

Der Einfluss Arbuskulärer Mykorrhiza
auf *Euphorbia pulcherrima* und
Petunia x hybrida unter Kühlestress

Von der Naturwissenschaftlichen Fakultät
der Gottfried Wilhelm Leibniz Universität Hannover
zur Erlangung des Grades

Doktorin der Gartenbauwissenschaften

Dr. rer. hort.

genehmigte Dissertation

von

M. Sc. Dipl.-Ing. (FH) Johanna Knopp
geboren am 24.06.1985 in Braunschweig

2015

Referent: Prof. Dr. Hans-Michael Poehling

Korreferent: Prof. Dr. Heiko Mibus-Schoppe

Tag der Promotion: 23.01.2015

Kurzfassung

Der Einfluss arbuskulärer Mykorrhiza auf *Euphorbia pulcherrima* und *Petunia x hybrida* unter Kühlestress

Die energieintensive Produktion des Unterglasanbaus stellt den Gartenbau in Mitteleuropa aufgrund steigender und variierender Energiekosten vor große Herausforderungen. Das betrifft insbesondere Kulturen, die saisonbedingt während der Heizperiode produziert werden, darunter z. B. die für Deutschland ökonomisch bedeutsamen Zierpflanzen *Euphorbia pulcherrima* und *Petunia x hybrida*. Eine Absenkung von Kulturtemperaturen könnte zur Energieeinsparung beitragen.

Im Rahmen der hier vorgestellten Untersuchung wurde der Einfluss arbuskulärer Mykorrhizapilze (AMP) auf Wachstum und Entwicklung von Petunien und Poinsettien unter reduzierten Temperaturen untersucht. Dazu wurden 14 AMP-Isolate (verschiedene Arten, Herkünfte und Vermehrungsmethoden) in Screenings auf ihre Wirkung unter Normal- und reduzierter Temperatur an konstitutiv kühesensitiven und kühetoleranten Sorten untersucht. Die verzeichneten Mykorrhiza-Effekte variierten in Abhängigkeit von der Kombination zwischen AMP-Isolat und Wirtspflanzensorte. Einige führten, unabhängig von der Besiedlungsstärke, zu einer Wachstumsförderung unter reduzierten Kulturtemperaturen. Darüber hinaus wurden die Parameter der Chlorophyllfluoreszenz zur Detektion von Kühlestress und -toleranz eingesetzt, diese erwiesen sich für die Beurteilung alleine als nicht ausreichend.

Ausgewählte Isolat-Sortenkombinationen wurden hinsichtlich Veränderungen im Kohlenhydrat- und Hormonmetabolismus untersucht. Die Untersuchungen zum Kohlenhydrathaushalt der Poinsettien zeigten Unterschiede zwischen einer konstitutiv kühesensitiven und einer kühetoleranteren Sorte auf. Die kühesensitive 'Christmas Spirit' wies im Mittel geringere Kohlenhydratgehalte auf. Des Weiteren führte das Absenken der Temperatur an dieser Sorte zu einem Anstieg löslicher Zucker sowie Stärke. Für die Petunie 'Mitchell' wurde der Kohlenhydrat-, der Phytohormonhaushalt sowie das Transkriptom untersucht. Die reduzierte Temperatur führte nach 21 Tagen zu einem Anstieg der Glucose- und Fructosegehalte im Sourcegewebe. Die AM förderte dabei bereits deutlich früher eine Akkumulation dieser. Die frühzeitige Einlagerung wird als Hinweis auf einen Schutzmechanismus gesehen. AMP-Isolat und Kühle besaßen jedoch keinen signifikanten Einfluss auf den Phytohormonhaushalt der Petunie. Die Microarray-Analyse verdeutlichte, dass sowohl die AM-Symbiose als auch die Kühle zu signifikanten Veränderungen im Transkriptom führte. Unter reduzierter Temperatur konnte die Symbiose zur Kompensation verschiedener Kühle-Effekte beitragen sowie zur Induktion von Proteinen, die für eine Adaptation an Kühlestress bekannt sind.

Da bei einer kühleren Kulturführung eine erhöhte Krankheitsgefährdung von Pflanzen zu erwarten ist, schließt die Arbeit Untersuchungen hinsichtlich eines Befallsrisikos mit *Botrytis cinerea* und *Pythium ultimum* ein. Die Ergebnisse verdeutlichen, dass die mit der reduzierten Temperatur einhergehenden erhöhten Feuchtigkeiten einen wichtigen Einflussfaktor darstellen. Die Kombination aus reduzierter Kulturtemperatur und erhöhter Boden- bzw. Luftfeuchte führte zu einem stärkeren Befall mit *Pythium* bzw. *Botrytis*. Unter den gewählten Bedingungen besaß die Mykorrhiza keinen Einfluss auf die Befallsintensität mit *Botrytis cinerea*, führte jedoch zu einer Befallsreduktion mit *Pythium ultimum*.

Schlagworte: Arbuskuläre Mykorrhiza, Kühlestress, Kohlenhydrathaushalt, Phytohormone, Transkriptom, *Pythium ultimum*, *Botrytis cinerea*

Abstract

Influence of Arbuscular Mycorrhiza on Low Temperature Stress of *Euphorbia pulcherrima* and *Petunia x hybrida*

In Central Europe the economic efficiency of cultivating ornamentals under greenhouse conditions has been challenged due to increasing and fluctuating energy costs. However, seasonal plants have to be produced during the heating period. In Germany these are, for example, the economically important ornamentals *Euphorbia pulcherrima* and *Petunia x hybrida*. A temperature reduction during cultivation could save energy.

The aim of this study was to investigate the influence of arbuscular mycorrhiza fungi (AMF) on low temperature stress of petunia and poinsettia. In screenings, 14 different AMF isolates (different species, origins and propagation methods) were tested for alterations of the chilling tolerance of petunia and poinsettia, each with sensitive and tolerant cultivars against cold temperatures. Depending on the mycorrhiza-plant combination, different effects were observed. For specific combinations, plant growth was significantly improved, independent of AMF colonisation. Furthermore chlorophyll fluorescence was measured for detection for chilling stress and chilling tolerance. However this parameter could not completely assess the chilling response of the plant.

For selected combinations, mycorrhiza effects were characterized by analysing chilling relevant sections in carbohydrate and plant hormone metabolism. The analysis of the carbohydrate metabolism of poinsettia showed cultivar specific differences: The carbohydrate contents of the more chilling sensitive poinsettia cv. Christmas Spirit were lower than of the tolerant cv. Christmas Eve. Moreover the reduced temperature resulted in increased soluble sugar and starch contents in the cv. Christmas Spirit. For the petunia cv. Mitchell the carbohydrate metabolism, phytohormones and transcriptome were investigated. The reduced cultivation temperature caused an increase in glucose and fructose content in source tissues. A previous sugar accumulation was stimulated by mycorrhiza, which indicates a protection mechanism against chilling temperatures. However, no influence of AMF-isolates and chilling temperatures on the phytohormone metabolism of petunia cv. Mitchell could be detected. Transcriptional response to cold stress was studied in mycorrhizal and non-mycorrhizal petunia plants by microarray analysis. Significant differences between the transcriptome of chilling and mycorrhizal plants were observed. Mycorrhiza symbiosis accounted for supporting effects under chilling temperatures: AMF resulted in compensation of chilling effects and induced proteins known from chilling adaptation.

Due to lower cultivation temperature an increase in disease infestation was assumed. This hypothesis was investigated for the foliar pathogen *Botrytis cinerea* and the soilborne pathogen *Pythium ultimum*. Results indicate an important effect by increasing humidity, which is caused by the reduction of the cultivation temperature. The combination of reduced temperature and increased air or soil humidity resulted in an increase in disease infestation with *Botrytis cinerea* or *Pythium ultimum*. Under the chosen experimental conditions, the mycorrhiza did not have an influence on *Botrytis cinerea* infestation but could reduce the *Pythium ultimum* infestation of the host plant.

Keywords: Arbuscular mycorrhiza, chilling stress, carbohydrate metabolism, phytohormones, transcriptome, *Pythium ultimum*, *Botrytis cinerea*

Inhaltsverzeichnis

Abbildungsverzeichnis	V
Tabellenverzeichnis.....	VII
Abkürzungsverzeichnis.....	IX
1 Allgemeine Einleitung.....	1
1.1 Stress durch reduzierte Temperaturen	2
1.2 Arbuskuläre Mykorrhizapilze	3
1.3 Zielsetzung.....	4
2 Untersuchung isolatspezifischer Wirkungen arbuskulärer Mykorrhizapilze auf <i>Euphorbia pulcherrima</i> und <i>Petunia x hybrida</i> unter Kühlestress.....	5
2.1 Einleitung	6
2.2 Material und Methoden	7
2.2.1 Versuchsorganismen.....	7
2.2.2 Vermehrung des AMP-Inokulums.....	8
2.2.3 Durchführung der Kühleversuche	9
2.2.4 Quantifizierung der AMP-Besiedlung.....	10
2.2.5 Auswertung der Pflanzenparameter für Wachstum und Entwicklung	11
2.2.6 Chlorophyllfluoreszenz-Messungen	11
2.2.7 Statistische Auswertung	13
2.3 Ergebnisse	14
2.3.1 Untersuchung der AMP-Isolate an <i>Euphorbia pulcherrima</i>	14
2.3.2 Untersuchung der AMP-Isolate an <i>Petunia x hybrida</i>	30
2.4 Diskussion	43
3 Charakterisierung physiologischer und molekulargenetischer Veränderungen durch eine Symbiose zwischen arbuskulären Mykorrhizapilzen und <i>Euphorbia pulcherrima</i> bzw. <i>Petunia x hybrida</i> unter Kühlestress	48
3.1 Einleitung	49
3.2 Material und Methoden	53
3.2.1 Entnahme der Proben.....	53
3.2.2 Untersuchungen zum Kohlenhydrathaushalt.....	54
3.2.3 Untersuchungen zum Phytohormonhaushalt.....	56
3.2.4 Transkriptomanalyse.....	58
3.2.5 Statistische Auswertung	59
3.3 Ergebnisse	60
3.3.1 Einfluss der reduzierten Temperatur auf das Pflanzenwachstum.....	60
3.3.2 Kohlenhydrathaushalt	60
3.3.3 Phytohormonhaushalt.....	67
3.3.4 Transkriptomanalyse.....	68
3.3.4.1 Mykorrhiza regulierte Gene.....	69
3.3.4.2 Kühle regulierte Gene.....	75
3.3.4.3 Mykorrhiza und Kühle regulierte Gene	83
3.4 Diskussion	90

4 Die Wirkung arbuskulärer Mykorrhizapilze gegenüber <i>Botrytis cinerea</i> und <i>Pythium ultimum</i> an <i>Euphorbia pulcherrima</i> und <i>Petunia x hybrida</i> unter reduzierten Kulturtemperaturen	104
4.1 Einleitung	105
4.2 Material und Methoden	109
4.2.1 Sprosspathogen: <i>Botrytis cinerea</i>	109
4.2.2 Bodenbürtiges Pathogen: <i>Pythium ultimum</i>	110
4.2.3 Mikrofotografien	111
4.2.4 Statistische Auswertung	111
4.3 Ergebnisse	112
4.3.1 <i>Botrytis cinerea</i>	112
4.3.2 <i>Pythium ultimum</i>	119
4.4 Diskussion	123
5 Schlussfolgerung und Ausblick.....	127
6 Literaturverzeichnis.....	130
7 Anhang	145
7.1 Signifikanzen zu den Untersuchungen isolatspezifischer Wirkungen arbuskulärer Mykorrhizapilze auf <i>Euphorbia pulcherrima</i> und <i>Petunia x hybrida</i> unter Kühlestress.....	145
7.2 Anhang Einstellungen am GC-MS/MS.....	157
7.3 Wachstumsparameter der Petunien und Poinsettien für die Versuche mit physiologischen und molekularbiologischen Untersuchungen	158
7.4 Microarray-Analyse: Anzahl der Gene des Petunien Multi-Plex Microarray und ihre Zuordnung zu verschiedenen Funktionsklassen.....	161
7.5 Übersicht signifikant regulierter Gene aus der Microarray-Analyse.....	162
7.6 Phytopathologische Versuche.....	201
Lebenslauf.....	202
Veröffentlichungen und Tagungsbeiträge.....	203
Danksagung.....	204

