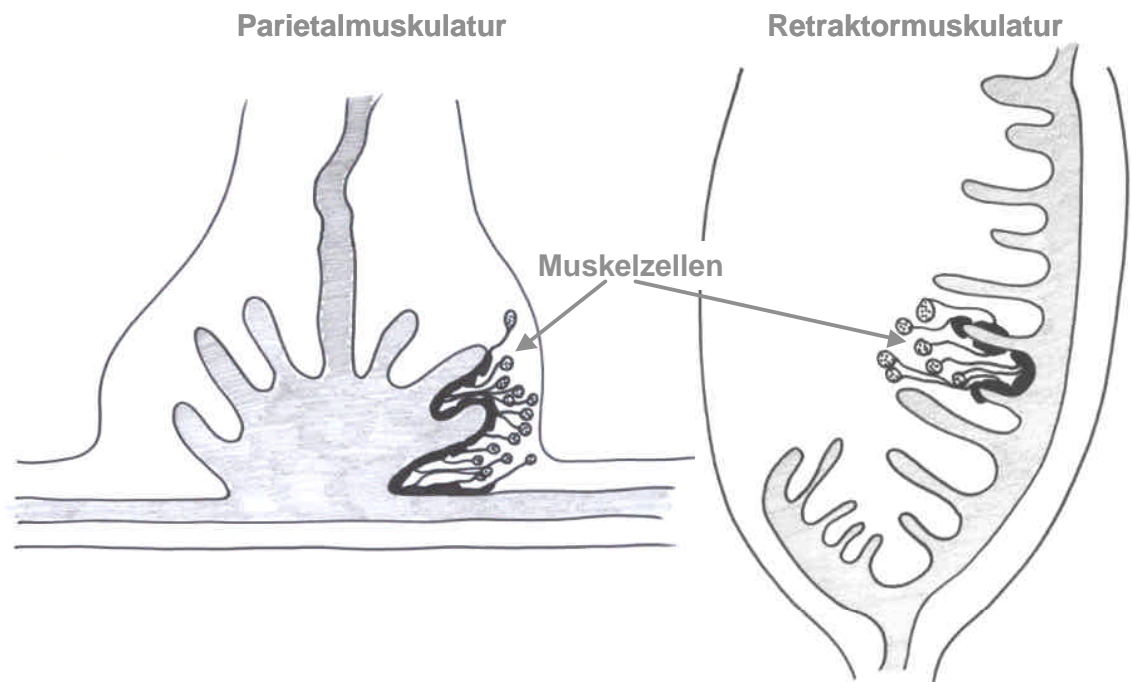
Die Mesenterien haben unterschiedliche Funktionen. Zum einen wird die Oberfläche, die zur Atmung und Verdauung benötigt wird, vergrößert. Andererseits besitzen sie organähnliche Funktionen. Die entodermale Retraktor- und Parietalmuskulatur, die Gonaden und das Verdauungssystem des Tieres sind in den Mesenterien lokalisiert. Gerade die Muskulatur spielt für den Polypen eine wichtige Rolle, da das fehlende knochenbasierte Skelett durch ein hydrostatisches Skelett ersetzt werden muss. Die



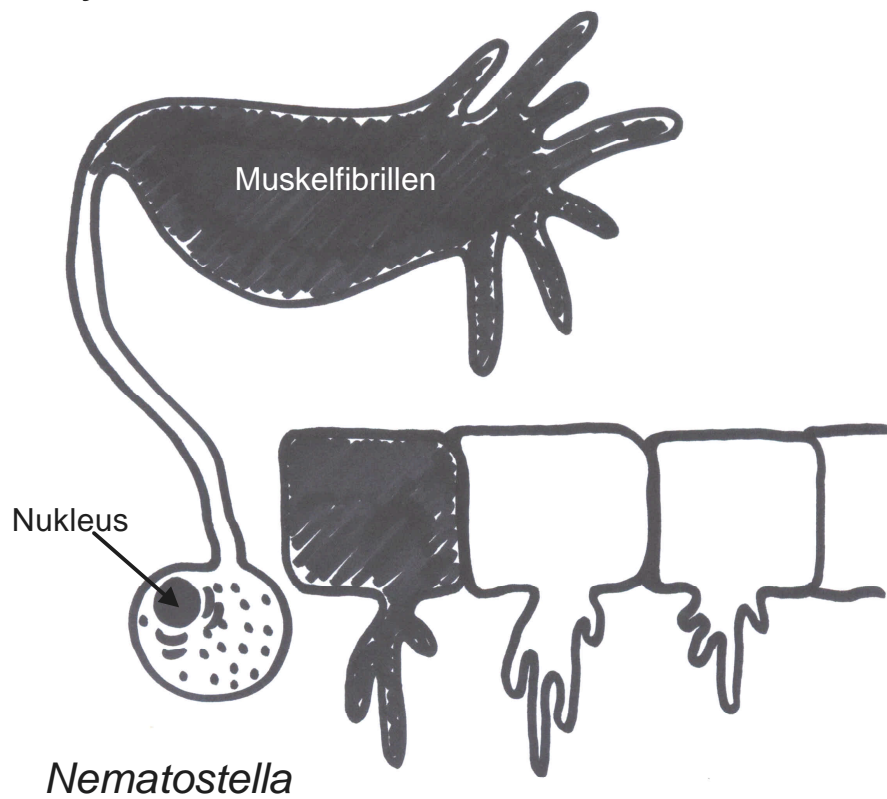
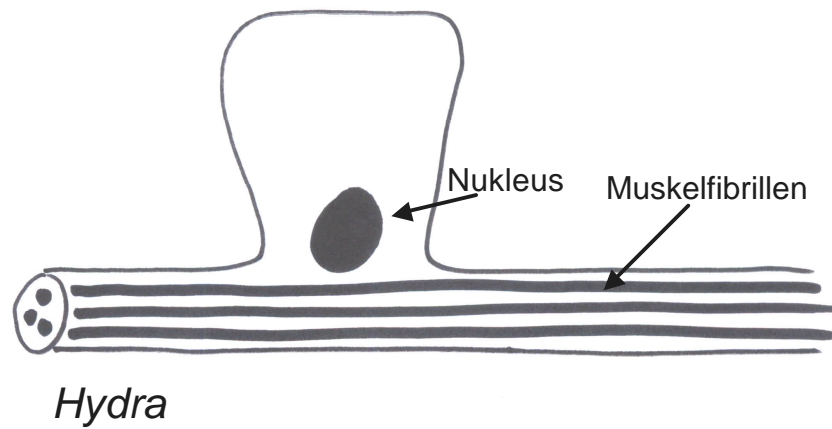
Aufrechterhaltung des hydrostatischen Drucks kann nur durch das Zusammenspiel der longitudinalen Muskulatur und der Ringmuskulatur gewährleistet werden. Der Polyp hat damit die Möglichkeit, auf Fraßfeinde, Strömungen und Beute zu reagieren.

### Die Muskelzellen von *Nematostella* sind stark abgewandelt

Die starke Retraktormuskulatur liegt zwischen der Basis und dem distalen Ende eines Mesenteriums, verläuft longitudinal und befähigt den Polypen zur Kontraktion. Im adulten Tier liegen die Muskelzellen auf einer Seite des Mesenteriums und sind über fingerförmige Fortsätze mit der Mesogloea verankert. Die Muskelzellen der Parietalmuskulatur haben die gleiche Form, sind aber an der Basis des Mesenteriums lokalisiert und in einer Rosette angeordnet. Die Parietalmuskulatur geht direkt in die entodermale Ringmuskulatur über, die dem Polypen die Möglichkeit gibt, das hydrostatische Skelett aufrechtzuerhalten. Da die Parietalmuskulatur longitudinal orientiert ist, findet im Übergang ein Polaritätswechsel der Muskelfasern statt. Der Hauptteil dieser Art der Epithelmuskelzellen wird von gebündelten Muskelfasern gebildet, der Zellkörper ist nur noch als Appendix vorhanden (Abbildung 38). Die Form der adulten Muskelzellen von *Nematostella* unterscheidet sich stark von den Epithelmuskelzellen der Hydrozoen, wie z.B. *Hydra* (Abbildung 39). An der Basis der Epithelmuskelzellen von *Hydra* befinden sich die Muskelfasern, die aber den geringsten Teil der Zelle ausmachen. Der Hauptteil wird von der eigentlichen Epithelzelle mit ihren Organellen gebildet. Die Muskelzellen von *Nematostella* haben im Gegensatz dazu einen stark reduzierten Zellkörper. Auch die fingerförmigen, mesogloearen Verankerungen, wie sie bei *Nematostella* auftreten, fehlen bei *Hydra*. Zum einen kann diese Form der Epithelmuskelzellen wie sie bei Anthozoen auftritt, eine abgewandelte, vielleicht auch angepasste Variante zu sein, die den Tieren eine bessere, schnellere Reaktion auf ihre Umwelt ermöglicht. Nicht aber handelt es sich bei dieser Ableitung um eine phylogenetische Weiterentwicklung im Bauplan der Cnidarier. Dass es sich bei den Anthozoen um die basalste Gruppe innerhalb der Cnidarier handelt, ist mittlerweile unumstritten (Bridge et al., 1992; 1995; Collins et al., 2005; 2006). Jedoch sind die Arten innerhalb der Anthozoen so divers, dass es schwer ist, Aussagen über die phylogenetische Bedeutung bzw. Evolution von Merkmalen zu treffen. Gerade die Edwardsiidae könnten eine Gruppe zu sein, die sich an die Standortbedingungen des Brackwassers angepasst hat.



**Abbildung 38: Muskelzellenanordnung innerhalb der Parietal- und Retraktormuskulatur. Der muskuläre Teil der Zelle liegt sowohl innerhalb der Parietalmuskulatur als auch der Retraktormuskulatur an den Einstülpungen der Mesogloea, der zelluläre Teil ragt in das Entoderm hinein.**



**Abbildung 39:** Vergleich zwischen Epithelmuskelzellen von *Hydra* und *Nematostella*. Die Epithelmuskelzellen von *Nematostella* sind differenzierter als die von *Hydra*. Der muskuläre Teil der Zelle weist zahlreiche Einstülpungen auf, die mit der Mesogloea verankert sind.

## Mesodermale Vorläuferzellen oder Interstitielle Zellen bilden das Muskelgewebe

Anthozoen generieren die Zellen der Retraktor- und Parietalmuskulatur aus entodermalen Epithelzellen. Wie diese Zellen aussehen und wann die Differenzierung der Epithelzellen zu Muskelzellen stattfindet, ist schwer zu sagen. Die histologischen Daten, insbesondere die Semi- und Ultradünnschnitte der Larvenstadien und Primärpolypen zeigen aber, dass es zu diesem Entwicklungszeitpunkt einen Zelltypen gibt, der im adulten Stadium fehlt und aus dem sich möglicherweise mehrere Zelltypen differenzieren. Ähnliche Zellen wurden in Planula-Stadien anderer Seeanemonen gefunden. In *Anthopleura elegantissima* soll es sich bei diesen Zellen um sensorische Zellen bzw. Nervenvorläuferzellen handeln (Chia und Koss, 1979). Zumindest Muskelzellen werden in höheren Tieren aus dem Mesoderm gebildet. Ein einfacher Bilaterier, der Annelid *Owenia fusiformis*, besitzt während des Larvenstadiums am analen Ende ein sogenanntes mesodermales Band mit drei unterschiedlichen mesodermalen Zellen (Rieger und Ladurner, 2003) aus denen z.B. Muskelzellen entstehen. Diese Zellen sind den Zellen, die in Planularlarven von *Nematostella* identifiziert wurden, sehr ähnlich. Die Frage, ob es sich bei diesen Zellen tatsächlich um eine Art Stammzellsystem wie bei der Hydrozoe *Hydra* handelt, konnte im Rahmen dieser Arbeit nicht beantwortet werden.

## Die genetische Steuerung der Entwicklung der Muskulatur in *Nematostella vectensis*

Zunächst wurde die Entwicklung von *Nematostella*, insbesondere der Muskulatur, histologisch untersucht. Um herauszufinden, wie diese Entwicklung genetisch gesteuert wird, wurden muskelspezifische Kandidatengene isoliert und charakterisiert.

### Der Zinkfinger Transkriptionsfaktor GATA

Parallel zur Arbeitsgruppe von Mark Martindale wurde ein *gata*-Homolog aus *Nematostella vectensis* isoliert. RACE-Experimente führten zu zwei GATA-Proteinen mit einer Länge von 422AS und 490AS. Invertebraten haben häufig mehrere GATA-Faktoren, die entweder der GATA-1,2,3- oder GATA-4,5,6-Familie zugeordnet werden (Pandolfi et al., 1995; Pevny et al., 1991; Tsai et al., 1994; Lowry und Atchley, 2000). Innerhalb der Vertebraten wurden sechs GATA-Faktoren identifiziert (Evans und Felsenfeld, 1989;

Kelley et al., 1993; Laverriere et al., 1994; Tsai et al., 1989; Yamamoto et al., 1990). Um herauszufinden, ob auch *Nematostella* mehr als einen GATA-Faktor besitzt, wurden zunächst beide *Nematostella*-GATA (NvGATA)-AS-Sequenzen miteinander verglichen, um festzustellen, ob es sich um zwei verschiedene Proteine handelt. Der Vergleich mit der genomischen Sequenz ergab, dass es sich um denselben GATA-Faktor handelt. Jedoch ist das erste Exon des Gens ein extended Exon, das unterschiedliche 3' Splice-Seiten besitzt. Durch alternatives Splicen resultieren demnach zwei Proteine mit unterschiedlichen Längen. Um festzustellen, ob die Splice-Varianten differentiell exprimiert werden, wurde mit flankierenden Primern, die sowohl die kurze als auch die längere *gata*-Sequenz einschlossen, eine stadienspezifische RT-PCR durchgeführt. Dabei wurde noch eine dritte Splice-Variante identifiziert, die eine weitere Variante des extended Exon darstellt. Alle Splice-Varianten wurden in allen Stadien exprimiert, es gab keinen differentiellen Unterschied. Das Alignment der NvGATA(490AS) und NvGATA(422AS) mit Maus-GATA-2 zeigt, dass sich auch in dem Indel-Sequenzabschnitt einzelne, konservierte AS befinden. Ob die beiden Gene unterschiedlicher Länge auch unterschiedliche Expressionen haben, wurde durch *in situ*-Hybridisierung mit 200bp-Sonden getestet. Es konnten aber keine abweichenden Expressionen für die Splice-Varianten detektiert werden. (Saina und Technau, persönliche Mitteilung). Ein Alignment des Indel-Bereichs mit seinen Introngrenzen mit genomischen *gata*-Sequenzen anderer Organismen hat gezeigt, dass die Intronpositionen zu *gata*-1,2,3-Faktoren konserviert sind. Das könnte ein Hinweis darauf sein, dass beide Gene unterschiedliche Funktionen haben. Funktionell könnten sich beide Moleküle derart unterscheiden, wie es bei beiden Familien, GATA-1,2,3 und GATA-4,5,6, in höheren Tieren der Fall ist. Möglicherweise spielt ein GATA-Faktor in der Muskeldifferenzierung die entscheidende Rolle, der andere aber in einem anderen Kontext, der bei *Nematostella* aber noch in keiner phänotypischen Merkmalsausbildung resultiert sondern nur eine Art Vorläufermolekül darstellt. Oder aber, es handelt sich bei einem der beiden Gene um ein Pseudogen, also eine Splice-Variante ohne Funktion. Angesichts dessen, dass das ein häufiges Vorkommen in höheren Tieren ist, wäre diese Möglichkeit nicht ausgeschlossen.

## Die Evolution von *Nematostella*-GATA

Die Sequenzanalyse ergab eine Zugehörigkeit von *Nematostella*-gata zur Unterfamilie der GATA-1,2,3 Proteine. Weder durch PCR noch durch Analyse des Genoms (NCBI trace archive) konnte ein Homolog der GATA-4,5,6 Unterfamilie aus *Nematostella* isoliert werden. Wir nehmen daher an, dass ein Homolog der GATA-4,5,6 Unterfamilie während der Evolution in *Nematostella* verlorengegangen ist. Eine alternative Hypothese ist, dass das GATA-Homolog aus *Nematostella* eine ancestrale Form der GATA-Familien darstellt und dass die GATA-Faktoren höherer Tiere daraus evolvierten. Lowry und Atchley (2000) zeigen in ihrer Arbeit, dass es evtl. einen Unterschied in der Evolution der GATA-Faktoren der Invertebraten und Vertebraten gegeben hat. GATA-Faktoren in Vertebraten evolvierten über Genduplikation, in Invertebraten über *Exon shuffling*, die Rekombination genetischer Module zwischen Genen, die nicht miteinander verwandt sind (zusammengefasst in Gilbert, 1978). Innerhalb der Deuterostomier könnte es demnach zwei gemeinsame Vorfahren gegeben haben da auch zwei GATA-Unterfamilien vorkommen (Lowry und Atchley; 2000).

## Der Muskelmarker Myosin heavy chain

Ein C-terminales Fragment von *MyHC* wurde aus einem EST-screen verschiedener embryonaler Stadien isoliert. Die cDNA wurde aus verschiedenen Teilen zusammengesetzt. Ein Vergleich der genomischen Sequenz mit der cDNA-Sequenz ergab, dass 36 Exons für ein Protein kodieren, dass aus 1988AS besteht. Das *Nematostella MyHC*-Homolog ähnelt, ebenso wie das *Podocoryne*-Homolog, mehr der Herz- und gestreiften Muskulatur von Invertebraten und Vertebraten. Die konservierte Region in der Sarkomer-Anordnung gestreifter Muskulatur befindet sich nicht nur bei *Podocoryne* (Schuchert et al., 1993), auch in *Nematostella* konnte diese konservierte Region nachgewiesen werden (Abbildung 40). Im *MyHC* glatter Muskulatur fehlt diese Sequenz.

1571	<i>Nematostella</i> muscle MHC	EELQTALEEEAEGALEQEEGKLLKI
277	<i>Podocoryne</i> striated muscle MHC	EELQIALEEEAEEAALGEEGKVLKV
1535	Scallop striatd muscle MHC	EELQAALAAAEGALEQEEAKVMRA
1538	Human cardiac muscle MHC	MELQSALEEEAASLEHEEGKILRA
1539	Human fast skeletal muscle MHC	ADIQLALEEEAEEAALHEEEAKILKV

**Abbildung 40: Konservierte Region in der Sarkomer-Sequenz verschiedener Organismen. Obwohl es sich bei der Muskulatur in *Nematostella* nicht um klassische, gestreifte Muskulatur handelt, beinhaltet die *Nematostella* MyHC-Sequenz die für gestreifte Muskulatur charakteristische Sarkomer-Struktur.**

### Expressionsanalyse von *gata* und *MyHC*

*Gata* wird in allen Stadien der Entwicklung exprimiert, ist allerdings in *in situ* Hybridisierungen erst ab dem frühen Larvenstadium lokalisierbar. Hier findet seine Expression restriktiv in dem Bereich im Entoderm statt, in dem im Primärpolypen die Mesenterien gebildet werden. Meine Expressionsdaten weichen dabei etwas von denen von Martindale et al. (2004) ab, eine panentodermale Expression gefunden haben. Da die Sequenzen der Sonden identisch waren, vermute ich, dass unterschiedliche Sensitivitäten dafür verantwortlich sind, dass Martindale et al., (2004) das hier klar dokumentierte Streifenmuster der Mesenterienanlagen nicht detektiert haben. Das Expressionsmuster von *gata* in *Nematostella* deutet auf eine Rolle während der frühen Musterbildung der Mesenterien hin. Da sich innerhalb der Mesenterien entodermale Epithelzellen weiter zu Retraktormuskelzellen differenzieren, ist es wahrscheinlich, dass auch *gata* in die Regulation der Muskeldifferenzierung der Mesenterien involviert ist. Diese Annahme wird von der Tatsache gestützt, dass die Expression des Muskelmarkergens *MyHC* mit der Expression von *gata* sowohl zeitlich als auch räumlich überlappt. Die Analyse der Expression von *gata* und *MyHC* in adulten Polypen zeigt aber ein komplementäres Muster in den Mesenterien. Dieses Ergebnis könnte darauf hinweisen, dass *gata* in adulten Polypen die Muskeldifferenzierung negativ reguliert, indem es die Muskeldifferenzierung im gesamten Mesenterium unterdrückt, exklusive in dem Bereich, der *MyHC* exprimiert. Versuche, diese Hypothese durch die Injektion von Antisense-Morpholino-Oligos zu testen, brachte keinen Phänotyp (Daten nicht gezeigt).

### Das Muskelsystem von *Nematostella vectensis*

Bei einigen wenigen Cnidariern z.B. wurde Muskelgewebe identifiziert, das mit der gestreiften Muskulatur der höheren Tiere vergleichbar ist (Seipel und Schmid, 2005; Amerongen und Peteya, 1980). Es ist bekannt, dass die Muskeln der Seeanemonen meist langsam kontrahieren, während es einige wenige Tiere gibt, deren Muskeln langsam und schnell kontrahieren (Batham und Panthin, 1954; Ross, 1957; Robson und Josephson, 1969; Josephson, 1974). Amerongen und Peteya (1980) zeigten, dass die langsamen und schnellen Muskelkontraktionen im Muskelsystem der freischwimmenden Seeanemonen *Stomphia* und *Aiptasia* durch zwei morphologisch unterschiedliche Muskelfasern verursacht werden. Die Fasern werden als A- und B-Typ bezeichnet, wobei es sich beim A-Typ um Fasern handelt, die eine Sarkomerorganisation eingehen und demnach eine schnelle, phasische Kontraktion verursachen können. Typ-B Fasern haben dagegen eine eher zufällige Anordnung, wie sie sich bei der glatten Muskulatur wiederfindet und die zu einer tonischen Kontraktion führt.

Die freischwimmende Hydrozoe *Podocoryne carnea* besitzt gestreifte Muskulatur (Schuchert et al., 1993; Schmid et al., 1998; Seipel und Schmid, 2005). Deren Zellen exprimieren *MyHC*, das dem *MyHC* gestreifter Muskulatur von Invertebraten und Vertebraten ähnlicher ist als dem der glatten Muskulatur (Schuchert et al., 1993). *Nematostella* ist im Gegensatz zu *Podocoryne carnea* ein nicht freischwimmender Organismus, die Polypen graben sich mit ihrem Fuß in das Substrat ein und sind weitgehend sessil. Die histologischen Studien der Ultrastruktur der Muskulatur juveniler und adulter *Nematostella*-Polypen zeigen deutlich, dass es sich hierbei um glatte Fasern handelt. Eine quergestreifte Muskulatur, wie sie von Vertebraten oder freischwimmenden Cnidariern bekannt ist, konnte hier nicht identifiziert werden. Während sich in *Stomphia* und *Aiptasia* zwei unterschiedliche Muskelfasern auch anteilmäßig auf verschiedene Körperbereiche der Tiere verteilen (Amerongen und Peteya, 1980), wurde bei *Nematostella* nur ein Typ Muskelfaser identifiziert. Das Vorhandensein von nur einem Typ Muskelfaser könnte durchaus einen Hinweis darauf geben, dass gestreifte Muskulatur erst nach der Evolution der Anthozoen, insbesondere der Familie Edwardsiidae, evolvierte. Das Auftreten gestreifter Muskulatur und die damit verbundene Expression von *MyHC* könnte sich jedoch erst mit der Mobilität (d.h. mit der Evolution der Meduse und dem damit



verbundenen Generationswechsel) später evolvierter Klassen entwickelt zu haben. Die Ähnlichkeit des *Nematostella MyHC*-Homologs zu *MyHCs* gestreifter Muskulatur von Invertebraten und Vertebraten könnte einen sehr frühen Ursprung des *MyHCs* implizieren und auf eine frühere Divergenz innerhalb der Evolution innerhalb der Cnidarier hinweisen. Interessanterweise fehlen im *Nematostella*-Genom etliche der für ansonsten spezifisch an gestreifte Muskulatur assoziierte Protein kodierenden Gene. Da das Gen-Repertoire von *Nematostella* weitaus komplexer als das von *Hydra* und anderen Hydrozoen ist, könnte dies ein Hinweis darauf sein, dass die gestreifte Muskulatur in Hydrozoen konvergent entstanden ist, vorausgesetzt, diese Gene lassen sich auch in Hydrozoen nicht identifizieren.

### GATA und der evolutionäre Ursprung der Muskeldifferenzierung

Die Entwicklung von Herz-, glatter- und gestreifter Muskulatur wurden in *Drosophila* und Vertebraten genau untersucht. In Vertebraten sind GATA-Faktoren für die Muskeldifferenzierung essentiell (Bodmer und Venkatesh, 1998). GATA-4, welches im Herz und in Gewebe entodermalen Ursprungs exprimiert wird, bindet an DNA Sequenzelemente des *MyHC*-Gens und reguliert dessen Expression (Arceci et al., 1993; Buttrick et al., 1993). Demnach war es von großem Interesse, herauszufinden, ob das *Nematostella*-GATA-Homolog ebenso die Expression von *MyHC* beeinflusst. *MyHC* wird neben den Mesenterien auch noch in den Tentakeln exprimiert, eine *gata* Expression wurde hier aber nicht lokalisiert. Das deutet daraufhin, dass auch andere Transkriptionsfaktoren das Expressionsmuster von *MyHC* beeinflussen. Ein Kandidatengene, das muskelspezifische *LIM* wurde von Martindale et al., (2004) in *Nematostella* identifiziert.

### Ein Netzwerk „mesodermaler“ Gene in Cnidariern

Bereits vorangegangene Charakterisierungen „mesodermaler“ Gene in Cnidariern (Technau und Bode, 1999; Scholz und Technau, 2003; Spring et al., 2000, 2001; Seipel et al., 2004; Martindale et al., 2004; Fritzenwanker et al., 2004) können mit den Ergebnissen des molekularen Teils dieser Arbeit ergänzt werden. Daraus ergibt sich das hypothetische

Schema eines molekularen Netzwerks von Genen, welches im Laufe der Evolution von Diploblasten zu höheren Triploblasten konserviert wurde (Abbildung 41).

### „Mesodermale“ Gene in Diploblasten und Muskeldifferenzierung

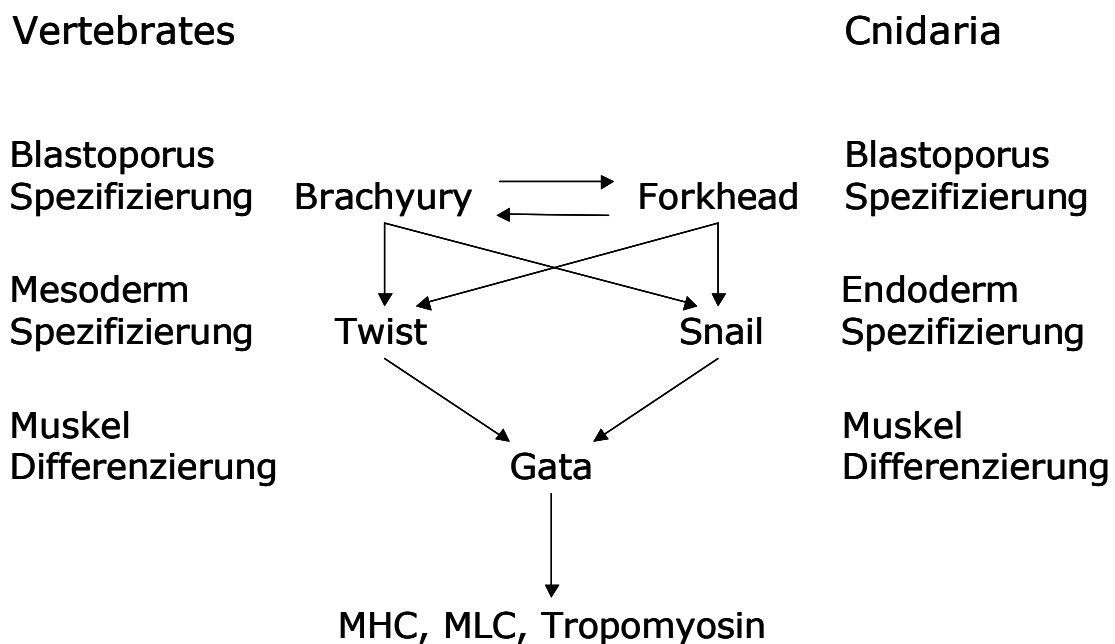


Abbildung 41: Hypothetisches Schema eines Netzwerks "mesodermaler" Gene in Cnidariern (nach U. Technau). Die mesodermalen Marker Brachyury, Forkhead, Twist und Snail haben wahrscheinlich einen Einfluss auf die Expression von *gata*, das seinerseits wiederum die Expression von *MyHC* reprimiert.

Während der Evolution der Bilaterier gewannen diese Gene im Kontext der Mesodermentstehung und Mesodermdifferenzierung zunehmend an Bedeutung. Einige dieser Gene, wie z.B. *gata* bilden Synexpressions-Gruppen mit muskelspezifischen Genen. Diese Tatsache legt nahe, dass diese Gene möglicherweise auch einen direkten Einfluss auf die Differenzierung des Muskelgewebes haben, dem Hauptderivat des Mesoderms.

### Die Evolution mesodermaler Gene

Daten vorheriger Arbeiten und dieser Arbeit zeigen deutlich, dass mesodermale Gene bereits vor dem Mesoderm evolviert sind. Viele der hoch-konservierten Kontrollgene, die in der Embryonalentwicklung höherer Tiere eine Rolle spielen, finden sich auch bei

Cnidariern (Technau und Bode, 1999; Martindale et al., 2004; Fritzenwanker et al., 2004; Kusserow et al., 2005).

Zellen der gestreiften Muskulatur in Cnidariern sind ein Beispiel für differenzierte Zelltypen, die, wie auch in Bilateriern, Gene wie *MyHC* und *Tropomyosin* exprimieren (Schuchert et al., 1993; Gröger et al., 1999; Yanze et al., 1999). Cnidarier besitzen auch Neurone, die ähnliche Funktionen und Charakteristika haben wie die Nervenzellen von Bilateriern, glatte Muskelzellen, licht-sensitive Zellen oder Zellen, die für die Verdauung wichtig sind (zusammengefasst von Mackie, 1990). Viele Gene, die während der Differenzierung von Geweben eine wichtige Rolle spielen, werden von Bilateriern und Cnidariern geteilt, andere findet man ausschließlich bei Bilateriern (Erwin und Davidson, 2002).

Die wingless (Wnt)-Familie z.B., ist eine von sechs Familien von Signal-Molekülen, die in zahlreiche Prozesse der embryonalen Entwicklung der Bilaterier involviert sind. Kusserow et al. (2005) haben gezeigt, dass elf von zwölf Wnt-Subfamilien, die aus Chordaten bekannt sind, auch in *Nematostella* vorkommen und dass die meisten dieser Gene eine übereinstimmende Expression entlang der oral-aboralen Achse zeigen. Dagegen finden sich in nur sechs der zwölf Wnt-Familien in den beiden Vertretern der Protostomier, *Drosophila* und *Caenorhabditis*. *Nematostella* und andere Cnidarier besitzen eine ungeahnte genetische Komplexität (Miller et al., 2005; Technau et al., 2005; Rentzsch et al., 2006; Chourrout et al., 2006). Für den gemeinsamen Vorfahren der Metazoen könnte demnach ähnliches gelten.

Gerade die Entwicklung dieser Vorläuferzellen zu Muskelzellen könnte während der Evolution von Diploblasten zu Triploblasten, bzw. der Evolution des Mesoderms und der Bilaterier eine entscheidende Rolle gespielt haben. Der Vorteil für den ancestralen Bilaterier, „Mesoderm zu bilden“, könnte durchaus die daraus gewonnene Fähigkeit zur Richtungskontrolle der Bewegung als auch ein dafür notwendiges, komplexes Muskelsystem, die Skelettmuskulatur, gewesen sein (Salvini-Plawen und Splechtna, 1979).

## 8. Ausblick

Der Schwerpunkt der histologischen Arbeit lag auf der Entwicklung der Muskulatur bzw. der ausgewachsenen Muskulatur innerhalb der Mesenterien. Die Mesenterien sind aber nicht nur Ort der Muskulatur, sie besitzen Gewebestrukturen für mannigfaltige Aufgaben. In dieser Arbeit wurden die Gonaden und der Verdauungsapparat erwähnt. Für die Zukunft könnte eine komplette „Kartierung“ des Organismus *Nematostella* angestrebt werden.