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: Cyathienstadien an Brakteen von <i>Euphorbia pulcherrima</i>	11
Abbildung 2: Einfluss der reduzierten Temperatur auf das Brakteenwachstum von <i>Euphorbia pulcherrima</i> 'Christmas Eve' und 'Christmas Spirit' in Screening I.....	16
Abbildung 3: Einfluss der reduzierten Temperatur auf das Sprosswachstum von <i>Euphorbia pulcherrima</i> 'Christmas Eve' und 'Christmas Spirit' in Screening I.....	17
Abbildung 4: Einfluss der reduzierten Temperatur auf das Brakteenwachstum von <i>Euphorbia pulcherrima</i> 'Christmas Eve' und 'Christmas Spirit' in Screening II.....	20
Abbildung 5: Einfluss der reduzierten Temperatur auf das Sprosswachstum von <i>Euphorbia pulcherrima</i> 'Christmas Eve' und 'Christmas Spirit' in Screening II	21
Abbildung 6: Einfluss der reduzierten Temperatur auf das Brakteenwachstum von <i>Euphorbia pulcherrima</i> 'Christmas Eve' und 'Christmas Spirit' in Screening III.....	23
Abbildung 7: Einfluss der reduzierten Temperatur auf das Sprosswachstum von <i>Euphorbia pulcherrima</i> 'Christmas Eve' und 'Christmas Spirit' in Screening III.....	24
Abbildung 8: Ausgewählte Chlorophyllfluoreszenzparamter für <i>Euphorbia x pulcherrima</i> 'Cristmas Spirit' 28 und 56 Tage nach Temperaturabsenkung.	26
Abbildung 9: Einfluss der Temperaturreduktion auf die Chlorophyllfluoreszenz-Parameter Performance Index sowie dissipierter Energiefluss pro Reaktionszentrum gemessen an Blättern von <i>Euphorbia pulcherrima</i> 'Christmas Eve' sowie 'Christmas Spirit'	28
Abbildung 10: Einfluss der Temperaturreduktion auf die Chlorophyllfluoreszenz- Parameter Performance Index sowie dissipierter Energiefluss pro Reaktionszentrum gemessen an den Brakteen von <i>Euphorbia pulcherrima</i> 'Christmas Eve' sowie 'Christmas Spirit'.	29
Abbildung 11: Einfluss der reduzierten Temperatur auf das Sprosswachstum von <i>Petunia x hybrida</i> 'Famous Dark Blue' und 'Mitchell' in Screening I.....	32
Abbildung 12: Einfluss der reduzierten Temperatur auf das Sprosswachstum von <i>Petunia x hybrida</i> 'Famous Dark Blue' und 'Mitchell' in Screening II.....	34
Abbildung 13: Einfluss der reduzierten Temperatur auf das Sprosswachstum von <i>Petunia x hybrida</i> 'Fantasy Blue', 'Mitchell' und 'Sweet Sunshine Williams' in Screening III	36
Abbildung 14: Einfluss der reduzierten Temperatur auf das Sprosswachstum von <i>Petunia x hybrida</i> 'Fantasy Blue', 'Mitchell' und 'Sweet Sunshine Williams' in Screening IV	38
Abbildung 15: Ausgewählte Chlorophyllfluoreszenzparamter für <i>Petunia x hybrid</i> 'Mitchell' 28 Tage nach Temperaturabsenkung.....	39
Abbildung 16: Einfluss der Temperaturreduktion auf die Chlorophyllfluoreszenz- Parameter Performance Index sowie dissipierter Energiefluss pro Reaktionszentrum gemessen <i>Petunia hybrida</i> 'Famous Dark Blue' sowie 'Mitchell'.....	41
Abbildung 17: Schematische Darstellung möglicher Reaktionen von Pflanzen auf Kühle. .	50
Abbildung 18: Schematische Darstellung der Photosynthese	51
Abbildung 19: Enzymatische Reaktionen zur Bestimmung der Glucose, Fructose und Saccharose Konzentration.....	54

Abbildung 20: Einfluss der reduzierten Temperatur auf die Kohlenhydratgehalte der Poinsettie 'Christmas Spirit'	62
Abbildung 21: Einfluss der reduzierten Temperatur auf die Kohlenhydratgehalte der Poinsettie 'Christmas Eve'	63
Abbildung 22: Einfluss der reduzierten Temperatur auf die Kohlenhydratgehalte der Apexproben (Sinkgewebe) der <i>Petunia x hybrida</i> 'Mitchell'	65
Abbildung 23: Einfluss der reduzierten Temperatur auf die Kohlenhydratgehalte der Blattproben (Sourcegewebe) der <i>Petunia x hybrida</i> 'Mitchell'	66
Abbildung 24: Einfluss der reduzierten Temperatur auf den Phytohormonhaushalt der <i>Petunia x hybrida</i> 'Mitchell'	67
Abbildung 25: Übersicht über Anzahl und Gemeinsamkeiten der signifikant induzierten und reprimierten Gene der Transkriptomuntersuchung.....	68
Abbildung 26: Anteil signifikant AM-regulierter Gene pro Funktionsklasse 7 bzw. 21 Tage nach Temperaturdifferenzierung in Blatt und Wurzel der Petunie 'Mitchell'.....	70
Abbildung 27: Anteil signifikant regulierter Gene durch die reduzierte Temperatur pro Funktionsklasse 7 bzw. 21 Tage nach Temperaturdifferenzierung in Blatt und Wurzel der Petunie 'Mitchell'	76
Abbildung 28: Anteil signifikant regulierter Gene pro Funktionsklasse durch Mykorrhiza und Kühle 7 bzw. 21 Tage nach Temperaturdifferenzierung in Blatt und Wurzel der Petunie 'Mitchell'	84
Abbildung 29: <i>Botrytis</i> -Befall auf den Petalen von <i>Petunia x hybrida</i> 'Fantasy Blue'	112
Abbildung 30: Befallshäufigkeit mit <i>Botrytis cinerea</i> bei <i>Petunia x hybrida</i> 'Fantasy Blue'	114
Abbildung 31: Befallsstärke auf Blüten der <i>Petunia x hybrida</i> 'Fantasy Blue' mit <i>Botrytis cinerea</i>	115
Abbildung 32: Befallshäufigkeit mit <i>Botrytis cinerea</i> bei <i>Euphorbia pulcherrima</i> 'Christmas Eve'	117
Abbildung 33: Befallsstärke auf Blättern von <i>Euphorbia pulcherrima</i> 'Christmas Eve' nach Inokulation mit <i>Botrytis cinerea</i>	118
Abbildung 34: <i>Pythium</i> -Häufigkeiten an Wurzeln von <i>Petunia x hybrida</i> 'Fantasy Blue'..	120
Abbildung 35: <i>Pythium</i> -Befall an Wurzeln von <i>Euphorbia pulcherrima</i> 'Christmas Eve'...	122
Abbildung 36: Einfluss der reduzierten Temperatur auf das Wachstum der Petunie 'Mitchell' in den Versuchen zur Hormonanalytik und Transkriptomanalyse sowie zum Kohlenhydratmetabolismus	159
Abbildung 37: Einfluss der reduzierten Temperatur auf das Wachstum der Poinsettie 'Christmas Eve' und 'Christmas Spirit' in der Untersuchung zum Kohlenhydratmetabolismus.....	160

Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Liste der in den Untersuchungen eingesetzten Wirtspflanzen	7
Tabelle 2: Liste der in den Untersuchungen eingesetzten arbuskulären Mykorrhizapilze ...	8
Tabelle 3: Versuchsablauf der Kühleversuche an <i>Petunia x hybrida</i>	9
Tabelle 4: Versuchsablauf der Kühleversuche mit <i>Euphorbia pulcherrima</i>	10
Tabelle 5: Boniturschlüssel für die AM-Quantifizierung.....	11
Tabelle 6: Parameter der Chlorophyllfluoreszenz und ihre Bedeutung	13
Tabelle 7: AMP-Besiedlung der Poinsettien 'Christmas Spirit' und 'Christmas Eve' vor Temperaturabsenkung in Screening I.....	18
Tabelle 8: AMP-Besiedlung der Poinsettien 'Christmas Spirit' und 'Christmas Eve' vor Temperaturabsenkung in Screening II.....	19
Tabelle 9: AMP-Besiedlung der Poinsettien 'Christmas Spirit' und 'Christmas Eve' vor Temperaturabsenkung in Screening III.....	22
Tabelle 10: AMP-Besiedlung der Petunien 'Famous Dark Blue' und 'Mitchell' vor Tempe- raturabsenkung in Screening I.	30
Tabelle 11: AMP-Besiedlung der Petunien 'Famous Dark Blue' und 'Mitchell' vor Tempe- raturabsenkung in Screening II.....	33
Tabelle 12: AMP-Besiedlung der Petunien 'Fantasy Blue', 'Mitchell' und 'Sweet Sunshine Williams' vor Temperaturabsenkung in Screening III.....	35
Tabelle 13: AMP-Besiedlung der Petunien 'Fantasy Blue', 'Mitchell' und 'Sweet Sunshine Williams' vor Temperaturabsenkung in Screening IV.....	37
Tabelle 14: Enzyme der Kohlenhydratanalyse.....	56
Tabelle 15: AM-regulierte Gene in der Wurzel der Petunie 'Mitchell' aus den Funktions- klassen XIIa. Biotische und XIIb. Abiotische Stimuli.....	70
Tabelle 16: AM-regulierte Gene in der Wurzel der Petunie 'Mitchell' aus der Funktions- klasse V. Primärmetabolismus	71
Tabelle 17: AM-regulierte Gene in der Wurzel der Petunie 'Mitchell' aus der Funktions- klasse VIa. Sekundärmetabolismus und VIb. Phytohormonhaushalt.....	72
Tabelle 18: Signifikant AM-regulierte Gene der Wurzel der Petunie 'Mitchell', die der Funk- tionsklasse Ia. Zellwand zugeordnet werden.....	73
Tabelle 19: Signifikant AM-regulierte Gene im Blatt ausgewählter Funktionsklassen der Petunie 'Mitchell'	75
Tabelle 20: Durch die Kühle signifikant regulierte Gene der Petunie 'Mitchell' aus der Funktionsklasse V. Kohlenhydratmetabolismus.....	78
Tabelle 21: Durch die Kühle signifikant regulierte Gene der Petunie 'Mitchell' aus der Funktionsklasse VIb. Hormonmetabolismus.....	81
Tabelle 22: Durch die Kühle signifikant regulierte Gene der Petunie 'Mitchell' aus der Funktionsklasse Sekundärmetabolismus	82
Tabelle 23: Durch Mykorrhiza und Kühle signifikant regulierte Gene im Blatt der Petunie 'Mitchell' aus der Funktionsklasse Ia. Zellwand	85

Tabelle 24: Durch Mykorrhiza und Kühle signifikant regulierte Gene im Blatt der Petunie 'Mitchell' aus der Funktionsklasse V. Primärmetabolismus.....	86
Tabelle 25: Durch Mykorrhiza und Kühle signifikant regulierte Gene im Blatt der Petunie 'Mitchell' aus der Funktionsklasse VI. Sekundär- und Hormonmetabolismus	87
Tabelle 26: Durch Mykorrhiza und Kühle signifikant regulierte Gene im Blatt der Petunie 'Mitchell' aus der Funktionsklasse XII. Biotische und abiotische Stimuli	88
Tabelle 27: Durch Mykorrhiza und Kühle signifikant regulierte Gene im Blatt der Petunie 'Mitchell' aus der Funktionsklasse III. Membrantransport und nährstoffspezifische Prozesse	89
Tabelle 28: Boniturschlüssel für den <i>Pythium</i> -Befall.....	111
Tabelle 29: AMP-Besiedlung der <i>Petunia x hybrida</i> 'Fantasy Blue' im <i>Pythium</i> -Versuch ..	119
Tabelle 30: AMP-Besiedlung der <i>Euphorbia pulcherrima</i> 'Christmas Eve' im <i>Pythium</i> -Versuch.....	121
Tabelle 31: Signifikanzen zu den Wachstumsparametern aus Poinsettien Screening I.....	145
Tabelle 32: Signifikanzen zu den Wachstumsparametern aus Poinsettien Screening II ...	147
Tabelle 33: Signifikanzen zu den Wachstumsparametern aus Poinsettien Screening III..	149
Tabelle 34: Signifikanzen zu den Wachstumsparametern aus Petunien Screening I.....	151
Tabelle 35: Signifikanzen zu den Wachstumsparametern aus Petunien Screening II.....	153
Tabelle 36: Signifikanzen zu den Wachstumsparametern aus Petunien Screening III	154
Tabelle 37: Signifikanzen zu den Wachstumsparametern aus Petunien Screening IV.....	155
Tabelle 38: Einstellungen am GC.....	157
Tabelle 39: Einstellungen am MS	157
Tabelle 40: AMP-Besiedlung (A.) der Petunie 'Mitchell' und (B.) der Poinsettien 'Christmas Eve' und 'Christmas Spirit' vor Temperaturabsenkung in der Untersuchung des Kohlenhydratmetabolismus	158
Tabelle 41: Anzahl an Genen der verschiedenen Funktionsklassen des Petunien Multi-Plex Microarray	161
Tabelle 42: Expressionsraten für die signifikant regulierten Gene durch die AM-Symbiose mit BEG 144 im Blatt von <i>Petunia x hybrida</i> 'Mitchell'	162
Tabelle 43: Expressionsraten für die signifikant regulierten Gene durch die AM-Symbiose mit BEG 144 in der Wurzel von <i>Petunia x hybrida</i> 'Mitchell'.....	164
Tabelle 44: Expressionsraten für die signifikant regulierten Gene durch die reduzierte Kulturtemperatur im Blatt von <i>Petunia x hybrida</i> 'Mitchell'	169
Tabelle 45: Expressionsraten für die signifikant regulierten Gene durch die reduzierte Kulturtemperatur in der Wurzel von <i>Petunia x hybrida</i> 'Mitchell'	185
Tabelle 46: Expressionsraten für die signifikant regulierten Gene durch die AM-Symbiose mit BEG 144 unter reduzierter Temperatur im Blatt von <i>Petunia x hybrida</i> 'Mitchell'	195
Tabelle 47: Expressionsraten für die signifikant regulierten Gene durch die AM-Symbiose mit BEG 144 unter reduzierter Temperatur in der Wurzel von <i>Petunia x hybrida</i> 'Mitchell'	198
Tabelle 48: Frischgewicht des Sprosses von <i>Petunia x hybrida</i> 14 Tage nach Inokulation mit <i>Botrytis cinerea</i>	201

Abkürzungsverzeichnis

Für Einheiten und Größen werden die SI- sowie die daraus abgeleiteten Einheiten verwendet.

ABA	Abcisinsäure
ABC-Transporter	ATP Binding Cassette Transporter
ABS/RC	absorbierter Photonenflux pro Reaktionszentrum
ADP/ATP	Adenosindiphosphat/ Adenosintriphosphat
AM	arbuskuläre Mykorrhiza
AMP	arbuskuläre Mykorrhizapilze
(-) AMP	mykorrhizafreie Variante
(+) AMP	mykorrhizierte Variante
AP2	Transkriptionsfaktor: Apetala 2
BEG	The International Bank for the Glomeromycota
bHLH	Transkriptionsfaktor: Basic Helix-Loop-Helix
BMA	Biomalzagar
Ca ²⁺	Calciumionen
CBF	Transkriptionsfaktor: C-Repeat Binding Factor
CBL	Calcineurin-B-like Proteins
CbMV	Calibrachoa mottle virus
CK	Cytokinin
CO ₂	Kohlenstoffdioxid
COR	Cold Regulated Genes
DELLA-Protein	Protein mit Peptidmotiv Asparaginsäure-Glutaminsäure-Leucin-Leucin-Alanin
DI/RC	dissipierter Energiefluss pro Reaktionszentrum
DNA	Desoxyribonukleinsäure
cDNA	komplementäre Desoxyribonukleinsäure
DREB-Protein	Dehydration-Responsive Element Binding Protein
EDTA	Ethylendiamintetraessigsäure
EtOH	Ethanol
ET ₀ /RC	Elektronentransportflux pro Reaktionszentrum
Fa.	Firma
FC	2-facher Expressionsunterschied/ „log-2-fold-changes“
F _V /F _M	Maß für die maximale Quantenausbeute der primären Photochemie von Photosystem II
FG	Frischgewicht
GA	Gibberellinsäure
GABA	γ-Aminobuttersäure
GATA	Familie von Transkriptionsfaktoren, die an die DNA-Sequenz GATA binden
GBF	G-box Binding Factor
GC-MS/MS	Gaschromatographie-Tandem-Massenspektrometrie
GDSL-Lipase	Lipase mit aktivem Serin Rest im Motiv Glycin-Asparaginsäure-Serin-Leucin
GIP1	GBF-interacting protein 1
GLM	generalisiertes lineares Modell
HCl	Salzsäure
HMG	High Mobility Protein
HPLC-Wasser	Wasser in Qualität für die Hochleistungsflüssigkeitschromatographie
IAA	Indol-3-Essigsäure
ICE	Transkriptionsfaktor: Inducer of Cold Expression
INOQ	Firma INOQ GmbH
IPP	Institut für Gartenbauliche Produktionssysteme, Abt. Phytomedizin, der Leibniz Universität Hannover

JA	Jasmonsäure
KI	Index für die <i>Botrytis</i> - bzw. <i>Pythium</i> -Befallsstärke
KOH	Kaliumhydroxid
LEA-Proteine	Late Embryogenesis Abundant Protein
LHY	Transkriptionsfaktor: Late Elongated Hypocotyl
LRR	Leucine-Rich Repeat
min	Minuten
MAP-Kinase	Mitogen-Activated Protein Kinase
MCP	multiple comparisons/multiple Mittelwertvergleiche
M_F	mittlere Mykorrhizierungsfrequenz
M_I	mittlere Mykorrhizierungsintensität
Myb	Transkriptionsfaktor: Myeloblastosis
N	Anzahl der Q_A -Reduktionen zwischen $t=0$ und $t=(F_M)$
n	Größe der Stichprobe
NBS	Nucleotide-Binding Site
NEC1	Necrostatin-1
NaAc	Natriumacetat
$NAD^+ / NADH$	Nicotinamid-Adenin-Dinukleotid
$NADP^+ / NADPH$	Nicotinsäureamid-Adenin-Dinukleotid-Phosphat
n.s.	nicht signifikant
OD	Optische Dichte
PCR	Polymerase Chain Reaction/Polymerase-Kettenreaktion
PDR	Pleiotropic Drug Resistance
3-PGA	3-Phosphoglycerinaldehyd
3-PGS	3-Phosphoglyceinsäure
ϕ_{D0}	Quantenausbeute dissipierter Anregungsenergie
ϕ_{E0}	Effizienz in Bezug zur absorbierten Energie ein Elektron in die Transportkette zu übertragen
ϕ_{P0}	Maximale Quantenausbeute der primären Photochemie
P_i	anorganischen Phosphat
PI(abs)	Performance Index; potentielle Photosyntheseleistungsfähigkeit auf Absorptionsbasis pro Chlorophyllmolekül
PR-Proteine	Pathogenesis-Related Proteins
PS I/ II	Photosystem I/II
Ψ_0	Wahrscheinlichkeit der Trapping-Energie Elektronen über Q_A hinaus in die Elektronentransportkette zu übertragen
PT	Phosphattransporter
Q_A	Plastochinon A
RC	Reaktionszentrum (RC)
RC/CS	Dichte der Q_A -reduzierenden Reaktionszentren in Photosystem II
RNA	Ribonukleinsäure
rLF	relative Luftfeuchte
ROS	reaktive Sauerstoffspezies
RubP	Ribulose-1,5-bisphosphat
RuBisCO	Ribulose-1,5-bisphosphat-carboxylase/-oxygenase
SA	Salicylsäure
SAUR	Small Auxin Up RNA
(s)/(t)	Inokulum aus der (s) Standardvermehrung/ (t) „Targeted Inoculum Production“
SD	Standardabweichung
Sm	Energie, die zum Schließen aller Reaktionszentren benötigt wird
TG	Trockengewicht
TR_0/RC	Trapping-Energiefluss pro Reaktionszentrum
Tris	Tris(hydroxymethyl)-aminomethan
v/v	volume/volume (Volumen-Volumen-Verhältnis)
\bar{x}	arithmetisches Mittel

1 Allgemeine Einleitung

Der Anbau gartenbaulicher Kulturen wird rund um das Jahr unter optimalen Temperaturen im Unterglasanbau realisiert (SETHI & SHARMA 2008). Diese energieintensive Produktion stellt den Gartenbau in Mitteleuropa aufgrund stetig steigender und instabiler Energiekosten sowie einem zunehmenden Anspruch an Nachhaltigkeit vor große Herausforderungen (VAN DEN BULCK et al. 2013). Entsprechend gilt es, Energiekosten einzusparen, um auf dem Markt konkurrenzfähig zu bleiben. Das Beheizen der Gewächshäuser verbraucht etwa 90 % des Gesamtenergieverbrauchs in deutschen Gartenbaubetrieben (BUNDESMINISTERIUM FÜR ERNÄHRUNG UND LANDWIRTSCHAFT 2013). Demzufolge steht insbesondere der Anbau von Kulturen während der Heizperiode im Fokus. Dazu gehören unter den Zierpflanzen vor allem wärmeliebende Kulturen aus tropischen und subtropischen Klimaten, beispielsweise der Weihnachtsstern (*Euphorbia pulcherrima*) oder die Petunie (*Petunia x hybrida*). Beides sind in Deutschland ökonomisch sehr wichtige Zierpflanzen: *Euphorbia pulcherrima* war in 2012 mit 20,2 Millionen Pflanzen die drittwichtigste Zimmerpflanze in Deutschland. *Petunia x hybrida* gehörte mit 43,2 Millionen Pflanzen zu den wichtigsten Beet- und Balkonpflanzen (BUNDESMINISTERIUM FÜR ERNÄHRUNG UND LANDWIRTSCHAFT 2014). Beide Kulturen sind als kühlempfindlich einzustufen (SALTVEIT et al. 1990; WALWORTH & WARNER 2009) und werden saisonbedingt in der Heizperiode kultiviert.

Verschiedenste Ansätze zur Energieeinsparung im Unterglasanbau sind denkbar, beispielsweise technische Verbesserungen in den Gewächshaus- und Heizungsanlagen, optimierte Temperaturführungen oder eine Reduktion der Kulturtemperatur. Grundsätzlich können Temperaturabsenkungen zu erheblichen Einsparungen von Energiekosten führen. So bilanzierten ELINGS et al. (2005) für die Kultur der Tomate, dass eine Reduktion der Tag- und Nachttemperaturen um 2 °C zu einer Energieeinsparung von 16 % führen kann. Voraussetzungen einer Absenkung der Kulturtemperatur sind jedoch ein unverändertes Wachstum, eine gleichbleibende Entwicklung und Qualität der Pflanzen.

Im Rahmen dieser Arbeit wird der Einfluss arbuskulärer Mykorrhizapilze als symbiotische Mikroorganismen auf Pflanzen unter reduzierten Kulturtemperaturen untersucht.

1.1 Stress durch reduzierte Temperaturen

Die Temperatur ist einer der wichtigsten abiotischen Faktoren im Pflanzenwachstum und Pflanzenbau: Sie bestimmt die Dauer der Vegetationsperiode, die natürliche Verbreitung, Wachstum und Entwicklung sowie Qualität von Pflanzen (KANIUGA 2008; CHINNUSAMY et al. 2010). Temperaturen unterhalb eines spezifischen Optimums können zu Kühlestress führen. Kühlestress ist hierbei von Froststress zu differenzieren, ersteres ist auf Temperaturen oberhalb des Gefrierpunktes begrenzt (CHINNUSAMY et al. 2010; RUELLAND & COLLIN 2012). Die Definition von Kühlestress erfolgt in der Literatur nach unterschiedlichen Maßstäben: Für NAGARAJAN (2010) ist Kühlestress vor allem mit der Ausbildung von Schadenssymptomen, Verletzungen und dem Absterben einzelner Gewebe oder ganzer Pflanzen verbunden. Für ALLEN & ORT (2001) beginnt Kühlestress bereits mit Wachstumsreduktionen und für SALTVEIT et al. (1990) sowie HOGEWONING & HARBINSON (2006) bereits sehr viel früher mit Auswirkungen auf die Physiologie der Pflanze. Im Rahmen dieser Arbeit wird Kühlestress als eine Unterschreitung artspezifischer Temperaturoptima definiert, die bereits mit Veränderungen in physiologischen und biochemischen Prozessen beginnen und sich limitierend auf Wachstum und Entwicklung auswirken können. Der Fokus liegt hierbei auf einem Temperaturbereich, der bereits zu Energieeinsparungen führen würde, bei den Pflanzen jedoch nur moderaten Kühlestress auslöst und nicht in erster Linie zu visuellen Schädigungen der Versuchspflanzen führt. Dabei ist zu beachten, dass sich nicht nur die art- bzw. sortenspezifische Stressintensität sondern auch die Expositionszeit auf die Stärke der Schädigung auswirkt (SALTVEIT et al. 1990; HOGEWONING & HARBINSON 2006). Die Empfindlichkeit einer Pflanze wiederum hängt von vielen Faktoren ab, darunter ihre genetische Konstitution, Entwicklungsstadium, physiologisches Alter, eine zuvor erfolgte bzw. mögliche Akklimatisierung sowie zusätzlich einwirkende abiotische oder biotische Stressoren (STAMP 1996; CHIANG et al. 2005; RUELLAND & COLLIN 2012). Darüber hinaus kann auch der primäre Stressor Temperatur sekundären Stress nach sich ziehen, z. B. Trockenstress (ENSMINGER et al. 2006) oder biotischen Stress (Kapitel 4).

Kühle Temperaturen müssen jedoch nicht zwingend zu einer Schädigung führen (RUELLAND & ZACHOWSKI 2010). Einerseits sind diese bei einigen Pflanzen zur Entwicklung sogar notwendig, z. B. für die Vernalisation oder Brechung der Dormanz von Samen. Andererseits kann Kühle zu metabolischen Veränderungen führen, die eine Adaptation an niedrigere Temperaturen bewirken, die sog. Kühletoleranz (RUELLAND & ZACHOWSKI 2010). Bei einigen Pflanzenarten führt diese Akklimatisierung oberhalb des Gefrierpunktes sogar zu einer Frosttoleranz (RUELLAND & ZACHOWSKI 2010).