Innerhalb der molekularbiologischen Arbeit wurde eine GFP-Reporterkonstrukt hergestellt, das einen Teil des *MyHC*-Promoters enthält. Das Konstrukt wurde von Eduard Renfer aus dem Labor von Ulrich Technau in *Nematostella*-Zygoten injiziert. Über ein Drittel der Embryonen exprimierten GFP, der Promoter wurde also angeschaltet. Desweiteren soll in naher Zukunft getestet werden, wie sich eine Koinjektion mit der mRNA von *gata* verhält. Die Hypothese, dass GATA die Bildung von *MyHC* unterbindet, also als negativer Regulator fungiert, würde verifiziert, wenn nach einer Koinjektion die Expression von *MyHC* verzögert wird oder ganz ausbleibt.

Außerdem soll getestet werden, ob die beiden unterschiedlichen Splice-Varianten von *Nvgata* auch eine Differenz im Expressionsmuster zeigen. Dazu müssen zwei Sonden hergestellt werden, eine mit und eine ohne das Indel. Unterschiede im Expressionsmuster könnten ein Hinweis darauf sein, dass es auch funktionelle Unterschiede gibt.

Zur Bildung der Muskulatur von *Nematostella* sind natürlich nicht nur diese wenigen Gene nötig. Zur weiteren Untersuchung der Entwicklung der Muskulatur müssen zusätzliche Kandidatengene identifiziert und analysiert werden. Der Einfluss schon identifizierter, mesodermaler Gene, wie z.B. *mef*, *twist* oder *snail* könnte getestet werden um ein „Schaltbild“ der Interaktion der mesodermalen Gene zu bekommen.

## 9. Literatur

- Altschul,S.F., Madden,T.L., Schaffer,A.A., Zhang,J.H., Zhang,Z., Miller,W., and Lipman,D.J.** (1997). Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs. *Nucleic Acids Research* **25**, 3389-3402.
- Amerongen,H.M. and Peteya,D.J.** (1976). The ultrastructure of the muscle system of *Stomphia coccinea*. In: *Coelenterate Ecology and Behaviour* 541-547.
- Amerongen,H.M. and Peteya,D.J.** (1980). Ultrastructural-Study of 2 Kinds of Muscle in Sea-Anemones - the Existence of Fast and Slow Muscles. *Journal of Morphology* **166**, 145-154.
- Arceci,R.J., King,A.A., Simon,M.C., Orkin,S.H., and Wilson,D.B.** (1993). Mouse GATA-4: a retinoic acid-inducible GATA-binding transcription factor expressed in endodermally derived tissues and heart. *Mol. Cell Biol.* **13**, 2235-2246.
- Batham,E.J. and Pantin,C.F.A.** (1951). The Organization of the Muscular System of *Metridium-Senile*. *Quarterly Journal of Microscopical Science* **92**, 27-&.
- Batham,E.J. and Pantin,C.F.A.** (1954). Slow Contraction and Its Relation to Spontaneous Activity in the Sea-Anemone *Metridium-Senile* (L). *Journal of Experimental Biology* **31**, 84-103.
- Bodmer,R. and Venkatesh,T.V.** (1998). Heart development in *Drosophila* and vertebrates: Conservation of molecular mechanisms. *Developmental Genetics* **22**, 181-186.
- Boelsterli,U.** (1977). An electron microscopic study of early developmental stages, myogenesis, oogenesis and cnidogenesis in the anthomedusa, *Podocoryne carnea* M. Sars. *J. Morphol.* **154**, 259-289.
- Bridge,D., Cunningham,C.W., Schierwater,B., DeSalle,R., and Buss,L.W.** (1992). Class-level relationships in the phylum Cnidaria: evidence from mitochondrial genome structure. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A* **89**, 8750-8753.
- Bridge,D., Cunningham,C.W., DeSalle,R., and Buss,L.W.** (1995). Class-level relationships in the phylum Cnidaria: molecular and morphological evidence. *Mol. Biol. Evol.* **12**, 679-689.
- Buckingham,M.** (2001). Skeletal muscle formation in vertebrates. *Current Opinion in Genetics & Development* **11**, 440-448.
- Buttrick,P.M., Kaplan,M.L., Kitsis,R.N., and Leinwand,L.A.** (1993). Distinct behavior of cardiac myosin heavy chain gene constructs in vivo. Discordance with in vitro results. *Circ. Res.* **72**, 1211-1217.
- Chia,F.S. and Koss,R.** (1979). Fine-Structural Studies of the Nervous-System and the Apical Organ in the Planula Larva of the Sea-Anemone *Anthopleura-Elegantissima*. *Journal of Morphology* **160**, 275-&.
- Chourrout,D., Delsuc,F., Chourrout,P., Edvardsen,R.B., Rentzsch,F., Renfer,E., Jensen,M.F., Zhu,B., de,J.P., Steele,R.E. et al.** (2006). Minimal ProtoHox cluster inferred from bilaterian and cnidarian Hox complements. *Nature* **442**, 684-687.

- Collins,A.G.** (1998). Evaluating multiple alternative hypotheses for the origin of Bilateria: an analysis of 18S rRNA molecular evidence. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A* **95**, 15458-15463.
- Collins,A.G., Cartwright,P., McFadden,C.S., and Schierwater,B.** (2005). Phylogenetic context and basal metazoan model systems. *Integrative and Comparative Biology* **45**, 585-594.
- Collins,A.G., Schuchert,P., Marques,A.C., Jankowski,T., Medina,M., and Schierwater,B.** (2006). Medusozoan phylogeny and character evolution clarified by new large and small subunit rDNA data and an assessment of the utility of phylogenetic mixture models. *Syst. Biol.* **55**, 97-115.
- Daly,M., Lipscomb,D.L., and Allard,M.W.** (2002). A simple test: evaluating explanations for the relative simplicity of the Edwardsiidae (Cnidaria: Anthozoa). *Evolution Int. J. Org. Evolution* **56**, 502-510.
- Daly,M.** (2002). A systematic revision of Edwardsiidae (Cnidaria, Anthozoa). *Invertebrate Biology* **121**, 212-225.
- Daly,M., Lipscomb,D.L., and Allard,M.W.** (2002). A simple test: evaluating explanations for the relative simplicity of the Edwardsiidae (Cnidaria: Anthozoa). *Evolution Int. J. Org. Evolution* **56**, 502-510.
- Durocher,D. and Nemer,M.** (1998). Combinatorial interactions regulating cardiac transcription. *Developmental Genetics* **22**, 250-262.
- Eisenberg,E. and Greene,L.E.** (1980). Relation of Muscle Biochemistry to Muscle Physiology. *Annual Review of Physiology* **42**, 293-309.
- Erwin,D.H. and Davidson,E.H.** (2002). The last common bilaterian ancestor. *Development* **129**, 3021-3032.
- Evans,R.M. and Hollenberg,S.M.** (1988). Zinc fingers: gilt by association. *Cell* **52**, 1-3.
- Evans,T. and Felsenfeld,G.** (1989). The erythroid-specific transcription factor Eryf1: a new finger protein. *Cell* **58**, 877-885.
- Faulstich,H.** (1975). Amanita Poisoning. *Deutsche Medizinische Wochenschrift* **100**, 1714.
- Fautin,D.G. and Mariscal,R.N.** (1991). Cnidaria: Anthozoa. In *Microscopic Anatomy of Invertebrates*. pp. 267-358. Wiley-Liss.
- Frank,P.G. and Bleakney,J.S.** (1978). Asexual Reproduction, Diet, and Anomalies of Anemone *Nematostella-Vectensis* in Nova-Scotia. *Canadian Field-Naturalist* **92**, 259-263.
- Fritzenwanker,J.H. and Technau,U.** (2002). Induction of gametogenesis in the basal cnidarian *Nematostella vectensis*(Anthozoa). *Dev. Genes Evol.* **212**, 99-103.
- Fritzenwanker,J.H., Saina,M., and Technau,U.** (2004). Analysis of forkhead and snail expression reveals epithelial-mesenchymal transitions during embryonic and larval development of *Nematostella vectensis*. *Dev. Biol.* **275**, 389-402.
- Gajewski,K., Kim,Y., Lee,Y.M., Olson,E.N., and Schulz,R.A.** (1997). D-mef2 is a target for Tinman activation during *Drosophila* heart development. *Embo Journal* **16**, 515-522.

- Harrington,W.F. and Rodgers,M.E.** (1984). Myosin. *Annual Review of Biochemistry* **53**, 35-73.
- Harvey,R.P.** (1996). NK-2 homeobox genes and heart development. *Developmental Biology* **178**, 203-216.
- Heikinheimo,M., Scandrett,J.M., and Wilson,D.B.** (1994). Localization of transcription factor GATA-4 to regions of the mouse embryo involved in cardiac development. *Dev. Biol.* **164**, 361-373.
- Ip,H.S., Wilson,D.B., Heikinheimo,M., Tang,Z., Ting,C.N., Simon,M.C., Leiden,J.M., and Parmacek,M.S.** (1994). The GATA-4 transcription factor transactivates the cardiac muscle-specific troponin C promoter-enhancer in nonmuscle cells. *Mol. Cell Biol.* **14**, 7517-7526.
- Jiang,Y. and Evans,T.** (1996). The Xenopus GATA-4/5/6 genes are associated with cardiac specification and can regulate cardiac-specific transcription during embryogenesis. *Dev. Biol.* **174**, 258-270.
- Jiang,Y., Tarzami,S., Burch,J.B., and Evans,T.** (1998). Common role for each of the cGATA-4/5/6 genes in the regulation of cardiac morphogenesis. *Dev. Genet.* **22**, 263-277.
- Jones,D.T., Taylor,W.R., and Thornton,J.M.** (1992). The Rapid Generation of Mutation Data Matrices from Protein Sequences. *Computer Applications in the Biosciences* **8**, 275-282.
- Josephson,R.K.** (1974). Factors affecting muscle activation in the hydroid Tubularia. *Biol. Bull.* **147**, 594-607.
- Kelley,C., Blumberg,H., Evans,T., and Zon,L.** (1993). Gata-4 Is An Early Marker of Cardiovascular Development and Is Expressed in Endocardial Cells. *Journal of Cellular Biochemistry* **191**.
- Kelley,C., Blumberg,H., Zon,L.I., and Evans,T.** (1993). GATA-4 is a novel transcription factor expressed in endocardium of the developing heart. *Development* **118**, 817-827.
- Komuro,I. and Izumo,S.** (1993). Csx: a murine homeobox-containing gene specifically expressed in the developing heart. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A* **90**, 8145-8149.
- Kuo,C.T., Morrissey,E.E., Anandappa,R., Sigrist,K., Lu,M.M., Parmacek,M.S., Soudais,C., and Leiden,J.M.** (1997). GATA4 transcription factor is required for ventral morphogenesis and heart tube formation. *Genes Dev.* **11**, 1048-1060.
- Kusserow,A., Pang,K., Sturm,C., Hroudá,M., Lentfer,J., Schmidt,H.A., Technau,U., von,H.A., Hobmayer,B., Martindale,M.Q. et al.** (2005). Unexpected complexity of the Wnt gene family in a sea anemone. *Nature* **433**, 156-160.
- Laverriere,A.C., MacNeill,C., Mueller,C., Poelmann,R.E., Burch,J.B., and Evans,T.** (1994). GATA-4/5/6, a subfamily of three transcription factors transcribed in developing heart and gut. *J. Biol. Chem.* **269**, 23177-23184.
- Lin,Q., Lu,J., Yanagisawa,H., Webb,R., Lyons,G.E., Richardson,J.A., and Olson,E.N.** (1998). Requirement of the MADS-box transcription factor MEF2C for vascular development. *Development* **125**, 4565-4574.

- Lints,T.J., Parsons,L.M., Hartley,L., Lyons,I., and Harvey,R.P.** (1993). Nkx-2.5: a novel murine homeobox gene expressed in early heart progenitor cells and their myogenic descendants. *Development* **119**, 419-431.
- Lompre,A.M., Nadal-Ginard,B., and Mahdavi,V.** (1984). Expression of the cardiac ventricular alpha- and beta-myosin heavy chain genes is developmentally and hormonally regulated. *J. Biol. Chem.* **259**, 6437-6446.
- Lowry,J.A. and Atchley,W.R.** (2000). Molecular evolution of the GATA family of transcription factors: conservation within the DNA-binding domain. *J. Mol. Evol.* **50**, 103-115.
- Lyons,G.E., Schiaffino,S., Sassoon,D., Barton,P., and Buckingham,M.** (1990). Developmental regulation of myosin gene expression in mouse cardiac muscle. *J. Cell Biol.* **111**, 2427-2436.
- Lyons,G.E., Ontell,M., Cox,R., Sassoon,D., and Buckingham,M.** (1990). The expression of myosin genes in developing skeletal muscle in the mouse embryo. *J. Cell Biol.* **111**, 1465-1476.
- Mackie,G.O.** (1990). The Elementary Nervous-System Revisited. *American Zoologist* **30**, 907-920.
- Magie,C.R., Pang,K., and Martindale,M.Q.** (2005). Genomic inventory and expression of Sox and Fox genes in the cnidarian *Nematostella vectensis*. *Development Genes and Evolution* **215**, 618-630.
- Martin,D.I. and Orkin,S.H.** (1990). Transcriptional activation and DNA binding by the erythroid factor GF-1/NF-E1/Eryf 1. *Genes Dev.* **4**, 1886-1898.
- Martindale,M.Q., Pang,K., and Finnerty,J.R.** (2004). Investigating the origins of triploblasty: 'mesodermal' gene expression in a diploblastic animal, the sea anemone *Nematostella vectensis* (phylum, Cnidaria; class, Anthozoa). *Development* **131**, 2463-2474.
- Medina,M., Collins,A.G., Silberman,J.D., and Sogin,M.L.** (2001). Evaluating hypotheses of basal animal phylogeny using complete sequences of large and small subunit rRNA. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A* **98**, 9707-9712.
- Miller,D.J., Ball,E.E., and Technau,U.** (2005). Cnidarians and ancestral genetic complexity in the animal kingdom. *Trends in Genetics* **21**, 536-539.
- Molkentin,J.D. and Markham,B.E.** (1994). An M-CAT binding factor and an RSRF-related A-rich binding factor positively regulate expression of the alpha-cardiac myosin heavy-chain gene in vivo. *Mol. Cell Biol.* **14**, 5056-5065.
- Molkentin,J.D., Kalvakolanu,D.V., and Markham,B.E.** (1994). Transcription factor GATA-4 regulates cardiac muscle-specific expression of the alpha-myosin heavy-chain gene. *Mol. Cell Biol.* **14**, 4947-4957.
- Molkentin,J.D. and Olson,E.N.** (1996). Defining the regulatory networks for muscle development. *Curr. Opin. Genet. Dev.* **6**, 445-453.
- Molkentin,J.D. and Olson,E.N.** (1996). Combinatorial control of muscle development by basic helix-loop-helix and MADS-box transcription factors. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A* **93**, 9366-9373.



- Molkentin,J.D., Lin,Q., Duncan,S.A., and Olson,E.N.** (1997). Requirement of the transcription factor GATA4 for heart tube formation and ventral morphogenesis. *Genes Dev.* **11**, 1061-1072.
- Morkin,E.** (2000). Control of cardiac myosin heavy chain gene expression. *Microsc. Res. Tech.* **50**, 522-531.
- Newman,C.S. and Krieg,P.A.** (1998). tinman-related genes expressed during heart development in Xenopus. *Dev. Genet.* **22**, 230-238.
- Omichinski,J.G., Trainor,C., Evans,T., Gronenborn,A.M., Clore,G.M., and Felsenfeld,G.** (1993). A Small Single-Finger Peptide from the Erythroid Transcription Factor Gata-1 Binds Specifically to Dna As A Zinc Or Iron Complex. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* **90**, 1676-1680.
- Pandolfi,P.P., Roth,M.E., Karis,A., Leonard,M.W., Dzierzak,E., Grosveld,F.G., Engel,J.D., and Lindenbaum,M.H.** (1995). Targeted disruption of the GATA3 gene causes severe abnormalities in the nervous system and in fetal liver haematopoiesis. *Nat. Genet.* **11**, 40-44.
- Peterson,K.J. and Eernisse,D.J.** (2001). Animal phylogeny and the ancestry of bilaterians: inferences from morphology and 18S rDNA gene sequences. *Evolution & Development* **3**, 170-205.
- Pevny,L., Simon,M.C., Robertson,E., Klein,W.H., Tsai,S.F., D'Agati,V., Orkin,S.H., and Costantini,F.** (1991). Erythroid differentiation in chimaeric mice blocked by a targeted mutation in the gene for transcription factor GATA-1. *Nature* **349**, 257-260.
- Rentzsch,F., Anton,R., Saina,M., Hammerschmidt,M., Holstein,T.W., and Technau,U.** (2006). Asymmetric expression of the BMP antagonists chordin and gremlin in the sea anemone *Nematostella vectensis*: Implications for the evolution of axial patterning. *Dev. Biol.*
- Rieger,R.M. and Ladurner,P.** (2003). The significance of muscle cells for the origin of mesoderm in bilateria. *Integrative and Comparative Biology* **43**, 47-54.
- Robbins,J.** (1996). Regulation of cardiac gene expression during development. *Cardiovasc. Res.* **31 Spec No**, E2-16.
- Robson,E.A. and Josephson,R.K.** (1969). Neuromuscular properties of mesenteries from the sea-anemone metridium. *J. Exp. Biol.* **50**, 151-168.
- Ross,D.M.** (1957). The Action of Tryptamine and 5-Hydroxytryptamine on Muscles of Sea Anemones. *Experientia* **13**, 192-194.
- Rudnicki,M.A., Schnegelsberg,P.N.J., Stead,R.H., Braun,T., Arnold,H.H., and Jaenisch,R.** (1993). MyoD Or Myf-5 Is Required for the Formation of Skeletal-Muscle. *Cell* **75**, 1351-1359.
- Salvini-Plaven,L. and Splechtna,H.** (1979). On the origin and evolution of the lower metazoa. *Z. f. Zool. Systematik Evolutionsforschung* **16**, 40-88.
- Sanger,F., Nicklen,S., and Coulson,A.R.** (1977). DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S A* **74**, 5463-5467.

- Sarras, M.P., Jr., Meador, D., and Zhang, X.M.** (1991). Extracellular matrix (mesoglea) of *Hydra vulgaris*. II. Influence of collagen and proteoglycan components on head regeneration. *Dev. Biol.* **148**, 495-500.
- Sarras, M.P., Jr., Madden, M.E., Zhang, X.M., Gunwar, S., Huff, J.K., and Hudson, B.G.** (1991). Extracellular matrix (mesoglea) of *Hydra vulgaris*. I. Isolation and characterization. *Dev. Biol.* **148**, 481-494.
- Sassoon, D.A., Garner, I., and Buckingham, M.** (1988). Transcripts of alpha-cardiac and alpha-skeletal actins are early markers for myogenesis in the mouse embryo. *Development* **104**, 155-164.
- Schmidt, H.A., Strimmer, K., Vingron, M., and von Haeseler, A.** (2002). TREE-PUZZLE: maximum likelihood phylogenetic analysis using quartets and parallel computing. *Bioinformatics* **18**, 502-504.
- Scholz, C.B. and Technau, U.** (2003). The ancestral role of Brachyury: expression of *NemBra1* in the basal cnidarian *Nematostella vectensis* (Anthozoa). *Dev. Genes Evol.* **212**, 563-570.
- Schuchert, P., Reber-Muller, S., and Schmid, V.** (1993). Life stage specific expression of a myosin heavy chain in the hydrozoan *Podocoryne carnea*. *Differentiation* **54**, 11-18.
- Seipel, K., Yanze, N., and Schmid, V.** (2004). Developmental and evolutionary aspects of the basic helix-loop-helix transcription factors Atonal-like 1 and Achaete-scute homolog 2 in the jellyfish. *Dev. Biol.* **269**, 331-345.
- Seipel, K. and Schmid, V.** (2005). Evolution of striated muscle: jellyfish and the origin of triploblasty. *Dev. Biol.* **282**, 14-26.
- Spring, J., Yanze, N., Middel, A.M., Stierwald, M., Groger, H., and Schmid, V.** (2000). The mesoderm specification factor twist in the life cycle of jellyfish. *Dev. Biol.* **228**, 363-375.
- Spring, J., Yanze, N., Josch, C., Middel, A.M., Winninger, B., and Schmid, V.** (2002). Conservation of Brachyury, Mef2, and Snail in the myogenic lineage of jellyfish: a connection to the mesoderm of bilateria. *Dev. Biol.* **244**, 372-384.
- Stephenson, T.A.** (1928). *The British Sea Anemones, Volume I.*
- Stephenson, T.A.** (1935). *The British Sea Anemones Volume II.*
- Suzuki, Y., Makino, A., and Mae, T.** (2001). An efficient method for extraction of RNA from rice leaves at different ages using benzyl chloride. *J. Exp. Bot.* **52**, 1575-1579.
- Tanaka, M., Kasahara, H., Bartunkova, S., Schinke, M., Komuro, I., Inagaki, H., Lee, Y., Lyons, G.E., and Izumo, S.** (1998). Vertebrate homologs of tinman and bagpipe: roles of the homeobox genes in cardiovascular development. *Dev. Genet.* **22**, 239-249.
- Teakle, G.R. and Gilmartin, P.M.** (1998). Two forms of type IV zinc-finger motif and their kingdom-specific distribution between the flora, fauna and fungi. *Trends Biochem. Sci.* **23**, 100-102.
- Technau, U. and Bode, H.R.** (1999). *HyBra1*, a Brachyury homologue, acts during head formation in *Hydra*. *Development* **126**, 999-1010.

- Technau,U.** (2001). Brachyury, the blastopore and the evolution of the mesoderm. *Bioessays* **23**, 788-794.
- Technau,U. and Holstein,T.W.** (2003). Towards an analysis of the genome and transcriptome of the basal cnidarian *Nematostella vectensis*. *Integrative and Comparative Biology* **43**, 889.
- Technau,U. and Scholz,C.B.** (2003). Origin and evolution of endoderm and mesoderm. *International Journal of Developmental Biology* **47**, 531-539.
- Technau,U., Rudd,S., Maxwell,P., Gordon,P.M., Saina,M., Grasso,L.C., Hayward,D.C., Sensen,C.W., Saint,R., Holstein,T.W. et al.** (2005). Maintenance of ancestral complexity and non-metazoan genes in two basal cnidarians. *Trends Genet.* **21**, 633-639.
- Tsai,F.Y., Keller,G., Kuo,F.C., Weiss,M., Chen,J.Z., Rosenblatt,M., Alt,F.W., and Orkin,S.H.** (1994). An Early Hematopoietic Defect in Mice Lacking the Transcription Factor Gata-2. *Nature* **371**, 221-226.
- Tsai,S.F., Martin,D.I., Zon,L.I., D'Andrea,A.D., Wong,G.G., and Orkin,S.H.** (1989). Cloning of cDNA for the major DNA-binding protein of the erythroid lineage through expression in mammalian cells. *Nature* **339**, 446-451.
- Tsang,A.P., Visvader,J.E., Turner,C.A., Fujiwara,Y., Yu,C., Weiss,M.J., Crossley,M., and Orkin,S.H.** (1997). FOG, a multitype zinc finger protein, acts as a cofactor for transcription factor GATA-1 in erythroid and megakaryocytic differentiation. *Cell* **90**, 109-119.
- Vanpraet,M.** (1977). Histocytological Study of *Hoplantzia-Durotrix* Gosse (Anthozoa, Scleractiniaria). *Annales des Sciences Naturelles-Zoologie et Biologie Animale* **19**, 279-299.
- Visvader,J.E., Crossley,M., Hill,J., Orkin,S.H., and Adams,J.M.** (1995). The C-terminal zinc finger of GATA-1 or GATA-2 is sufficient to induce megakaryocytic differentiation of an early myeloid cell line. *Mol. Cell Biol.* **15**, 634-641.
- Wieland,T., JORDANDE.MP, Indest,H., FAULSTIC.H, Gieren,A., Sturm,M., and Hoppe,W.** (1974). Components of Green Deathcap Toadstool, *Amanita-Phalloides* .45. Absolute-Configurations of Toxic and Nontoxic Phalloidin Sulfoxide and of Amatoxins. *Annalen der Chemie-Justus Liebig* 1570-1579.
- Yamamoto,M., Ko,L.J., Leonard,M.W., Beug,H., Orkin,S.H., and Engel,J.D.** (1990). Activity and tissue-specific expression of the transcription factor NF-E1 multigene family. *Genes Dev.* **4**, 1650-1662.
- Yang,H.Y. and Evans,T.** (1992). Distinct roles for the two cGATA-1 finger domains. *Mol. Cell Biol.* **12**, 4562-4570.
- Yanze,N., Groger,H., Muller,P., and Schmid,V.** (1999). Reversible inactivation of cell-type-specific regulatory and structural genes in migrating isolated striated muscle cells of jellyfish. *Dev. Biol.* **213**, 194-201.
- Yonge,C.M.** (1973). Nature of Reef-Building (Hermatypic) Corals. *Bulletin of Marine Science* **23**, 1-15.

## 10. Anhang

**Verwendete Oligonukleotide**

## Sequenzspezifische Oligonukleotide

Oligonukleotid	Sequenz (5' – 3')	Richtung	Gen
Gata_5'_RACE	GGA GCG ACT TCA ACT CCG CTT	5'	<i>gata</i>
Gata_3'_RACE	TGG GTC TCC ATT CTG GTT	3'	<i>gata</i>
Gata_5'_RACE2	TTG GCG TAG AGA TGG TTC	5'	<i>gata</i>
Gata_3'_RACE2	TTC TGC GCC AGA GAG TGG	3'	<i>gata</i>
Gata_intern_for	AGA GAT GGT TCT GGC CAC TAT	5'	<i>gata</i>
Gata_intern_rev	CTT GAT GAG ATG ACG CTT G	3'	<i>gata</i>
Gata_full_5	ATG GAA ACA GTC AAC TCA GAAC	5'	<i>gata</i>
Gata_full_3	CAA TTT ACA CAC TCT CGA CCG T	3'	<i>gata</i>
Gata_Intron_5	GAG TCC TCC TGG GAG CTG T	5'	<i>gata</i>
Gata_Intron_3	CAC TCT CGA CCG TCT G	3'	<i>gata</i>
MHC_cDNA_1_5'	ATG GAG TTC GAT CCA AAC GAT	5'	<i>MyHC</i>
MHC_cDNA_1_3'	AAG CTG CTC GAA GGA GTT	3'	<i>MyHC</i>
MHC_cDNA_2_5'	GTG TAC TAG ATA TTG CTG G	5'	<i>MyHC</i>
MHC_cDNA_2_3'	ACT GCA GTC GGG GCG AGA	3'	<i>MyHC</i>
MHC_cDNA_3_5'	CCT TCC AAG AGT TCA AGC AG	5'	<i>MyHC</i>
MHC_cDNA_3_3'	GCT TTT GTT TCT GCA GAG TTTC	3'	<i>MyHC</i>
MHC_cDNA_4_5'	TGA TGA TCT CGC TGT CAC T	5'	<i>MyHC</i>
MHC_cDNA_4_3'	TCA GTG GAG TAG TTC CTG G	3'	<i>MyHC</i>
MHC_cDNA_5_5'	GCT GAT CTT GAC AAC TCC CAA	5'	<i>MyHC</i>
MHC_cDNA_5_3'	CTG CTC CAG CTT CTT GAT C	3'	<i>MyHC</i>

Oligonukleotid	Sequenz (5' – 3')	Richtung	Gen
MHC_contig_5'	ATC AAG AAG CTG GAG CAG	5'	<i>MyHC</i>
MHC_contig_3'	CGA GAT GCC GCA CGT CCT	3'	<i>MyHC</i>
MHC_intern_5'	ACT TAC TCC GGT CTC TTT	5'	<i>MyHC</i>
MHC_intern_3'	TGA CCT TCT TTG TGT TCT	3'	<i>MyHC</i>
MHC_Prom_1_5'a	CCT TCC AAG AGT TCA AGC AG	5'	<i>MyHC</i>
MHC_Prom_1_5'b	CAC TGC AGT GTC AGG TCA G	5'	<i>MyHC</i>
MHC_Prom_1_3'	GCT TTT GTT TCT GCA GAG TTT C	3'	<i>MyHC</i>
MHC_Prom_5_intern	TAG ACA CGC GCC TCG TAG	5'	<i>MyHC</i>
MHC_Prom_3_intern	TCC ATT CAA ACA TAC CCG AG	3'	<i>MyHC</i>
MHC_Prom_Spe1	GAC ACT AGT CCG GAT GGG AGC AAA GAA AAA	5'	<i>MyHC</i>
MHC_Prom_BamH1	AGC GGA TCC CTT GAA ACA GTT ATT CTA AAC	3'	<i>MyHC</i>
Act_spez_5	GCT AAC ACT GTC CTG TCT	5'	<i>Actin</i>
Act_spez_3	TGG AAG GTG GAC AGG GAA	3'	<i>Actin</i>

### Degenerierte Oligonukleotide

Oligonukleotid	Sequenz (5' – 3')	Richtung	Gen
Gata5_5outer	MGN GAR TGY GTN AAY TGY GG	5'	<i>gata</i>
Gata5_3outer	CCR CAN GCR TTR CAN ACN GG	3'	<i>gata</i>
Gata5_5inner	GAY GGN ACN GGN CAY TA	5'	<i>gata</i>
Gata5_3inner	GCR TTR CAN ACN GGY TCN CC	3'	<i>gata</i>

## Sequenzen

Die genomischen Sequenzen von *gata* und *MyHC* beinhalten Introns und Exons, Die Exons sind grau unterlegt, der *extended-Exon* Bereich von *gata* ist grün unterlegt. Exon-Intron-Grenzen sind jeweils unterstrichen.

### Genomische *gata*-Sequenz

```

ATGGAACAGTCAACTCAGAACACCGGTGGATTACCCCATCTCAGGCCAACACGACAGTCCCTCACGGAGCAT
CATCCAGCGACAGAATGCAGCCTACAACTGCTCCGGCGGCAGCGTGAATATAGTGGAACCTACACAACCTTCT
ACCGCCAGATGAAGTCGATGTGTTTTCCACCACCTTGACGGATCAGGCAATAGTGGAACCTGGTCATACGCA
GCGGGCCCAAGAGCGTACAGACCGTCCATGTGTCAAATGGCTGCTCACGGGCCACGGCTTTTCAGGACCCGC
AAAGTCAAGCGAGTCCCTCCTGGGAGCTGTAGCAGGGTTTTCTGCCAACAGCGCGCGTTCCTCCGGCAGTCCAGT
GTGCCGTCCGCACTTCCATACTCCAATCCAGTGGATTGAGAGCAAACCAGCGCCGGGTCTACACTGTTCTACC
CCTAGTGCTGCGTCTGTTGGTGTCTCCGTTCCAGCAAAGCCACCGAGGGAACCCAATGGCAGCCAGCGGTG
TGTCTCGGCTAGCGGAGTCTCTCACTCCCTCCAGCCACCTCTTCTCGTTCCTCCGACTCCGCCGAAGGAGAC
GTTTGGCAGCATGGACGGAGGTCTCTCTCCAGCGATTTCTTTCAGTTACGGAGGTGACGACAAGAGATTGAAA
GGGATGCAGTATACCGGTACCCCTCTGCGCGCTGATGTTCCCTCCATTTCGCAGGTTATCCTCCAGCTCTTCCAC
AATACTTTGCTTCAGACCTTAATATGCCAAGTTTTGGGCCGGGAATGCCGGGGATAAATGGCAAATAGAAACTT
AACTCGAACCAGAACCAAGAGCCGTTCAAACCTCAGTTAGTGGAAATGCGAGCCCCAGTGAATCGCTAAAATGT
CTGTTTTCTTTATTGAATTAACACGGTTTTCTGTGATTTAAAACCACCTTCTAGTGAGAACAAAATTGGCTTGCTTT
GAAATTTTTCTAGTGTCTGAAGAATCGTTCTTCCAGGCCTTAATTTTTACCACAAAACGGAACCTCTCCTCTCTG
GTGCACTACAAAATTAAGTGCCTTTTGGTACTTTCCCAAAAAGTTCCGGTCTTTTTCTCTAACGGAGAGGAGTT
GCGCACTTTGAAAAGAGAGGAATTTTGGCTGCGTGTCTGAAAATCGGTTTTTAGTAAAACCTTTTTGACTTTC
AAGTTTTCGCACTTCTCCTGGGGTCACTTTCTCGAATCTTTGATTGGAAACAAACGATGTGTTTGGCCCTCC
TCGACAGCCTTTCTTCTAATTCAACTGCAGTATTAACACTTGGCAATTAGGGGGCATTTCTATACGCGCTAAAC
AATAGGTATTTATTAGTCTGAATAGCACAAAACAGGAGCGCGCCGCAACAGTTACAGATCTACCAGACTTTAG
ACTTCACACGGCTCAAACAAATTTATATTTTTTTCATTAGGAGTATAGGAATAGCGGGCTGTTGTAATAGAAGT
TTATGCGTGTTTTTGCTGCCTTTTCATACAGCAGACGGTCTGAGAGTGTGTAATTTGTGGAGCGACTTCAACTC
CGCTTTGGCGTAGAGATGGTTCTGGCCACTATCTCTGCAACGCGTGTGGACTTTACCATAAAAATGAACGGCTC
TAGTCGACCACTTATCAAGCCCAAACGTAGATTGGTAAGTCAACAAGTTCTTTGCTTTGTAAAAACGCACAGT
GGATCAATAATCTTATCGTGAGGAGAAAAGATTTCCCAAAGCATGACTTGCATCACACCCTAGTGATCACGGAT
AGCTCTACCTAGTGATGACAGCCAGACTTGAAATTTTCCAGAGATTTCTTTATTGCGGATTTCTGGTGTGCTATA
TGTTCCAATCTCTATTGACAACAAGCTATAAGGCTAGTCTCACACCCTCACAAAGACGCAATAACTTACTC
AAGGGATGAGGTTTGGGGTAGTTCAATACGGTTGGAACCTCAAACAGAGTTTTTCCAAGTGATCAGGATATTT
TGTCTCGAGTTTCTGACACGAGTCCAAACGCTCATCACAAGCGGTACTACTGTGACTCACGTGTCTGTCGTA
TTCAAACCATGCAACAATCAGAGTAAACAGCTTAGTTTGTCTTTTCAAATGTTTTTACAATCACTCTCGGGTTA
TATCTCAACGATTTATGTCTTTATTTTGTCTCGATACGCAGTCCGCCGCCCGTCCGGCAGGAACGTCTTGCG
CCAACTGCCACACAACCCAGACCCTCTCTGGCGCAGAAACCAGAATGGAGACCCAGTTTGCAACGCCTGTGG
ACTCTATTGGAAGCTCCATGCTGTAAGTACACCGACGAGGCATTGTAGATGGGTACTTTTTCTCTCTGCGAG
TAAATGAGATGAGACTAATAGAGAGGCGAGATAAGATACAGCGGATAAGATCCGACTATATCGCAATCACAC
TATTAGTCCTAATGGGCGCGGTGATAAAACAAATATATCTCCCAAGAAAACCTCGACTCATATGGAGCCTCTT
GTTTGGCGCGAATCCCTAAGCGCTCTTGGCCGTGAAAGAAGTCTAGGCCCTTCTGTGTGCCACATTTCCCTG
AAAAGAACCGTGATGGAATTAATACGCGCATTAATAATTGAGGGTATATTTTTGCCGGTGTACACCTCAAGCC
GTTTCGCTTTGGCTAATTTCTGTTAGCAGTGCCTTTTGGCAGGCCGTTATTTTCGATTATACGCTATTACAAAG
CCCTCCAATTAGTCTATACATCGATGTGTGATTTAATACCAATATCCTGTATTTGAACTGCACCTTCCCTTAG
TATTTACCACAGCAACTTCCGATGTTTTTACCCTAATAATGTTTTTCAAACTTTGGTTATTCGAGACTTTGA
GAAGGCTTCGCTCATTTTTCCAAAATTAGTACTTTTTTGTCAATTACATTTTAAAGGCTTCGTAAGATCTAATTT
CCAAAAACACAATGTGGGGGAATAAAAGCTACAAATATGGATTATGGAGAAGTGAGATATATTTGTGCTGTGTT
AATGGAATTTTGTGCGTGAATGATTTATAGTGTTCGCTTACTCTTGACCACACGTGGTTGTACGGGCTATTTG
CTAGCCGTTTAGAAGTTATTAGTAAGCGAAGAAAGCTTATATCAAATCACTTTTAGTGTCTATTACAAAATGC
CCCTTCACTTTGGCGCTAGAATTAGCGTCTTTTCGATCGAGTTAATAGCTCGCTTTTGTCTGCGCGTAACATCA

```

AACAAGACAGCCTGTTTCCCAATCGCAACTTTTCGCGTAATGATAATCTTTTTATAAGTGTGATAATCTTTTT  
 ACTGCGGATTCGTGATCAAGTTAAAATCAAACAGATTTTCGATATTCGCTCGAAATTTGGCTTGAATTTTTCG  
 TGTTTATCTTGCTAATGTAATTAAGTAACTGAAACAAAAATCATGTTAAGTAGTCAGAGCATTAAAAATTATAGTAGAC  
 ATTTTCGGAGATAAGCGTGGAAAGAAAAACGCGATAAATCCGCAGCATTCCCTCAGAACGCCCGGTGTGTACTT  
 CTGAATTTTAATTGAAATATAGAAAAATTGCTTTGTTTCGAAGAGCTTAGAATTAATTTCTATTTGTTAGACGT  
 TTCGTTTTGAAGTTTCTCGTAATGAAAGTTCTAGGGCAGGTTTAATACACCTGGATCTATCAGGAATGTCAAT  
 TGTCAGTGCAAGCGTTTTTCTTATTTTTATTTTTTAAAAATTTGGGGAAAGTCACGCATTGTAAGGTATTC  
 AATTGGGCTGTTAACGATGGAAAACTTGAATTCGTGGTTGCTACGAACTGTACCAATTTAAAAGACTAAA  
 CGTAGCTGTGAAGAATCACTTTTTCAGAGTCTCACGACAATTAGTGGACCAGGAATAAAAACTTACATATTC  
 AACGCGAAAAGAAGACAATATGTTACACTTTGCGGAATAATGGCTAAAATCCCTAAAATTTCCCTCAGGTC  
 TTAGGCAGGTTTCAAGTTGTTATTTTACTTTAGTGCAGCTTTTCGATTATACCTTAGGCAAATAATATCCTGGTGAT  
 TAATGTTAAGATGATTAACCTGCTAATCGTAATTGCAATTTAATGACGCACATTTCAAGCGCGACACCATA  
 TTTTACACGGACCCAATCACCAGGAACTAAAAACAGAAAAATAATGAGACTAGTGTGAATTTAACTTAATTT  
 ATCGCTTGTTTTACCAGTTAACCGACCTCTCTCGATGAAGAAGGACGGAATCCAAACCGGTAACCGGAAAGT  
 GTCTTCCAAAAGCAAAAAATAAAAAAAGAATGTGAAGCAAGAACCCTTGGAGATGACCTGAAGCTGAGC  
 TCCTCCAGCCCTTGATGAACCAACAAGCGTCATCTCATCAAGTATATAAGCCCGATGGGACACAATGGCA  
 TACATACCCCTACGGCATTAGTTCGGCCCTCAATGCCCGGGATCCCGGTATCCATCCGGGATATACGGACC  
 TATAATCCCGCTCCGACTAGCAGTGTGGTTCAACGTATAACAGCAGCTCAACACCGCCGTCGTCTTACTCA  
 TCGACGATATGACAAGACTGCAGAGTGAACCTCGGATAATGGCGGTCCATGAAACCGCTCGAGCAAAGAACAC  
 TAAACAGCTCTTGCCCGCTCGCAAGCCGCGCTTTGGCGCAAAAAATAGAACCATATATAAAAAAAACCTCG  
 TGGAAATTATATTATCGCGAAGTTACTCGCGGATGAGGACTTTAGTGACAAGAAGGGTGCAGCTCCAGCGCCTT  
 TGCTAGTTTGATGTTATTAATTTTGTGTTGTCACATCGATGACCACACGTTTGGTACTCGCATACTCCAATG  
 CCGCCGCTTTCAGAGTATAGTTTACTGCGGATTTATGCTGCCACTATCGTTCTTCGTCCATGAATCTTCCCT  
 TGTCCGAATGAGCGATCGCTCTCGACAGGATAAGTTTAAAAGGGCAGAGACATACTGCTAAATATTTAGCC  
 GTTACAGATAAGATAGCTCTGTTATAAAATGAACGGGCACGAGATAAATGTTCTTTTTGCCTCAAGATAAAA  
 ATCCAGGTATTTGATTTTATGATATTTTTTTGTGTAATTAGTTTTATCACGGCTCATATATCATCCAAGGCTA  
 GGACCACGTTTATCCAGAAAGATATACAAGATTGTACAGAAAACCTTTATGAATATATCTACGTCTTCAAGAT  
 TATATAAGAAAAGAAAAAAGTATATCGACGATATCCTGGACGTCAAAAACCTGCAAAGAAATGCAGGCCA  
 TAACCAAGACAGACAACCAAGATTTTCAACGCAGTCTTTTTTCGATAGATCGAAATATCTCTCTTCTAA  
 GACCGAAAATGTATACCAATTATTTATTTGAAATAAAGTTGAAAGATCTGAAATTTT

## Gata Splice-Varianten

>Gata-a

GAGTCCCTCCTGGGAGCTGTAGCAGGGTTTTTCTGCCAACAGCGCGCTTCCCGGCAGTCCAGTGTGCCGTCCG  
 CACTTCCATACTCCAATCCAGTGGATTGAGAGCAAACCAGCGCCGGTCTACACTGTTCTACCCCTAGTGCTG  
 CGTCTGTTTGGTGTCTCCGTTCAGCAAAGCCACCGAGGAAACCAATGGCAGCCAGCGGTGTGTCTCCGGC  
 TAGCGGAGTCTCTACTCCTCCAGCCACCTTCTCGTTCCCTCCGACTCCGCCGAAGGAGACGTTTGGCAGC  
 ATGGACGGAGGTCTCTCTCCAGCGATTTCTTCAGTTACGGAGGTGACGACAAGAGATTGAAAGGGATGCAGT  
 ATACCGGTACCCCTCTGCGCGCTGATGTTCCCTCCATTTCGAGGTTATCCTCCAGCTCTTCCACAATACTTTGC  
 TTCAGACCTTAATATGCCAAGTTTTTGGGCCGGGAATGCCGGGATAATGGCAAATAGAACTTAACTCGAAC  
 AGAACCAAGAGCCGTTCAAACCTCAGCAGaCGGTTCGAGAGTG

>Gata-b

GAGTCCCTCCTGGGAGCTGTAGCAGGGTTTTTCTGCCAACAGCGCGCTTCCCGGCAGTCCAGTGTGCCGTCCG  
 CACTTCCATACTCCAATCCAGTGGATTGAGAGCAAACCAGCGCCGGTCTACACTGTTCTACCCCTAGTGCTG  
 CGTCTGTTTGGTGTCTCCGTTCAGCAAAGCCACCGAGGAAACCAATGGCAGCCAGCGGTGTGTCTCCGGC  
 TAGCGGAGTTtctCACTCCTCCAGCCACCTTCTCGTTCCCTCCGACTCCGCCGAAGGAGACGTTTGGCAGC  
 ATGGACGGAGGTCTCTCTCCAGCGATTTCTTCAGTTACGGAGGTGACGACAAGAGATTGAAAGGGATGCAGT  
 ATACCGGTACCCCTCTGCGCGCTGATGTTCCCTCCatctGCAGACGGTCGATAGTGnaAat

>Gata-c

```
GAGTCCTCCTGGGAGCTGTAGCAGGGTTTTCTGCCAACAGCGCGCGTTCCCGGCAGTCCAGTGTGCCGTCCG
CACTTCCATACTCCAATCTAGTGGATTGAGAGCAAACCAGCGCCGGGTCTACACTGTTCTACCCCTAGTGCTG
CGTCTGTTTGGTGTCTCCGTTCCAGCAAAGCCACCGAGGGAACCCAATGGCAGCCAGCGGTGTGTCTCCGGC
TAGCGGAGTCTCTCACTCCTCCAGCCACCTCTTCTCGTTCCCTCCGACTCCGCCGAAGGAGACGTTTGGCAGC
ATGGACGGAGGTCTCTCTCCAGCGATTTCTTCAGTTACGGAGACGGTTCGAGAGTG
```

## Gata cDNA-Sequenz

Der "Open Reading Frame" (ORF) ist mit den ersten und letzten drei Nukleotiden der Sequenz grau unterlegt.

```
ATGGAAACAGTCAACTCAGAACACCGGTGGATTACCCCATCTCAGGCCAACACGACAGTCCCTCACGGAGCAT
CATCCAGCGACAGAATGCAGCCTACAAACTGCTCCGGCGGCAGCGTGAATATAGTGGAACCTACACAACCTTCT
ACCGCCAGATGAAGTCGATGTGTTTTCCACCACCTTGACGGATCAGGCAATAGTGGAACCTGGTCATACGCA
GCGGGCCCAAGAGCGTACAGACCGTCCATGTGTCAAATGGCTGCTCACGGGCCACGGCTTTTCAGGACCCGC
AAAGTCAAGCGAGTCTCCTGGGAGCTGTAGCAGGGTTTTCTGCCAACAGCGCGCGTTCCCGGCAGTCCAGT
GTGCCGTCCGCACTTCCATACTCCAATCCAGTGGATTGAGAGCAAACCAGCGCCGGGTCTACACTGTTCTACC
CCTAGTGCTGCGTCTGTTTGGTGTCTCCGTTCCAGCAAAGCCACCGAGGGAACCCAATGGCAGCCAGCGGTG
TGTCTCCGGCTAGCGGAGTCTCTCACTCCTCCAGCCACCTCTTCTCGTTCCCTCCGACTCCGCCGAAGGAGAC
GTTTGGCAGCATGGACGGAGGTCTCTCTCCAGCGATTTCTTCAGTTACGGAGGTGACGACAAGAGATTGAAA
GGGATGCAGTATAACCGGTACCCCTCTGCGCGCTGATGTTCCCTCCATTCGCAGGTTATCCTCCAGCTCTTCCAC
AATACTTTGCTTCAGaCCTTAATATGCCAAGTTTTGGGCCGGGAATGCCGGGGATAATGGCAAATAGAACTT
AACTCGAACCAAGAGCCGTTCAAACCTCAGCAGACGGTCGAGAGTGTGTAAATTTGTGGAGTGACTTCA
ACTCCGCTTTGGCGTAGAGATGGTTCTGGCCACTATCTCTGCAACGCGTGTGGACTTTACCATAAAATGAACG
GCTCTAGTCGACCACTTATCAAGCCCAAACGTAGATTGTCCGCCCGCCGTCGGGCAGGAACGCTTTCGCGCAA
CTGCCACACAACCCAGACCACTCTCTGGCGCAGAAACCAGAATGGAGACCCAGTTTGAACGCCTGTGGACTC
TATTGGATGCTCCATGCTGTTAACCGACCTCTCTCGATGAAGAAGGACGGAATCCAAACGCGTAACCGGAAAG
TGTCTTCCAAAAGCAAAAAATAAAAAAAGAATGTGAAGCAAGAACCCAACTTGGAGATGACCTGAAGCTGAG
CTCCTCCAGCCCCTTGATGAACCAAACAAGCGTCATCTCATCAAGTATTATAAGCCCAGTGGGACACAATGGC
ATACATAACCCCTACGGCATTAGTCGGCCCTCAATGCCCGGGATCCCCGGTATCCATCCGGGATTATACGGAC
CTATAATCCCGCTCCGACTAGCAGTGTGTTCAACGTATAACAGCAGCTCAACACCGCCGTCGTCTTACTC
ATCGACGATATGACAAGACTGCAGAGTGAACCTCGGATAATGGCGGTCCATGAAACCGCTCGAGCAAAGAACA
CTAAACAGCTCTTGCCCGCTCGCAAGCCGCGGCTTTGGCGCAAAAAATAGAACCCATATATAAAACAAACCTC
GTGGAATTATATTATCGCGAAGTTACTCGCGGATGAGGACTTTAGTGACAAGAAGGTGCGACTCCAGCGCCT
TTGCTAGTTTGATGTTATTAATTTTGTGTTGACATCGATGACCACACGTTTGGTACTCGCATACGTCCAAT
GCCGCCGCTTCCAGAGTATAGTTTACTGGCGATTATGTCGCCACTATCGTTCTTTCGTCCATGAATCTTCCC
TTGTCCGAATGAGCGATCGCTCTCGACAGGATAAGTTTAAAAGGGCAGAGACATACTGCTAAATATTGTTAGC
CGTTCACGATAAGATAGCTCTGTTATAAAATGAAACGGGCACGAGATAAATGTTCTTTTTTGCCTCAAGATAAA
AATCCAGGTATTTGATTTTATGATATTTTTTTGTGTAATTAGTTTTATCACGGCTCATATATCATCCAAGGCT
AGGACCAGTTCATCCAGAAAAGATATACAAGATTGTACAGAAAACCTTATGAATATATCTACGTCTTCAAGA
TTATATAAGAAAAAGAAAAAAGTATATCGACGATATCCTGGACGTCAAAAACCTGCAAAGAAATGCGGGCC
ATAACAAAAGACAGACAACCCAAAAGATTTTCAACGCAGTCCTTTTTCGATAGATCGAAATATCTCCTCTTCTA
AGACCGAAAATGTATACCAATTATTATTGAAAATAAAGTTGAAAGATCTGAAATTTCAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAA
```



## Gata-Sondensequenz

CGGGAGTGTGTTAATTGTGGAGCGACTTCAACTCCGCTTTGGCGTAGAGATGGTTCTGGCCACTATCTCTGCA  
 ACGCGTGTGGACTTTACCATAAAAATGAACGGGCTCTAGTCGACCCTTATCAAGCCCAAACGTAGATTGTCCGC  
 CGCCCGTCGGGCAGGAACGTCTTGCGCCAACTGCCACACAACCCAGACCCTCTCTGGCGCAGAAACCAGAAT  
 GGAGACCCAGTTTGCAACGCCTGTGGACTCTATTGGATGCTCCATGCTGTTAACCGACCTCTCTCGATGAAGA  
 AGGACGGAAATCCAAACGCCTAACCGGAAAGTGTCTTCCAAAAGCAAAAATAAAAACAAGAATGTGAAGCAAGA  
 ACCCAAACCTTGGAGATGACCTGAAGCTGAGCTCCTCCAGCCCTTGATGAACCAAACAAGCGTCATCTCATCA  
 AGTATTATAAGCCCGATGGGACACAATGGCATAACATACCCCTACGGCATTTAGTCGGCCCTCAATGCCCGGGA  
 TCCCCGGTATCCATCCGGGATTATACGGACCTATAATCCCCGCTCCGACTAGCAGTGTGGTTCAACGTATAA  
 CAGCAGCTCAACACCGCCGTCGTCTTACTCATCGACGATATGACAAGACTGCAGAGTGAACCTCGGATAATGG  
 CGGTCCATGAAAACCGCTCGAGCAAAGAACACTAAACAGCTCTTGCCCGCTCGCAAGCCGCGGCTTTGGCGCAA  
 AAAATAGAACCATATATAAAAACAAACNNNGTGGATTATATTATCGCGAAGTTACTCGCGGATGAGGACTTT  
 AGTGACAAGAAGGGTGCAGCTCCAGCGCTTTGCTAGTTTGTATTTAATTTTGTGTGTGCACATCGATGA  
 CCACACGTTTGGTACTCGCATACTCCAATGCCGCCGCTTCCAGAGTATAGTTTACTGGCGATTATGTCTGC  
 CACTATCGTTCTTCGTCCATGAATCTTCCCTTGTCCGAATGAGCGATCGCTCTCGACAGGATAAGTTTAAAAG  
 GGCAGAGACATACTGCTAAAATATTGTTAGCCGTTACGATAAGATAGCTCTGTTATAAAAATTGAACGGGCACG  
 AGATAAATGTTCTTTTTGCTCAAGATAAAAATCCAGGTATTTGATTTTCATGATATTTTTTTGTGTAATTAGT  
 TTTATCACGGCTCATATATCATCCAAGGCTAGGACCACGTTCCATCCAGAAAGATATACAAGATTGTACAGAAA  
 ACTCTTATGAATATATCTACGTCTTCAAGATTATATAAGAAAAGAAAAAAAAAGTATATCGACGATATCCTGG  
 ACGTCAAAAACCTGCAAAAGAAATGCGGGCCATAACCAAAGACAGACAACCCAAAGATTTTCAACGCAGTCCTT  
 TTTTCGATAGATCGAAAATATCTCCTCTTCTAAGACCGAAAATGTATACCAATTATTATTGAAATAAAGTTGAAA  
 GATCTGAAATTTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

## Gata-Aminosäuresequenz

1 R G I M E T V N S E H R W I H P I S G Q  
 1 CCGCGGATTATGGAACAGTCAACTCAGAACACCGGTGGATTACCCCATCTCAGGCCA  
 21 H D S P H G A S S S D R M Q P T N C S G  
 61 ACACGACAGTCTCACGGAGCATCATCCAGCGACAGAATGCAGCCTACAAACTGCTCCGG  
 41 G S V N I V E P T Q L L P P D E V D V F  
 121 CGGCAGCGTGAATATAGTGAACCTACACAACCTTCTACCGCCAGATGAAGTCGATGTGTT  
 61 F H H L D G S G N S G N W S Y A A G P R  
 181 TTTCCACCACCTTGACGGATCAGGCAATAGTGGAAACTGGTCATACGCAGCGGGCCCAAG  
 81 A Y R P S M C Q M A A H G P T A F Q D P  
 241 AGCGTACAGACCGTCCATGTGTCAAATGGCTGCTCACGGGCCACGGCTTTTCAGGACCC  
 101 Q S Q A S P P G S C S R V F L P T A R V  
 301 GCAAAGTCAAGCGAGTCTCCTGGGAGCTGTAGCAGGGTTTTCTGCCAACAGCGCGCGT  
 121 P G S P V C R P H F H T P I Q W I E S K  
 361 TCCCGCAGTCCAGTGTGCCGTCCGCACTTCCATACTCCAATCCAGTGGATTGAGAGCAA  
 141 P A P G L H C S T P S A A S V W C P P F  
 421 ACCAGCGCCGGTCTACACTGTTCTACCCCTAGTGTGCTGCGTCTGTTTGGTGTCTCCGTT  
 161 Q Q S H R G N P M A A S G V S S A S G V  
 481 CCAGCAAAGCCACCGAGGAACCCAATGGCAGCCAGCGGTGTGCTCCTCGGCTAGCGGAGT  
 181 S H S S S H L F S F P P T P P K E T F G  
 541 CTCTCACTCCTCCAGCCACCTTCTCTCGTTCCCTCCGACTCCGCCGAAGGAGACGTTTGG  
 201 S M D G G P L S S D F F S Y G G D D K R  
 601 CAGCATGGACGGAGTCTCTCCTCCAGCGATTTCTTTCAGTTACGGAGGTGACGACAAGAG  
 221 L K G M Q Y T G T P L R A D V P P F A G  
 661 ATTGAAAAGGATGCAGTATACCGGTACCCCTCTGCGCGCTGATGTTCTCCATTCGCAGG  
 241 Y P P A L P Q Y F A S D L N M P S F G P  
 721 TTATCCTCCAGCTCTTCCACAATACTTTGCTTCAGaCCTTAATATGCCAAGTTTTGGGCC

261 G M P G I M A N R N L T R T R T K S R S  
 781 GGAATGCCGGGATAATGGCAAATAGAACTTAACTCGAACCAGAACCAAGAGCCGTTTC  
 281 N S A D G R E C V N C G V T S T P L W R  
 841 AAACCTCAGCAGACGGTCGAGAGTGTGTAATTTGTGGAGTGACTTCAACTCCGCTTTGGCG  
 301 R D G S G H Y L C N A C G L Y H K M N G  
 901 TAGAGATGGTTCTGGCCACTATCTCTGCAACGCGTGTGGACTTTACCATAAAAATGAACGG  
 321 S S R P L I K P K R R L S A A R R A G T  
 961 CTCTAGTCGACCACTTATCAAGCCCAAACGTAGATTGTCCGCCGCCCGTCGGGCAGGAAC  
 341 S C A N C H T T Q T T L W R R N Q N G D  
 1021 GTCTTGGCCAACTGCCACACAACCCAGACCCTCTCTGGCGCAGAAACCAGAATGGAGA  
 361 P V C N A C G L Y W M L H A V N R P L S  
 1081 CCCAGTTTGAACGCCTGTGGACTTATTGGATGCTCCATGCTGTTAACCGACCTCTCTC  
 381 M K K D G I Q T R N R K V S S K S K N K  
 1141 GATGAAGAAGGACGGAATCCAAAACGCTAACCGGAAAGTGTCTTCCAAAAGCAAAAATAA  
 401 N A K N V K Q E P K L G D D L K L S S S S  
 1201 AAACAAGAATGTGAAGCAAGAACCCAAACTTGGAGATGACCTGAAGCTGAGCTCCTCCAG  
 421 P L M N Q T S V I S S S I I S P M G H N  
 1261 CCCCTTGATGAACCAAACAAGCGTCATCTCATCAAGTATTATAAGCCCCGATGGGACACAA  
 441 G I H T P T A F S R P S M P G I P G I H  
 1321 TGGCATAACACCCCTACGGCATTTAGTCGGCCCTCAATGCCCGGGATCCCCGGTATCCA  
 461 P G L Y G P I I P A P T S S A G S T Y N  
 1381 TCCGGGATTATACGGACCTATAATCCCCGCTCCGACTAGCAGTGCTGGTTCAACGTATAA  
 481 S S S T P P S S Y S S T I \* Q D C R V N  
 1441 CAGCAGTCAACACCGCCGTCGTCTTACTCATCGACGATATGACAAGACTGCAGAGTGAA  
 501 L G \* W R S M K P L E Q R T L N S S C P  
 1501 CCTCGGATAATGGCGGTCCATGAAACCGCTCGAGCAAAGAACACTAAACAGCTCTTGCCC  
 521 L A S R G F G A K N R T H I \* N K P R G  
 1561 GCTCGCAAGCCGCGCTTTGGCGCAAAAAATAGAACCATATATAAAACAAACCTCGTGG  
 541 I I L S R S Y S R M R T L V T R R V R L  
 1621 AATTATATTATCGCGAAGTTACTCGCGGATGAGGACTTTAGTGACAAGAAGGGTGGCAGT  
 561 Q R L C \* F D V I N F V V A H R \* P H V  
 1681 CCAGCGCTTTGCTAGTTTGTGTTTATTAATTTTTGTTGTTGCACATCGATGACCACAGT  
 581 W Y S H T S N A A A F R V \* F D W R L C  
 1741 TTGGTACTCGCATACGTCCAATGCCGCCCTTTCAGAGTATAGTTTACTGGCGATTATG  
 601 L P L S F F V H E S S L V R M S D R S R  
 1801 TCTGCCACTATCGTTCTTCCGTCATGAATCTTCCCTTGTCCGAATGAGCGATCGCTCTCG  
 621 Q D K F K R A E T Y C \* I L L A V H D K  
 1861 ACAGGATAAGTTTAAAAGGGCAGAGACATACTGCTAAATATTGTTAGCCGTTTCAGATAA  
 641 I A L L \* N \* T G T R \* M F F L P Q D K  
 1921 GATAGCTCTGTTATAAAAATGAACGGGCAGAGATAAATGTTCTTTTTGCTCAAGATAA  
 661 N P G I \* F H D I F L C N \* F Y H G S Y  
 1981 AAATCCAGGTATTTGATTTTCATGATATTTTTTTGTGTAATTAGTTTTATCACGGCTCATA  
 681 I I Q G \* D H V H P E R Y T R L Y R K L  
 2041 TATCATCCAAGGCTAGGACCAGTTTCATCCAGAAAGATATACAAGATTGTACAGAAAACCT  
 701 L \* I Y L R L Q D Y I R K E K K S I S T  
 2101 CTTATGAATATATCTACGTCTTCAAGATTATATAAGAAAAGAAAAAAAAGTATATCGAC  
 721 I S W T S K T C K E M R A I T K D R Q P  
 2161 GATATCCTGGACGTCAAAAACCTGCAAAGAAATGCGGGCCATAACCAAAGACAGACAACC  
 741 K D F Q R S P F S I D R N I S S S K T E  
 2221 CAAAGATTTTCAACGCAGTCCTTTTTCGATAGATCGAAATATCTCCTCTTCTAAGACCGA  
 761 N V Y Q L L L K \* S \* K I \* N F K K K K  
 2281 AAATGTATACCAATTATTATTGAAATAAAGTTGAAAGATCTGAAATTTCAAAAAAAAAA  
 781 K K K K  
 2341 AAAAAAAAAAAAAA

## Gata-Vollängen-Alignment

		*	20	*	40	*	60			
Nematostella Gata	:	-----						:	-	
Xenopus Gata-3	:	-----						:	-	
Mus Gata-3	:	-----						:	-	
Danio Gata-2	:	-----						:	-	
Xenopus Gata-2	:	-----						:	-	
Gallus Gata-2	:	-----						:	-	
Strongylo Gata-e	:	-----						:	-	
Drosophila Pannier	:	-----						:	-	
Mus Gata-6	:	MALTDGGWCLPKRFGAAAADAGDSGPFPAEPSSPLSPISSSSSSCSRGGDRGPCGASNC	:	60						
Mus Gata-5	:	-----						:	-	
Gallus Gata-4	:	-----						:	-	
Mus Gata-4	:	-----						:	-	
Drosophila Grain	:	-----						:	-	
		*	80	*	100	*	120			
Nematostella Gata	:	-----						METVNSEHR	:	9
Xenopus Gata-3	:	-----						MEVSAEQPR	:	9
Mus Gata-3	:	-----						MEVTADQPR	:	9
Danio Gata-2	:	-----						MEVAADQSR	:	9
Xenopus Gata-2	:	-----						MEVATDQPR	:	9
Gallus Gata-2	:	-----						MEVATDQPR	:	9
Strongylo Gata-e	:	-----							:	-
Drosophila Pannier	:	-----							:	-
Mus Gata-6	:	RTPQLDAEAVAGPPGRSLLLSFYASHPFAAAHGAAAPGVAGPGSALSTWED	LL	FTDL	DQ			:	120	
Mus Gata-5	:	-----							:	-
Gallus Gata-4	:	-----							:	-
Mus Gata-4	:	-----							:	-
Drosophila Grain	:	-----						MDMTSTAE	:	9
		*	140	*	160	*	180			
Nematostella Gata	:	WIHPISGQHDSPHGASSSDRMQPTNCSSGGSVNI	V	EP	TQLLPPDEVDVFFHH	D	SGN	--	66	
Xenopus Gata-3	:	WVSH-----	HHPALLNGQHS	SDSHHP	--VHNYIDP	TQYPP	EDMDVLFN	-	DGQGNHV	59
Mus Gata-3	:	WVSH-----	HHPAVLNGQHPD	THHPGLGHSYME	--AQYPLTEEVDVLFN	-	DGQGNHV		59	
Danio Gata-2	:	WMAH-----	HHA	VLNGQHPESH	HHGLTHNYME	PMAPLL	PPDEVDVLFN	H	DSQGN--	59
Xenopus Gata-2	:	WMAH-----	H	AVLNGQHPD	SHHPGLAHNYME	P	TQLLPPDEVDVFFNH	H	DSQGN--	57
Gallus Gata-2	:	WMTH-----	H	AVLNGQHPESH	HPGLAHNYME	P	AQLLPPDEVDVFFNH	H	DSQGN--	57
Strongylo Gata-e	:	-----	MPHQVGVSHLQPE	HNNSNILLPKED	VEVFFSNL	DKNPATG	H	HQQYL	YP	48
Drosophila Pannier	:	-----	MGILLSDGD	STSDQ	STRDY	PHFSGDY	QN			29
Mus Gata-6	:	AATASKLLWSSRGAKLSPFAAEQPEEMYQTLAAL	SSQGP	---	AAYDGAPGGF	V	HSAAAA			177
Mus Gata-5	:	-----	MYQSLALA	QSPGQ	---	GTYADS	GAF	H	SSGTG	29
Gallus Gata-4	:	-----								-
Mus Gata-4	:	-----	MYQSLAMAANHGPPPGAYEAGGPGAF	V	HSAGA	AS				34
Drosophila Grain	:	AARS-----	WYDSPRLGGGSSGGGNGGVS	PQTNGLGSAG	SSLAHSH	SLSSG	ASSAG			63
		*	200	*	220	*	240			
Nematostella Gata	:	-----	SGNWSYAAGPRAYR	-----	SMCQMAAHGPTAF					94
Xenopus Gata-3	:	PSYYSNS----	VR	TVPRYPPPHH	GLVCHPSILQS	---	WTDGRK	-	SLGGPHAASAWN	109
Mus Gata-3	:	PSYYGNS----	VRATVQRYPP	THHGSQVCRP	LLHGS	-	LPWLDGK	-	ALSSHTASPWN	113
Danio Gata-2	:	-PYYSNS--	RARVSYGQAHARLTGSQVCRPHL	IHSPGIPWLD	SGKAALS	-	AAHNAWAV			114
Xenopus Gata-2	:	-PYYANSAHARARVSYGQAHARLTGSQVCRPHL	IHSPGIPWLD	SGKTA	LSAAH	HHNPWT	V			116
Gallus Gata-2	:	-PYYANSAHARARVSYGQAHARLTGSQVCRPHL	IHSPGIPWLD	SSKAALS	-	AHHNPWT	V			115
Strongylo Gata-e	:	QYHLTSESQMYQSAS--	ISLQ	SALQPTVSPGGMPPSQQPGYE	ASPASYIHSSANPVYVPT					106
Drosophila Pannier	:	-----	VTL	SAASASTSASASATHVA	AVKMYHSSAVAA	YTDLAAAGS	AA	AGVGV	GV	80
Mus Gata-6	:	AAAAAASSPVYVPTTRVGSMLP	LYLQ	GAGSGPSNHAGGAGAH	PGWSQ	-	ASADSP	PYG		236
Mus Gata-5	:	-----	SPV	FVAPTRMPSMLP	LPSC	---	PGSQAPALAAHSSWTQTVAADSSAF	GS		77
Gallus Gata-4	:	-----	PVYVPTTRVPSMLP	LPSSGSSQ	QASP	VSSHS	-----			35
Mus Gata-4	:	-----	SPVYVPTPRVPSV	LGLSYLQGGGSA	AAAAGTTSGGSSGAGPSGAGP	GTQQG	SP			87
Drosophila Grain	:	-----	SSVGVGSALGGGG	SGLD	TSMSAFYALE	SNGHRRY	PSYHQ	HTSR	MP	112
		*	260	*	280	*	300			
Nematostella Gata	:	QDPQSQASPPGSCSR----	VFLPTARV	GPSPV	-----	CRPH	---	FHTPIQWIES	KP	138
Xenopus Gata-3	:	-PFAKPSIHHNSPGG---	LSVYPPASSAS	LATG	-----	HSSPH	-	LFTFPPTPPKDV	SP	157
Mus Gata-3	:	SPFSKTSIHHNSPGP---	LSVYPPASSSS	LAAG	-----	HSSPH	-	LFTFPPTPPKDV	SP	162
Danio Gata-2	:	SHFSKPLHPASA-----	AYPCS	SSSSTAPVSS	LT	SATHSSPH	LYNFP	PTPPKDV	SP	167