Insgesamt handelt es sich um ein komplexes Zusammenspiel vieler Faktoren. Neben den bereits aufgezeigten Mechanismen können auch Mikroorganismen von Bedeutung sein. Verschiedene Mikroorganismen können zu einer erhöhten Toleranz von Pflanzen gegenüber verschiedenem abiotischem und biotischem Stress führen (zusammengefasst in GROVER et al. 2011). Ein positiver Einfluss auf Pflanzen unter Kühlestress ist auch von arbuskulären Mykorrhizapilzen (AMP) bekannt (Kapitel 2). Die arbuskulären Mykorrhizapilze und ihre Effekte auf Pflanzen werden im Folgenden vorgestellt.

1.2 Arbuskuläre Mykorrhizapilze

Bei der zur Endomykorrhiza zählenden arbuskulären Mykorrhiza handelt es sich um eine symbiontische Assoziation zwischen höheren Landpflanzen und obligat symbiontischen Pilzen (SCHÜSSLER et al. 2001). Diese Pilze sind taxonomisch dem Phylum Glomeromycota zuzuordnen (SCHÜSSLER et al. 2001). Die arbuskuläre Mykorrhiza (AM) ist die am häufigsten, in nahezu allen terrestrischen Ökosystemen vorkommende Mykorrhiza (SMITH & READ 2008) und kann mit 80 % der Pflanzenfamilien eine Symbiose bilden (GIANINAZZI et al. 2010). Ihr Ursprung geht in der Evolution weit zurück, so wird ihr eine besondere Bedeutung bei der Landbesiedlung durch die Pflanzen zugeschrieben (REDECKER 2000; HECKMAN et al. 2001). Die AM besteht aus drei wichtigen Komponenten: der Wurzel der Pflanze, dem fein weitverzweigten, extraradikalen Myzel des Pilzes im Boden sowie den Pilzstrukturen in den Wurzeln (SMITH & SMITH 2012). Die Wurzeln werden von multinucleaten, unseptierten Hyphen durchzogen. In den Cortexzellen kann es zur Ausbildung der charakteristischen Strukturen, der sog. Arbuskel, kommen (GIANINAZZI-PEARSON 1996). Je nach Pilzart werden darüber hinaus Vesikel, die als Speicherorgane fungieren, gebildet (SMITH & READ 2008). Die Vermehrung der AMP erfolgt asexuell über Chlamydosporen, die eine Überdauerung im Boden ermöglichen (WEBSTER & WEBER 2007). Eine sexuelle Vermehrung ist nur für *Gigaspora decipiens* bekannt, Pilze dieser Art bilden Zygosporien und Azygosporien (WEBSTER & WEBER 2007). Eine Rekombination genetischen Materials ermöglicht die Anastomose zwischen Hyphen, die für AMP seit über einem Jahrhundert bekannt ist (GALLAUD 1905 in SMITH & READ 2008) und experimentell belegt werden konnte (GIOVANNETTI et al. 1999; CROLL et al. 2009).

Insgesamt liegt bei einer AM eine komplexe Beziehung zwischen Pflanze und Pilz vor, die erst teilweise erforscht ist (FESTER et al. 2011). Sie kann – in Abhängigkeit von Pflanzenart, AMP-Isolat sowie ihren Wachstumsbedingungen – vielseitige Effekte auf Pflanzen bewirken (SMITH & SMITH 2013), z.B.:

- Im Austausch für essentielle Kohlenhydrate erhält die Pflanze Nährstoffe, insbesondere Phosphor aber auch Stickstoff. Ein Anstieg in Nährstoff- und Wasseraufnahme kann zu einer Wachstumsförderung in den Pflanzen führen (GIANINAZZI et al. 2010).
- Vielfältige physiologische und metabolische Veränderungen können Entwicklung und Morphologie der Pflanzen beeinflussen (GIANINAZZI-PEARSON 1996; VIERHEILIG 2004).
- AM kann eine erhöhte Resistenz gegenüber abiotischem Stress wie zum Beispiel Trocken- (PINIOR et al. 2005; SHAMSHIRI et al. 2011), Salz- (RUIZ-LOZANO & AZCÓN 2000), Schwermetall- (GIANINAZZI et al. 2010; AMIR et al. 2013) sowie Hitze- (MAYA & MATSUBARA 2013) und Kühlestress (Kapitel 2) bewirken.
- Des Weiteren kann AM zu einer erhöhten Resistenz gegenüber biotischem Stress (GIANINAZZI et al. 2010) führen (Kapitel 4).

1.3 Zielsetzung

Ausgehend von den dargelegten Grundlagen werden im Rahmen dieser Arbeit die durch reduzierte Kulturtemperaturen hervorgerufenen Veränderungen in Pflanzen sowie der Einfluss arbuskulärer Mykorrhizapilze (AMP) auf diese untersucht. Als Beispielkulturen dienen hierbei *Petunia x hybrida* und *Euphorbia pulcherrima*.

Aufgrund spezifischer Interaktionen zwischen AMP-Isolaten und Wirtspflanzensorten beginnt die vorliegende Arbeit mit der Untersuchung isolatspezifischer Wirkungen auf Wachstum und Entwicklung von Weihnachtsstern und Petunie unter Kühle (Kapitel 2). In diesem Kapitel werden die Chlorophyllfluoreszenz und ihre Parameter auf ihre Eignung zur Detektion von Kühlestress und -toleranz überprüft. Das Resultat ist eine Auswahl von Kombinationen aus AMP-Isolat und Wirtspflanzensorte, die in Kapitel 3 hinsichtlich Veränderungen in Physiologie und Genexpression untersucht werden. Im Mittelpunkt stehen der Kohlenhydrat- und der Hormonhaushalt sowie eine Genexpressionsanalyse.

Eine kühlere Kulturführung verändert das Mikroklima im Pflanzenbestand nicht nur hinsichtlich der Temperatur, sondern auch hinsichtlich Luft- und Bodenfeuchte. In Kapitel 4 wird das Auftreten von Pathogenen unter diesen Bedingungen am Beispiel von *Botrytis cinerea* und *Pythium ultimum* untersucht.

2 Untersuchung isolatspezifischer Wirkungen arbuskulärer Mykorrhizapilze auf *Euphorbia pulcherrima* und *Petunia x hybrida* unter Kühlestress

Zusammenfassung

Insgesamt wurden 14 verschiedene AMP-Isolate auf ihren Einfluss hinsichtlich Wachstum und Entwicklung von *Euphorbia pulcherrima* 'Christmas Spirit' und 'Christmas Eve' sowie *Petunia x hybrida* 'Famous Dark Blue', 'Fantasy Blue', 'Mitchell' und 'Sweet Sunshine Williams' unter reduzierten Temperaturen untersucht. Die Temperaturführung richtete sich nach der jeweiligen Kultur und betrug in der Normalkultur 17,5 °C (Poinsettien, Petunien) und unter reduzierten Temperaturen 15,0 °C (Poinsettien) bzw. 13,5 °C (Petunien). Die verzeichneten Effekte erwiesen sich als abhängig von der Kombination zwischen Wirtspflanzensorte und AMP-Isolat. Das *G. etunicatum* Isolat 139(t) führte bei *Euphorbia pulcherrima* 'Christmas Spirit' zu einer Wachstumsförderung unter reduzierter Temperatur. Für die Petuniensorte 'Mitchell' wurde ein Einfluss auf das Wachstum durch das *G. intraradices* Isolat BEG 144 festgestellt.

Die untersuchten AMP-Isolate umfassten verschiedene Arten, Herkünfte sowie Vermehrungsmethoden. Es konnte kein grundsätzlich positiver Einfluss von AMP-Isolaten aus kühlen Ökosystemen (Finnland, Kanada, Russland) festgestellt werden. Vielmehr zeigte sich eine positive Wirkung durch das im Rahmen der „Targeted Inoculum Production“ unter gezielt kühleren Temperaturen vermehrte AMP-Isolat (139(t)) im Vergleich zum standardvermehrten Isolat 139(s). Die Schwierigkeit dieser Methode liegt jedoch in der Temperaturbegrenzung des Wurzelwachstums und der AMP-Besiedlung während der Inokulumvermehrung. Darüber hinaus wurden die Parameter der Chlorophyllfluoreszenz zur Detektion von Kühlestress und -toleranz eingesetzt, diese erwiesen sich für die Beurteilung alleine als nicht ausreichend.

Die in diesem Kapitel ausgewählten Isolat-Sortenkombinationen werden in Kapitel 3 hinsichtlich Veränderungen in Physiologie und Transkriptom untersucht.

2.1 Einleitung

Arbuskuläre Mykorrhizapilze können sich unter abiotischem Stress positiv auf ihren Symbiosepartner auswirken (s. 1.2). Eine Wirkung unter reduzierten Temperaturen wurde bereits an verschiedenen Pflanzen, vor allem an landwirtschaftlichen und gemüsebaulichen Kulturen, untersucht. Die Ergebnisse dieser Studien beschreiben unterschiedliche AMP-Effekte auf die Pflanzen: Die AM-Besiedlung von *Zea mays* führte unter Kühle (5, 10, 15 °C) zu einer Verringerung visueller Kühleschäden wie Welken und Chlorosen, einer Förderung des Wachstums, erhöhten Kohlenhydratgehalten und einem geringeren Stärkeanstieg (CHAREST et al. 1993; ZHU et al. 2010). LATEF & CHAOXING (2011) untersuchten die Wirkung von *Glomus mosseae* auf *Solanum lycopersicum* unter 8 °C bzw. 25 °C. Sie konnten in den Tomatenblättern erhöhte Kohlenhydratgehalte in der Kühle nachweisen, wobei ein stärkerer Anstieg in den löslichen Zuckern für die mykorrhizierten Varianten beobachtet wurde. Darüber hinaus wurden erhöhte Aktivitäten antioxidativer Enzyme, darunter Superoxid-dismutase, Katalase sowie Ascorbat-Peroxidase, festgestellt. Diese hatten sich in nicht mykorrhizierten Tomaten unter Kühle als reduziert erwiesen. Des Weiteren zeigten die Blätter reduzierte Chlorophyllgehalte in der Kühle. Die mykorrhizierten Pflanzen wiederum wiesen unter beiden Temperaturen erhöhte Gehalte auf. Das führte dazu, dass sich die mykorrhizierten und kühl behandelten Pflanzen in den Chlorophyllgehalten nicht von den bei 25 °C kultivierten Kontrollpflanzen unterschieden.

Ein ähnliches Ergebnis erzielten PARADIS et al. (1995) für die Weizensorte 'Glenlea'. Nach einer kurzzeitigen Expositionszeit von einer Woche bei 5 °C erwiesen sich die Chlorophyllgehalte als reduziert, die Mykorrhizierung mit *G. mosseae* führte jedoch zu einer Kompensation. Im Gegensatz dazu konnten CHAREST et al. (1993) durch AM keine Verbesserung in den Chlorophyllgehalten in Mais unter reduzierter Temperatur (10 °C) feststellen.

Eine Mykorrhizierung muss nicht zwingend zu fördernden Effekten unter Kühle führen. Beispielsweise konnten SMITH & RONCADORI (1986) an Baumwolle eine Wachstumsförderung durch AM nur oberhalb von 18 °C ermitteln. Vielmehr stehen auch die aufgezeigten positiven Effekte in Abhängigkeit vielfältiger Einflussfaktoren: CHAREST et al. 1993 betonen den Einfluss von der Wirtspflanzenart und -sorte sowie ihrem physiologischen Alter. So erwies sich der Anstieg in den Kohlenhydratgehalten nur für die kühletolerantere Maissorte 'Pioneer 3902' und die Kompensation der Chlorophyllgehalte nur für die Sorte 'Glenlea' (PARADIS et al. 1995). Darüber hinaus besitzen die gewählten Temperaturen einen deutlichen Einfluss. So beschreiben ZHU et al. (2010) noch einen leichten Anstieg durch AM in den löslichen Zuckern der Maisblätter unter 10 °C, wohingegen unter 5 °C kein Effekt mehr zu verzeichnen war. Ebenfalls kann die Phosphorernährung einen Einfluss auf die Effekte besitzen. EL-TOHAMY et al. (1999) beschreiben eine bessere Wasserversorgung durch AM in

Blättern von *Phaseolus vulgaris* nach einer Temperaturbehandlung von 4 °C über sechs Tage. Dieser Effekt stand jedoch in Abhängigkeit von der Phosphorernährung der Bohnen und war nur unter reduzierter Phosphordüngung zu beobachten.

In den verschiedenen Studien konnten einzelne AMP-Wirkungen unter Kühle aufgezeigt werden, die beteiligten Mechanismen sind jedoch nicht umfassend untersucht. Folglich bleibt das Thema Gegenstand aktueller Forschung. Die aufgezeigten Forschungsergebnisse verdeutlichen außerdem, dass die Symbiose mit AMP hinsichtlich ihrer Bildung und ihrer Effekte auf die Pflanze von der spezifischen Interaktion zwischen AMP-Isolat und Wirtspflanzensorte abhängig ist. Im vorliegenden Kapitel sollen daher verschiedene AMP-Isolate auf ihre Wirkung unter reduzierten Kulturtemperaturen überprüft werden. Im Mittelpunkt stehen hierbei Effekte auf Wachstum und Entwicklung der Versuchspflanzen *Euphorbia pulcherrima* und *Petunia x hybrida*. Es wurden Pilze verschiedener Arten sowie einige Isolate aus gezielt ausgewählt kühleren Ökosystemen untersucht. Darüber hinaus wurde für zwei Isolate Inokulum aus einer Standardvermehrung sowie das im Rahmen der „Targeted Inoculum Production“ unter reduzierten Temperaturen vermehrte Material eingesetzt. Die Kinetik der Chlorophyllfluoreszenz wurde bereits in verschiedenen Untersuchungen als nicht destruktive Methode für die Detektion von Stress u.a. von Kühlestress und -toleranz eingesetzt (FRACHEBOUD et al. 1999; STRAUSS et al. 2006) und soll in den Versuchen angewandt werden.

2.2 Material und Methoden

2.2.1 Versuchsorganismen

Die in den Untersuchungen verwendeten Wirtspflanzen und arbuskuläre Mykorrhizapilze sind Tabelle 1 und 2 zu entnehmen.

Tabelle 1: Liste der in den Untersuchungen eingesetzten Wirtspflanzen

Pflanzenart	Sorte
<i>Euphorbia pulcherrima</i>	Christmas Eve
	Christmas Spirit
<i>Petunia x hybrida</i>	Fantasy Blue
	Famous Dark Blue
	Sweet Sunshine White ev.
	Mitchell

Tabelle 2: Liste der in den Untersuchungen eingesetzten arbuskulären Mykorrhizapilze

Organismus	Isolat-Bezeichnung	Herkunft	Sammlung
<i>Glomus etunicatum</i>	36	Deutschland	IPP
	139		IPP
<i>G. intraradices</i>	49	Schweden	IPP
	510	Tunesien	IPP
<i>G. geosporum</i>	INOQ 1		Kommerzielle AMP-Isolate der INOQ GmbH
<i>G. intraradices</i>	INOQ 2		
<i>G. mosseae</i>	INOQ 3		
<i>G. mosseae</i>	V 91	Finland, Närpiö	Vestberg
	BEG 29	Finland, Hauho	Vestberg
<i>G. claroideum</i>	BEG 31	Finland, Laukaa	Vestberg
<i>G. hoi</i>	BEG 48	Finland, Ilmajoki	Vestberg
	BEG 104	Finland, Kilpisjärvi	Vestberg
<i>G. intraradices</i>	BEG 53	Kanada	BEG
	BEG 144	Russland	BEG

IPP: Institut für Gartenbauliche Produktionssysteme, Abt. Phytomedizin, der Leibniz Universität Hannover

Vestberg: Mauritz Vestberg, MTT Agrifood Research Finland

BEG: The International Bank of the Glomeromycota

INOQ: Bereitgestellt durch die Fa. INOQ GmbH, Schnega

2.2.2 Vermehrung des AMP-Inokulums

„Standard-Inokulumvermehrung“

Die Inokulumvermehrung von AMP-Isolaten erfolgte artspezifisch: Isolate von *Glomus etunicatum* und *G. intraradices* wurden in Anlehnung an DEHNE & BACKHAUS (1986) in Blähton (Original LamstedtDan, Fa. Fibo ExClay) an *Tagetes erecta* 'Hohe Mischung' (Fa. Kiepenkerl) vermehrt. Isolate der Arten *G. claroideum*, *G. hoi* und *G. mosseae* wurden in einem Torf-Sand-Montmorillonit-Gemisch bzw. Torf-Sand-Blähton-Gemisch an *Plantago lanceolata* (Fa. Hof Berg-Garten GbR) vermehrt. Die „Standard-Inokulumvermehrung“ (s) erfolgte unter Gewächshausbedingungen bei 22-24 °C für 3-4 Monate. Das Inokulum wurde entgegen der Angaben bei DEHNE & BACKHAUS (1986) ungetrocknet eingesetzt (s. 2.3.1).

„Targeted Inoculum Production“

Ziel der „Targeted Inoculum Production“ ist es, die AMP während der Vermehrung an abiotischen Stress zu adaptieren (FELDMANN & GROTKASS 2002). Dazu wurden ausgewählte AMP-Isolate unter gezielt kühlen Bedingungen vermehrt. Die Vermehrung erfolgte im Mittel bei 17 °C in einer kühlbaren Gewächshauskabine bzw. in einer Klimakammer an *Tagetes erecta* 'Hohe Mischung' in Blähton. Lediglich zwei Isolate konnten erfolgreich unter diesen Bedingungen in zwei Zyklen vermehrt werden. Sie werden im Folgenden mit der Abkürzung (t) gekennzeichnet.

2.2.3 Durchführung der Kühleversuche

Die Kühleversuche wurden an Petunien und Poinsettien verschiedener Sorten durchgeführt (vgl. 2.2.1). Es wurden Sorten ausgewählt, von denen tolerantere und sensitivere Reaktionen gegenüber Kühle erwartet wurden. Die Temperaturführungen in den Versuchen richteten sich nach den üblichen Kulturtemperaturen (Tabelle 3, 4). In allen Versuchen wurde eine Lichtintensität von $150 \mu\text{mol s}^{-1} \text{m}^{-2}$ adjustiert. Da als ein wesentlicher Effekt der AM-Symbiose ein Anstieg in der Nährstoffverfügbarkeit gilt (s. 1.2), wurden den Pflanzen in allen Versuchen Nährstoffe in ausreichender Menge zur Verfügung gestellt. Dieses Vorgehen schließt AMP-Effekte aufgrund einer besseren Nährstoffversorgung aus.

Kühleversuche: *Petunia x hybrida*

Petunienstecklinge wurden in Vermehrungssubstrat (Einheitserde, Gebr. Patzer GmbH & Co. KG) bewurzelt und danach für die Besiedlung mit AMP in ein Substrat (ungedüngter Torf, Sand, Perlite (45:45:10; v/v)) mit 10 % Inokulum gepflanzt (Tabelle 3). Nach einer dreiwöchigen Etablierung mit anschließender mikroskopischer Überprüfung der AMP-Besiedlung folgte die Temperaturbehandlung. Mykorrhizierte und mykorrhizafreie Pflanzen wurden für vier Wochen unter reduzierter und unter Normaltemperatur kultiviert. Diese Phase wurde in kühlbaren Gewächshauskabinen bzw. Klimakammern durchgeführt. Alle Versuchspflanzen wurden, beginnend 2 Wochen nach AMP-Inokulation, mit 50 ml Hakaphos® Soft Spezial (0,15 %-0,2 %) pro Woche in zwei Gaben gedüngt.

Tabelle 3: Versuchsablauf der Kühleversuche an *Petunia x hybrida*

Versuchsphasen	Temperatur in °C (Tag/Nacht)	Dauer in Wochen
1. Bewurzelung der Petunien-Stecklinge in Vermehrungssubstrat	21,0 / 19,0	3
2. Etablierung der AMP in Torf/ Sand /Perlit-Substrat mit 10 % AMP-Inokulum	19,0 / 17,0	3
3. Überprüfung der AMP-Besiedlung: mikroskopische Bonitur		
4. Temperaturbehandlung		
Normalkultur:	18,5 / 16,5 (Ø 17,5)	4
reduzierte Temperatur:	14,5 / 12,5 (Ø 13,5)	

Kühleversuche: *Euphorbia pulcherrima*

Die Versuche mit Poinsettien richteten sich nach einer Eintrieberkultur. Das Ziel lag in der Ausbildung von Brakteen, der wirtschaftlich bedeutsamen, farbigen Hochblätter. Dazu wurden die Versuche in Klimakammern unter Kurztagsbedingungen durchgeführt (Tabelle 4). Da die Induktion der Brakteenausbildung sowohl von der Tageslänge als auch von der Temperatur abhängig ist, wurden alle Pflanzen einem zweiwöchigen Kurztag unter

18,5 / 16,5 °C (Tag/Nacht) ausgesetzt, bevor die Temperaturbehandlungen begannen. Die Mykorrhizierung der Jungpflanzen erfolgte zuvor in kommerziellem Poinsettiensubstrat (Einheitserde Special; Poinsettiensubstrat, Gebr. Patzer GmbH & Co. KG) mit 30 % Sand (v/v) und 10 % AMP-Inokulum (v/v). Die Temperaturbehandlung erfolgte über acht Wochen. Die Versuchspflanzen wurden, beginnend nach der AMP-Etablierung, mit 50 ml Hakaphos® Soft Spezial (0,15 %) pro Woche in zwei Gaben gedüngt.

Tabelle 4: Versuchsablauf der Kühleversuche mit *Euphorbia pulcherrima*

Versuchsphasen	Temperatur in °C (Tag/Nacht)	Photoperiode in Stunden	Dauer in Wochen
1. AMP-Etablierung der Jungpflanzen in Poinsettiensubstrat mit 10 % AMP- Inokulum (v/v)	21,0 / 19,0	16	2
2. Kurztagsbedingungen	18,5 / 16,5	12	2
3. Überprüfung der AMP-Besiedlung: mikroskopische Bonitur			
4. Temperaturbehandlung			
Normalkultur:	18,5 / 16,5 (ø 17,5)	12	8
reduzierte Temperatur:	16,0 / 14,0 (ø 15,0)		

2.2.4 Quantifizierung der AMP-Besiedlung

Für die Quantifizierung der AM wurden ausgewaschene und in Ethanol (50 %) fixierte Wurzeln mit einer Tintenlösung angefärbt (modifiziert nach VIERHEILIG et al. 1998). In einem ersten Schritt wurden die Proben in 3 % (w/v) KOH-Lösung über Nacht geklärt sowie das Cytoplasma entfernt und mit Wasser gespült. Anschließend wurden sie über Nacht in einer Tintenlösung (5 % Pelikan Tinte 4001, brillant-schwarz; 5% Essig; w/v) eingefärbt. Die Differenzierung und Lagerung erfolgte in mit Essig angesäuertem Wasser.

Die AMP-Besiedlung der Wurzeln wurde mittels einer lichtmikroskopischen Bonitur an 40 Wurzelstücke von 1 cm Länge pro Wiederholung erhoben. Die Mykorrhizierungsfrequenz (M_F) beschreibt den Anteil mykorrhizierter Wurzelstücke im Verhältnis zu deren Gesamtanzahl (F.1). Für die Ermittlung der Mykorrhizierungsintensität (M_I) erfolgte eine Bonitur nach BACKHAUS (1984) (Tabelle 5).

Der Berechnung liegt die Anzahl untersuchter Wurzelstücke (n), die Häufigkeit der Wurzelstücke innerhalb einer Boniturklasse (n_j) sowie die Boniturklasse 1-4 (j) zugrunde (F.2).

$$F. 1: M_F = \left(\frac{\sum_{j=2}^4 (n_j)}{n} \right) \times 100 \quad F. 2: M_I = \frac{\sum_{j=1}^4 (n_j \cdot j)}{n}$$

Tabelle 5: Boniturschlüssel für die AM-Quantifizierung (nach BACKHAUS, 1984)

Boniturklasse	Bedeutung
1	keine mykorrhizierten Zellen
2	bis zu 33 % der Zellen mykorrhiziert
3	> 33-67 % der Zellen mykorrhiziert
4	> 67-100 % der Zellen mykorrhiziert

2.2.5 Auswertung der Pflanzenparameter für Wachstum und Entwicklung

Im Mittelpunkt der Untersuchungen an Petunien stand das vegetative Wachstum. Folgende Wachstumsparameter wurden jeweils zu Versuchsende erhoben: Sprossfrisch- und Sprosstrockengewicht sowie Länge des Hauptsprosses. Die Trockensubstanz wurde nach dem Trocknen der Proben bei 80 °C bis zur Gewichtskonstanz bestimmt.

Für die Poinsettien war neben diesen Parametern die Brakteenausbildung von Interesse. Dazu wurde eine Brakteenbonitur durchgeführt, in der neben Brakteenfrisch- und Brakteenrockengewicht ebenfalls der optische Durchmesser des Brakteenkranzes (> 90 % Rotfärbung) sowie das Cyathienstadium erhoben wurden. Für die Ermittlung des optischen Brakteendurchmessers wurde das arithmetische Mittel von zwei rechtwinklig zueinander durchgeführten Messungen errechnet. Bei dem Cyathienstadium handelt es sich um einen Parameter aus der Praxis für die Marktfähigkeit von Poinsettien. Die Bonitur ist Abbildung 1 zu entnehmen.



Abbildung 1: Cyathienstadien an Brakteen von *Euphorbia pulcherrima*. (A.) Boniturnote 1 = Cyathie erkennbar (B.) Boniturnote 2 = Cyathie mit 1 Nektardrüse (C.) Boniturnote 3 = Cyathie mit 2 Nektardrüsen. Die Pfeile weisen auf die Nektardrüsen.