Xenopus Gata-2	:	SPFGKAPLHPAARGG----SLYPGTGSSACPSSS-----HSSPH-LFGFPPTPPKDVSP	:	165
Gallus Gata-2	:	NPFTKTPLHPSAAGAPGAI SVYPGSSSTSSTASVSSLTPASHSGSH-LFGFPPTPPKEVSP	:	174
Strongylo Gata-e	:	TRPTFSGMHHPAQFIQ---HIPAVSSPNHQNSV IQANAAAAAVWSPQSDGSGGGGVVG	:	163
Drosophila Pannier	:	SGYHQAVNAPVYVPS-----NRQYNHVAHF	:	107
Mus Gata-6	:	GGAAGGGAAGPGGAGS---ATAHASARFPYSPSPPMANGAARDPGGYVAAGGTGAGSVSG	:	293
Mus Gata-5	:	GSPHPPAAHPPG-----ATTFPFAHSPPGS-----GSGGSAGVRD	:	112
Gallus Gata-4	:	IWTQPGAESAAYNPGS---SHPPVSPRFSFSTST---PIPSTS---SRDAAAAYSS-	:	82
Mus Gata-4	:	GWSQAGAEGAAATP-----PPVSPRFSFPGTTGSLAAAAAAA-----AAREAAAYGSG	:	135
Drosophila Grain	:	STHASPVCRPHFHTP--LSPWLTSEHKSFAPAS-----AWSMGQFACQPQVEHKL	:	163
		*                    320                    *                    340                    *                    360		
Nematostella Gata	:	AP---GLHCSTPSAASVWRP-----PFQQSHRGNPMAASGVV-----SASGVSHSSSH	:	183
Xenopus Gata-3	:	DP---SISTSVSTSSSRHEEKECVVSKYQVSLSEPGMKLESSHPRNSMSGIGGVSS-AHH	:	213
Mus Gata-3	:	DP---SLSTPGSAGSARQDEKECL--KYQVQLPDS-MKLETSHSRGSMTTLGGASSAHH	:	216
Danio Gata-2	:	DP---GPSSPTST-ARMDEKESI--KYQVSIADG-MKMEGCSPLRGLSAMSQTPTSTHH	:	220
Xenopus Gata-2	:	DP---GPASPPSSS--RLEDKDSI--KYQVSLSEG-MKMEGCSPLRSSLAPMGTQCSTHH	:	217
Gallus Gata-2	:	DPNSTSAASPSSSAGARQEDKDSI--KYQVSLSEG-MKMEASPLRSSLTSMGAQPSTHH	:	231
Strongylo Gata-e	:	GDGHRGYSFPPSPALTTANSPLSGRHPGSTPNGLAGYSPYTDPWSGFDGSMHLHSSMGRA	:	223
Drosophila Pannier	:	GSAAAQNAWTTEGFG-----SAHAQFYSPNAAVMMGSRWRSAYDPS	:	147
Mus Gata-6	:	GGGSLAAMGGREHQYSSLSAARPLNGTYHHHHHHHTYSPYMAA-----PLTPAWPAG	:	346
Mus Gata-5	:	GGAFQGALLAREQYPTPLG--RPMGASYP-----TTYPAYMSS-----DVAPSWTSG	:	157
Gallus Gata-4	:	--SLSLSANGREQ-----YSR-GFGSSYS-----SPYPAYVSP-----EMATTWTSS	:	121
Mus Gata-4	:	GGAAGAGLAGREQ-----YGRPGFAGSYS-----SPYPAYMADVG--ASWAAAAAASAG	:	182
Drosophila Grain	:	GQMGSQSHQTTAAGQHSFPFPPTPKDSTPDSVQTGPSEYQAVMNAFMHQATGSTSLTDA	:	223
		*                    380                    *                    400                    *                    420		
Nematostella Gata	:	LFSFPPTP-----PKETF--GSMDDGGPLS-----SDFFSYGDGRECVNCGATSTP	:	226
Xenopus Gata-3	:	PITTYPDY-----YGAGLFQPGSILLGDSPTHFSPKPRPKTRSSTEGRECVNCGATSTP	:	266
Mus Gata-3	:	PITTYPPYVP----EYSSGLFPPSLLGGSPTFGCKSRPKARSSTEGRECVNCGATSTP	:	272
Danio Gata-2	:	PIPTYPTYSLPAPHDYGGGLFHPGTL LSGSASSFTPKCKSKTRSCSEGRECVNCGATSTP	:	280
Xenopus Gata-2	:	PIPTYPSY-VPAADYSSGLFHPGSL LGGPASSFTPKQRSKRSRSCSEGRECVNCGATATP	:	276
Gallus Gata-2	:	PIPTYPSY-VPAADYSSSLFHPGSL LGGPASSFTPKPRSKARSRSCSEGRECVNCGATATP	:	290
Strongylo Gata-e	:	AAAGGNFAGR-----RPTAEAQMKNMEGYTAVWPNYGLGRECVNCGAISTP	:	271
Drosophila Pannier	:	GFQRSSPYES-----AMDFQFGEGRECVNCGAISTP	:	178
Mus Gata-6	:	PFETPVLHSL-----QGRAGAPLPVPRGPSTDLLEDLS-ESRECVNCGSIQTP	:	393
Mus Gata-5	:	AFDSSILHGL-----QARPGGLPGRRTSFVPDFLEBFPGSEGRECVNCGALSTP	:	205
Gallus Gata-4	:	PFDSPMLHNL-----QSR--GTPAAARHANI EFFDDYS-EGRECVNCGAMSTP	:	166
Mus Gata-4	:	PFDSPVLHSL-----PGR--ANP--GRHPNLDMFDDFS-EGRECVNCGAMSTP	:	225
Drosophila Grain	:	SCALDIKP-----SIQNGSASGSSGSGTTHTSTPKQR--EGRECVNCGATSTP	:	270
		*                    440                    *                    460                    *                    480		
Nematostella Gata	:	LWRRDGSGHYLCNACGLYHKMNGSSRPLIKPKRRL-----SAARRAGTSCANCHTTQTT	:	280
Xenopus Gata-3	:	LWRRDGTGHYLCNACGLYHKMNGQNRPLIKPKRRL-----SAARRAGTSCANCOTTITT	:	320
Mus Gata-3	:	LWRRDGTGHYLCNACGLYHKMNGQNRPLIKPKRRL-----SAARRAGTSCANCOTTITT	:	326
Danio Gata-2	:	LWRRDGTGHYLCNACGLYHKMNGQNRPLIKPKRRL-----SAARRAGTCCANCOTTITT	:	334
Xenopus Gata-2	:	LWRRDGTGHYLCNACGLYHKMNGQNRPLIKPKRRL-----SAARRAGTCCANCOTTITT	:	330
Gallus Gata-2	:	LWRRDGTGHYLCNACGLYHKMNGQNRPLIKPKRRL-----SAARRAGTCCANCOTTITT	:	344
Strongylo Gata-e	:	LWRRDGTGHYLCNACGLYHKMNGYNRPLIKNPRRLQSG-----SRREGITCANCHTSTTT	:	326
Drosophila Pannier	:	LWRRDGTGHYLCNACGLYHKMNGMNRPLIKPSKRLVS---ATA TRRMGLCCINCGTRTTT	:	235
Mus Gata-6	:	LWRRDGTGHYLCNACGLYSKMNGLSRPLIKPQKRVPS-----SRRGLSCANCHTTITT	:	447
Mus Gata-5	:	LWRRDGTGHYLCNACGLYHKMNGVNRPLVREPKRLSS-----SRRSGLCCSNCHTATTT	:	259
Gallus Gata-4	:	LWRRDGTGHYLCNACGLYHKMNGINRPLFKPQRRLSA-----SRRVGLSCANCHTTITT	:	220
Mus Gata-4	:	LWRRDGTGHYLCNACGLYHKMNGINRPLIKPQRRLSA-----SRRVGLSCANCOTTITT	:	279
Drosophila Grain	:	LWRRDGTGHYLCNACGLYHKMNGQNRPLIKPKRRLTLQSLQSAARRAGTSCANCOTTITT	:	330
		*                    500                    *                    520                    *                    540		
Nematostella Gata	:	LWRRNQNGDPVCNACGLYKHLHAVNRPLSMKKDGIQTRNRKMSVSSKSKNKNKNVQEPKLG	:	340
Xenopus Gata-3	:	LWRRNANGDPVCNACGLYKHLHNINRPLTMKKEGIQTRNRKMSVSSKSK-KSKKHDSLEDY	:	379
Mus Gata-3	:	LWRRNANGDPVCNACGLYKHLHNINRPLTMKKEGIQTRNRKMSVSSKSK-KCKKVHDALEDF	:	385
Danio Gata-2	:	LWRRNGNGDPVCNACGLYKHLNVNRPLTMKKEGIQTRNRKMSVSSKSK-RSKRSGEGFEEL	:	393
Xenopus Gata-2	:	LWRRNANGDPVCNACGLYKHLNVNRPLTMKKEGIQTRNRKMSVSSKSK-KNKKGSECFEEL	:	389
Gallus Gata-2	:	LWRRNANGDPVCNACGLYKHLNVNRPLTMKKEGIQTRNRKMSVSSKSK-KSKKGSECFEEL	:	403
Strongylo Gata-e	:	LWRRNKDGEPCVCNACGLYKHLGVNRPLAMKKDGIQTRKRKPKNPNKGNQVSNARNGGGQ	:	386
Drosophila Pannier	:	LWRRNNDGEPCVCNACGLYKHLGVNRPLAMRKDGIQTRKRKPKKGTGSGSAVAGATGSGTG	:	295
Mus Gata-6	:	LWRRNAEGEPCVCNACGLYKHLGVNRPLAMKKEGIQTRKRKPKNINKSKACSGNSSGSVP	:	507
Mus Gata-5	:	LWRRNSEGEPCVCNACGLYKHLGVNRPLAMKKEGIQTRKRKPKENPAKIKGSSGSTANTTA	:	319
Gallus Gata-4	:	LWRRNAEGEPCVCNACGLYKHLGVNRPLAMRKEGIQTRKRKPKNLNKTTPAGPSSSESL	:	280
Mus Gata-4	:	LWRRNAEGEPCVCNACGLYKHLGVNRPLAMRKEGIQTRKRKPKNLNKSSTPAGPAG-ETL	:	338

Drosophila Grain	:	LWRRNASCEPVCNACGLYKLNHVNRPITMKKEGIQTRNRKLSSSKSKKKKGLGGCLPIG	:	390
		* 560 * 580 * 600		
Nematostella Gata	:	DDLK-----LSSSSPLMNQTSVISSSIISPMGHNGIHTPTAFSRPSM	:	382
Xenopus Gata-3	:	P-----KSSSF---SPAALSRHMSSLH---ISPFSSHSHML	:	410
Mus Gata-3	:	P-----KSSSF---NPAALSRHMSSLH---ISPFSSHSHML	:	416
Danio Gata-2	:	SKCM-----QDKTSPFG--SASALASHMPHMGH---LPPFSSHGHML	:	430
Xenopus Gata-2	:	SRCM-----QEKSSPF---SAAALASHMAPMGH---LAPFSSHGHIL	:	425
Gallus Gata-2	:	SKCM-----QEKSSPF---SAAALASHMAPMGH---LPPFSSHGHIL	:	439
Strongylo Gata-e	:	SSPNDV-----NIKASSPTGKQPSPLPTSSPYTSHPIKVEPQYRVGLSPPP	:	432
Drosophila Pannier	:	STLEAIKECKEEHDLKPSLSLERHSLSKLHTDMKSGTSSSSTLMGHSSAQQQQQQQQQ	:	355
Mus Gata-6	:	MTPT-----SSSS---NSDDCTKNTPSTQATTSG---VGASVMS	:	541
Mus Gata-5	:	SSPT-----LLNS---ESSATTLKAESSLSPVCAGPTITSQASS	:	356
Gallus Gata-4	:	TPTT-----SSTS---SSSATTTEEMRPIKTEPGLSSHYGHPS	:	316
Mus Gata-4	:	PPSS-----GASSGNSSNATSSSSSEEMRPIKTEPGLSSHYGHSS	:	379
Drosophila Grain	:	GHLG-----MGDFKPLD-P-SKGFGGGFSASMAQHGLSSGLHPAHAH	:	431
		* 620 * 640 * 660		
Nematostella Gata	:	PGIPG-----IHPGLYGPIIPAPTSSAGSTYNSSTPPSSYSSTI---	:	422
Xenopus Gata-3	:	T-----TP---TPMHAPSGLSFGPHHPSMVTAMG-----	:	437
Mus Gata-3	:	T-----TP---TPMHPPSGLSFGPHHPSMVTAMG-----	:	443
Danio Gata-2	:	P-----TP---TPIHP---TFSHPHHSGRSPAWEAPH-----	:	456
Xenopus Gata-2	:	Q-----TP---TPIHPSSLSFGPHHPSMVTAMG-----	:	452
Gallus Gata-2	:	P-----TP---TPIHPSSSISFGPHHPSMVTAMG-----	:	466
Strongylo Gata-e	:	ITNQVS----YIPGLVHHSVPISSAQSLHHHHHHPGSYAAHLGAPPTHISHGINSEQTL	:	487
Drosophila Pannier	:	QQQQQQQQSAHQCFPLYGQTTQQQHQQHGHSMSSSGQAHLSARHLHGAAQTQLYTP	:	415
Mus Gata-6	:	AVGEN-----ANPENSCLKYSGQDGLYIGVSLSPA EVTSSVR-----	:	579
Mus Gata-5	:	PADES-----LASSHLEFKFEPEDFAFTSSMSPOAGLSGVLR-----	:	394
Gallus Gata-4	:	PISQA-----FVSAMSGHGSSIHPAISALKLSPQAYQSAIQSP---	:	356
Mus Gata-4	:	SMSQT-----FST--VSGHGPSIHPVLSALKLSPQGYASPVQTQTS---	:	417
Drosophila Grain	:	MHGSW-----YITGG-MGALGASSGLQGGFSTAGSLSGAVVPHSQPYHL	:	473
		* 680 * 700 * 720		
Nematostella Gata	:	-----	:	-
Xenopus Gata-3	:	-----	:	-
Mus Gata-3	:	-----	:	-
Danio Gata-2	:	-----	:	-
Xenopus Gata-2	:	-----	:	-
Gallus Gata-2	:	-----	:	-
Strongylo Gata-e	:	HLTHQPGQTI LLHNGPANSAINPLNLSANTNGGVSHHAGSPGEMTNTDSTSPHHVLFSGV	:	547
Drosophila Pannier	:	GSSSGGGSASAYTSHSAETPALSNGTSPSPHYQHHLGGTHGHVTA AAAHHHFHAAAAAV	:	475
Mus Gata-6	:	-----QDSWCALALA-----	:	589
Mus Gata-5	:	-----QETWCALALA-----	:	404
Gallus Gata-4	:	-----QASSKQDSWNSLVLAENHGDIITA-----	:	380
Mus Gata-4	:	-----QASSKQDSWNSLVLADSHGDIITA-----	:	441
Drosophila Grain	:	G-----LSSMGTWRDYYT-----	:	486
		* 740 * 760 * 780		
Nematostella Gata	:	-----	:	-
Xenopus Gata-3	:	-----	:	-
Mus Gata-3	:	-----	:	-
Danio Gata-2	:	-----	:	-
Xenopus Gata-2	:	-----	:	-
Gallus Gata-2	:	-----	:	-
Strongylo Gata-e	:	NPSPPSAVAVPVSVSKVDSE-----	:	567
Drosophila Pannier	:	AAYGVKTEASATNYDYVNNCYFGGTFGALGGAATTTAMAGGAASELAGYHHQHNVIQAAK	:	535
Mus Gata-6	:	-----	:	-
Mus Gata-5	:	-----	:	-
Gallus Gata-4	:	-----	:	-
Mus Gata-4	:	-----	:	-
Drosophila Grain	:	-----	:	-
Nematostella Gata	:	-----	:	-
Xenopus Gata-3	:	-----	:	-
Mus Gata-3	:	-----	:	-
Danio Gata-2	:	-----	:	-
Xenopus Gata-2	:	-----	:	-
Gallus Gata-2	:	-----	:	-

Strongylo Gata-e : ----- : -  
Drosophila Pannier : LMATS : 540  
Mus Gata-6 : ----- : -  
Mus Gata-5 : ----- : -  
Gallus Gata-4 : ----- : -  
Mus Gata-4 : ----- : -  
Drosophila Grain : ----- : -

## MyHC-Promotersequenz

Die grau unterlegten Nukleotide zeigen die wahrscheinlichen Gata-Bindestellen. Das Startcodon ist unterstrichen.

CCGGATGGGAGCAAAGAAAAAAGCTTGGTCTGCAACACCTAAGTAGAAAATCCCTGCTAGCAGAGGCCTCTTGTC  
TCGTGTTTTTCGATGGGCTAACGCTGGGCTAACGCCAGCCAGCCAGCGAAATACAGAGATAATAGGCCTCTAGCAGG  
GAAAAGCTGTAACTCATCTCCTAACTTTTATTTCAAATCATTTTCTATAAAAAAATGCATAGAAATTTCTA  
CCTTACTCACATTAACGAGATCAATCGCTGGAACATATGGAAATGTTAGCTTACATCGACACCTTTTTTTTCAT  
TCCACCTAAAAATATCAGAAAAATCTTATCAGCACAGTAGCACTGTGAATAACCCCAAATTTAGACACCATA  
GGGAACCGGATTTATTACACCATGGTACCAAACCCGCAAGATGTACTTGCCAGTGAATTGAAGTAAAAATTA  
AACAAAAACGCAACGTGATTTCTAAAAATCCTCGTGATCAAATTTAAAAGGACGGTTTTATCATTGAAGAGTGC  
TATTGGTATTGCGTTACTGCGACCATTTCTCTAGTCACGTTACGATACCGTGACACGATACATCGGTAAATAA  
AACTGTCCTTGACAAAAATAACTCTCCCTCAGGTTCAATATCGCGCTGAACAAATCCTAGAAAAGGGCGACGATT  
ACATAGATCCGCGCTGTTAAATCCAAATAGACACGCGCCTCGTAGaAGCCTGACGgGAGCCAGCTCGGTCAC  
CGCTACTCGTAAAAACCGTGTGAGGGTTGAAGTAATTATACGTGTCATTCTGATGCGATGTTTATTATGATACG  
GTTCCGGTGACGGCCATCAGACCACTCTAATTTCTGTCGCTAGCATCTTTTGATTCTCTCTTAAAGCACAATAAA  
CTGCGCTAAGGGTCCGTTTGCATGGCCACAGAAGCATTAGCCGCGAGACAAGCGAGTAATTTCTGATGGG  
AAGCGCCGGTCTGTGAAACACACGTGCCCTTGGCTGCTACAAATCAAGATAACGCTCTAAATGCGGTACAATACAC  
TCCACTTGTACTGTTGGGCaaTTTATTGCTAttggaAGTAATTTATTTGGACTGAATAAAAAATAATTTTGGCGA  
AAAGACGGGACAGGGTCTGATTCTCGGGTATGTTTGAATGGATTTGATTTGGGCGATAAAAAGCGTTATGGGG  
GCATTTTATTTGTGCAATTTTTCAGAAATTTTTCACATGCTGATAGTGTACAGCCTAGCGTTAAATCGGCCGAT  
GAGAATCGGATCAGAACTGGGTACGCTGATTGGGCAGTGGGCCAAGGTGTGGTAAAACAGTGATAATAGTGA  
TTGTTTGGTGCACCTGATGCGGCAAACCGTGACAAAATAAATTCGGTCGATCTCGGGACAATGCGCTAAGTCA  
AACGAGAGCCAATCAGAGAGCGGGATCTTGACCGAAAATACCTAGAGGTGCGCTCTGTTATGCGAACCGGGAGT  
GGCTTAGGGGGTTTATAGAGCGGGCTGGATCGTACTCAACACTAGCTCAGAGTGGCAAGCACCTTCTGCGGAC  
ACACTGAAGCTGCTAGCACGCTAAGCGACAACACTCGGTATTCTTCTCCAAATATATTTGTATTTCAAGTTGTG  
TTTGAATAAAGCTGTTTCAAGATG

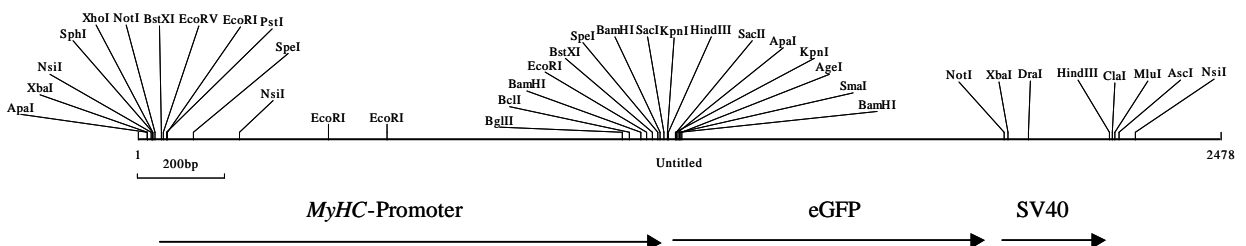


Abbildung 42: Plasmidkarte von pER (Backbone: pCRII von Invitrogen)

Genomische *MyHC* Sequenz

ATGGAGTTCGATCCAAACGATCCGCTCGCGATTCTTCGCATCGACAAATCTCAAATCATGGCACAAGCCAAGG  
 AGTTCGAATCCAAGAAATGGGTATGGATTCCCGATCCCAAGGAAGGGTACAAGGCTGCCGAAGTGAAGAGCAC  
 AAAGGGGGACAATTTTTTGGTGGAGACCAACGATGGCCAGGTCAGTACAGCATCCTGAACATCTTATAAACAC  
 ACTGATACTACAACCCCAATATAGCACCAGGGGCCGGTAACCGTACCACCGGTGTTGTTATGAACCTTAAGAC  
 ATAATAAACATTGATGGAAATTTATTCTGTTGACTGCTCTTTTGCGGTTGGGTTAGATAATCTAAGTATTTTT  
 TTCTCTGTTTCTTGCAAGGAGGTTGAAATCAATAAGAATGACACCGAACAGATGAATCCACCGAAATACGAGAA  
 GACTGAGGATATGTCCAATCTCACATACTTGAATGAAGCTAGCGTTGTGCACAAATTTAAAGCAACGTTACTTC  
 TCCGGCTTGATTTATGTAAGTATCTGTCTATTGCCCTGCACAACTAGCGATCGCTGAAACGCGTTTCGAAGCCT  
 ACTCGAGCGATATATATGTACCGGCACACAGCAGATTTGGAGTAGTTTTCGACCATACTAGAATTTACTACGA  
 GTTCTCCAAGTCAAATTTTTGCGGTGATTAGCTTGTGTGTTTATGCATACCTCAGCCTTAATGTACTGTTGA  
 TAATGGATTTCGCGTTTAGTTATAGATGTTTTGAACCCCTTCTGCAAGTAATGCTATATGCTGAAGAATCAA  
 CGGTTAAGCAGTGAACAGAAATCGATCTCGCGAGGCCGAAATGTTTCCAAGTGTCAACAGTCTTCCTAATCTG  
 TTTTTAGAATATTTGCACACACATATTTGACGGTTAAGACTTACTCTGAATAACAATCTTAAATGCATATT  
 TAAGACCTGTGTAACCTCAATAATTCACACACGTAAGTTTATAATCGCAGAAATTTCTTAAAGCTTTAAATC  
 GCTTTTGGCCTGTTAACAGAGTGTGACACATACTCCGGACTCGACTCTGAAATGGATTTTGTGTGCTCTGTGT  
 TGTATCACTGACAAATCTTACGCTTCCACTCGCGTGCATTGAAATCCCGCATACGGCATAACCAGCAGACAGTT  
 CTACAGTTGTATAACCGTGTATTATGAGCTATCGATAAAGCTTCACGTCACAGTGGAGGACAGATAATAAATTT  
 AATACCACACTTGGATTAGCCAATCCAAACAGCAGTTCGATGTGTAGATATCGCGAAACTCAATCCCCCTAAAC  
 CGACTACGAGTCTTATATTATTCACAACCGGGCCTAGGACGAGATTTAGTCATGCCAAAATCTGTTTTTCAA  
 TCCGGGAGAACTCGACCATCAATGAGCCTATTATTTCGAATTCACGGTTAATTAATAAATTTTCGTCTTTACAA  
 AAGGTAAGTAAATGCTCTGCAACATGCTAATTTGTTACTCCAGTATCCAGAACGGTAGGGCCAATATAACTTC  
 ACGCTTTTACTCTGTGATTTCGTACATTAGCTAATTTGAATAGAAAGAAGAGGGCTTTTCTCGGCGTGTCTTA  
 GTGCTACAGATTCGCTGACAGCTTCAACAGAAATTCATCGCTCCCGACACAGGTCCTCTTTTGATAACTCGGT  
 ATTTCCACCATCACCATTGACCTCTATCTGCCATAACCAATATGGCAGTGTGAATGCCCTTTTAAAAAGGCGG  
 AGGATGTTTAGCAATGTTCTGATGGTTATGTCGCTCTATATTCAGCTACAGTATAGTATTAACTCTGTAGAC  
 TTTTCAAGAAGGACTCAAAGAGAGCTTTAAGGGTTTTTTTTAAGGTTTCTGTTTTAGTAGGCTGTGGCGAATAA  
 TAATTGGACAGGATGCCGTGTTGTTTTAGGTAGAAATTAATTTCTTTTGTGAAGCTCGGCGTTTGGATCGTT  
 CGCATGATTTAATGTTATGGTGATTACACTAAATAAACAGTTGTGATAATATTTAAGGACAACAGAAATTATC  
 ACTCACTAAAAACCTGAACAGGTGCCAAAAAATATCAGATTTAGGCGACCTTACATTTGAAAAAGGCCTAACA  
 AGTTAGAGCTCATAAAAAATGACCATTAGATTTAAGGAACGATGTCGTTGAAGTATCGTTGCGAGTGTCTAACA  
 AGGGTTAAGCTCTTATCTAACAAAACATATTTCCGTTATCTTTGATCTTTGTAATGAATCTAATAAGCGCAGTC  
 ATTTTTCACTTGACTTTCACATTGTTGACGATAACTGAAGGCTGAGCGTCTTAGCGATGATGGGTCAACCCAAC  
 TAGGCTCTCATAAAAAAGCTCCCTTGCAAAGGAGTAATAAAAAACATTTCCCAAACAAAAGCTTTTATGGTCAA  
 GAAGCCAGTGTCTGTTTCCAATTCAAATATTTTTCCATTTTTTAAGATTTTAGTGAAGTTTGAATTTCCAT  
 GTTTTTAATTTCAAACATTTTAGCTTCTAAATGTGTCATATTTATTTGATTGGCTGTTATTTATTTTATTTATGTGT  
 TTTTTTTCTTATCATTTGTGCAATTCAGGCACTAATGGCTGACTAAATGAATAAATTAATATCCCCAGACTTAC  
 TCCGGTCTCTTTTGTGTGGCTATCAACCCCTACCAGCAGACTGCCCATCTATAACCGACAAGATTGTGTTCCGCTT  
 ACCGTGGCAAGCGTAAGACTGAGGCCCCACCTCACGCTCTTCTGCATCTGTGACAATGCCCTACCAGAACATGTT  
 ACAGGACCGTGAGAACCAGTCCATGTTGATCACGTAAGTTAGAAAAATGGTAGTGACAGGACAGAAATTTAGG  
 CTGTGATGAGTAGGAGGGGTTTTTTTTGGTTTTAAATTTCTAAATATTTTTTTTTACCAAGGTTGTGCCCAAGCTT  
 TTGATTTTGGAAATACAAAAGAAATTTTGAACCTAGTTGCTAGGTTATGATTTTTTTTTCTTTATTTCTAACAG  
 TATGCAAAACAATTTTGTGTATCTCTGGAGCAGAGCCCTATAAAAACCAGCAAAAACAGCACAATTTGGGGAC  
 AATGTTGGAACAAAAGCTTTACTAATATTTGCTTTGTTGCTTTTGATAAACAGTGGTGAGTCTGGAGCAGGAAAGAC  
 TGAGAACACAAAAGAGGTCATCCAGTACCTTGCCCATGTGCTGGTGGAATCTCTAAAGCAGATGAGGAGCAC  
 AAGAAGCAAAACGGTATAACTGATGTTCTTTTAAAGTTAACATTACTGCATTGACTTTTACATAGCAGTGTGTGTT  
 CCTAAGGAATTTGTCTGCTGCTGGCAAAAAAATTTGAGAAAAATAAAGTAAAATGTGTTTCGTATGTCGACAG  
 TTTTTAACTGTTTTTTCAGCTAGAGAAATTTGGCAGCAGTTTGGATTTAGAGAACCCTGAAAAACTTATAATTT  
 ATATATAATGTTATGTATAATTTGGTAATGTCCATTAATTTGAGTGGAAATTTGGAACCTAGCTGCTCACAAACAT  
 TAAAAACAGGATTTATTTATTTCTTATTCAGCAAATTTGTTTCAAAATCTGTGAAGCAACAACATCTTTGCAGAT  
 CAAAATATTTTAAATGGATTACTAGATAATGAATATTAATGCATTGTTACAAAGACAACATCTAAAGAAATGAC  
 CTACTTAACTTTAAAAATCAACACATTTCCAAGGGCTTTTGTTTTTCAAAGACGATTTTTTTATGTAATAATACC  
 CCTCTTTTTAATATCCTAAACTTTGCCATTCAATTTATTTTGTTTTTGGTTACTAAAATTTTGTCTAATTTTTG