2.2.6 Chlorophyllfluoreszenz-Messungen

Die Grundlage der Chlorophyllfluoreszenz-Messung liegt in der Nutzung photosynthetisch aktiver Strahlung durch Chlorophyll (WEILER & NOVER 2008): Die photochemisch aktiven Chlorophyll-a-Moleküle werden durch Strahlung angeregt und damit vom Grundzustand in den angeregten Zustand angehoben. Dabei wird durch energiereiche, blaue Strahlung der kurzlebige zweite Singulettzustand erreicht. In kürzester Zeit geht dieser in den ersten

Singulettzustand über. Dabei wird Energie in Form von Wärme emittiert. Der erste Singulettzustand kann ebenfalls direkt durch Rotabsorption erreicht werden. Diese Energie kann nun per Excitonentransfer über weitere Chlorophyllmoleküle der Lichtsammelkomplexe auf die Chlorophyll-a-Moleküle (P680, P700) der Reaktionszentren übertragen werden. Diese sind photochemisch aktiv und können nach Anregung durch ein Exciton ein Elektron über Plastochinon (Q_A) in die Elektronentransportkette der Lichtreaktion übertragen. Ist kein Excitonentransfer möglich, wird die Energie in Form von Wärme oder Fluoreszenz abgegeben.

Durch die Bestrahlung mit Rotlicht macht man sich diesen Effekt im Rahmen der Chlorophyllfluoreszenz-Messung zu Nutze (WEILER & NOVER 2008). Dabei bildet die Basis für die Chlorophyllfluoreszenz-Methodik der Kautsky-Effekt, der die Beziehung zwischen Chlorophyllfluoreszenz-Intensität und Photosyntheseleistung beschreibt (KAUTSKY & HIRSCH 1931). Auf der Grundlage der schnellen Chlorophyllfluoreszenz-Kinetik wurde ein Messverfahren zur zerstörungsfreien Untersuchung des physiologischen Zustandes von Pflanzen und ein darauf aufbauendes Modell entwickelt (STRASSER & SRIVASTAVA 1995; STRASSER & STRASSER 1995). Dieses hat zum Ziel, Aussagen über die Funktion des Photosyntheseapparates und insbesondere über das Photosystem II (PS II) zu treffen (STRASSER et al. 2004). Dazu wird die Chlorophyll-a-Fluoreszenz (680-740 nm) untersucht, die nahezu ausschließlich von PS II emittiert wird (STRASSER et al. 2004). Das Modell baut auf einem für die Fluoreszenz charakteristischen Kurvenverlauf aus Fluoreszenzintensität pro Zeiteinheit auf. Die für diese Kurve wichtigen Punkte werden als O-J-I-P bezeichnet und stehen für die Grundfluoreszenz (O/F_0), die Fluoreszenzstrahlung nach 2 ms (J/F_j) und 30 ms (I/F_i) sowie die maximale Fluoreszenz (P/F_M) (TSIMILLI-MICHAEL et al. 2000). Die daraus berechneten Modellparameter und ihre Bedeutung sind Tabelle 6 zu entnehmen.

Messung der Chlorophyll-a-Fluoreszenz

Die Messungen zur Chlorophyll-a-Fluoreszenz-Kinetik wurden mit dem Handy PEA (Hansatech Instruments Ltd, Norfolk, UK) jeweils an den zwei jüngsten, voll entwickelten Blättern pro Pflanze durchgeführt. Die Anzahl an biologischen Wiederholungen ist für die jeweiligen Versuche in den Ergebnissen angegeben und lag zwischen 6-8 Pflanzen pro Variante sowie 3-4 technischen Wiederholungen. Vor der Messung erfolgte eine Dunkeladaptation des Messbereichs mittels Blattclips. Diese dauerte mindestens 30 Minuten und hatte sich bei der Ermittlung von Sättigungskurven als notwendig erwiesen. Anschließend wurde die Probe durch Strahlung von 650 nm und $2500 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ für 1 Sekunde angeregt und über einen Zeitraum von 1 μs bis 1 ms die abstrahlende Fluoreszenz aufgezeichnet. Die Berechnung der O-J-I-P Parameter erfolgte mit der Software BiolyzerHP3 (Version 3.06 2002).

Tabelle 6: Parameter der Chlorophyllfluoreszenz und ihre Bedeutung (nach STRASSER et al. 2000; FRACHEBOUD et al. 2004; STRASSER et al. 2004). Q_A: Plastochinon A, Elektronenakzeptor

Parameter	Bedeutung
Fluoreszenz Parameter	
F_V/F_M	Verhältnis von variabler zur maximalen Fluoreszenz als Maß für die max. Quantenausbeute der primären Photochemie von Photosystem II
S_m	Energie, die zum Schließen aller Reaktionszentren benötigt wird
N	Anzahl der Q _A Reduktionen zwischen $t=0$ und $t=(F_M)$
Quantenausbeute	
Φ_{P0}	Maximale Quantenausbeute der primären Photochemie
Ψ_0	Wahrscheinlichkeit der Trapping-Energie Elektronen über Q _A hinaus in die Elektronentransportkette zu übertragen
Φ_{E0}	Effizienz in Bezug zur absorbierten Energie ein Elektron in die Transportkette zu übertragen
Φ_{D0}	Quantenausbeute dissipierter Anregungsenergie
Spezifische Energieflüsse	
ABS/RC	Absorbierter Photonenfluss pro Reaktionszentrum: entspricht der Energie, die zum Anregen von Chlorophyll a benötigt wird
TR ₀ /RC	Trapping-Energiefluss pro Reaktionszentrum: entspricht der Energie, die von Chlorophyll a zum Reaktionszentrum (P680) abgegeben wird und für die Photochemie genutzt werden kann
ET ₀ /RC	Elektronentransportfluss pro Reaktionszentrum: entspricht der Energie, die für den Elektronentransport aufgewendet wird
DI/RC	Dissipierter Energiefluss pro Reaktionszentrum: Energie, die beim Anregen von Chlorophyll a in Form von Wärme oder Fluoreszenz abgegeben wird
Dichte der Reaktionszentren	
RC/CS	Dichte der Q _A -reduzierenden Reaktionszentren in Photosystem II
Funktionsfähigkeit des Photosyntheseapparates	
PI(abs)	Performance Index; Beschreibt die Photosyntheseleistungsfähigkeit auf Absorptionsbasis pro Chlorophyllmolekül

2.2.7 Statistische Auswertung

Die statistische Auswertung erfolgte in R (Version 3.0.2; R CORE TEAM, 2013). Für die Bestimmung signifikanter Unterschiede in den Wachstumsparametern wurden generalisierte lineare Modelle (GLM) berechnet. Dabei richtete sich die Verteilungsannahme nach den Dateneigenschaften: für kontinuierliche Daten wurde die Gauss- und für Zähldaten die Quasipoissonverteilung eingesetzt. Es folgte eine Devianzanalyse inklusive F-Test sowie multiple Mittelwertvergleiche (MCP) für ausgewählte Kontraste (R-Package „multcomp“).

2.3 Ergebnisse

Aus Kapazitätsgründen in den Klimakammern und einer zeitlichen Limitierung für die Durchführung physiologisch vergleichbarer Chlorophyllfluoreszenzmessungen konnten nicht alle AMP-Isolate zeitgleich auf ihre Wirkung unter Kühle untersucht werden. Folglich wurden die Isolate in drei Screenings an *Euphorbia pulcherrima* und in vier Screenings an *Petunia x hybrida* überprüft. Die Ergebnisse sind im Folgenden für beide Versuchspflanzen jeweils gruppiert für diese Screenings dargestellt.

2.3.1 Untersuchung der AMP-Isolate an *Euphorbia pulcherrima*

Im Mittelpunkt der Untersuchung an Poinsettien stand die Ausbildung der Brakteen. Die erste deutliche Umfärbungsreaktion konnte 21 Tage nach Kurztagsbeginn beobachtet werden. Acht Wochen nach Temperaturabsenkung zeigte sich unter 15,0 °C gegenüber der Normalkultur bei 17,5 °C in den drei Versuchen ein deutlich reduziertes Brakteenwachstum (Abbildung 2, 4, 6). Dabei reagierte die Sorte 'Christmas Spirit' im Vergleich zu der Sorte 'Christmas Eve' im ersten und zweiten Screening sowohl mit einer stärkeren Reduktion hinsichtlich Frisch- und Trockengewicht der Brakteen als auch hinsichtlich Frischgewicht des gesamten Sprosses. Im dritten Versuch unterschieden sich die Sorten nicht (Abbildung 6, 7). Die Sortenunterschiede zeigten sich auch in der Entwicklung der zu Pseudanthien vereinigten Einzelblüten, der Cyathien. Die Nektardrüsen der Cyathien geben Auskunft über das Entwicklungsstadium. In allen warmen Varianten wurde nach 42 Tagen unter Kurztagsbedingungen die höchste Boniturklasse (3), mit 2 Nektardrüsen pro Cyathium, erreicht. Die kalten Varianten wiesen deutliche Unterschiede auf: Die Sorte 'Christmas Eve' erzielte bis Versuchsende in der mykorrhizafreien Variante im Mittel Boniturklasse 2 mit einer Nektardrüse pro Cyathium. Die mit Isolat 139(t) und INOQ 2 inokulierten Pflanzen waren weiter entwickelt (Boniturklasse 3) und unterschieden sich zu Versuchsende nicht von den warmen Varianten. Die Sorte 'Christmas Spirit' blieb in ihrer Entwicklung deutlich zurück und erreichte 70 Tage nach Kurztagsbeginn in allen Varianten lediglich Boniturklasse 1.

Die Besiedlung mit arbuskulären Mykorrhizapilzen führte zu einzelnen, in Abhängigkeit der Kombination aus Wirtspflanzensorte und AMP-Isolat stehenden Effekten auf das Wachstum der Poinsettien. Dieses verdeutlichten die verschiedenen Parameter, die 8 Wochen nach Temperaturabsenkung erhoben wurden. Die AM-Effekte werden im Folgenden für die einzelnen Screenings (I-III) dargestellt.

Screening I

Im ersten Screening wurden AM-Effekte insbesondere an der Sorte 'Christmas Spirit' beobachtet (Abbildung 2, 3): In der Wärme führte die Mykorrhizierung mit dem Isolat INOQ 2 im Vergleich zu der mykorrhizafreien Kontrolle zu einem leicht erhöhten Trockengewicht der Brakteen (+29 %; $p < 0,05$; s. Anhang 7.1, Tabelle 31). Die bei 15,0 °C kultivierten und mit Isolat 36(s), 139(t), INOQ 2 und INOQ 3 mykorrhizierten Poinsettien wiesen ebenfalls ein leicht erhöhtes Trockengewicht (+13 bis 28 %) der Brakteen auf. Zudem unterschieden sich diese Varianten nicht zur warmen, mykorrhizafreien Kontrolle. Das Isolat 36(t) führte in der Kühle hinsichtlich Brakteenfrisch- (-32 %) und Brakteentrockengewicht (-22 %) sowie optischem Brakteendurchmesser (-17 %) zu einem leicht negativen Effekt. Die Unterschiede erwiesen sich jedoch nicht als signifikant. Auch INOQ 1 führte in der Wärme zu einer Verringerung des optischen Durchmessers ($p < 0,05$). Für die Sorte 'Christmas Eve' besaß das Isolat 139(t) einen fördernden Effekt auf das Brakteentrockengewicht unter Wärme, es war im Vergleich zur mykorrhizafreien Kontrolle um 29 % erhöht ($p < 0,025$).

Die Parameter, die das gesamte Sprosswachstum beschreiben (Abbildung 3), bestätigten den Unterschied zwischen den Sorten. Für die Sorte 'Christmas Eve' konnten keine signifikanten Unterschiede durch die AM beobachtet werden. Dagegen wurde für die Sorte 'Christmas Spirit' in allen drei Parametern eine Reaktion auf die Mykorrhizierung im Vergleich zur mykorrhizafreien Kontrolle verzeichnet. Unter Wärme wurde ein wachstumsfördernder Effekt hinsichtlich Sprossfrischmasse für das Isolat 36(t) (+21%; $p < 0,01$) beobachtet. Die Sprosstrockenmasse zeigte sich für 36(t) (+40%; $p < 0,01$) sowie INOQ 1 (+39 %; $p < 0,05$) erhöht. Die Hauptsprosse erwiesen sich für die Isolate 36(t) (+15 %; $p < 0,05$), 139(t) (+19 %; $p < 0,01$) sowie INOQ 1 (+18 %; $p < 0,01$) länger als die der mykorrhizafreien Kontrollen.

In der Kühle führte die Mykorrhizierung mit 139(t) zu einem Anstieg in der Frischmasse um 28,3 % ($p < 0,025$) und in der Trockenmasse um 49,3 % ($p < 0,025$) sowie im Mittel zu einem 2 cm längeren Hauptspross ($p < 0,01$) im Vergleich zu der mykorrhizafreien Kontrolle (15,0 °C). Darüber hinaus erwies sich die Sprosstrockenmasse des Weiteren für INOQ 1 (+16 %; $p < 0,025$), INOQ 2 (+23 %; $p < 0,025$) sowie INOQ 3 (+15 %; $p < 0,025$) als erhöht.

Bei Betrachtung aller Wachstumsparameter besaß insbesondere das Isolat 139(t) einen fördernden Einfluss auf das Wachstum der Brakteen und den gesamten Spross der Poinsettien unter Kühle. Die Unterschiede zwischen den bei 15,0 und 17,5 °C kultivierten Pflanzen waren in den verschiedenen Parametern gering bis nicht nachweisbar.

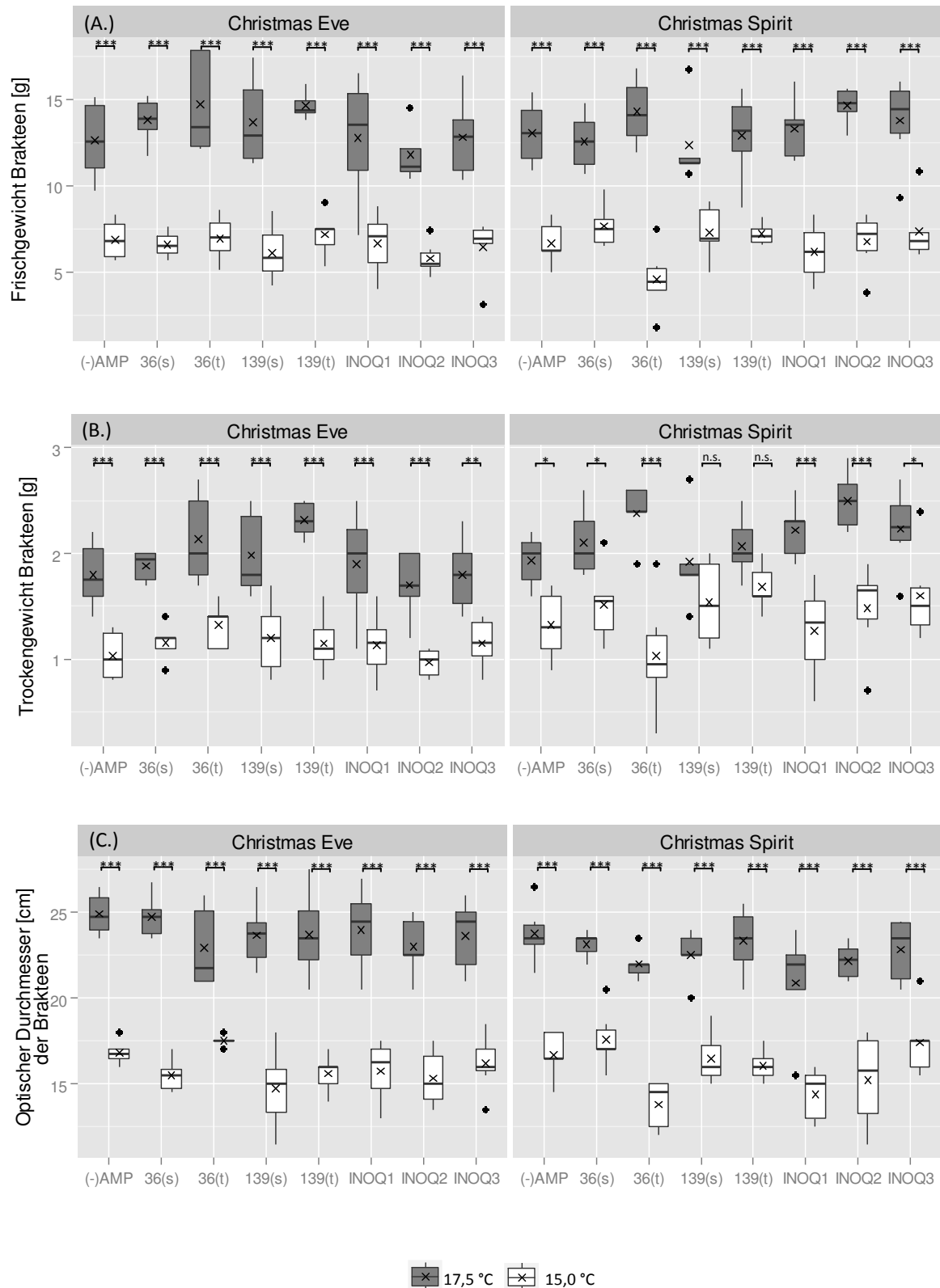


Abbildung 2: Einfluss der reduzierten Temperatur auf das Brakteenwachstum von *Euphorbia pulcherri-* *ma* 'Christmas Eve' und 'Christmas Spirit' in Screening I. (A.) Frischgewicht, (B.) Trockengewicht und (C.) mittlerer optischer Durchmesser der Brakteen pro Poinsettie nach 8 Wochen unter 17,5 bzw. 15,0 °C. AMP-Varianten: (-) AMP mykorrhizafreie Kontrolle und mit Isolat 36(s), 36(t), 139(s), 139(t) sowie INOQ 1-3 mykorrhizierte Poinsettien (n=6, GLM, MCP, Signifikanzcodes: '*' < 0,001 '**' < 0,01 '*' < 0,05; n.s. = nicht signifikant; x = arithmetisches Mittel)**

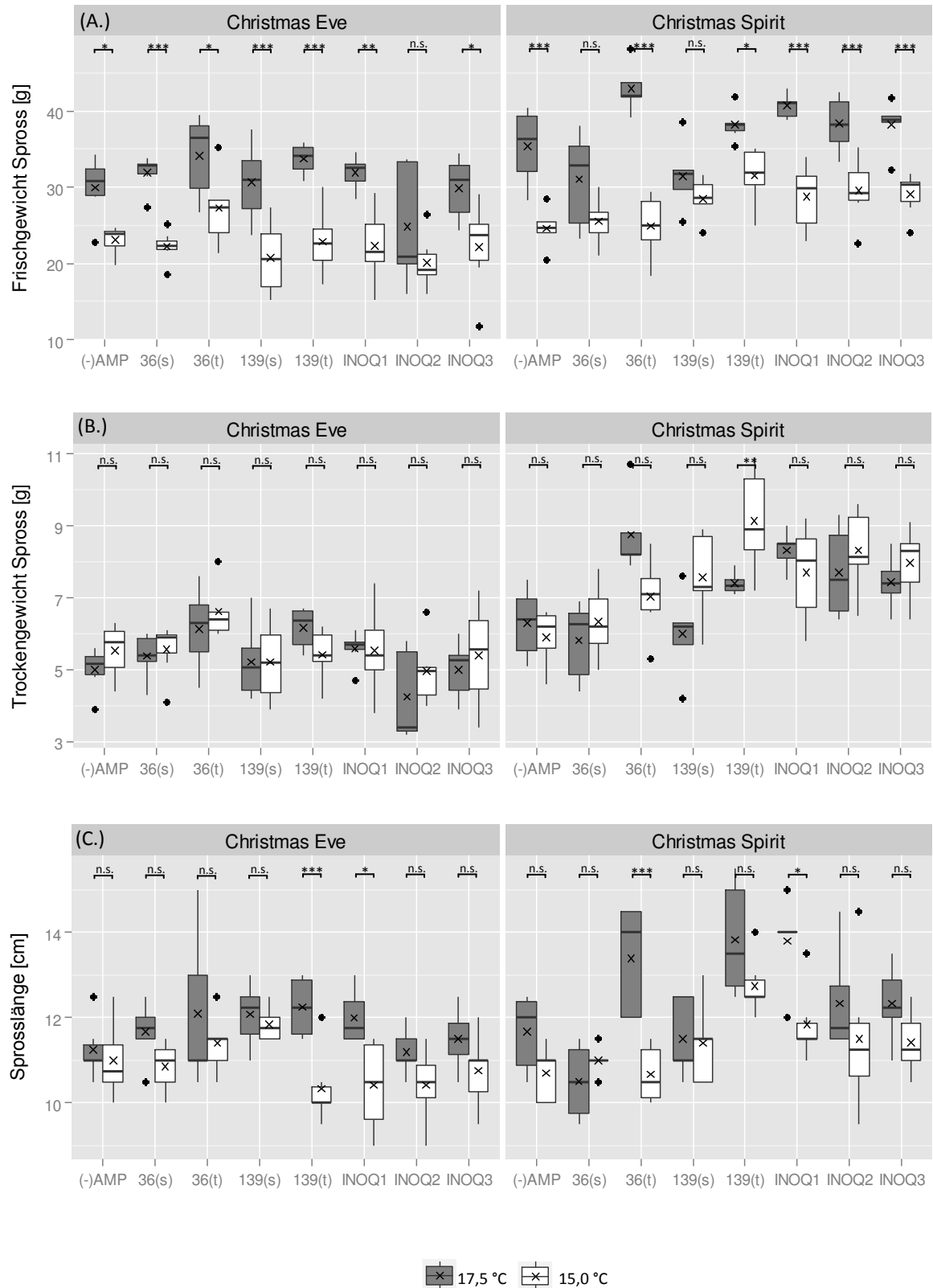


Abbildung 3: Einfluss der reduzierten Temperatur auf das Sprosswachstum von *Euphorbia pulcherrima* 'Christmas Eve' und 'Christmas Spirit' in Screening I. (A.) Frischgewicht, (B.) Trockengewicht und (C.) Länge des Hauptsprosses pro Poinsettie nach 8 Wochen unter 17,5 bzw. 15,0 °C. AMP-Varianten: (-) AMP mykorrhizafreie Kontrolle und mit Isolat 36(s), 36(t), 139(s), 139(t) und INOQ 1-3 mykorrhizierte Poinsettien (n=6, GLM, MCP, Signifikanzcodes: '***' < 0,001 '**' < 0,01 '*' < 0,05; n.s. = nicht signifikant; x=arithmetisches Mittel)

Die Grundlage für die AM-Effekte bildet die Symbiose zwischen AMP und Versuchspflanze. Alle Isolate bildeten diese Symbiose aus. Jedoch erwies sich die Stärke der Mykorrhizierung für die verschiedenen Isolate als sehr unterschiedlich (Tabelle 7). Die höchste Mykorrhizierungsfrequenz und -intensität wurde mit 36(t) und 139(t) erzielt. Die Ursache liegt in der Form des Inokulums. Es stand für diese Isolate zum Zeitpunkt der Versuche lediglich in ungetrockneter, für die weiteren Isolate jedoch in getrockneter Form, zur Verfügung (s. 2.2.2). In allen folgenden Versuchen wurde ungetrocknetes Inokulum eingesetzt, mit dem Ziel höhere Besiedlungsraten zu erreichen. Außerdem wurden die Isolate 36 (s/t) sowie 139 (s/t) in Screening III nochmals hinsichtlich ihrer Besiedlung und Effekte unter Kühle überprüft.

Tabelle 7: AMP-Besiedlung der Poinsettien 'Christmas Spirit' und 'Christmas Eve' vor Temperaturabsenkung in Screening I. M_F: mittlere Mykorrhizierungsfrequenz [%]; M_I: mittlere Mykorrhizierungsintensität; (-) AMP: mykorrhizafreie Kontrolle; (s/t): Inokulum aus der (s) Standardvermehrung/ (t) „Targeted Inoculum Production“ (n=6; $\bar{x} \pm SD$)

Sorte	AMP-Besiedlung	AMP-Isolate							
		(-) AMP	36 (s)	36 (t)	139 (s)	139 (t)	INOQ 1	INOQ 2	INOQ 3
Christmas Eve	M _F	0,0 ± 0,0	17,1 ± 8,1	70,8 ± 19,0	4,0 ± 3,4	56,7 ± 8,2	8,5 ± 6,3	13,3 ± 5,2	33,5 ± 6,0
	M _I	1,0 ± 0,0	1,2 ± 0,1	1,8 ± 0,3	1,1 ± 0,0	1,6 ± 0,1	1,1 ± 0,1	1,1 ± 0,1	1,4 ± 0,1
Christmas Spirit	M _F	0,0 ± 0,0	8,8 ± 5,4	50,8 ± 16,3	5,4 ± 2,9	67,0 ± 15,0	9,6 ± 1,9	15,0 ± 9,6	26,7 ± 8,2
	M _I	1,0 ± 0,0	1,1 ± 0,1	1,5 ± 0,2	1,1 ± 0,0	1,7 ± 0,1	1,1 ± 0,0	1,2 ± 0,1	1,3 ± 0,1

Screening II

Im zweiten Screening standen die aus kühleren Ökosystemen stammenden AMP-Isolate, darunter verschiedene Herkünfte aus Finnland, im Mittelpunkt (s. 2.2.1). Die Mykorrhizierungsfrequenzen und -intensitäten standen in starker Abhängigkeit zu den einzelnen Isolaten (Tabelle 8). Eine besonders gute Besiedlung wurde mit BEG 31 erzielt (M_F = 78,3-85,0 %), wohingegen die Mykorrhizierung mit BEG 48 sowie BEG 104 an beiden Sorten sehr gering ausfiel (5,4-10,4 %).