TACAACACTTCCACTCTTTGCCAGATTGAATGTTTTGTGGTAACTAGTGTTTTTCTTGTGGTCCATAGGGAGGCT  
CCCTTGAAGACCAGGTCATCCAGACTAACCTTATCCCTTGAGGCTTATGGAAATGCCAAAACCATCAGGAACAA  
CAACTCCTCACGTTTCGTAAGTATGAAGTATTCAGTTATAGTTGCTGAAGTTTTTTTTCTCCCGTGAGTTATA  
AAAAAACTTTTTTCTACTTAAAAACGATTTTCGAACTCGAATTCGGGTGTCCGAACATAAATCTTTTGAAATT  
CAAATACTTGATTGGCCAAAATAAACCTGAAGGCATTTTAAATTTGTGATAATATAATGCGATAGTCCACAAAA  
TACTGAAAATCGCACTAAAATCTAGAAAATTTTAGTCTAAAAATACCGCAGCCTCATTTGTAATGTGTTTTAT  
TTTTTATATGTCTTTTGTAGGAAAAGGACTGGACAACAAGGAACCTAAACAAAATTTGCGATGCTTTTTTTTTG  
TCTCTTGTCTTGGTGATATTTTGCATTTTACCTCTCTACTCACCTACTTTCTCATTTTAAACAGGGAAAGT  
TCATTCGCTGCCACTTCGGCCCAAGGAAAACCTCGCAGGAGCCGATATTGAGTCTTTGTAAGTTTAGCTTTAT  
AAAACTTTTCCCTTTTCGTGAATGTCCGCCATTTTGTCTTTTATCTGAAAGCGTTCTCTTGTCCACTCTCTGC  
CCAAACCACAGGCATCCACGCTTCTGGCACTTAGATTTTTATGAGCGCTCTCTTTCTTTCCCTTACCCCAA  
AACACAGGCTTCCCAAGTTCCGGCATTAGGAACGGCTATCGTTATTTAAATTTGTGTTTTGCGATCTGCT  
CGAGAAGTCCAGGGTAATCTACCAACAGGAAAATTGAGAGGAATACCACATCTTCTACCAGATCTCTATGGT  
GCACCCAAGGACCTCCACGCTATTTATAGAAAATGTGTTTTAAATAATCGTCCAAATCAGAGTAGCCAAATTTA  
GTAAAAATAGGGCTCAAAATTTATGGAGACTGGAAAATGTTCTTAATGATGGCTTAAATTTTAGTGTATAAAAA  
TATAATACCCACGAATTTATGAAAAGAGAATTACACAAAATAACACTAGCAATAATATTTAAGTTGTTTTA  
TGGACACGATTTTAGAACGCATCAGACTAACAAAAACAATCTTTACTGCGATCTGAGCCTCGGCATGCACCTG  
GCAAGGCCTCGGCATGCACCTCGGCAAGGTTCTTGTCTAAAAATAGAGTGTTTTTCGCCAGGTTCTTTCTCGT  
TGACGAATAAATATCTTTGGTTTTACTTAAAGGAGTAAGAAGCCCCAGTAGAAGTTTCTGTTTTGTATATGTAG  
CAAAGCTAATGGATATTTGTTATTTTACGTTGCAAGATCAACTTCTCTCGAGAGCAACAAGACC GCCGACTA  
CGCCTACACCCGGAAGGGATGTGAGCGTGCAGATGGTATCGACGACGTCGAGGAGTGGGCCAACACTGAGGTA  
AATGGTGCAAGACTGTCTTGAAAACCACAACAACCTAAGCTCATGAAAGTCTTTTGATCCGACGTGCGTGAAG  
CTAAGATTCACATATTTACCTCCAGCCATATGTTTTAATTTATTGGTGATCCCCCTTTGGGTCTGTGCCCTACC  
TTTTGGGGAATCCTGGATTCGCCCTGGAGGATCATGGGTCTTAAACATCATAATCGGTGGCGGACACATCGCC  
TCAACCTCTCGATACATCCTTGAGAAGTTGACATGACAACCTATAAGCTGAATTTGTTTTATCGATATATAGTTG  
GCCGCCGACACCTTTGGTTTTCTCAGCGGAAGAGAAAATGTCCATGTACAAGATCTGCGCTGCTTGCCTTCATT  
GGGGAACCTCAAGTTCAAGCAGAGGCCACGAGAGGAGCAGGCTGAAGTTGCTGACCCCAAGGGTAAATGACA  
TTTTCTTTTTATTGCCCTCCGTACAGCAACCTCGCCCTTATATCAAGACTTTTTCGTGGGCTATGGTTTTATTAG  
AGTATAACGAGAGCTACCTTGTAACACCCTAAATATTTGTTGTTCTCTTAGCCATTCCGCCGGGTATATCAT  
ATCATAAGATTTACGCTTAACCATGGCGCCAGACGAAAATTTCAATATCATTCTGTTCTTATTACTTACCT  
TCCCACAGATCTCGACAAGACTCCTTTGATGAAGCTGCCAGGCGTGACTTTGTCAAGAACATCGTCAAG  
CCCAGGATCAAAGTCGGTCTGTAATACGTTCAACCAGGGACGTAACTTGCAACAGGTACGAGCCGTCACGAATG  
CGATCGGCCAGTTCCAATTTGTTCTCGGTGTGTTACCAACTCTTTCTTCATAAACCTATGATTTTTGCATTAG  
AGCTGTAGACTTGATCGATTTGTTTTAATTCGCAATGTTGCGATCAGCGGGTTTTGTTATTAACCCGTAAGAATA  
TTTTGAGCGAAAATGTCAACAAAATAAGAAATAACCTTTCGTTTCGCTTATTCTAGGTGAACACTCCATTGGAGCT  
CTGACCAAGTCCCTGTACGAGCGCATGTTCTTTGTGGCTCGTCGACCCTGCCAACCCAGACACTTATGACCAAGG  
ACCGCCGTGCCTTCTTTATTGGTGTACTAGATATTGCTGGTTTTCGAGATCTTCCAGTTCAACTCCTTCGAGCA  
GCTTTGCATCAACGTGACTAATGAGAACTTCAGCAATCTTTTAAACCATCACATGTTTCATCCGAGCAGGAA  
GAGTACAAGAGGGAGGGAATCCACTGGGAGTTTTATCGACTTCGGTACGATCTCGAACCCACCATCAACCTGA  
TCTTCGAAAAGGTACCGTATTTTCGCCATCTTGAGGAGGAATGCATCGTCCCCAAGGCCACTGATCAGAC  
CTTCTGCAGAAGTGAACAACACCCACGATGGAAAGTCAGCCAAGTTTCGAAAACCCAAGATCTCTGGCAAG  
AAGCAGGTCAACTACCCTTCGAAATCCATCACTATGCTGGTACTGTTCGGCTACAATGTTGACAACCTGGCTGG  
ACAAGAACAAGGACCCATCAATGAAGCTGTTGCTTCTCTGTTTCGCCAAATCTGGTGATCCATTTCATTTCCCA  
CTTGTGGAAGGAGTACGCCACTGAGGTTAAGAAACCGTATAACACCTTGTCCAAAATGCAAGACTTTAACAACG  
ACTGCAATGACCTTGTGATAGACATGCAACAGTTAGAAAATAGGGAGCTTATTCGAGGGAAAGTTAAAACCTA  
AAACCCAAAGATTCGTTTCAATTAATCAAAAATAAGCTTTTTTCCCTTCCAATCACGTTAGAGACCACCCCCC  
CCCCGCTATACAGGCATTTTACGAAAAGTTCCACCATCATGACCTTAAACATTGTCTCATGAATTCATGAA  
TAAACATGTGACAACCTGAACTTTAACCACCCGCAAATATAAGGGATGGTAGACCACCCCTGCCCATCTCATT  
TTGTCTGGAAGATTTACTATTTTGAATTTGCCTAACAAAAATTCATTACGTTTTTACGATATCCATTGCAA  
CTTTGAAACGTTTTCGTTTCCAGGGCACACCCGTGGTAAGGGAGGCTCCTTCCAGACCGTCAGTGCTAAGCAT  
AAGGTAAGATATTTAAGTTAATTTATAGTAGTTTTTACGATATAATAGCGAAAATTTGTCGGTGAGCCGAAGA  
CAAAAAGGGTTATCTTTGTTTTGTTATGTTTATCCAGTCATACATCTATTTTCACTTTTATTGAGTTTTGA  
TTTTATTTCGCTAAGTGTGCTCAGAAATTTGCCGTACAATAAAATCGTTCTAAATTTACTTTTTCTAATATTTCC  
TAAAAGCGAGTCGTTATGAAAAATCCATTTCTCATCTTTTAGGAACAACCTGCAGAGCTTGATGGACACCCAT



ACAGCACTTCTCCTCACTTTGTGCGTTGCATCATCCCCAACGAGTTGAAGAAGGCAGGAGTGATCGACACACC  
 ACTGGTTATCCACCAGCTGAGGTGTAACGGTGTGCTGGAGGGAATCCGTATCTGCCGCAAGGGCTTCCCCAAC  
 AGGATCCCCTTCCAAGAGTTC AAGCAGAGGTTAAGCACTAAATATAATCAGGCTATTTGGGCCTTTTGGGACTT  
 TGTTTGCACTCACTATTTCTGCTATTTGCTCCCAGATAACCAGATTTCTGCCCCCCACTGCAGTGT CAGGTCAG  
 TTCATGGATGGCAAAAAGGCCTGCGAAAAATGCTTGCAGCTATCCAGCTTGAGGAGAACGAGTACAGGATTG  
 GAACAACCAAGGTGAGCCTATAAAAAACATTGAAATTACTCTTGTGTTTGAAGTTTCTTTTACCTTTGAGGA  
 ATGCGTTACAAAACGCGTGTGCGTTATCTTCATAGGTGTTCTTCCGTGCTGGTGTGCTTGGTACCTTGAGGA  
 CTTGCGTGACGATCGTCTCGCAAAGATCATCAGTATGTTCCAGGCCCTACTGCAAGGGGTTCCTTATGCGCAAG  
 GAATACCGCAAGATGTGCGACCAGAGGTAGGTAACACTATTGTTGGCTCGGTCCAGGCTCTTTACCGAGTTCT  
 AATCCCGGTCCCTAAAGTTGGGGACTTTTGTGCTGACTCAGGCTCTTTGGAATTGAATGAAATGCTCCAAGTGGAT  
 TGAACTTGTCTCCTGTGATTCAGTATTTTGGGTAGAAAAACGCGGTTTTTTTTCTACTAACACCTAACCTC  
 ACAATTTGAAGGGGGTGTGATAAAAAACGCGTGTGCTATTTCGTTAAAAATATTAAGAAAGGTGATTATTAAGG  
 AAGAAGGTTATGAAGTATTAAGTATTAGTAAGATTAGTGCTT CAGTTTGGAACTCAAAGAAATGTCAATACTG  
 AATTGTCCAGACGAATGCCTTACTTTCTTCCATTAGCAAGTATTGAATTGCTTCTATCTTTGCTTACTTAA  
 TCTAAAGTTGCGTGTAAAAATAGGATCGGTATCTCAGTATCCAGCGCAACGTCGCCAAGTACCTGTACCTCCG  
 CAACTGGGCGTGGTGAAGCTGTACACGAGGGTGAAGCCTTTGCTGCAGGTCGCCCCGTGCGGACGAGGAAATG  
 AAACAGAAGGTGGGTAGTAGTAGTAGTGGGATGTACTTTAGGACACGTTTCTTTTAGGAAAGCCCATGGGGACA  
 AGGCCAGTAGGCTGGGGTGGGAGGGGTACCTACTTTTTCCCCTTGTGAGATATATAAAAACTCGGAAAACC  
 TAGTCAACGACTAAAGCCGAGAAGAATCAACTTGAGAAATATAGCCAAGTGGCTAAGTGAATGCGGCTTCTA  
 TTGACAATCCAAAAACAGCCTACGTGCCTGTGACTTCGGGCTAAGAAATGATAGGGTAGAGAAGGTTAATGG  
 CCTGGTAGTTAACATGAATGAAACATGAAACGAGTAGTTGTCTGACGAGCACCAGACCTTTTTTGTCTGCAG  
 CATGTCTGTAGTATTTCTAGTTTACTATTAGCTTTGCCACCTTTTCATGGGCCATGCCACACCAAAGACTTG  
 TAGTAAAAATTAGCCTATCATTGTTATCATACTTACTTATTCCCTTTTATCCATTTTAGGTCGAGCAGATGAAA  
 GAAATCGAGGAGAACTTGGCAAGGAGGAGGCTTTTGAAGAAAGAACTGGAAGAGAAATACACCAAGTTGGTGG  
 AGGAGAAGAACCTGCTCTTCCAAGACTTCCAGAGGGAACAAGACGCATGCGCGGACGCCGAGGAGAGGAATGC  
 AGAGCTTGAGGGCAGGAAAGCCGACCTCGAGGCCAGGTCAAAGACATGCTGGAGCAGCTCGAGGATGAGGAG  
 GAAGCAAGTGCCGAGCTCTCATCCGTCAAGCACAAACTCGAGGGAGAAATCAGCGACCTTAAACAAGACATCG  
 AGGAATCGACGCTACCTCAAAAAGGTTATTTCATAGAAATCGGTGGGCTTAAGGAGTCCCTTTCTCTTCAGT  
 ACATCATGCCGAGAACTTTAAGTTTCGCGTCAATCAAGCTTTTAAATTTGATAAAATCTCGTTTAGATGCGAATC  
 CATAGCTATTGCTTCTTCAGCGTTATCTTGAGTAACAGATAATGTATCTGACATATTGAATTTTATTTCATTA  
 TAGGTGGAAGAAGAGGGCAAGCAAAAAGGACAAGAACATCGAGCAACTCAACGAGGAATTACAACAACAAGACG  
 AAGCCATCGCAAAATTAACAAAAGCCAAAGAAGCAAGTCAAGACGAGCGAACGGTAATTGCCAATCGCAAGTT  
 AAAAGGGGCTCAATGTATAGTGGTCTGATTCTTTTTTTTTCTTTCTTGTCTTTTTTGTGTCCTAATCAATGCCCAA  
 GTTTACTTTTTGCTAAAAAAAACGCCGTTTACATGAATGGTAAGGGAATACGTGCACCTACTGAAAAATGT  
 TTTACGCCAATAAAAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA  
 AATGTGGGAATCAAGTTCAAATGGATTTAGTTT CAGGGACGTTCTTATTGTTATTGGTTATTTCAGCGTTAA  
 TCGCATGCCCTTTACAGGAACTCGAGGATCACCTTCAAGAGGAACAGAACAAGTCAAGTCACTCACTCACTAAG  
 ACCAAGCTAAAGCTTGAGAGCACTCTTGACGAAGTTAACCTCAACTTGGAGAGGGAAAAGAAGTTTCGCGGAG  
 AGGTCGAGAAAAGTCAAGAGGAACTTGAAGGTGACCTCAAGATGACTCAACAGACCTTCAAGAAACACAGGC  
 CGAGAAGGCTCGCACAGAGGATGAAGTCAGAAA GTATGTGCAATTTTCTGGGAGTCTTTTTTTTATTCTTGGTAG  
 ATTCCCTTTATCTTCCCTGGCAAGCTTTTGTTCCTTTAGGTCAGTTTGGCTCCCTGGTAATGATTGCAAAC  
 CTTTTAAATAGATAACATCAAAGAGGCCTAAACTATGTGTGCCCAATTTGGCGACTGTGGCGTGACCAAATGTT  
 ACATAATGTATCAATCTTGTTCCTGCGGTTATTTTTTAGTTGGGACGTTCCCTTAGTAATCCTTTTGACCACA  
 CTCTGGGGGAAAGGTTAAAAAAGCCAGTAATACCTCAAATTAATATATATATATATAGCAACAATTTAAGCCAG  
 GATATAACAGTGTACGCAAGTCTGAGTCGATAATGTAACATTACATTTAACTAAATGAATCGCAACACTTTC  
 TTCTCCATCAGGCGAGACGCTAACATCGTTGAGCTGAGCGGGAAACTTGGAGACAGCAACAACCTTGTGGAAT  
 CACTCAGGAAGAGGATCCGTGAGCTCGAGGTACGTAAGCATCATGGGTAGAGCTTGGGCCAGGGCATACTAA  
 TAATGAGATAAGGAAACGACAAAAACCGCGCTATAAAAAGAAATTTAGATAACGTTTAGCGCTCATTTACAT  
 TGAACAATGTAAGACATTTGCTCGTCCAAAAGGAAACATGAAAAATAAACCTAAGGTGGTTGAATCAAATC  
 AACGAAACTGTTTTGATACGCCACATGTTTTCTACGAACTGGCTTGGAAATACATAAATCTAGGAAGAATTC  
 TAGTTCTAGGAAATCGATTTCCCTTCTGCGGCCGTC AACCTTGTTTGCGGCTCGTTACTAAATATACAGAAA  
 GCATCTCGATTACATACTGCTAACTCCATAAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA  
 GTGTTTGATTCTGTACCTGGGTGTGCTTGTAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA  
 TGTGTATCTTCAAAGCAACCGAGTTATATTTAGAGCAACTCGCTAGACTCAAGCGCATGTTATCATCGCTGGT

TATGCTCAAAATTGTTTCATCTGTAACCTGCAACCTAAAACCCAAGTATTTATCAACTGCGTGGTGCAAAAGACA  
 TCTCAATCCACGGTCATCGGTGCATGTAATTTGTTATGCCTCTGGCAGATTCACTCATCATGCAGGCTTTAAC  
 AGTCCTATTAGCACGCACATTAGAGCTACGGAATACTTTTTCTAATGAAATTTACTCATAGCGTCGGAAAAACA  
 TGTTTGAAACGTGTTGGATTACTGGAAAAAAGTTCTTTAGAAAAACGTCACTATTTTGTATTATTTATGGACTTT  
 GAAATTGCATCTTTGAAGCGTTGAAAACCTGCCTATTTGAGATCTCAATGTCAAATCAGCAGCAAAGCTTTAG  
 CATCATCGTGTGGTCGGAAGTATTTTCAAAATCAATTTCTCATGGCAATCTTTCACCTTTAATTTCCCTAGGAAT  
 TTTATCAGAAGAAAACGATCTATACTGTTCTTCCATTCTGTCACTCGAGAGCGGAAAAAGTTGAAATCCATGGG  
 CCCATGGGAAAAGTGTTTAAATGTTTGAGAGTGCACCTTGTCCCAAACAAACAACCTGAGGTGCCGTGTGCGCATA  
 CTCTAGACAAGCGCTATTCGCCGGGAGCCTTTGGGTCACTTGTCACTAAGCAGCGGTATAACCGCCAGCCA  
 GGGAACGTACAAACGGCCATCAACCTATAGCTCCTTAAACTCGCGCGCTACAATGACTGAAGGAATGACAAAA  
 GCGGATTGGATGGTAATTGATCATTAGTGCAGTTCTCAGAACGACACGAGTGTGTTATGAGGTCTTTAGTGCC  
 ATTAATCTCGGCGAGTAAGGGCCTCAAGCGGATTGCTCGGTTACAAGTGTGTGAGCTACTTTACAAGACGCG  
 CCGTTTCCATTTAGTATCGAGACTTAATTACACAGGGCCGGTCTGCTTTTTATAGACGAAAGGCTGTGCCT  
 TGATAGACGAATGTTAGCCTATTAACCGTTTTACCAGATGGTCAAAAACATGAGCATAAAGGAAGGCCACCCG  
 TCACGGAATGATGGCTGGTAGATCCGCCATTTCCGAGTCTTCCAATTTGTTTTACCATATTAAGT  
 TAGGTAGTTTTAAGCTAGAGGAAATCTCTGGTATTTATCAACACGGGTTACATCTGGCATGTGATCTTTGCGG  
 AGCCCTTAAGGTTTCGAGGACTCGATTCTTACTGAAAATTTTACTTCTGTTTTGCAGGCGCGTGTGGAAGAA  
 CTTGAAGAAGAGCTCGAAGCTGAACGCAACGCTCGCTCCAAGGTAACCTCACTACACCAAGCGTGTCTTAAAC  
 ACTAATATTTATTTCTCAGTGGATTTAAAGCTTGTTCCTCGACGGTACAACCAGTTAAGCTACTCCGCTATGT  
 TCTCTTTGGGGTACAGTACTCAAGGTAGTGACAGATGTCTGAATTCATTTCTAAAGAGCCCACTCTCTTATC  
 CCGAACTAGAAAACCTGCCTTCAGCATAACTTAAACTTTTACTCAGCCAAAGCTTTCTTGAAATCTCGAATGCC  
 ATAAACAGGCTTTTGCATAATTTATGGGGTTTTAACGGTCTTAAAGCTCATACTGCGATACTAGACAATATGC  
 CACCCAAACCCGAGTTATGAAATTTTACGCCCTGTTCTATTACTCTTGAGTGGCTATTTGCCGTGCTTGATAG  
 GCAGTCAATCGAATCGGAAGGGAGTGCCTGTGATGTTCTGTGCGATTGCATAGCATCCTTTGAATGGCGCAC  
 TGTATCGTGTCAAGTGCACATAAATTCGGATACCTCTTTCATATTGCTTGGGTGCTGATCTGTCAAGCGACCAT  
 TCGCGTTTTCCCTTGACGTGCGGTACGGGTCACGCAAAAAATGTAACGCCATATAAATGTCAAATTTTTATTTT  
 TTATATCTTTAAATCTCTAGGCTTTTCCAAACACAATTTTAAAGGCATTCGTATGGCTTTTTTTGAAGTGTTTT  
 TAAAGTCCGTAATCAGTGTGAAATGTTAATCTTTGTTTAGGTGTTTATTCAAGGTATCAAATAAATTTCC  
 ATGTTGTGTGCTTTAAGGATTTGAATCCAATCGTTTTGTTTAAAGAAGCTCTGGAATGTGGTAGATTTTAGTA  
 TCGAAGCATCCTTTTGGTGAAATGTTTCTTAGTGAATCATGTTTCAAATAAAACAATTTGATTTTGAAGC  
 TTTTAAATGCTTTGAATTTAAATGCAATGTTATCTGTTTTGTATTTTTAACTGATTTCCATGTGCTTAAAGTAT  
 TTTGGTTTCATCTTTTAAAGGGGGGCTATTCTGATAAATTCATCCCTGGAAATCCAGAAAACCCCATGACTG  
 CTTGTCTCTCTTTGTTTAGTCCGAACGAGCAAGGCAAGAATCGAACATGAACCTCGATGATCTCAACGA  
 ACGTCTCGATGAGCAAGGTGGTGCACGCAGGCTCAGGTAAGCGGTATCTCCCTTGTGCATTCCTCCTCTAC  
 CCTTAAACCATCCCTCGTGGAAATTTACCCGAGCATTCTCGAACATTCGGCGCAAGCTCATCGCTCGTTCAACT  
 CAGGAATGCGCGTCTTTCTCGAGTCCGAGTCTGCCATTAAGCATTGCGGTGCTGCTTGGTGGTGGTGTGT  
 TGATGTTCTTCTGTTTCAAGTGGGTTATTTCTCGGAGAGTGTGTGATCAGACAAAATGGACGAAAGGCCGTATGA  
 TCCAGCATTGAGCGAGTGGTAAGCAAAGTGATAAGATAACCAGAGCTATGCTTGTTTTTATAGCTTATGCTCA  
 GAGTATGAAGTAATTTACGCCACTCAGGACCTTACCGAAGCAGTGTGCGTAGTGGAGATCTGTGCTTGTG  
 CAGCTTAGGGATACAATGTCAGTTCACTTTGGATAAATTTACGCAACAAGCTCTCGTATTAGATTGACCCGCT  
 AGATGTTGAAGCTCAATGTCGGGAATATTAACCAAATTTCTGGCATCGAAGCGACGTGCGTCTAGGCGTGGGAT  
 TACAGAGCCTTTTAGTTGTTCTGACATGACTCACATCCAGAGGGTGTAAATTAGCAACGATCTCTTATGC  
 CAAAGGCTAATATTTAATAAAAACTTTTTGACACGAATTTAAAGCTAAGTTTTAGATTTTATAAAATGTAATG  
 TTAATCAGGATGATTTCAAATTTGAAATTTGTTTAGTACTGTTGCGTGTGATTGTGGTGTAAACGTATCAGT  
 GATTCATTACTGGCGTATAAGTGAGTTTCTACCAAGACAGCCGAAGCAGACAGACTTGTGATGTTACTATGCT  
 CGCAATGTTGAACTTATTTCAATCATTGATGCTTTACCAGACAAGAACCCTCGTTTTGACACCGTGACGTGACC  
 GTATGAAAACAGCTTCCATCGGATTACCTTGATGCTTTATAACACACTCATCAATCAATTTGATCACTTTGCTC  
 ATCAAGGTCTATCAGCAACGATACAAGAAAACAATTTAGTACTTTGAGCAAGCTGAGGACCGCCGAGTTTTAAT  
 AGGATTTGAAACGCTATACGTTTCTTTGAAATATTTCTTATCTTGTGAACGTTTGTAGCGTAACCTCGGATTG  
 ACCCTCCGGTTTATGTTCAATGAACGCGAATCACTATTTGTACTGTACATACGCAAAGCGTATGTAACGAAATA  
 CAGCGAGTGTGACAAAAGTTGACTCGTATTTGCCCTTTACTGTTTTGATAATCGAAATACCAGCTATTTCCGCA  
 GCATATTGAGAAAAAGATTTCTCTTTTAGCTGCATCCACCATCCAAATTTGTCATGAAAGAAGTTGCCGTGTTT  
 CTTAATGTGCCGTCTAAAATCTTTTTGCGCTTCTACTAGATGGAACCTCAACAAGAAGAGGGAAAGCGACATC  
 ATCAAGCTGCGAAAAGACTTTGGAGGAGCAGGCCCTCGCACACGAGCAAGCCGTCAACAGTATGCGCAGCAAAC

AGAACCAACAGATGCAGGAGATGCAAGAAGAACTCGACCAAGTCAAGAAAACAAAGGCTAAGTAAGTAATCAA  
 TTGTTCCGTGCAATTATTGTCCGACTGAGATAACATAAAGGATCATTATTGTATTTTTATTTAAAACATATAAT  
 CAATTTACAATTTTCTCGATTGATAGCATAATTAGGCTTTAGGTGTCGATTTTGATCCTGAAATAGCTACCGG  
 ATTATATAGATACACAAAACCTATTACACTCTAGTGGGCTATTACCTATAGCAATACCAAGACATTCATCAATT  
 TACTAGAGAGCACGAAAAACGAAAAACAAGACTACGATATTTACCTCCATTTGTTGACCATTTGAACAATAAG  
 TGATAAGAAAAAAGTTGATAAGAAAAAGCTAGTTATCACAAAATAAAATACTCACAAAGCATCACTGTCAACCA  
 TCTGCTAACATATTTCTGGTCACGCAACGCGTACTAGTGTTTTTCTGACCGAGTCACGCAACCTTATAGACAG  
 GCGCGTATGTACGTTTCGCGCGTCGTCAAACCTAAAGCCCTATCTATACTAACAACTTTTAGTTGACAACTATA  
 TTTGTTGGCATCTACACTAGCAATTTTTCATGAGTGACAAACCTGCTAGCTTTTGAGCAACTATAGTTGCCAC  
 AAAAAATTGGCAACTTTGCTCCATCTACACTAGCAAATAAAAAATTGTCTCATAAAAAATTGTGAGCTAAAAAT  
 TGTAGTGTAGATGGGGCTTAACTTTTACGCGCTTTTATCTTCGTGTGTTTTACCTCTTTGTCTTAAGTAGC  
 GAAATTTTATAATTTTCGTGCTAAAAAGTTCCACAATAGTGTGGCCCTACAGAGCAAGACACAAACGCAGTTTTT  
 TTTCTTTCTCATTACGAATGTTTGTCAATTGCCTCATAGGCTCGAGAAGGAGAAAAGCAGCTCACTAACGAG  
 GGTGATGATCTCGCTGTCACTGTGGAAACTCTGCAGAAAACAAAAGGTGAAAGTCAAATATGCATTTGTCTTAT  
 GTTCGCGAGCCTTTGAACGTTTTTCCGTAATAAAAAAAAAAAACAGTGTCTTTTTGTTTTATACCTAACAGACTAC  
 GTCTGTATTGCGTTTTGTAGCAAGCCTCTGAGAAGAAACAACCGCGCCATCAGTGATCAGCTCGCTGAATCCAAG  
 GCTCAGGTATAACTCTAGGCTAATCTATTGATTGGCATAATGAGAAAAAAGGCCGGTCAGCAAACCAAATAAC  
 CCGAGCTAGTAACAGTACTACTGTATAAGTGTGCATGTGATCATATTTCTATGCATCTAACAAAAGCAAGAGCT  
 TATGCAGTACTTAAAAATGAAAGGTATATTTTGTATGTGATAAATACTAGAAACTGCAGACAATCTGTAGAAAAT  
 TTGTGTAGACAACTATAATTCAACACCAGACTGGATTTCTACGCCCTGTGAAACGAAGTTGCGGGCAAGTT  
 TCGGAGCATTCTGAGCTTTTGTGTTGATTTCATAGCTTGAATACTTTTTGTACCCTTGAATTTCTAGCGGTGTT  
 AACCCCTGAAATATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTCCAAAAGAACGAAGAAGTGAAGAAACATCCAGGAGCTGC  
 AAGCGATCCGAAGTCAATCGAGGCCGAGAATGCCGACGTCAACCGCCAACCTCGAGGAGCAGGAAAAAAGGG  
 TGGTCAACTTGGCAAGGCCAAGAAGAACCTGGAACAACAGCTCGAGGAATTAAGAAACAGCTCGACGACGAG  
 ATGCGCGCCAAGGCTGAGGCCAAGCAAGACTTAAAGAACCTCGAGGCCGACTTCGACGCCATGCAAGAGAAGT  
 TCGATGAGGCTGAAGATGGTAAGGCGGATCTGCAAAAAGCAGCTCTCCCGTGCAAAACCCGAGGCTCAGAGCTG  
 GAAGAACAATAACGAACAGGACGCCCTGGCCAAGGTCGAGGAGCTTGAAGATGCCAAGTATGTAGACCTTGA  
 GTTGTCTGTATCTTAAACGCCCTTTCTTAACTTAGTGTACCTTCAAAGCCAAGTGACGCCAAGTTAAA  
 GGAATAATCCCTCCCTCACAAAGAAAGGATCTTTATCTTTCAGCATTTCATTCCAGCATTACAGCTTAAAGAA  
 GGGATAATTTGGCTTCCCGTTTGTCTTAGCTTCCAAAGCAAACCTATTTTATCCACTTAGGCGCAAGCTTGC  
 TGCCAAGTCCAAGAGATGGAAGAGGCTCTTAAACCCGCACAGACAAAGGCTGCAAGCGCTGAAAAGACCAGG  
 AGCCGTCTTAACTGAGCTTGAGGATGCCCTCATCGACCTGGAGAAGGCGCAAACCAACAACCGCAACCTAG  
 AGAAGAAGCAGAAGAAGATCGACATCCAGATCAACGAATGGCGCGTCAAGCTTGAAGAAGTCCAGGCTGATCT  
 TGACAACCTCCAAAAGGAGGCCAGGAACTACTCCACTGAGGTATGGGGGTAGCCGACATGACGGAAAAACCTG  
 GAAAACCGCAATTCAGATAGAGAGAGGCGAAGTGCACATAAACAGATTTTGGCTTTTTAAGATAATTTTTT  
 CCTTGATCATCCAACGGAAGCCAACGGAAAAATCTCCTTGAACATCTGCTCTAGCCTTTACAATTTCCATTTT  
 ACTTGACCAGTCAAGTTAATTTCTAGCCTTTGGATAGAATCTTCTAAACACGACCAAGTCAAGTAAATTTAT  
 CACCAATGCTCAGGATTTACCTCTAAACAAAACAACCAAAACCCAAAATATATTTCTTAAACAGCTTGACCAAC  
 CAAGGTCAAGTTGATCGTACTTTTAAATCAAATATCTTGTTCAGTAACCTTACTACCTAACCAACGTTTTTGG  
 TGTGTTCTTAGATGTACAAGATCAAGGCCCTTCGATGAGCAGAGCGAGCAAGTCAAGCCCTGAAGCGCGA  
 GAACAAGAGCCTTGCAATCCGAGGTCAACGATCTTGCCGACCAGCTTGGTGAAGGAGGCAAGAGCGTCTGGAG  
 CTCGAGAAGCTGAGGAAGAGACTCGAGATGGAGAAGGAGGAGCTCCAGACCCTCTCGAGGTGAGTGACACCT  
 GCAATCTCGCACATACTATATTAACGAGAAAAACTTACTTGATCCAACCTTGCCCTGACACATTTTTATGCAA  
 AGGACATCTCTATAGTGAGATAAATCCGCTTTAATCACGGTGAATTGCCATCAACTATCAATTC AACATCTTT  
 TCCATAGAGTATCAAATAATAAAGGAGAAGTTGAATTTTTATAAATAATAAATAATTTTTGTATATTTAAAAC  
 AAAACAGCATTGCCACGCAAGACAGATATACGGACTTCAAGGAAAACCAAATGTGACAACCTGAGCACTGAAC  
 ACTTTGTGTGTTTTGTGGTTGTAGGAGGCTGAGGTTGCCCTTGAAGGCGAGGAAGGCAAGGTCTCAAGATCC  
 AACTCGAGATGACTCAGCTGAAACAGGAAATTCGAGCGCAAACCTGGCTGACCCTGATGAGGAGATCGACACCCT  
 CAGGTAAAGCGGACATCTGAAACCAATTTTTGTCTATCTGTGATAGCTATGCCCTTATCATATGAAGTTCTAA  
 GAAGACTCTTTTTTCAAGTTAGACGTTTTTTTATATAAAACACTTATGCTACGAGGCTACATTTTTTGTGAAAAC  
 TGTGTGGACGAATTGACTGTATTTTTTGTGGACGAGTTGACTCTACTTGTAAACGAGTTGACTCAATTTGTGGT  
 CGAGTTGGTTGTGGACGACACGGTTTTGTTGACGAAGTGAAGTGTAAACCGGGTAAAACGAGCAACATAGAACAA  
 TAATATTAATTGACAACGAGCTGCTTGCAATTAATATTTTTTACCCAATAAATTTCTTCAACGAAATAAGAGT  
 GTTGGACTTTGAATCCCTCTTACAACAGGAATTTGTGACAGTACTGGCGACAAGGAGCACAGGACAGAAATGAT

CAAAGTGGCCTGATAGAAAAGTCATGTAAGACCTGAGAAAATTTTCTGTGTCTTGATTGATCGGAACTCTTACCA  
TTTCCAGGAAGAACCACCAACGCCAGCTCGACGCTCTCCAGGCTTCTCTTGACAGCGAGGTGAAGTCCAAGAA  
CGAGCTTGCTCGCCTCAGGAAGAAAATTCGAGACGGACTGCAACGAGATGGAAATCAACCTTGAAAACCTCCATG  
AAGGCCAACAGGAACTCCAGAAGACTACCAAGAAAACGCAACAGCAAGTCAAGGTGGGGGAAGGAGATAAGAT  
AATCACGTTTGATCAATGGAGATGTGCAAAAAAATGAGATAAAAATGTTGGAAAAGGCAGCACGAATAATGTTA  
ATTTAGATTTCTGAGAAAAGCGAAGGATGATTACTGGAGTACGTATAAAAACGATTTATCGGTTTACGGCTGTC  
TTGAAGGTGATGTTCTTTTGGCGTTGACGCCATAAAGAAAACAAGAAGTAATGAATGAAAATGATTTGAATC  
TAGATGACTCTATAGAATGTGAAACAAAGATATTAGACGCTTAAAGAATTATATTTTTTAGTACTCCAAGAGG  
ATAAGTGTATGCTTTTGTTCAAAAGACCTGCAACTGATGGTTGAAGAGGAACAGCGAGGCCCGTGACGACG  
CTCGTGAATCTGCCGCCCGCGCCGAGCGTCTGCTGAGCTGGCCGCCGAGCTGGAAGACCTCAGAAAACCA  
ACTGGAGCAGGCCGACCGCGCCCGCCGACCGCTGACCAGGAACGCGCCGACGCGCTGGACCGTCTTGCCGAG  
GTGTCCAACCAGGTCAACAACCTTCAACAGGGCAAGAGGAAGCTGGAAGGCCAGGTCAACACGATGCAGGAGG  
AACTCGACGATGCAGAGAACGAGGCTAAGGCCGCTGATGAGCGCTCGAAGAAGGCAGCTGCTGAATTCGCGACG  
CGCACAGGCTGAGCTAGTTAGCGCCAGGACCACGCTACCCTGCTGACCGCGCAGGATGAGTGTGAGCGC  
ATCCAGAAGGACCTTGAGATGAAGCTTGAGGAGCTGGAGGCTGCTGGAGGCAAGGCCCTCAAGGTTTCAGATCA  
AGAAGCTGGAGCAGCGGTAAGAACTTACACCTTTATGACAAGGGAACCTTGCTAAAGCGGACATGAGAATCG  
CTGTTACGCGCTGATCTAAAATTTAATCTTCCGCACTGTTTCAATAGCAGTCACGTAATAACAGTAAGAAGAT  
TTACTATACCAATCTTTCAACCAACAGGTGAAGGAACCTCGAGCGCGAATTGGACAACGAGGCCAAACGCAGCG  
CCGAGTCCAGAAAACCTTGCCAAGAAAAACGAGCGCCGAATGAAGGAGATCCAATTCAGGCTGACGAGGACCA  
GAAGAACCTCGCTCGTGTCTCAGGAGAACTCCGACAGAATGAACAACAAGCTGAAGAAGATGCGCACAGCTGTG  
GAGGAGCGGTAAGCACAGGGAGTCAAAACATTTGGGCTATGTTAGCCGCGAATCTTTTTCTTCCCTGAAAAG  
TACTAAAGCATCTATACCATCTCTTGTTCGGGGGATTTAATCTTTTATTGAATTTGGTATGGTGAATGATTGA  
TGAGCTTTATTTTGGGGTATTATGCCGGGCTTTTTTACACAATTTGTCTCCAAATATTGAATGAAACAAT  
AACCGATACAAAGTCTTAGCTCATCCCTTTTTCTTAGGAAGCGTTGGCCGCTGCGAACCCTGGCCCGCT  
TCAGAAAAGGCTCAGACTGAGCTTGAAGAGGCCGAGGAGCGGTCGAGCAACTGGAGAGCTCTCTTCAGAAGGC  
CCGCGGACGTGCCCGCACCAGCGGAGTTATGAGTGGAGGACGTGCGGCATCTCGCGAGGTGCCCTAGAATTC  
TTATCCACACGAAAAACTTCTGATAGATATCCAGTACACCGAATCTCTTCTAACTTTTTAATCTCTTCTAACA  
TTTAATTTACTTATTATTCATTCGGTTTTTTTTAATCGTACCGTTTCATGCCTTATCTTCTACATCTCGTGCAAAA  
TATAAATAGTGGACCAGATCACTTCTGGTTTTCGTGGGCGCTTCTAAAAGATTTTCCCGCGCATTTTTCTAAA  
CGTCTAGATGATAACCAAGCTTGGAGTATAGAACCTCCAAATTTAATAATATTCTTATGATATCCTATCTTTTT  
ATTATAATATAATATTCTAGGTAATGCATTTTTAAGGTGTCTTTTTTAAACGACAACAAAAGTTTTTAAATTGC  
TTCTTGTGTATACTAATAATGAAACCTCACAGGGGTAGTACGATGATCCGTCGATGCAAATTTGTACATAGTAG  
TAAAGATGAAATAAAGATATTGCGCTTCATGGGCAATAGCTTAACTAATAATCTCCTGTAAATAAATGAAAAC  
TCCCTTGTGTTTTGTGTTGAAAACAATACATTTGAATGATTAACCTAGGCTATGTTTACATTTCAAACAAATA  
TTTGCAAACCTCCTCGTTGAAAACCTAAAATTTTTATTATTACATCGTCAAGAAAATTTAGTTATAAACTTA  
GCTTGGATATTTGACATGTTGGAAATTTGTTCAAAAAGTATTGGAATTTATTTTAAATAGACACTTAAGCTCA  
AGCGAAAAGTTTAAATGACACGCTTTTTTGGTTGCTTAGCTTTTTTGTAAACCTTCTATGTCAGCCGTAGGGTA  
TTGTACCCCGAAATCTTTTGAATAATGCTAATAATGAAACAGTATGGCAAGCAAGCTTCAGTTACCG  
CGTTTTTCAGGGAAGATGTTGCGCTCAAAAATTTGCATCTGACTGATGATTGGATGCGTACACTCTTTTTGTTTTT  
ATGTCAAAATTTTCATATCATCGAGACATTCATCAAGGATTTTTAAGTGAATCTTTTTGTTGGGCTTTAA  
TCCTCGTTTAGTGATTACATCTAAGTACATGTTAATCTATTCTAATAACGCTCAGTATTAATGTATCTGTCTT  
AATCTATAAATAAATGTCTAGATGTCATCATATGATGTGAATATGAATACATTTGAGTGTTTTTATCACTGC  
ATGCGCCAAATGGGTTAGCTTCAATGATACCGGCTGTACGCAATGCAATGTACTCAATCTCAAGGTGTCTCTC  
ACTAATCCATAAAAATATAAACGTTTGTACGCGAGAGCACATTTGAAGGAATCAAGAATATGTATATTTTTTTT  
TATCAGTCAAAAATTTGCTAAAACCTTTAAAAAATCGTTAAAGTTAAAGCTTTCTTGAGGCTCTAAATGGCAA  
TTTTCTATGTTATTCTTGCAACAAGTAGAGCATTGTGATGCATAGTTGATTTTTAGGCTATAAAAAGGAGATTT  
CTTTAAAGGTTTCGTAACCTAAGTAATAGAGCCTTATTTGCATGCCATGAATTCCTCTAAATGCTGTCTATT  
TCACTCATATGTCAATCATCCGTCACAGCCGTCATCATCAAGCAGTATGAGGTCCCGCTCTAGACACCAACAC  
GATGAAGATTAAGGGCCGTAATCTTGTAGGTATCGTAAAGACACCATGCATTATATCCCTCAGACGTGCGACG  
TACATTCGATTCCAAGGTTCCCTCGCCAACGAAAATTCGCGTCAAATTTAGCTAGCTTTTTCTTATTTCAGTTCTT  
ATGCAATTATCATCTTTCGTAATGGAGTGTTTAAAAAATTTGATAAGGCTGGATTTTAAATCTTGTGATCT  
TTAATTGCATGTGATGTTATAATAGAAAATCCAAGAGCAAATAAACGTAAGTCTTAGTATAAATTGCATGTTTGG  
AAAATGTACCCATTTCTTTTACACACGCGACGGTAACCTAAAATATAATAACACAACCAATACACTCCAGAAC  
CACACTAATTTTAAATGCAATTTAAATGCAACAACCTTTTAAATTTAAAGGCATGGTACGATTTTAAATACCTATT

ATCTAACGCCGATTCTCAATTGTCTTGACTCAATATCAGTCAAACAGTGCTACTTATTCCAATCATCTTAAGT  
 TTGTTTTGACTGGCTTGCACAGCCATTGCTGTACTACTTTTTAGTTTTTTTTTTTTTTTCATTTTTGCCTGCCTGTTT  
 TGTTCTTCTTCATGTGGGAGGAGCTATGTACATTGTGCATGCGCAGTGTGACGCGTGACGTCATTTGTTTGTG  
 AGCACGACTCGGAGTTTGCACGTTTCTATGACTACCCTTTCTTTTAGTCTGTTGTCAAATAATAATCTATTA  
 ACTCTAATCTATAAGTAACTTAACCCTCGAGTCAAATTTTACCGCCCTTTCATACCTAAAGGAGATAATGTA  
 AAGTGAAATCTTTCTTTCTAATTCTCTATCTTTCCCTTCAGCCCTCGCAGTAGTGTGCCCTTCCCGGCATGCCTT  
 TTCTGGTGAGTTATTTACGCATGCGTAACGCGCAGGCGTACAGGAGAAGGTTCTGTGCATGGCATCTCATCGCT  
 CGATTTCCAAACGTCTCATAACGTCCCTACTTATGTAACCATGGAGATTGTCACGTAGTGCGTGACTGGTAGC  
 ATCTCATCGCTCAATTTCCAGACGTGTCATAACGTCTCTACTTATGTAACCATGGAGATTGTCACGTAGTGCG  
 TGACTGGTAGCATCTCATCGCTCGATTTCCAAACGTCTCATAACGTCCCTACTTATGTAACCATGGTGATTGT  
 CACGTAGTGCGTGACTGGTAGCATCTCATCGCTCGATTTCCAAACGTCTCATAACGTCCCTACTTATGTAACCAT  
 ATGGAGATTGTCACGTAGTGCGTGACTGGTAGCATCTCATCGCTCGATTTCCAAACGTCTCATAACGTCCCTAA  
 TTATGTAACCATAAAGACTACACATCATTTCTGTCTTACAGTTCTTAATCAAGCTCCTGAAATTAGTTGAATGC  
 GGGTGTGTGCCTATTTAATGCCTCCCTAAATTAATTTTTATTATTCCTTTTAGTATTATTTGGGAAAGGAAGT  
 CTTCTATTTTTCAATGGTTTACCACTTCTCTTGACTAGTTGAGCTCCTGCCATTTTCAAATTCCTTGATTA  
 ATTTTTTCTTTTGAATTTCTCCGTACAGAGTACGATACTTCTGATTGTTGTAGCTAAATGACAATAGAAAAG  
 GGAAAAATGAGCACGGTATTTTGTCCAAGGCCACTCATTCTTTTCGCTCGTTTTAATATGGTTTGTATCAAT  
 GGTGATTCTGAGAGCTCAGAAGAATATCTGTCTTGTGTTTTACTTGAACACTTTTACCAGCTCGTTGTAACAT  
 CTCGGTTGTAATAAGGTTTGTGTGCGATGGAGGTTTTTAGAGGTCAGAAGATTATCTGTCTTTAAACACTTTTC  
 ACCGCTCGGAGATTGTGTGCGATGGTGGTACTCAGGGAATGCGCTTGTCCCAAAGCAAAGTCTTTTATCCAACT  
 GTTTCGTTGGTTGTTGTTACAGTGATTGTATCATTTGGTGAATGCGTGCATGCAAGGTTAAAGCCCCCTCCACC  
 CTTGTAGTTGATTGTCCCTCGCTGGATCCAAAATAACGTTACCAACTAGGTGGTTATTCAAAGGTTATTCGTA  
 ACATAGTCTTTTTTCTTTTTTCCAGACGTATATCGCTCAAGCAGCTACCGAAGTGCTTCTCAACCTCAT  
 TAGATGACGAATAATCTACCCAAGAAATTAATAATTTTTGATGTTATAGACATAGCCATTTTCGACGATAACCT  
 GG

### *MyHC*-cDNA

Die *MyHC*-cDNA wurde in Teilfragmenten kloniert. Die Reihenfolge der in der Sequenz gezeigten Primer korrespondiert mit den Primersequenzen in der Anhang-Tabelle. Das erste Primer-Paar in der Sequenz ist auch das erste *MyHC*\_cDNA-Primer-Paar in der Tabelle. Primer in 5'Richtung sind hellgrau unterlegt, Primer in 3'Richtung sind dunkelgrau hinterlegt und haben eine weiße Schrift.

ATGGAGTTGATCCAAACGATCCGCTCGCGATTCTTCGCATCGACAAATCTCAAATCATGGCACAAGCCAAGG  
 AGTTCGAATCCAAGAAATGGGTATGGATTCCCGATCCCAAGGAAGGGTACAAGGCTGCCGAAGTGAAGAGCAC  
 AAAGGGGGACAATTTTTTGGTGGAGACCAACGATGGCCAGGAGGTTGAAATCAATAAGAATGACACCGAACAG  
 ATGAATCCACCGAAAATACGAGAAGACTGAGGATATGTCCAATCTCACATACTTGAATGAAGCTAGCGTTGTGC  
 ACAATTTAAAAGCAACGTTACTTCTCCGGCTTGATTTTATACTTACTCCGGTCTCTTTTTGTGTGGCTATCAACCC  
 CTACCGCAGACTGCCCATCTATACCGACAAGATTGTGTTTCGCTTACCAGTGGCAAGCGTAAGACTGAGGCCCCA  
 CCTCACGTCTTCTGCATCTGTGACAAATGCCCTACCAGAACATGTTACAGGACCGTGAGAACCAGTCCATGTTGA  
 TCACTGGTGAGTCTGGAGCAGGAAAGACTGAGAACAACAAGAAGGTCATCCAGTACCTTGCCCATGTGTCTGG  
 TGGAATCTCTAAAGCAGATGAGGAGCACAGAAGCAAACGGGAGGCTCCCTTGAAGACCAGGTCATCCAGACT  
 AACCTATCCTTGAGGCTTATGGAAATGCCAAAACCATCAGGAACAACAACCTCCTCACGTTTCGGAAAGTTCA  
 TTCGCTGCCACTTCCGGCCACAAGGAAAACCTCGCAGGAGCCGATATTGAGTCTTATCTGCTCGAGAAGTCCAG  
 GGTAATCTACCAACAGGAAATGAGAGGAATTACCACATCTTCTACCAGATCCTCTATGGTGCACCCAAGGAC  
 CTCCACGATCAACTTCTCCTCGAGAGCAACAAGACCGCCGACTACGCCCTACACCGCGAAGGGATGTGAGCGTG  
 CAGATGGTATCGACGACGTGAGGAGTGGGCCAACACTGAGTTGGCCGCCGACACCCTTGGTTTCTCAGCGGA  
 AGAGAAAATTGTCATGTACAAGATCTGCGCTGCTTGCCTTCAATGGGGAAACTCTAAGTTCAAGCAGAGGCCA  
 CGAGAGGAGCAGGCTGAAGTTGCTGACCCCAAGGATCTCGACAAGACCTCCTTCTTGATGAAGCTGCCAGGCG

CTGACTTTGTCAAGAACATCGTCAAGCCCAGGATCAAAGTCGGTTCGTGAATACGTCAACCAGGGACGTAACCTT  
 GCAACAGGTGAACTACTCCATTGGAGCTCTGACCAAGTCCCTGTACGAGCGCATGTTCTTGTGGCTCGTCGAC  
 CGTGCCAACCAGACTTATGACCAAGGACCGCCGTGCCCTTCTTTATTGGTGTACTAGATATTGCTGGTTTTCG  
 AGATCTTCAGTTCAACTCCTTCGAGCAGCTTTCATCAACGTGACTAATGAGAAACTTCAGCAATTCTTTAA  
 CCATCACATGTTTCATCCTGGAGCAGGAAGAGTACAAGAGGGAGGGAATCCACTGGGAGTTTATCGACTTCGGT  
 CACGATCTCGAACCACCATCAACCTGATCTTCGGAAAAGGGTACCCGGTATTTTCGCCATCCTGGAGGAGGAAT  
 GCATCGTCCCAAGGCCACTGATCAGACCTTCCTGCAGAAGCTGAACAACACCCACGATGGAAAAGTCAGCCAA  
 GTTCGGAAAACCAAGATCTCTGGCAAGAAGCAGGTCAACTACCCTTCGAAAATCCATCACTATGCTGGTACT  
 GTCGGCTACAATGTTGACAACTGGCTGGACAAGAACAAGGACCCATCAATGAAGCTGTTGCTTCTCTGTTTCG  
 CCAAATCTGGTGATCCATTCACTTCCCACTTGTGGAAGGAGTACGCCACTGAGGGGCACACCCCGTGGTAAGGG  
 AGGCTCCTTCAGACCGTCACTGCTAAGCATAAGGAACAACATGCAGAGCTTGATGGACACCCATACAGCACT  
 TCTCCTCACTTGTGCGTTCATCATCCCCAACGAGTTGAAGAAGGCAGGATGCAGACACACCCTATACAGCACT  
 TCCACCAGCTGAGGTGTAACGGTGTGCTGGAGGGAATCCGTATCTGCCGCAAGGGCTTCCCCAACAGGATCCC  
 CTTCCAAGAGTTCAAGCAGAGATACCAGATCTCTCGCCCCACTGCAGTGTCCAGGTCAGTTTCATGGATGGCAAA  
 AAGGCCTGCGAAAAATTGCTTGCAGCTATCCAGCTTGAGGAGAACGAGTACAGGATGGAAACAACCAAGGTGT  
 TCTTCCGTGCTGGTGTGCTTGGTCACCTTGAGGACTTGCGTGACGATCGTCTCGCAAAGATCATCAGTATGTT  
 CCAGGCCTACTGCAAGGGGTTCCTTATGCGCAAGGAATACCSCAAGATGTGCGACCAGAGGATCGGTATCTCA  
 GTCATCCAGCGCAACGTCCGCAAGTACCTGTACCTCCGCAACTGGGCGTGGTGGAAAGCTGTACACGAGGGTGA  
 AGCCTTTGCTGCAGGTCCCGTGCAGGACGAGGAAAATGAAACAGAAGGTCGAGCAGATGAAAGAAATCGAGGA  
 GAAACTTGGCAAGGAGGAGGCTTTGAGAAAAGAACTGGAAGAGAAAATACACCAAGTTGGTGGAGGAGAAGA  
 CTGCTCTTCCAAGACTTCCAGAGGGAAACAAGACGCATGCGCGGACGCCGAGGAGGGAATGCAGAGCTTGAGG  
 GCAGGAAAGCCGACCTCGAGGCCCAGGTCAAAGACATGCTGGAGCAGCTCGAGGATGAGGAGGAAGCAAGTGC  
 CGAGCTCTCATCCGTCAAGCACAACTCGAGGGAGAAAATCAGCGACCTTAAACAAGACATCGAGGAACTCGAC  
 GCTACCCCTCAAAAAGGTGGAAGAAGAGGGCAAGCAAAAAGGACAAGAACATCGAGCAACTCAACGAGGAATTAC  
 AACACAAGACGAAGCCATCGCAAAAATTACAAAAAGCCAAGAAGCAAGTCAAGACGAGCGAACCGGAACCTCGA  
 GGATCACCTTCAAGAGGAACAGAACAAAGTCACTCACCTCACTAAGACCAAGCTAAAGCTTGAGAGCACTCTT  
 GACGAAGTTAACTCAACTTGGAGAGGGAAAAGGTTTCGCGGAGAGGTCGAGAAAAGTCAAGAGGAAAACCTTG  
 AAGGTACCTCAAGATGACTCAACAGACCCCTCGAAGAAAACACAGGCCGAGAAGGCTCGCACAGAGGATGAAGT  
 CAGAAAGCGAGACGCTAACATCGTTGAGCTGAGCGGAAAACCTTGAAGACAGCAACAACCTTGTGGAATCACTC  
 AGGAAGAGGATCCGTGAGCTCGAGGCGCTGTGGAAGAACCTTGAAGAAGAGCTCGAAGCTGAACGCAACGCTC  
 GCTCCAAGCATCCTTTGAATGGCGCACTGTTATCGTGTCAAGTGCACATAAATTCGGATACCTCTTCATATTGC  
 TTGGGTGCTGATCTGTCAAGCGACCATTTCGCTTTCCCTTGACGTGCGCTCACGGTCCGAACGAGCAAGGCCAA  
 GAACCTCGAACATGAATCGATGATCTCAACGAACGTCTCGATGAGCAAGGTGGTGGCCACGCAGGCTCAGATGG  
 AACTCAACAAGAAGAGGAAAAGCAGACATCATCAAGCTGCGAAAAGACTTGGAGGAGCAGGCCCTCGCACACGA  
 GCAAGCCGTCAACAGTATGCGCAGCAAAACAGAACCAACAGATGCAGGAGATGCAAGAAGAACCTCGACCAAGTC  
 AAGAAAACAAAGGCTAAGCTCGAGAAGGAGAAAAGCACAGCTCACTAACGAGGGTGATGATCTCGCTGTCACTG  
 TGGAAACTCTGCAGAAAACAAAAGCAAGCCTCTGAGAAGAACAACCGCGCCATCAGTGATCAGCTCGCTGAATC  
 CAAGGCTCAGAACGAAGAACTGAGGAAGAACATCCAGGAGCTGCAAGCGATCCGAAGTCAAGTCAAGGCGGAG  
 AATGCCGACGTCAACCGCCAACCTCGAGGAGCAGGAAAAATAAGGGTGGTCAACTTGGCAAGGCGAAGAAGAACC  
 TGGAAACAACAGCTCGAGGAATTAAGAAAACAGCTCGACGACGAGATGCGCGCCAAGGCTGAGGCCAAGCAAG  
 ACTTAAGAACCTCGAGGCCGACTTCGACGCCATGCAAGAGAACCTTCGATGAGGCTGAAGATGGTAAGGCGGAT  
 CTGCAAAAAGCAGCTTCCCGTGCAAAACCCGAGGCTCAGAGCTGGAAGAACAATAACGAACAGGACGCCCTGG  
 CCAAGGTCGAGGAGCTTGGAGATGCCAAGCGCAAGCTTGTGCTGCCAAGCTCCAAGAGATGGAAGAGGCTCTTAA  
 CACCGCACAGACAAAAGGCTGCAAGCGCTGAAAAGACCAGGAGCCGTCTTAACTCTGAGCTTGGAGATGCCCTC  
 ATCGACCTGGAGAAGGCGCAAAACGGCGCAAAACCAACAACGCGAACCTAGAGAAGAAGCAGAAGAAGATCGACA  
 TCCAGATCAACGAATGGCGCTCAAGCTTGAAGAAGTCCAGGCTGATCTTGACAACCTCCCAAAGGAGGCCAG  
 GAACTACTCCACTGAGATGTACAAGATCAAGGCCGCTTCGATGAGCAGAGCGAGCAAGTCAAGCCCTGAAG  
 CGCGAGAACAAGAGCTTGCATCCGAGGTCAACGATCTTGGCGACCAGCTTGGTGGAGGGAGGCAAGAGCGTTCG  
 TGGAGCTCGAGAAGCTGAGGAAGAGACTCGAGATGGAGAAGGAGGAGCTCCAGACCGCTCTCGAGGAGGCTGA  
 GGGTGGCCCTTGGAGGGCAGGAAGGCAAGGTCTCAAGATCCAACCTCGAGATGACTCAGCTGAAACAGGAATTC  
 GAGCGCAAACTGGCTGACCGTGATGAGGAGATCGACACCCCTCAGGAAGAACCACCAACGCCAGCTCGACGCTC  
 TCCAGGCTTCTCTTACAGCGAGGTGAAAGTCCAAGAACGAGCTTGTCTGCCCTCAGGAAGAAAATTCGAGACGGA  
 CTGCAACGAGATGGAATCAACCTTGAAAACCTCCATGAAGGCCAACAGGAACCTCAGAAGACTACCAAGAAA  
 CTGCAACAGCAAGTCAAGGACCTGCAACTGATGGTTGAAGAGGAACAGCGAGGCCGTGACGACGCTCGTGAAT

CTGCCGCCCGCGCCGAGCGTCTGCTGAGCTGGCCGCCGAGCTGGAAGACCTCAGAAACCAACTGGAGCA  
GGCCGACCGCGCCCGCCGACCGCTGACCAGGAACGCGCCGACGCCGTGGACCCTCTGCCGAGGTGTCCAAC  
CAGGTCAACAACCTTCAACAGGGCAAGAGGAAGCTGGAAGGCCAGGTCAACACGATGCAGGAGGAACCTCGACG  
ATGCAGAGAACGAGGCTAAGGCCGCTGATGAGCGCTCGAAGAAGGCAGCTGCTGAATTCGCACGCGCACAGGC  
TGAGCTAGTTAGCGCCAGGACCACGCTACCGCTGCTGACCAGGCAAGGCCCTCAAGGTTCAAGTCAAGAAGCTGG  
GACCTTGAGATGAAGCTTGAGGAGCTGGAGGCTGCTGGAGGCAAGGCCCTCAAGGTTCAAGTCAAGAAGCTGG  
AGCAGCGGGTGAAGGAACCTCGAGCGCAATTTGGACAACGAGGTCAAACGCAGCGCCGAGTCCCAGAAAACCTGC  
CAAGAAAAACGAGCGCCGAATGAAGGAGATCCAATTCAGGCTGACGAGGACCAGAAGAACCTCGCTCGTGCT  
CAGGAGAACTCCGACAGAATGAACAACAAGCTGAAGAAGATGCGCACAGCTGTGGAGGAGGCCGAAGCGTGG  
CCGCTGCGAACCTGGCCCGCTTCAGAAAAGGCTCAGACTGAGCTTGAAGAGGCCGAGGAGCGGGTTCGAGCAACT  
GGAGAGCTCTTTCAGAAGGCCCGCGACGTGCCCGCACCAGCGAGTTATGAGTGGAGGACGTGCGGCATCT  
CGCGAGACGTATATCGCTCAAGCAGCCACCGAAGTGTCTTCCCAACCTCATTAGATGACGAATAATCTATCCC  
AAGAATTTAATAATTTTGATGTTATAGACATAGCCATTTTCGACGATAACCTGGTCCGCGGTATATCCTATGT  
AGCACGAGTACAACCCACATAAATATATCTGTCCAAGTAAAAACAACAATTTGGTGGAAATCCCACGTGAAAGTG  
TCAAGGATTTGGCTATTTTGCATTTCTCTTTTCAAAGGTAAACATAGTATTTTTTGTAAATTTGTCGAGAAGG  
AGAATTAAGAAGCCGAGATTTGATATCGCTTAGAAGCTAGCCATTTATTTTTGAATCAGTTGTGTGTCAGGAAG  
TGCACAGTTAGTTAAATTAAGGTTTAAAGATCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGCGGCCGCCACCGC

### MyHC-Sondensequenz

CACGATGCAGGAGGAACTCGACGATGCAGAGAACGAGGCTAAGGCCGCTGATGAGCGCTCGAAGAAGGCAGCT  
GCTGAATTCGCACGCGCACAGGCTGAGCTAGTTAGCGCCAGGACCACGCTACCGCTGCTGACCAGCGGAGGA  
TGAGTGCTGAGCGCATCCAGAAGGACCTTGAGATGAAGCTTGAGGAGCTGGAGGCTGCTGGAGGCAAGGCCCT  
CAAGGTTCAAGTCAAGAAGCTGGAGCAGCGGGTGAAGGAACCTCGAGCGCAATTTGGACAACGAGGTCAAACGC  
AGCGCCGAGTCCCAGAAAACCTTGCCAAGAAAAACGAGCGCCGAATGAAGGAGATCCAATTCAGGCTGACGAG  
ACCAGAAGAACCTCGTCTGCTCAGGAGA  
ACTCCGACAGAATGAACAACAAGCTGAAGAAGATGCGCACAGCTGTGGAGGAGGCCGAAGCGTTGGCCGCTGC  
GAACCTGGCCCGCTTCAGAAAAGGCTCAGACTGAGCTTGAAGAGGCCGAGGAGCGGGTTCGAGCAACTGGAGAGC  
TCTCTTCAGAAGGCCCGCGGACGTGCCCGCACCAGCGGAGTTATGAGTGGAGGACGTGCGGCATCTCGCGAGA  
CGTCATATCGCTCAAGCAGCCACCGAAGTgCTTCCtcaacctCATTtagATGACGAATAATCTACCcaAgaatt  
TAATAATTTTTGatgttatAGaCatagccatTTTcgacgaTAACCTgg

### MyHC-Aminosäuresequenz

1 M E F D P N D P L A I L R I D K S Q I M  
1 ATGGAGTTTCGATCCAAAACGATCCGCTCGCGATTCTTCGCATCGACAAATCTCAAATCATG  
21 A Q A K E F E S K K W V W I P D P K E G  
61 GCACAAGCCAAGGAGTTTCAATCCAAGAAATGGGTATGGATTCCCGATCCCAAGGAAGGG  
41 Y K A A E V K S T K G D N F L V E T N D  
121 TACAAGGCTGCCGAAGTGAAGAGCACAAAGGGGACAATTTTTTGGTGGAGACCAACGAT  
61 G Q E V E I N K N D T E Q M N P P K Y E  
181 GGCCAGGAGGTTGAAATCAATAAGAATGACACCGAACAGATGAATCCACCGAAATACGAG  
81 K T E D M S N L T Y L N E A S V V H N L  
241 AAGACTGAGGATATGTCCAATCTCACATACTTGAATGAAGCTAGCGTTGTGCACAATTTA  
101 K Q R Y F S G L I Y T Y S G L F C V A I  
301 AAGCAACGTTACTTCTCCGGCTTGATTTATACTTACTCCGGTCTCTTTTGTGTGGCTATC  
121 N P Y R R L P I Y T D K I V F A Y R G K  
361 AACCCCTACCGCAGACTGCCCATCTATACCGACAAGATTGTGTTTCGCTTACCGTGGCAAG  
141 R K T E A P P H V F C I C D N A Y Q N M  
421 CGTAAGACTGAGGCCACCTCACGTCTTCTGCATCTGTGACAATGCCATACCAGAACATG  
161 L Q D R E N Q S M L I T G E S G A G K T  
481 TTACAGGACCGTGAGAACCAGTCCATGTTGATCACTGGTGAGTCTGGAGCAGGAAAGACT  
181 E N T K K V I Q Y L A H V S G G I S K A  
541 GAGAACACAAAAGAAGGTCATCCAGTACCTTGCCCATGTGTCTGGTGGAAATCTCTAAAGCA

201 D E E H K K Q T G G S L E D Q V I Q T N  
 601 GATGAGGAGCACAGAAGCAAACGGGAGGCTCCCTTGAAGACCAGGTCATCCAGACTAAC  
 221 P I L E A Y G N A K T I R N N N S S R F  
 661 CCTATCCTTGAGGCTTATGGAAATGCCAAAACCATCAGGAACAACAACCTCCTCACGTTTC  
 241 G K F I R C H F G P Q G K L A G A D I E  
 721 GGAAAAGTTTCATTCGCTGCCACTTCGGCCCAAGGAAAACCTCGCAGGAGCCGATATTGAG  
 261 S Y L L E K S R V I Y Q Q E I E R N Y H  
 781 TCTTATCTGCTCGAGAAGTCCAGGGTAATCTACCAACAGGAAATTGAGAGGAATTACCAC  
 281 I F Y Q I L Y G A P K D L H D Q L L L E  
 841 ATCTTCTACCAGATCCTCTATGGTGCACCAAGGACCTCCACGATCAACTTCTCCTCGAG  
 301 S N K T A D Y A Y T A K G C E R A D G I  
 901 AGCAACAAGACCGCCGACTACGCCTACACCGCGAAGGGATGTGAGCGTGCAGATGGTATC  
 321 D D V E E W A N T E L A A D T L G F S A  
 961 GACGACGTCGAGGAGTGGGCCAACACTGAGTTGGCCGCCGACACCCTTGGTTTCTCAGCG  
 341 E E K L S M Y K I C A A C L H W G N S K  
 1021 GAAGAGAAATTGTCCATGTACAAGATCTGCGCTGCTTGCCTTCATTGGGGAAACTCTAAG  
 361 F K Q R P R E E Q A E V A D P K D L D K  
 1081 TTCAAGCAGAGGCCACGAGAGGAGCAGGCTGAAGTTGCTGACCCCAAGGATCTCGACAAG  
 381 T S F L M K L P G A D F V K N I V K P R  
 1141 ACCTCCTTCTTGATGAAGCTGCCAGGCGCTGACTTTGTCAAGAACATCGTCAAGCCAGG  
 401 I K V G R E Y V N Q G R N L Q Q V N Y S  
 1201 ATCAAAGTCGGTTCGTAATACGTCAACCAGGGACGTAACCTTGCAACAGGTGAACACTCC  
 421 I G A L T K S L Y E R M F L W L V D R A  
 1261 ATTGGAGCTCTGACCAAGTCCCTGTACGAGCGCATGTTCTTGTGGCTCGTCGACCGTGCC  
 441 N Q T L M T K D R R A F F I G V L D I A  
 1321 AACCAGACACTTATGACCAAGGACCGCCGTGCCTTCTTTATTGGTGTACTAGATATTGCT  
 461 G F E I F Q F N S F E Q L C I N V T N E  
 1381 GGTTTCGAGATCTTCCAGTTCAACTCCTTCGAGCAGCTTTCATCAACGTGACTAATGAG  
 481 K L Q Q F F N H H M F I L E Q E E Y K R  
 1441 AAACCTCAGCAATTCCTTAACCATCACATGTTTCATCCTGGAGCAGGAAGAGTACAAGAGG  
 501 E G I H W E F I D F G H D L E P T I N L  
 1501 GAGGGAATCCACTGGGAGTTTATCGACTTCGGTCACGATCTCGAACCACCATCAACCTG  
 521 I F G K G T G I F A I L E E E C I V P K  
 1561 ATCTTCGAAAAGGGTACCGGTATTTTCGCCATCCTGGAGGAGGAATGCATCGTCCCCAAG  
 541 A T D Q T F L Q K L N N T H D G K S A K  
 1621 GCCACTGATCAGACCTTCTGCAAGCTGAACAACACCCACGATGGAAAGTCAGCCAAG  
 561 F G K P K I S G K K Q V N Y H F E I H H  
 1681 TTCGAAAAACCAAGATCTCTGGCAAGAAGCAGGTCAACTACCACCTCGAAATCCATCAC  
 581 Y A G T V G Y N V D N W L D K N K D P I  
 1741 TATGCTGGTACTGTTCGGCTACAATGTTGACAACCTGGCTGGACAAGAACAAGGACCCTATC  
 601 N E A V A S L F A K S G D P F I S H L W  
 1801 AATGAAGCTGTTGCTTCTCTGTTTCGCCAAATCTGGTGATCCATTCATTTCCCACTTGTGG  
 621 K E Y A T E G H T R G K G G S F Q T V S  
 1861 AAGGAGTACGCCACTGAGGGGCACACCCGTGGTAAGGGAGGCTCCTTCCAGACCGTCAGT  
 641 A K H K E Q L Q S L M D T L Y S T S P H  
 1921 GCTAAGCATAAGGAACAACCTGCAGAGCTTGATGGACACCCTATACAGCACTTCTCCTCAC  
 661 F V R C I I P N E L K K A G V I D T P L  
 1981 TTTGTGCGTTGCATCATCCCCAACGAGTTGAAGAAGGCAGGAGTGATCGACACACCACTG  
 681 V I H Q L R C N G V L E G I R I C R K G  
 2041 GTTATCCACCAGCTGAGGTGTAACGGTGTGCTGGAGGGAATCCGTATCTGCCGCAAGGGC  
 701 F P N R I P F Q E F K Q R Y Q I L A P P T  
 2101 TTCCCCAACAGGATCCCCTTCCAAGGTTCAAGCAGAGATACCAGATTTCTGCCCCCACT  
 721 A V S G Q F M D G K K A C E K L L A A I  
 2161 GCAGTCTCAGGTCAGTTCATGGATGGCAAAAAGGCCTGCGAAAAATTGCTTGCAGCTATC  
 741 Q L E E N E Y R I G T T K V F F R A G V  
 2221 CAGCTTGAGGAGAACGAGTACAGGATTGGAACAACCAAGGTGTTCTTCCGTGCTGGTGTG  
 761 L G H L E D L R D D R L A K I I S M F Q  
 2281 CTTGGTCACCTTGAGGACTTGCCTGACGATCGTCTCGCAAAGATCATCAGTATGTTCCAG



781 A Y C K G F L M R K E Y R K M C D Q R I  
 2341 GCCTACTGCAAGGGGTTCCCTTATGCGCAAGGAATACCGCAAGATGTGCGACCAGAGGATC  
 801 G I S V I Q R N V R K Y L Y L R N W A W  
 2401 GGTATCTCAGTCATCCAGCGCAACGTCCGCAAGTACCTGTACCTCCGCAACTGGGCGTGG  
 821 W K L Y T R V K P L L Q V A R A D E E M  
 2461 TGGAACTGTACACGAGGGTGAAGCCTTTGCTGCAGGTGCGCCGTGCGGACGAGGAAATG  
 841 K Q K V E Q M K E I E E K L G K E E A L  
 2521 AAACAGAAGGTCGAGCAGATGAAAGAAATCGAGGAGAACTTGGCAAGGAGGAGGCTTTG  
 861 R K E L E E K Y T K L V E E K N L L F Q  
 2581 AGAAAAGAACTGGAAGAGAAAATACACCAAGTTGGTGGAGGAGAAGAACCTGCTCTTCCAA  
 881 D F Q R E Q D A C A D A E E R N A E L E  
 2641 GACTTCCAGAGGGAACAAGACGCATGCGCGGACGCCGAGGAGAGGAATGCAGAGCTTGAG  
 901 G R K A D L E A Q V K D M L E Q L E D E  
 2701 GGCAGGAAAAGCCGACCTCGAGGCCAGGTCAAAGACATGCTGGAGCAGCTCGAGGATGAG  
 921 E E A S A E L S S V K H K L E G E I S D  
 2761 GAGGAAGCAAGTGCCGAGCTCTCATCCGTCAAGCACAACTCGAGGGAGAAATCAGCGAC  
 941 L K Q Q D I E E L D A T L K K V E E E G K  
 2821 CTTAAACAAGACATCGAGGAACCTGACGCTACCCCTCAAAAAGGTGGAAGAAGAGGCAAG  
 961 Q K D K N I E E Q L N E E L Q Q Q D E A I  
 2881 CAAAAGACAAGAACATCGAGCAACTCAACGAGGAATTACAACAACAAGACGAAGCCATC  
 981 A K L Q K A K K Q V E D E R T E L E D H  
 2941 GCAAAAATTACAAAAAGCCAAGAAGCAAGTGAAGACGAGCGAACGGAACCTCGAGGATCAC  
 1001 L Q E E Q N K V S H L T K T K L K L E S  
 3001 CTTCAAGAGGAACAGAACAAAAGTCAGTCACCTCACTAAGACCAAGCTAAAGCTTGAGAGC  
 1021 T L D E V N L N L E R E K K V R G E V E  
 3061 ACTCTTGACGAAGTTAACCTCAACTTGGAGAGGGAAAAGAAGGTTGCGGGAGAGGTCGAG  
 1041 K V K R K L E G D L K M T Q Q T L E E T  
 3121 AAAGTCAAGAGGAAACTTGAAGGTGACCTCAAGATGACTCAACAGACCCCTCGAAGAAACA  
 1061 Q A E K A R T E D E V R K R D A N I V E  
 3181 CAGGCCGAGAAGGCTCGCACAGAGGATGAAGTCAGAAAAGCGAGACGCTAACATCGTTGAG  
 1081 L S G K L E D S N N L V E S L R K R I R  
 3241 CTGAGCGGGAAACTTGAGGACAGCAACAACCTTGTGGAATCACTCAGGAAGAGGATCCGT  
 1101 E L E A R V E E L E E E L E A E R N A R  
 3301 GAGCTCGAGGCGCGTGTGGAAGAACTTGAAGAAGAGCTCGAAGCTGAACGCAACGCTCGC  
 1121 S K H P L N G A L L S C Q V D I I R I P  
 3361 TCCAAGCATCCTTTGAATGGCGCACTGTTATCGTGTCAAGTCGACATAATTCGGATACCT  
 1141 L H I A W V L I C Q A T I R V S L D V A  
 3421 CTTCATATTGCTTGGGTGCTGATCTGTCAAGCGACCATTGCGGTTTCCCTTGACGTCGCG  
 1161 S R S E R A R Q E L E H E L D D L N E R  
 3481 TCACGGTCCGAACGAGCAAGGCAAGAACTCGAACATGAACTCGATGATCTCAACGAACGT  
 1181 L D E Q G G A T Q A Q M E L N K K R E S  
 3541 CTCGATGAGCAAGGTGGTGCCACGCAGGCTCAGATGGAACCTCAACAAGAAGAGGGAAAGC  
 1201 D I I K L R K D L E E Q A L A H E Q A V  
 3601 GACATCATCAAGCTGCGAAAAGACTTGGAGGAGCAGGCCCTCGCACACGAGCAAGCCGTC  
 1221 N S M R S K Q N Q Q M Q E M Q E E L D Q  
 3661 AACAGTATGCGCAGCAAACAGAACCAACAGATGCAGGAGATGCAAGAAGAACTCGACCAA  
 1241 V K K T K A K L E K E K A Q L T N E G D  
 3721 GTCAAGAAAAACAAAGGCTAAGCTCGAGAAGGAGAAAGCACAGCTCACTAACGAGGGTGAT  
 1261 D L A V T V E T L Q K Q K Q A E K N N  
 3781 GATCTCGCTGTCACTGTGGAACTCTGCAGAAAACAAAAGCAAGcctCTGAGAAGAACAAC  
 1280 R A I S D Q L A E S K A Q N E E L R K N  
 3841 CGCGCCATCAGTGATCAGCTCGTGAATCCAAGGCTCAGAACGAAGAACTGAGGAAGAAC  
 1300 I Q E L Q A I R S R I E A E N A D V N R  
 3901 ATCCAGGAGCTGCAAGCGATCCGAAGTGAATCGAGGCCGAGAATGCCGACGTCAACCCG  
 1320 Q L E E Q E N K G G Q L G K A K K N L E  
 3961 CAACTCGAGGAGCAGGAAAATAAGGGTGGTCAACTTGGCAAGGCCGAAGAAGAACCTGGAA  
 1340 Q Q L E E L K K Q L D D E M R A K A E A  
 4021 CAACAGCTCGAGGAATTAAAGAAACAGCTCGACGACGAGATGCGCGCCAAGGCTGAGGCC

1360 Q A R L K N L E A D F D A M Q E N F D E  
 4081 CAAGCAAGACTTAAGAACCTCGAGGCCGACTTCGACGCCATGCAAGAGAACTTCGATGAG  
 1380 A E D G K A D L Q K Q L S R A N T E A Q  
 4141 GCTGAAGATGGTAAGGCGGATCTGCAAAAGCAGCTCTCCCCTGCAAACACCGAGGCTCAG  
 1400 S W K N K Y E Q D A L A K V E E L E D A  
 4201 AGCTGGAAGAACAATAACGAACAGGACGCCCTGGCCAAGGTCGAGGAGCTTGAGGATGCC  
 1420 K R K L A A K L Q E M E E A L N T A Q T  
 4261 AAGCGCAAGCTTGCTGCCAAGCTCCAAGAGATGGAAGAGGCTCTTAACACCGCACAGACA  
 1440 K A A S A E K T R S R L N S E L E D A L  
 4321 AAGGCTGCAAGCGCTGAAAAGACCAGGAGCCGCTCTTAACCTGAGCTTGAGGATGCCCTC  
 1460 I D L E K A Q T A Q T N N A N L E K K Q  
 4381 ATCGACCTGGAGAAGGCGCAAACGGCGCAAACCAACAACGCGAACCTAGAGAAGAAGCAG  
 1480 K K I D I Q I N E W R V K L E E V Q A D  
 4441 AAGAAGATCGACATCCAGATCAACGAATGGCGCGTCAAGCTTGAAGAAGTCCAGGCTGAT  
 1500 L D N S Q K E A R N Y S T E M Y K I K A  
 4501 CTTGACAACCTCCAAAAGGAGGCCAGGAACCTACTCCACTGAGATGTACAAGATCAAGGCC  
 1520 A F D E Q S E Q V E A L K R E N K S L A  
 4561 GCCTTCGATGAGCAGGAGCAAGTCAAGCCCTGAAGCGCGAGAACAAGGCCTTGCA  
 1540 S E V N D L A D Q L G E G G K S V V E L  
 4621 TCCGAGTCAACGATCTTGCCGACCAGCTTGGTGAGGGAGGCAAGAGCGTCGTGGAGCTC  
 1560 E K L R K R L E M E K E E L Q T A L E E  
 4681 GAGAAGCTGAGGAAGAGACTCGAGATGGAGAAGGAGGAGCTCCAGACCGCTCTCGAGGAG  
 1580 A E G A L E G E E G K V L K I Q L E M T  
 4741 GCTGAGGGTGCCCTTGAGGGCGAGGAAGGCAAGGTCTCAAGATCCAACCTCGAGATGACT  
 1600 Q L K Q E F E R K L A D R D E E I D T L  
 4801 CAGCTGAAACAGGAATTCGAGCGCAAACCTGGCTGACCGTGATGAGGAGATCGACACCCTC  
 1620 R K N H Q R Q L D A L Q A S L D S E V K  
 4861 AGGAAGAACCACCAACGCCAGCTCGACGCTCTCCAGGCTTCTCTTGACAGCGAGGTGAAG  
 1640 S K N E L A R L R K K F E T D C N E M E  
 4921 TCCAAGAACGAGCTTGCTCGCCTCAGGAAGAAATTCGAGACGGACTGCAACGAGATGGAA  
 1660 I N L E N S M K A N Q E L Q K T T K K L  
 4981 ATCAACCTTGAAAACCTCCATGAAGGCCAACCAGGAACCTCCAGAAGACTACCAAGAAACTG  
 1680 Q Q Q V K D L Q L M V E E E Q R G R D D  
 5041 CAACAGCAAGTCAAGGACCTGCAACTGATGGTTGAAGAGGAACAGCGAGGCCGTGACGAC  
 1700 A R E S A R A R A E R S A E L A E L E  
 5101 GCTCGTGAATCTGCCGCCCGCGCCGAGCTCGCTCTGCTGAGCTGGCCCGGAGCTGGAA  
 1720 D L R N Q L E Q A D R A R R T A D Q E R  
 5161 GACCTCAGAAACCAACTGGAGCAGGCCGACCAGCGCCCGCCGACCGCTGACCAGGAACGC  
 1740 A D A V D R L A E V S N Q V N N L Q Q G  
 5221 GCCGACGCCGTGGACCGTCTTGCCGAGGTGTCCAACCAGGTCAACAACCTTCAACAGGGC  
 1760 K R K L E G Q V N T M Q E E L D D A E N  
 5281 AAGAGGAAGCTGGAAGGCCAGGTCAACACGATGCAGGAGGAACCTCGACGATGCAGAGAAC  
 1780 E A K A A D E R S K K A A A E F A R A Q  
 5341 GAGGCTAAGGCCGCTGATGAGCGCTCGAAGAAGCAGCTGCTGAATTCGCACGCGCACAG  
 1800 A E L V S A Q D H A T A A D R A R M S A  
 5401 GCTGAGCTAGTTAGCGCCAGGACCAGCTACCGCTGCTGACCGCGGAGGATGAGTGCT  
 1820 E R I Q K D L E M K L E E L E A A G G K  
 5461 GAGCGCATCCAGAAGGACCTTGAGATGAAGCTTGAGGAGCTGGAGGCTGCTGGAGGCAAG  
 1840 A L K V Q I K K L E Q R V K E L E R E L  
 5521 GCCCTCAAGGTTCAAGATCAAGAAGCTGGAGCAGCGGGTGAAGGAACCTCGAGCGCAATTC  
 1860 D N E V K R S A E S Q K L A K K N E R R  
 5581 GACAACGAGGTTCAAACGCAGCGCCGAGTCCCAGAAAACCTTGCCAAGAAAAACGAGCGCCGA  
 1880 M K E I Q F Q A D E D Q K N L A R A Q E  
 5641 ATGAAGGAGATCCAATTCAGGCTGACGAGGACCAGAAGAACCTCGCTCGTGCTCAGGAG  
 1900 N S D R M N N K L K K M R T A V E E A E  
 5701 AACTCCGACAGAAATGAACAACAAGCTGAAGAAGATGCGCACAGCTGTGGAGGAGCGGAA  
 1920 A L A A A N L A R F R K A Q T E L E E A  
 5761 GCGTTGGCCGCTGCGAACCTGGCCCGCTTCAGAAAGGCTCAGACTGAGCTTGAAGAGGCC

```

1940 E E R V E Q L E S S L Q K A R G R A R T
5821 GAGGAGCGGGTCGAGCAACTGGAGAGCTCTCTTTCAGAAGGCCCGCGGACGTGCCCGCACC
1960 S G V M S G G R A A S R E T S Y R S S S
5881 AGCGGAGTTATGAGTGGAGGACGTGCGGCATCTCGCGAGACGTTCATATCGCTCAAGCAGC
1980 H R S A S S T S L D D E * S T Q E F N N
5941 CACCGAAGTGCTTCTCAACCTCATTAGATGACGAATAATCTACCCAAGAATTTAATAAT
2000 F D V I D I A I F D D N L V R G I S Y V
6001 TTTGATGTTATAGACATAGCCATTTTCGACGATAACCTGGTCCGCGGTATATCCTATGTA
2020 A R V Q P T * I Y L S K * K Q Q L V E S
6061 GCACGAGTACAACCCACATAAAATATATCTGTCCAAGTAAAAACAACAATTGGTGGGAATCC
2040 H V K V S R I W L F L P F L F S K V N I
6121 CACGTGAAAAGTGTC AAGGATTTGGCTATTTTTGCCATTTCTCTTTTCAAAGGTAAACATA
2060 V F F V I V E K E N * E A E I * Y R L E
6181 GTATTTTTTTGTAATTGTCGAGAAGGAGAATTAAGAAGCCGAGATTTGATATCGCTTAGAA
2080 A S H L F * I S C V R R S A Q L V N * K
6241 GCTAGCCATTTATTTTGAATCAGTTGTGTGTCAGGAGAAGTGCACAGTTAGTTAATTAATAA
2100 V * D Q K K K K K K K R P P P
6301 GTTTAAGATCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGCGGCCGCCACCGC
    
```

### MyHC-Vollängen-Alignment

```

                                *           24           *           48           *
Nematostel : -----MEFDPNDPLAILLRIDKKSQIMAAKEFESEKKVWVLPDPKEGYKAAEVKSTKGDNF : 54
Argopecten : ----MNIDFSDPDFQYLAVDRKKLMEQTAAFDGKKNCWVPDEKEGFASAEIQSSKGEI : 56
Plagopecte : ----MNIDFNDPDFQYLAVDRKKMMKEQTAPFDGKKNCWVPDPKEGFASAEIQSSKGEEI : 56
Drosophila : MPKPVAHQEDEDPTPYL FVSLERRIDQSKPYDSKKS CWIPDEKEGYLLGEIKATKGDIV : 60
Gallus      : ---MMDMTEFGAAAPFLRKSEKELMMLQTVAFDGKKK CWVPDDKKAYVEAEITESGGKV : 57
Xenopus     : ---MMDMSDFGAAASF LKSDKELMIQQTVAFDGKKK CWIPDDKEAYLEAEIKENGGKV : 57
Homo sapie  : -MTDAQMADFGAAAQYL RKSEKERLEAQTRPDIRTECFVPPDKKEEFVKAKILSREGKV : 59

                                72           *           96           *           120
Nematostel : LVETN-DGQVEVEINKNDTEQMNPPKYEKTEDMSNLTYLNEASV VHNLRKORYFSGLIYTY : 113
Argopecten : TVKIVADSSIRTVKDDIQSMNPPKFEKLEDMANMTYLNEASVLYNLRSRYSGLIYTY : 116
Plagopecte : TVKIVADNSIRTVKDDIQSMNPPKFEKLEDMANMTYLNEASVLYNLRGRYTAGLIYTY : 116
Drosophila : SVGLQ-GGETRDLKDLQVNPYPKYEKAEEDMSNLTYLNDASV LHNLRORYYNKLIYTY : 119
Gallus      : TVETT-DGRIMTIKEDDVQSMNPPKFDMIEDMAMLT HLNEASVLYNLRKRYSNWMIYTY : 116
Xenopus     : TVEVA-DGKIVVVKEGDIQSMNPPKFDMIEDMAMLT HLNEASVLSNLRKRYANWMIYTY : 116
Homo sapie  : IAETE-NGKIVTVKEDQV LQSNPPKFDKIQDMAMLTFLH E PAVLFNLRKRYAAMMIYTY : 118

                                *           144           *           168           *
Nematostel : GLFCVAINPYRRLPIYTDKIVFA YRGKRKTEAPPHVFCICDNAYQNMLQDRNQSM LITG : 173
Argopecten : GLFCVAINPYRRLPIYTD SVIAKYRGKRKTEIPPHLFSVADNAYQNMTDRENQ SCLITG : 176
Plagopecte : GLFCVAINPYRRLPIYTD SVIAKYRGKRKTEIPPHLFSVADNAYQNMTDRENQ SCLITG : 176
Drosophila : GLFCVAINPYKRYPVYINRCAKMYRGKRNEVPPHIFAI SDGAYVDMLTNHVNQSM LITG : 179
Gallus      : GLFCVTINPYKWL PVYKSEVVAAYKGRRSEAPPHIFSIADNAYHDM LRLNRENQSM LITG : 176
Xenopus     : GLFCVTINPYKSLPVYKTEVVTA YKGRRSEAPPHIFSIADNAYHDM LRLNRENQSM LITG : 176
Homo sapie  : GLFCVTINPYKWL PVYNAEVVAAYKGRRSEAPPHIFSI SDNAYQYMLTDRENQ SILITG : 178

                                192           *           216           *           240
Nematostel : ESGAGKTENTKKVIOYLAHVSGGISK--ADEEHKKQTGGSLEDQVIQINP ILEAYGNAKT : 231
Argopecten : ESGAGKTENTKKVIMYLAKVACAVKKK--DEEASDKKEGSLEDQIIQANP VLEAYGNAKT : 234
Plagopecte : ESGAGKTENTKKVIMYLAKVACAVKKKTSEEEADQKKG SLEDQIIQANP VLEAYGNAKT : 236
Drosophila : ESGAGKTENTKKVIA YFATV GAS-----KKTDEAAKSKGSLEDQVVQINP VLEAFGNAKT : 234
Gallus      : ESGAGKT VNTKRVIQYFATVAALGEP-GKKSQPATKTG G TLEDQIIQANPALEAFGNAKT : 235
Xenopus     : ESGAGKT VNTKRVIQYFATVAALGDPMGKKNQPATKTG G TLEDQIIQANPALEAFGNAKT : 236
Homo sapie  : ESGAGKT VNTKRVIQYFASIAAIGDR-GKKDN-ANANKG TLEDQIIQANPALEAFGNAKT : 236

                                *           264           *           288           *
Nematostel : IRNNSRFRGKFI RHFCHFPQCKLAGADIE SYLLEKSRVITYQCEIERNYHIFYQILYGAPK : 291
Argopecten : TRNNSRFRGKFI RHFCHFP TKG IAGADIE TYLLEKSRVITYQCSAERNYHIFYQICSNAP : 294
Plagopecte : TRNNSRFRGKFI RHFCHFP TKG IAGADIE TYLLEKSRVITYQCSAERNYHIFYQICSNAP : 296
Drosophila : VRNDNSRFRGKFI RHFCHFP TKG LAGADIE TYLLEKARVISQCSLERSYHIFYQILSGSVP : 294
Gallus      : LRNDNSRFRGKFI RHFCHFP TKG LSSADIE TYLLEKSRVIFQCPGERDYHIFYQILSGKPK : 295
Xenopus     : LRNDNSRFRGKFI RHFCHFP TKG LSSADIE TYLLEKSRVIFQCPGERSYHIFYQITSGKMS : 296
Homo sapie  : VRNDNSRFRGKFI RHFCHFP TKG LASADIE TYLLEKSRVIFQ LKAERNYHIFYQILSNKPK : 296
    
```

	312	*	336	*	360			
Nematostel	:	DLHDQILLESNKTADYAYTAGK	CERADGI	DDVEEWANTEL	AADTLGFS	AEFKLSMYKICA : 351		
Argopecten	:	ELNDVMLVTPD-SGLYSF	INOGCLTVDN	IDDVEEFKLC	DEAFDILGFT	KKEEKQSMFKCTA : 353		
Plagopecte	:	ELNEVMLITPD-SGLYSF	INOGCLTVDN	IDDVEEFKLC	DEAFDILGFT	KKEEKQSMFKCTA : 355		
Drosophila	:	GVKDICLLTDN-IYD	HIVSOGKVT	VASIDDAE	EFSLTDQAFD	ILGFTKQEKEDVYRITA : 353		
Gallus	:	ELLDMLLVSTN-PYD	HFCSOGVVT	VNDLDDG	EELMATDQAM	DILGFVPDEKYGAYKLTG : 354		
Xenopus	:	ELQDMLLVSTN-PYDF	HFSSOGVVT	VNDLDDG	EELMATDQAF	DILGFISDEKYGAYKLTG : 355		
Homo sapie	:	ELLDMLLVSTN-PYD	FAFVSOG	EVSVASID	DDSEELMATD	SADFVLGFTSEKAGVYKLTG : 355		
	*	384	*	408	*			
Nematostel	:	ACLHWCNSKFKQ	RPREEQAEV	ADPKLDKTS	FLLMKLPGA	DVFNIVKPRIKVGREYVNOG : 411		
Argopecten	:	SILHMGEMKFKQ	RPREEQAES	DGTAEAEKV	AFLCGINAG	DLLKALLKPKVKVSTEMVTKG : 413		
Plagopecte	:	SILHMGEMKFKQ	RPREEQAES	DGTAEAEKV	AFLCGINAG	DLLKALLKPKVKVSTEMVTKG : 415		
Drosophila	:	AVMHMGVWFKQ	RGREEQAEQ	DGEEGGRV	SKLFGCDTAE	LYKNLLKPRIKVGNFVITQG : 413		
Gallus	:	AIMHFGNMKFKQ	RPREEQAE	DGTESADK	AAYLMGINSS	DLVKGLLHPRVKVGYNEYVTKG : 414		
Xenopus	:	AIMHFGNMKFKQ	RPREEQAE	DGTENTPK	AAYLMGISS	DLVKGLMHPRVKVGNEYVTKG : 415		
Homo sapie	:	AIMHYGNMKFKQ	RPREEQAE	PDGTEDAD	KSAYLMLNSA	DLLKGLCHPRVKVGYNEYVTKG : 415		
	432	*	456	*	480			
Nematostel	:	RNLQOVNYSIG	ALTKSLYER	MFLWLVDRA	NTLMTKDR	AFFIGVLDIAGFEIFQFNSFE : 471		
Argopecten	:	QNMNQVNVNSV	GALAKSLYD	RMFNWLVR	VNRVNTLDT	KAKRNYIIGVLDIAGFEIFDFNSFE : 473		
Plagopecte	:	QNLQOVNYSIG	ALTKSLYD	RMFNWLVR	VNRVNTLDT	KAKRNYIIGVLDIAGFEIFDFNSFE : 475		
Drosophila	:	RNVQOVNYSIG	ALCKGVFDR	LFWLWV	VKKCNETL	DDTQQRQHFIIGVLDIAGFEIFEYNGFE : 473		
Gallus	:	QSVEQVLYAV	GALSKAVYD	RMFKWLVR	VIRNKTLDT	KLRQFFIGVLDIAGFEIFDFNSFE : 474		
Xenopus	:	QTVAQVYAV	GALAKGIYD	RMFKWLVR	VIRNKTLDT	KLSRQFFIGVLDIAGFEIFDLNSFE : 475		
Homo sapie	:	QSVQOVYYSIG	ALAKAVYE	KMFMNVMV	TRINATLET	KQPRQYFIIGVLDIAGFEIFDFNSFE : 475		
	*	504	*	528	*			
Nematostel	:	QLCINVTNEKL	QOFFNHHMF	ILEQE	EYKREGIHW	EFDGFHDL	EPINLIFGKGTGIFAI : 531	
Argopecten	:	QLCINVTNERL	QOFFNHHMF	ILEQE	EYKREGIAW	EFDGM	LQMCIDLIEKP-MGILSI : 532	
Plagopecte	:	QLCINVTNERL	QOFFNHHMF	IVLEQE	EYKREGIQW	EFDGM	LQMCIDLIEKP-MGILSI : 534	
Drosophila	:	QLCINVTNEKL	QOFFNHHMF	IVLEQE	EYQREGIEW	TFIDFGM	LQACIDLIEKP-MGILSI : 532	
Gallus	:	QLCINVTNEKL	QOFFNHHMF	IVLEQE	EYKREGIEW	VTFIDFGM	LQACIDLIEKP-LGILSI : 533	
Xenopus	:	QLCINVTNEKL	QOFFNHHMF	IVLEQE	EYKREGI	DEWTFIDFG	LQACIDLIEKP-LGIMS : 534	
Homo sapie	:	QLCINVTNEKL	QOFFNHHMF	IVLEQE	EYKREGIEW	TFIDFGM	LQACIDLIEKP-MGIMS : 534	
	552	*	576	*	600			
Nematostel	:	LEEECLVPAKD	QTFELQK	LNTHD	GKSAFKG	PKISGKKQV	-NYHFEIHHYAGTVGYNVD : 590	
Argopecten	:	LEEECLVPAKD	QSFQDKL	YQNHM	GKNRMFT	KPKPTRPN	QGAHFAHFAHAGVNPYST : 592	
Plagopecte	:	LEEECLVPAKD	QSFQDYS	YQNHI	GKNRMFT	KPKPTRPN	QGHFAHFAHFAHAGVNPYST : 594	
Drosophila	:	LEEECLVPAKD	QTFSEK	LNTHL	GKSAPF	QKPKPKPGQ	-AAHFAIHHYAGCVSYNIT : 591	
Gallus	:	LEEECLVPAKD	MTFKAKL	YDNHL	GKSPNLQ	KPRPKRKY	-EAFHFAHFAHAGVNPYNI : 592	
Xenopus	:	LEEECLVPAKD	MTFKAKL	YDNHL	GKSPNLQ	KPRPKRKY	-EAFHFAHFAHAGVNPYNI : 593	
Homo sapie	:	LEEECLVPAKD	MTFKAKL	YDNHL	GKSNFQK	PR-NIKGQ	-EAFHFAHFAHAGTVDYNIL : 592	
	*	624	*	648	*			
Nematostel	:	NWLDKKNKD	INEAVASL	FAKSGD	PFISHW	KEYATEG	HTRG-----KGGSFOTVSAK : 642	
Argopecten	:	GWLEKKNKD	INENVALL	GASKEP	LVAEL	RFKAPEE	PAG-GGKKKG---KSSAFOTISAV : 648	
Plagopecte	:	GWLDKKNKD	INENVV	SLLAVS	KEPVAEL	ERAPDE	PAGGAGGKKK---KSSAFOTISAV : 651	
Drosophila	:	GWLEKKNKD	PLNDTV	DQFKKS	QNKLLIE	FADHAG	QSGGGEQAKGGRKKGKGGFATVSSA : 651	
Gallus	:	GWLEKKNKD	PLNETV	VGIFQK	SNKLLAS	LFESYV	GADSDAQGEKK-RKKGASFOTVSSL : 651	
Xenopus	:	GWLEKKNKD	PLNETV	VGLFQK	SNKLLG	LEENYV	SSDSADHGGEKK-RKKGASFOTVSSL : 652	
Homo sapie	:	GWLEKKNKD	PLNETV	VLYQK	SSLKLM	LESY	ATADTGDGSKSKGKKKGGSSFOTVSAL : 652	
	672	*	696	*	720			
Nematostel	:	HKEQLQSLMD	TLYSTSP	HFVRC	IIPNEL	KKAGV	IDTPLVLHQLRCNGVLEGRICRKGFP : 702	
Argopecten	:	HRESLNKLM	KNLYSTSP	HFVRC	IIPNEL	KQGLV	DAELVLHQLRCNGVLEGRICRKGFP : 708	
Plagopecte	:	HRESLNKLM	KNLYSTSP	HFVRC	IIPNEL	KQGLV	DAELVLHQLRCNGVLEGRICRKGFP : 711	
Drosophila	:	YKEQLNSL	MTTLRST	QPHF	VRCIIP	NEKQGV	VDVDAHLMHQLTCNGVLEGRICRKGFP : 711	
Gallus	:	HKENLNKLM	TNLRSTP	HFVRC	IIPNES	KTPG	EMDAFLVLHQLRCNGVLEGRICRKGFP : 711	
Xenopus	:	HKENLNKLM	TNLRSTP	HFVRC	IIPNET	KTPG	MDPFLVLHQLRCNGVLEGRICRKGFP : 712	
Homo sapie	:	HRENLNKLM	TNLRSTP	HFVRC	IIPNER	KAPG	VMDNPLVMHQLRCNGVLEGRICRKGFP : 712	
	*	744	*	768	*			
Nematostel	:	NRIPFQEF	KQRYQIL	APTAV	SG-QFM	DGKKA	EKLAAIQLEENEYRI	GLTKVFFFRAGVL : 761
Argopecten	:	SRLIYSEF	KQYSIL	APNAI	PQGFV	DGKT	VSEKILAGLQMDPAEYRL	GLTKVFFFRAGVL : 767
Plagopecte	:	SRLIYSEF	KQYSIL	APNAI	PQGFV	DGKT	VSEKILAGLQMDPSEYRL	GLTKVFFFRAGVL : 770
Drosophila	:	NRMMYPDF	KMRQIL	NPKGI	KG--	I	EDPKKCTKVLI	ESTELNDDQYRLENTKVFFFRAGVL : 769
Gallus	:	NRVLADF	KQRYRIL	NPAI	PEDKF	VDS	RKAAEKLASL	LDIDHNQYRFHGLTKVFFFRAGVL : 771
Xenopus	:	NRVLADF	KQRYRIL	NPSA	PEDKF	VDS	RKASEKLGL	LEIDHTQYRFHGLTKVFFFRAGVL : 772
Homo sapie	:	NRILYGF	RRQRYRIL	NPAI	PEQFID	SRKGT	EKLSSLDIDHNQYRFHGLTKVFFFRAGVL : 772	

	792	*	816	*	840	
Nematostel	: GHLEDRDDRLAKIISMFQAYCKGFLMRKEYRKMCDQRIGISVIQRNVKRYLYLRNWAWW	:	821			
Argopecten	: GNLEEMRDERLSKIIISMFQAHIRGYLIRKAYKKLQDQRIGLSVIQRNIRKWLVLRNWQWW	:	827			
Plagopecte	: GNLEEMRDERLSKIIISMFQAHIRGYLIRKAYKKLQDQRIGLSVIQRNIRKWLVLRNWQWW	:	830			
Drosophila	: QQMEEFDRDERLGKIMSWMOAWARGYLSRKGFKKLQEQRVALKVVQRNLRKYLQLRTWPWY	:	829			
Gallus	: GHLEEMRDERLAKILTMIQARARGRLMRIEFQKIVERRDALLVIQWNIRAFMAVKNWPPWM	:	831			
Xenopus	: GNLEEMRDGRLSKILTLIQAARARGKLMRIEFQKILERRDALLVIQWNIRGFMTVKNWPPWM	:	832			
Homo sapie	: GLEEMRDERLSRIITRMOQAARGQLMRIEFKKIVERRDALLVIQWNIRAFMGVKNWPPWM	:	832			
	*	864	*	888	*	
Nematostel	: KLYTRVKPLLQVARADBEEMKQKVEQMKIEBEKLGKEEALRKELEEKYTKLVEEKNLLFQD	:	881			
Argopecten	: KLYSKVKPLLSIARQEEEMKEQLKQMDMKEDLAKTERIKKELEEQNVTLLEQKNDLFLQ	:	887			
Plagopecte	: KLYAKVKPLLSIARLEEEEMKEQVEQMDMKEDLAKTERIKKELEEQNVTLLEQKNDLFLQ	:	890			
Drosophila	: KLWQKVKPLLNVSRIEDETARLEEKAKKAEELHAAEVKVRKELEALNAKLLAEKTALLDS	:	889			
Gallus	: KLFFKIKPLLKSAETEKEMANMKDEFLLKLEALEKSEARRKELEEKQVTLVQEKNDLTLQ	:	891			
Xenopus	: KLFFKIKPLLKSAETEKEMANMKDEFQKLEALEKSEARRKELEEKQVTLVQEKNDLTLQ	:	892			
Homo sapie	: KLYFKIKPLLKSAETEKEMATMKEEFGRIKETLEKSEARRKELEEKMVSLLEQEKNDLQLQ	:	892			
	912	*	936	*	960	
Nematostel	: FOREQACADAEERNAELEGRKADLEAQVKDMLEQLEDEEASAELSSVKHKELEGEISDL	:	941			
Argopecten	: LOTIEDSMGDQEEERVEKLLMQKADFESQIKLEERLLDEEDAADLEGIKKKMEADNANL	:	947			
Plagopecte	: LOTIEDSMGDQEDRVEKLLMQKADFESQIKLEERLLDEEDAASDLEGIKKKMEGDNANL	:	950			
Drosophila	: LSGEKALQDYQERNAKLTAQKNDLENQLRDIQERLTOEEDARNQLFQKKKADQEISGL	:	949			
Gallus	: LOAEQDTLADAEERCDDLKSKIQLEAKVKELTERVEDEEEMNSELTSKRRKLEDECSEL	:	951			
Xenopus	: LOAEQDMFADAEERCDDLKKNKIQMESKVKDLTERIEDEEEMNSELTAKRRKLEDECSEL	:	952			
Homo sapie	: VQAEQDNLNDAEERCDDLKKNKIQLEAKVKEMNERLEDEEEMNAELTAKRRKLEDECSEL	:	952			
	*	984	*	1008	*	
Nematostel	: KQDIEELDATLKKVEEKGKQKDNIEQLNEELQOQDEATAKLQKAKKQVEDERTELEDDL	:	1001			
Argopecten	: KKDIDLENTLQKAEQDKAHKDNQISTLQGEISQODEHIGKLNKEKKALEEANKKTSDSL	:	1007			
Plagopecte	: KKDIDLEHSLQKSEQEKAHKDNQISTLQGEIMSQODEHIGKLNKEKKALEEANKKTSDSL	:	1010			
Drosophila	: KKDIEDELNVQKAEQDKATKDHQIRNLNDEIAHQDELINKLNKEKKMQGETNQTGEEL	:	1009			
Gallus	: KKDIDDLBITLAKVEKEKHATENKVKNLTEEMATLDENISKLTKEKKSLQEAHQVLDL	:	1011			
Xenopus	: KKDIDDLBITLAKAEKEKHATENKVKNLTEEMASLDDTINKLTKEKKALQEAHQVLDL	:	1012			
Homo sapie	: KKDIDDLBITLAKVEKEKHATENKVKNLTEEMAGLDEITAKLTKEKKALQEAHQVLDL	:	1012			
	1032	*	1056	*	1080	
Nematostel	: QEEQNKVSHLTKTKLKLSTLDEVNLLNLEREKKVGRGVEKVRKLEGDLMKTCQTTLEETQ	:	1061			
Argopecten	: QAEEDKCNHLNKLKAKLEQALDELEDNLEREKKVGRGVEKAKRKKVEQDLKSTQENVEDLE	:	1067			
Plagopecte	: QAEEDKCNHLNKLKAKLEQALDELEDNLEREKKVGRGVEKAKSKVEQDLKSTQENVEDLE	:	1070			
Drosophila	: QAAEDKLNHLNKKVAKLEQTLDELEDNLEREKKVGRGVEKSKRKKVEGDLKLTQEAVALDLE	:	1069			
Gallus	: QAEEDKVNLSKAKVKLEQQVDDLEGSLEQEKKVRMDLERAKRKKLEGDLMKTCQESVMDLE	:	1071			
Xenopus	: QAEEDKVNLSKSKVKLEQQVDDLEGSLEQEKKVRMDLERAKRKKLEGDLMKTCQESLMDAE	:	1072			
Homo sapie	: QVEEDKVNLSKSKVKLEQQVDDLEGSLEQEKKVRMDLERAKRKKLEGDLMKTCQESIMDLE	:	1072			
	*	1104	*	1128	*	
Nematostel	: AEKARTEDEVKRKRANIVELSGKLEDSNNLVESLRKRITREIARVEELEEELAEARNARS	:	1121			
Argopecten	: RVKRELEENVRKAEISSLNSKLEDEQNLVSQLQKIKELQARIEELEEELAEARNAR-	:	1126			
Plagopecte	: RVKRELEENVRKAEITLNSKLEDEQNLVSQLQKIKELQARIEELEEELAEARNAR-	:	1129			
Drosophila	: RNKKELEQTIQRKDKELSSITAKLEDEQVVVLKHQRQIKELQARIEELEEELAEARQAR-	:	1128			
Gallus	: NDKLQMEKLLKKEFEFMSQLNSKIEDEQAVMQLQKKIKELQARIEELEEELAEARAAR-	:	1130			
Xenopus	: NDKQLLEKLLKKEFEFISQMSKIEDEQAVIQLQKKIKELQARIEELEEELAEARAAR-	:	1131			
Homo sapie	: NDKLQLEKLLKKEFEFDINQNSKIEDEQALALQLQKKIKENQARIEELEEELAEARTAR-	:	1131			
	1152	*	1176	*	1200	
Nematostel	: KHPLNGALLSCQVDIIRIPLHIAWVLCQATIRVSLDVASRSERARQELHEHEDDINERL	:	1181			
Argopecten	: -----AKVEKQRAELNRELEELGERL	:	1147			
Plagopecte	: -----SKVEKQRAELNRELEELGERL	:	1150			
Drosophila	: -----AKAEKQADLARELEELGERL	:	1149			
Gallus	: -----AKVEKQRSDLARELEELSERL	:	1151			
Xenopus	: -----AKVEKQRSDLARELEELSERL	:	1152			
Homo sapie	: -----AKVEKLRSDLSRELEELSERL	:	1152			
	*	1224	*	1248	*	
Nematostel	: DEQGGATQAQMELNKKRESDI IKLRKLDLEEQALAEQAVNSMRSKQSQQQMEQEEEDQV	:	1241			
Argopecten	: DEAGGATSAQIELNKKREAE LLKIRRDLEEASLQHEAQISALRKKHQDAANEMADQVDQL	:	1207			
Plagopecte	: DEAGGATSAQIELNKKREAE LLKIRRDLEEASLQHEAQISAIRKKHQDAANEMADQVDQL	:	1210			
Drosophila	: EEAGGATSAQIELNKKREAE LSKLRDLEEANIQHESTLANLRKKHNDAAVEMAEQVDQL	:	1209			
Gallus	: EEAGGATAAQLEMNKKREAEFLKLARDLEEATLHYEATAAALRKKHADSVAEEMGEQIDNL	:	1211			
Xenopus	: EEAGGATSAQIEMNKKRESEYLLKLRDLEEATLHHEATAAALRKKHADTVAEELGEQIDNL	:	1212			
Homo sapie	: EEAGGATSVQIEMNKKREAEFQKMRRDLEEATLQHEATAAALRKKHADSVAEELGEQIDNL	:	1212			

1272 \* 1296 \* 1320  
Nematostel : KKTAKLEKEKAQLTNEGDDLAVTVETLQKQKQASEKNNRAISDQLAESKAQNEELRKNI : 1301  
Argopecten : QKVKSKLEKDKKDLKREMDLLESQMTNHNKNGKGCSEKVMKQFESQMSDLNARLEDSQRSI : 1267  
Plagopecte : QKVKSKLEKDKKDLKREMDLLESQMTNHNKNGKGCSEKVMKQFESQVSDLNARLEDSQRSI : 1270  
Drosophila : NKLKAKAEKEKNEYYGQNLDRAGVDHITNEKAAQEKIAKQLQHTLNEVQSKLDETNRTL : 1269  
Gallus : QRVKQKLEKEKSELKMEVDDLTSNMEQTVK GKANAEBKLCRTYEDHLNETKTKLDEMTRLM : 1271  
Xenopus : QRVKQKLEKEKSELKLEADDLSSSMEQLVAKGISDKLCRTYEDQLNETKTKLDEMIRQV : 1272  
Homo sapie : QRVKQKLEKEKSEFKLEDDVTSNMEQIKAKANLEKVSRTLEDQANEYRVKLEEAQRS : 1272  
\* \* \* \* \*  
1344 \* 1368 \*  
Nematostel : QELQAIRSRIEAENADVNRQLEEQENKGGQLGKAKKNLEQQLEELKQDDEEMRAKAEAQ : 1361  
Argopecten : NELQSQKSRLQAENSDLTROLEDAEHRVSVLSKEKSQLSSQLEDARRSLEETRASKLQ : 1327  
Plagopecte : NELQSQKSRLQAENSDLTROLEDAEHRVSVLSKEKSQLTSQLEDARRSLEETRARTKLQ : 1330  
Drosophila : NDFDASKKLSIENSDDLROLEEAESQVSQLSKIKISLTTOLEDTKRLADEESRERATLL : 1329  
Gallus : NDLTTQKTKLQSENGEFVRLLEEKESLISQLSRGKTSFTQIQIEELRRQLEETKSKNALA : 1331  
Xenopus : NDLTTQKGRLOTENGEFGRLLLEEKESLISQLSRGKTSFTQIQIEELRRQLEETKAKNALA : 1332  
Homo sapie : NDLTTQRAKLOTENGEAROLEEKEALISQLTRGKLSYTOQMEDLKRQLEEGKAKNALA : 1332  
\* \* \* \* \*  
1392 \* 1416 \* 1440  
Nematostel : ARLKNLEADFDFAMQENFDEAEDGKADLQKQLSRANTEAQSWKNKYEQDALAKVEELEDQK : 1421  
Argopecten : NEVRNMHADMDAIREOLEEQESKSDVQRQLSKANNEIQQWRSKFSEGANRTEELEDQK : 1387  
Plagopecte : NEIRNMHADMDAAREOLEEQESKSDVQRQLSKANNEIQQWRSKFSEGANRTEELEDQK : 1390  
Drosophila : GKFRLEHDLNLRQVBEAEAGKADLQRLSKANAFAQVWRSKYESDGVARSEELEEK : 1389  
Gallus : HALQARHDCDLLREQYEEEAQAKAELQRALSKGNAEVAQWRKTKYETDAIQRTEELEDQK : 1391  
Xenopus : HALQARHDCDLLREQFDEEAQAKAELQRSLSKGNAEVAMWRNKYETDAIQRTEELEEK : 1392  
Homo sapie : HALQARHDCDLLREQYEEETEAKAELQRVLSKANSEVAQWRKTKYETDAIQRTEELEEK : 1392  
\* \* \* \* \*  
1464 \* 1488 \*  
Nematostel : RKLAAKLEEMEALNTAQTKAASAEKTRSRNLNSELALIDLEKAQTAQTNNANLEKKQK : 1481  
Argopecten : RKLILGKLSAEAEQTEAANAKCSALEKARSRLOQEELEDMSEVDRANASVN---QMEKKQK : 1444  
Plagopecte : RKLILGKLSAEAEQNMFAANAKASALDKARSRLOQEELEDSLSEVDRANAINVN---QMEKKQK : 1447  
Drosophila : RKLQARLAEAEETIESLNQKIGLEKTKQRLSTEVEDLQLEVDRANAIAN---AAEKKQK : 1446  
Gallus : KKLAAARLEAEAEAEAEANAKCSSLEKTKHRLQNELEDMMLDEKANSAAA---SLDKKQK : 1448  
Xenopus : KKLAAARLEAEAEAEAEANAKCASLEKTKHRLQSELEDMMLDERSNAAAA---AMDKKQK : 1449  
Homo sapie : KKLAAARLEAEAEAEAVNAKCSSLEKTKHRLQNEIEDLMVDVERSNAAAA---ALDKKQK : 1449  
\* \* \* \* \*  
1512 \* 1536 \* 1560  
Nematostel : KIDIQINWVRVKLEFVQADLDSQKEARNYSTEMYKIKAAFDEQSEQVEALKRENKSLAS : 1541  
Argopecten : AFDKTTAEWQAKVNSLQSELENSQKESRGYSAELYRIKASIEEYQDSIGALRRENKNLAD : 1504  
Plagopecte : AFDKTTSEWQSKVNSLQSELENSQKESRGYSAELYRIKASVEEYQDSIGSLRRENKNLAD : 1507  
Drosophila : AFDKIIIGEWKLVDDLAELDASQKECRNYSLELFRKLGAYEEGQEQLEAVRRENKNLAD : 1506  
Gallus : GFDKIIIDWKQKYEEQAELASQKEARSLSLELFLKKNAYEETLDHLETLKRENKNLQE : 1508  
Xenopus : NFDKIIADWKQKYEEQAELSSQKEARSLSLELFLKKNAYEVEVLDILETVKRENKNLQE : 1509  
Homo sapie : NFDKIIAEWQKYEEQAELSSQKEARSLSLELFLKKNAYEESLEHLETFKRENKNLQE : 1509  
\* \* \* \* \*  
1584 \* 1608 \*  
Nematostel : EVNDLADQLGEGGKSVVLEKLRKRLMEKEEELQTALEEAEGALEGEGKVLKIQLEMTQ : 1601  
Argopecten : EIHDLTDQLSEGGRSTHELDKARRRLEMEKEEELQAALEEAEGALEQEEAKVMRAQLEIAT : 1564  
Plagopecte : EIHDLTDQLSEGGRSSTHELDKARRRLEMEKEEELQAALEEAEGALEQEEAKVMRAQLEIAT : 1567  
Drosophila : EVKDLLDQIGEGGRNHEIEKARKRLAEKDELQAALEEAEGALEQEEENKVLRAQLELSQ : 1566  
Gallus : EISDLTNQISEGNKNLHEIEKVVKQVEQEKSEVQLALEEAEGALEHEESKTLRFQLELSQ : 1568  
Xenopus : EISDLTDQISEGNKSLHEIEKVVKQVEQEKSEVQVALEEAEGALEHEESKTLRFQLELAQ : 1569  
Homo sapie : EISDLTEQLGEGGKNVHEIEKVRKQLEVEKLELQSALEEAEGALEHEEGKILRAQLEFNQ : 1569  
\* \* \* \* \*  
1632 \* 1656 \* 1680  
Nematostel : LKQEFERKLADRDEEIDTLRKNHQQLDALQASLDSEVKSKNELARLRKKEFTDCNEMEI : 1661  
Argopecten : VRNEIDKRIQEKEEFDNTRRNHQRALESMAASLEAEAKGKADAMRIKKKLEQDINELEV : 1624  
Plagopecte : VRNEIDKRIQEKEEFDNTRRNHQRALESMAASLEAEAKGKADALRIKKKLEQDINELEV : 1627  
Drosophila : VRQIDRRIQEKEEFDNTRRNHQRALEDSMAASLEAEAKGAEALRMKKLEADINELEI : 1626  
Gallus : LKADFRKLAEKDEEMENIRRNQORTIDSLQSTLDSAEARSNEAIRLKKKMEGDNLNEMEI : 1628  
Xenopus : IKAIEFRKLAEKDEETENVRNLRQRIIESLSQNLSEAKSRNEAVRLKKKMEGDNLNEMEI : 1629  
Homo sapie : IKAIEFRKLAEKDEEMEQAQRNHRVVDLSLQSTSLDAETRSRNEVLRVKKKMEGDNLNEMEI : 1629  
\* \* \* \* \*  
1704 \* 1728 \*  
Nematostel : NLENSMKANQELQKTTKKLQOVKDLQLMVEEQQRGRDDARESAARAERRSAELAAELED : 1721  
Argopecten : ALDASNRGKAEKMTVKRYQQQIREMOTSIEEEQRQDEARESYNMAERRCTLMSEGEVEE : 1684  
Plagopecte : ALDASNRGKAEKMTVKRYQQQIREMOTSIEEEQRQDEARESYNMAERRCTLMSEGEVEE : 1687  
Drosophila : ALDHANKANAQAQKNIKRYQQQLKDIQTALIEEEQRARDAREQLGISERRANALQNELEE : 1686  
Gallus : QLSHANRHAAEATKSARGLOTQIKELQVQLDDLGHNLNEDLKEQLAVSDRRNLLQSELDE : 1688  
Xenopus : QLSHSTRQATEATKALRNLAQYKDLQVYDDTLHLSLDELKEQAAVIERRNLLQSELDE : 1689  
Homo sapie : QLSHANRMAAEQAQVKSLSLQSLKDTQIQLDLDAVRANDDLKENIAIVERRNLLQAELEE : 1689

```

                                1752                *                1776                *                1800
Nematostel : LRNQLLEQADRARRTADQERADAVDRLAEVSNQVNNLQQGKRKLEGGVNTMCEELDDAENE : 1781
Argopecten : LRAALEQAERARKASDNELADANDRVNELTSQVSSVQGQKRKLEGDINAMOTDLDEMHGE : 1744
Plagopecte : LRAALEQAERARKGSENELADANDRVNELTSQVSSVQGQKRKLEGDINAMOTDLDEMHGE : 1747
Drosophila : SRTLLEQADRGRRQAEQELADAHEQLNEVSAQNASISAAKRKLESELQTLHSDLDELLNE : 1746
Gallus      : LRALLDQTERARKLAEHELEATERVNLHTQNTSLINQKKKLEGDISQMCONEVEESIQE : 1748
Xenopus    : LRAALDQTERARKLSEQELLESTERVNLHSONTSLINQKKKLENDINHMCONEVEEESVQE : 1749
Homo sapie : LRAVVEQTERSRLAEQELIETSERVQLLHSONTSLINQKKKMEADLTQLQSEVEEAVQE : 1749

                                *                1824                *                1848                *
Nematostel : AKAADERSKKAEEFARAQAEELVSAQDHATAADRARMSAERIQKDLKLEMLELEAAGGKA : 1841
Argopecten : LKGADERCKKAMADAARLADELRAEQDHSNQVEKVRKNLESQVKEFQIRLDEAEASSIKG : 1804
Plagopecte : LKGADERCKKAMADAARLADELRAEQDHSNQVEKVRKNLESQVKEFQIRLDEAEASSIKG : 1807
Drosophila : AKNSEEKAKKAMVDAARLADELRAEQDHAQTOEKLRKALEQQIKELQVRLDEAEANALKG : 1806
Gallus     : CRNAEEKAKKAITDAAMMAEELKKEQDTSAHLERMKNMEOTIKDLQKRLDEAEQIALKG : 1808
Xenopus    : CRNAEEKAKKAITDAAMMAEELKKEQDTSAHLERMKNMEOTIKDLQKRLDEAEQIAMKG : 1809
Homo sapie : CRNAEEKAKKAITDAAMMAEELKKEQDTSAHLERMKNMEOTIKDLQKRLDEAEQIALKG : 1809

                                1872                *                1896                *                1920
Nematostel : LKVKIQKLEQRVKELELELDNEVRSAESQKLAKKNERRMKEIQFOADELQKNLARAQEN : 1901
Argopecten : GKKMIQKLESRVHELEAELELDNEQRRHAETQKNMRKADRRLKELAFQADEDRKNQERLOEL : 1864
Plagopecte : GKKLIQKLESRVHELEAELELDNEQRRHAETQKNMRKADRRLKELAFQADEDRKNQERLOEL : 1867
Drosophila : GKKAIQKLEQRVRELENELELDGEQRRHADAQKNLRKSERVKELSFOSEDRKNHERMODL : 1866
Gallus     : GKKQIQKLESRVRELENELELELRRNSDAQKGARKFERRIKEVITYQSEEDKKNLARMODL : 1868
Xenopus    : GKKQIQKLESRVRELENELELEGEQRRNAESLKGFRKFERRIKELTYQGEEDKKNLIRMODL : 1869
Homo sapie : GKKQIQKLEARVRELEGELEAEQKRNAESVKGMRKSERRIKELTYQTEEDKKNLLRLQDL : 1869

                                *                1944                *                1968                *
Nematostel : SDRMNNKLLKMR TAVEEAEALAAANLARFRKAQTELEEAERFERVEQLESSLQKARGRARTS : 1961
Argopecten : IDKLNAKIKTFKRQVEEAEIEAAILNLAQRKAQHELEEAERADTADSLQKFRAKSRSS : 1924
Plagopecte : IDKLNAKIKTFKRQVEEAEIEAAILNLAQRKAQHELEEAERADTADSLQKFRAKSRSS : 1927
Drosophila : VDKLQKIKTYKROIEEAEIEAAILNLAQRKAQHELEEAERADLAEQAISKFRAGRAG : 1926
Gallus     : IDKLQKVKVSYKHQAEAEAEQANLYLSKYRQKQHDLDDEAERAEIAESQVKNLRSKSRD- : 1927
Xenopus    : IDKLQKVKVSYKHQAEAEAEQANQYLSKYRQKQHELDDEAERADIAESQVKNLRSKTRD- : 1928
Homo sapie : VDKLQKVKVAYKRQAEAEAEQANTNLSKFRKVKQHELDDEAERADIAESQVKNLRAKSRD- : 1928

                                1992                *                2016
Nematostel : GVMSSGRAASRETSYRSSHRSASSTSLDDE----- : 1992
Argopecten : VSVQRSSVSVSASN----- : 1938
Plagopecte : VSVQRSSVSVSAAN----- : 1941
Drosophila : SVGRGASPAPRATSVRPQFDGLAFPPRFDLAPENEF : 1962
Gallus     : ---IGMK-KVHEEE----- : 1937
Xenopus    : ---VAG--KVREEE----- : 1937
Homo sapie : ---IGAKQKMHDEE----- : 1939

```

## Abkürzungen

### Chemikalien und allgemeine Abkürzungen

AS Aminosäure

Bp Basenpaare

BSA Rinder Serumalbumin

CHAPS 3-(3-choloamidopropyl)diethylammonio-1propansulfonat  
(nichtionisches Detergens)

cDNA (zu mRNA) komplementäre DNA

DEPC Diethylpyrocarbonat (RNase-Inhibitor)

DNA Desoxyribonukleinsäure

EST Expressed sequence Tag

MAB Maleinsäurepuffer

Nt Nukleotid

NTMT NaCl, Tris, MgCl<sub>2</sub>, Tween (Puffer)

Nvgata *Nematostella vectensis* gata

PBS Phosphate buffered saline (Puffer)

PCR Polymerasekettenreaktion)

PFA Paraformaldehyd

RACE Rapid amplification of cDNA ends

RNA Ribonukleinsäure

RT-PCR PCR nach reverser Transkription

SSC Natriumchlorid, Natriumcitrat-Puffer

Std Stunden

TEA Triethanolamin (Puffer)

Tris Tris-(hydroxymethyl)-aminomethan (Puffer)

U Unit



## Lebenslauf

Name: Annette Amon-Hassenzahl  
 Geburtsdatum: 03.06.1974;  
 Geburtsort: Langen  
 Stand: Verheiratet, zwei Kinder  
 Anschrift: Taunusstraße 37  
 64289 Darmstadt

## Akademische und schulische Ausbildung

- seit 01/ 2002      **Promotion** am Fachbereich Biologie der Technischen Universität Darmstadt, Abteilung Molekulare Zellbiologie  
 Thema: „Muskel-spezifische Gene in der Seeanemone *Nematostella vectensis*“ (Betreuung: Dr. Ulrich Technau, SARS Centre for Marine Molecular Biology, Bergen, Norwegen (voraussichtlicher Abschluss: Juni 2006)  
 Finanziert durch Stipendien des Landes Hessen und der Deutschen Forschungsgemeinschaft (SFB 340)
- 10/ 1995 – 09/ 2001      **Studium der Biologie** an der Technischen Universität Darmstadt. Prüfungsfächer Molekulare Zell- und Entwicklungsbiologie, Physikalische Biochemie und Pflanzenphysiologie; Gesamtnote: sehr gut  
**Diplomarbeit** am Fachbereich Biologie der Technischen Universität Darmstadt, Abteilung Molekulare Zellbiologie zum Thema „Knock-out Mutanten im Süßwasserpolyphen *Hydra vulgaris* durch RNA-Interferenz“ (Betreuung: Prof. Dr. Thomas Holstein, Universität Heidelberg)  
 Wissenschaftliche Hilfskraft in der Abteilung Molekulare Zellbiologie (Prof. Dr. Thomas Holstein) und der Abteilung Entwicklungsbiologie (Prof. Dr. Paul Layer).
- 10/ 1994 – 07/ 1995      **Studium der Tiermedizin** an der Justus-Liebig Universität Gießen
- 08/ 1991 – 07/ 1994      **Abitur** an der Heinrich Mann Schule in Dietzenbach
- 08/ 1990 – 08/ 1991      **Fachoberschule für Kunst und Gestaltung** in Offenbach/ Main
- 08/ 1980 – 08/ 1990      **Grund- und Realschule** in Dietzenbach und Dudenhofen

## Veröffentlichungen und Vorträge

- Paper in Vorbereitung      The roles of *gata* and *myosin heavy chain* in muscle differentiation of *Nematostella vectensis*  
 An ultrastructural study of muscle development in *Nematostella vectensis*
- 2006      Histological and molecular investigation of the muscle development of the sea anemone *Nematostella vectensis*

- 2005 Vortrag auf der Summer School des SFB 340 der Deutschen Forschungsgemeinschaft, Hirschegg, 9.-16.09.2006
- Mesodermal genes in the anthozoan *Nematostella vectensis*  
Poster auf der 16.Tagung der Gesellschaft für Entwicklungsbiologie, Münster, 06.-09.03.2005
- Mesodermal genes and muscle differentiation in the anthozoan *Nematostella vectensis*  
Vortrag auf der Summer School des SFB 340 der Deutschen Forschungsgemeinschaft, Hirschegg, 09.-16.09.2005
- Expression of mesodermal genes and their function in muscle development of *Nematostella vectensis*  
Vortrag auf der internationalen Tagung "Hydra and the molecular logic of regeneration", Tutzing, 19.- 22.09.2005
- 2004 Muscles in a non-mesodermal anthozoan  
Vortrag auf der Summer School des SFB 340 der Deutschen Forschungsgemeinschaft, Hirschegg, 11.-19.09.2004
- 2003 Expression studies of *Actin*, *Mef2* and *Gata* in the Sea anemone *Nematostella vectensis*  
Poster auf der internationalen Tagung "Hydra and the molecular logic of regeneration", Tutzing, 22.-25.09.2003

## Lehre

- Vorlesungen Anatomie der Nesseltiere  
Im Rahmen der Grundvorlesung „Baupläne der Organismen“
- Morphologie und Vielfalt der Nesseltiere  
Im Rahmen der Grundvorlesung „Demonstration zur Morphologie der Tiere“

## **Erklärung**

Hiermit erkläre ich an Eides statt, dass ich die vorliegende Dissertation selbstständig und ohne andere als die angegebenen Hilfsmittel verfasst habe.

Darmstadt, den 15. August 2006