Tabelle 8: AMP-Besiedlung der Poinsettien 'Christmas Spirit' und 'Christmas Eve' vor Temperaturabsenkung in Screening II. M_F: mittlere Mykorrhizierungsfrequenz [%]; M_I: mittlere Mykorrhizierungsintensität; (-) AMP: mykorrhizafreie Kontrolle; (n=6; $\bar{x} \pm SD$)

Sorte	AMP-Besiedlung	AMP-Isolate					
		(-) AMP	BEG 29	BEG 31	BEG 48	BEG 104	V 91
Christmas Eve	M _F	0,0 ± 0,0	17,1 ± 6,2	85,0 ± 12,7	10,4 ± 4,6	10,4 ± 4,6	27,5 ± 17,0
	M _I	1,0 ± 0,0	1,2 ± 0,1	2,2 ± 0,4	1,3 ± 0,5	1,3 ± 0,5	1,3 ± 0,5
Christmas Spirit	M _F	0,0 ± 0,0	25,8 ± 9,2	78,3 ± 10,4	5,4 ± 1,9	5,4 ± 1,9	22,9 ± 9,1
	M _I	1,0 ± 0,0	1,3 ± 0,1	2,1 ± 0,3	1,1 ± 0,0	1,1 ± 0,0	1,3 ± 0,1

Insgesamt wirkten sich diese AMP-Isolate vermehrt hemmend auf das Wachstum der Poinsettien aus (Abbildung 4, 5). Lediglich für BEG 31 konnte ein fördernder Effekt an der Sorte 'Christmas Eve' in der Normalkultur beobachtet werden. Die Mykorrhizierung führte zu einem leicht erhöhten Brakteenfrischgewicht von im Mittel 2 g pro Pflanze ($p < 0,01$; s. Anhang 7.1, Tabelle 32). Das Trockengewicht bestätigt diese Wachstumsförderung nicht, es handelt sich also vielmehr um einen erhöhten Wassergehalt. Dagegen führte die Besiedlung mit BEG 104 und V 91 in 'Christmas Spirit' unter 17,5 °C zu einem reduzierten Brakteenwachstum. Dabei zeigte sich das Brakteenfrischgewicht durch V 91 um 22 % ($p < 0,01$) sowie durch BEG 104 um 24 % ($p < 0,001$) und das Trockengewicht um 36 % im Vergleich zur Kontrolle verringert ($p < 0,001$). Unter reduzierter Temperatur konnte kein Einfluss der AM auf das Brakteenwachstum beobachtet werden.

Die AM führte auch hinsichtlich des gesamten Sprosswachstums zu hemmenden Effekten im Vergleich zu den mykorrhizafreien Kontrollen der jeweiligen Temperatur: An 'Christmas Eve' erwies sich das Frisch- sowie das Trockengewicht des Sprosses für die Isolate BEG 31 (-15 %; $p < 0,025$), BEG 104 (-17 %; $p < 0,01$) sowie V 91 (-18 %, $p < 0,01$) unter 15,0 °C reduziert. In Kombination mit der Sorte 'Christmas Spirit' führte V 91 zu einem verminderten Frischgewicht des gesamten Sprosses sowohl in der Wärme als auch in der Kühle (17,5 °C: -16 %; $p < 0,01$; 15,0 °C: -18 %; $p < 0,01$). Dieser Effekt spiegelte sich ebenfalls in der Trockenmasse (-19 %; $p < 0,001$) und der Pflanzenlänge (-12,5 %; $p < 0,01$) wider. Unter 17,5 °C war in der Trockenmasse zusätzlich ein hemmender Effekt durch BEG 104 (-17 %; $p < 0,001$) und in der Pflanzenlänge durch BEG 29 (-10 %; $p < 0,025$), BEG 31 (-4 %; $p < 0,05$) und BEG 104 (-9 %; $p < 0,001$) zu verzeichnen.

Insgesamt konnte durch die aus Finnland stammenden Isolate kein positiver Effekt auf Brakteen- und Sprosswachstum unter Kühle beobachtet werden.

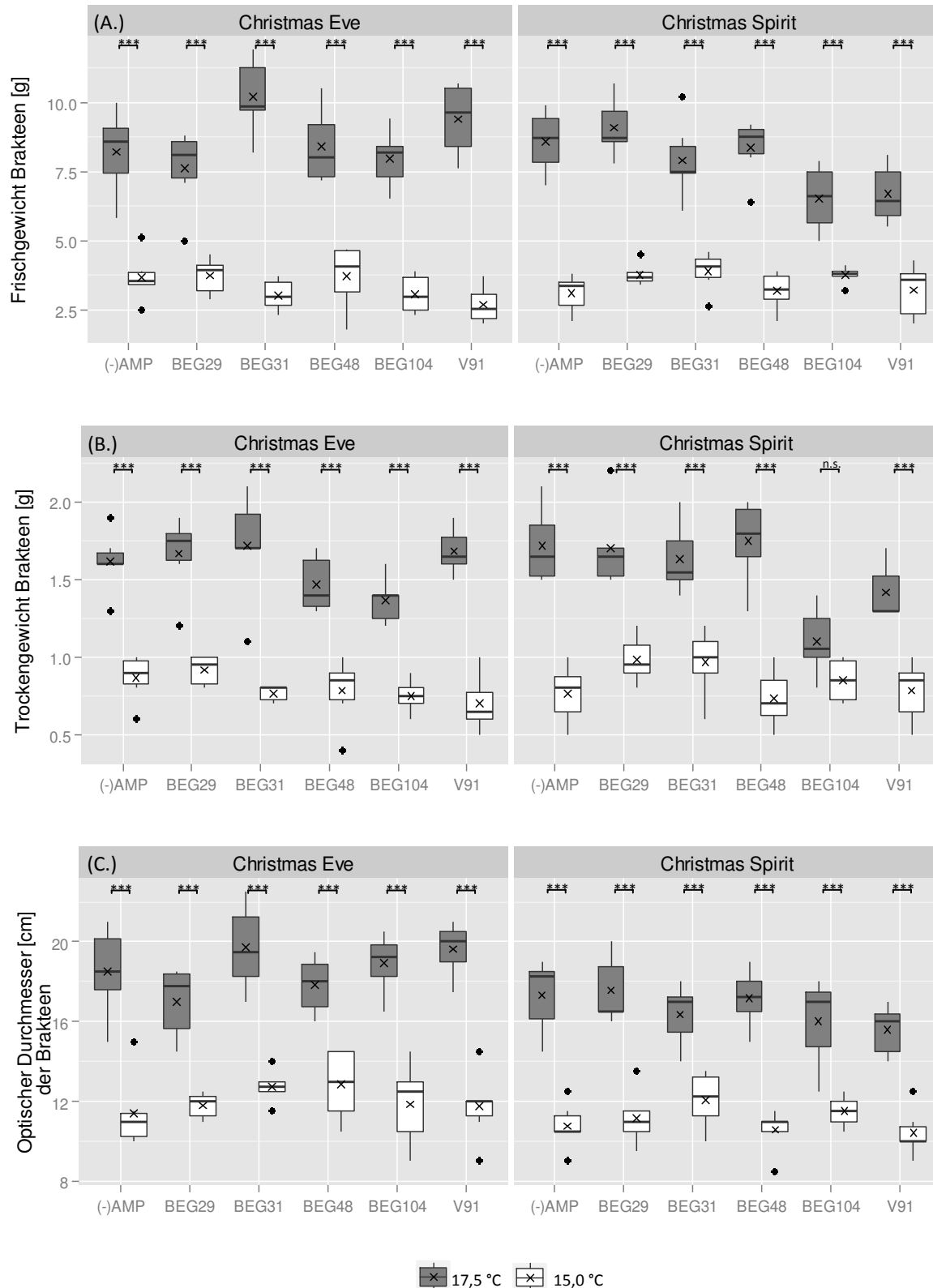


Abbildung 4: Einfluss der reduzierten Temperatur auf das Brakteenwachstum von *Euphorbia pulcherrima* 'Christmas Eve' und 'Christmas Spirit' in Screening II. (A.) Frischgewicht, (B.) Trockengewicht und (C.) mittlerer optischer Durchmesser der Brakteen pro Poinsettie nach 8 Wochen unter 17,5 bzw. 15,0 °C. AMP-Varianten: (-) AMP mykorrhizafreie Kontrolle und mit Isolat BEG 29, BEG 31, BEG 48, BEG 104 sowie V 91 mykorrhizierte Poinsettien (n=6, GLM, MCP, Signifikanzcodes: '*' < 0,001 '**' < 0,01 '*' < 0,05; n.s. = nicht signifikant; x = arithmetisches Mittel)**

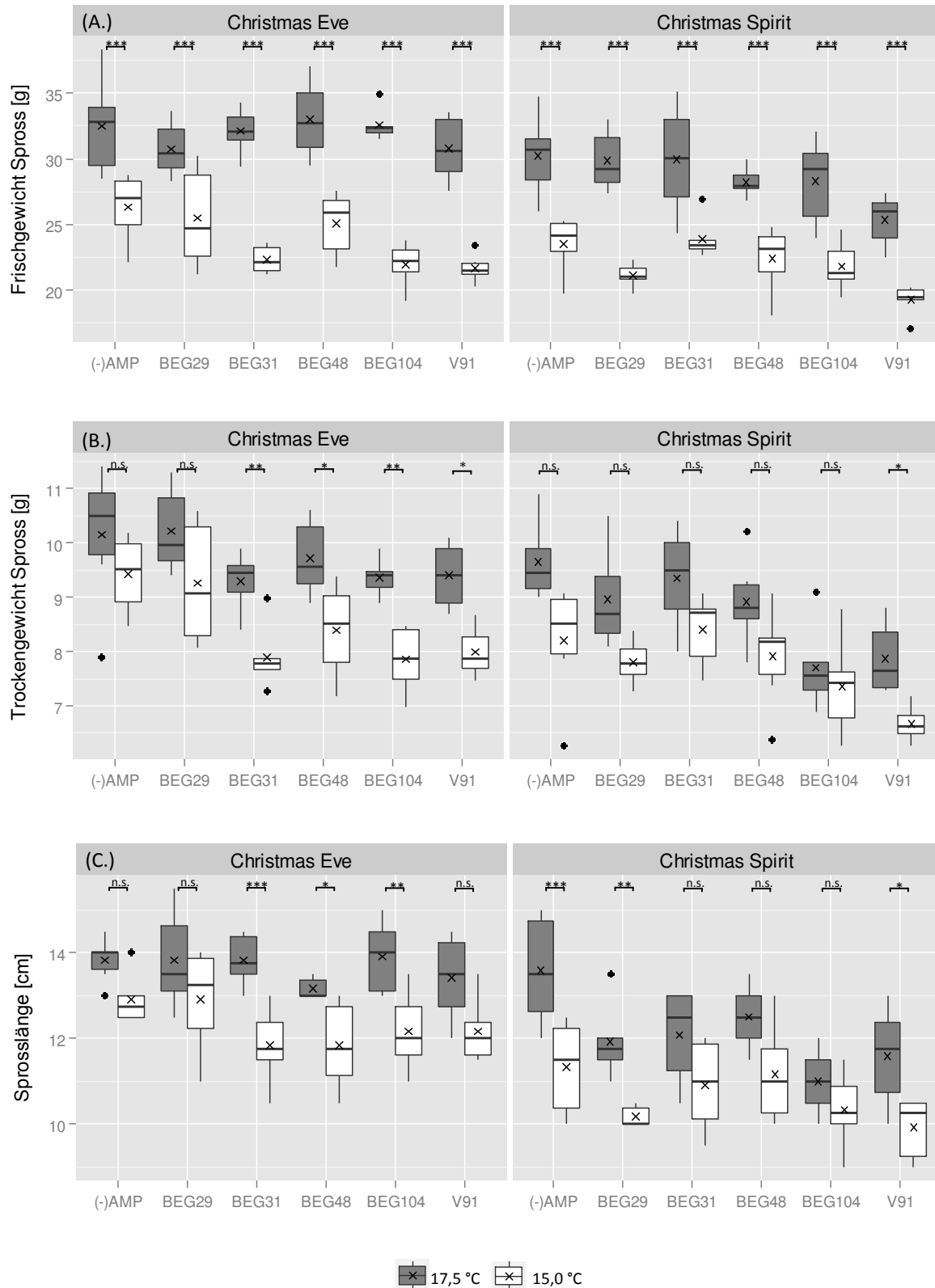


Abbildung 5: Einfluss der reduzierten Temperatur auf das Sprosswachstum von *Euphorbia pulcherrima* 'Christmas Eve' und 'Christmas Spirit' in Screening II. (A.) Frischgewicht, (B.) Trockengewicht und (C.) Länge des Hauptsprosses pro Poinsettie nach 8 Wochen unter 17,5 bzw. 15,0 °C. AMP-Varianten: (-) AMP mykorrhizafreie Kontrolle und mit Isolat BEG 29, BEG 31, BEG 48, BEG 104 sowie V 91 mykorrhizierte Poinsettien (n=6, GLM, MCP, Signifikanzcodes: '*' < 0,001 '**' < 0,01 '*' < 0,05; n.s. = nicht signifikant; x = arithmetisches Mittel)**

Screening III

Im dritten Screening wurde die Wirkung der unter Standardbedingungen sowie „Targeted Inoculum Production“ vermehrten Isolate aus Screening I wiederholt sowie vier weitere AMP-Isolate hinsichtlich ihrer Wirkung unter reduzierten Temperaturen überprüft. Dazu gehörten zwei Isolate aus kühleren Ökosystemen (Kanada: BEG 144, Russland: BEG 53). Die Besiedlung stand auch hier in Abhängigkeit von den einzelnen AMP-Isolaten. Die geringste Besiedlung wurde mit BEG 144 an 'Christmas Eve' erzielt ($M_F=9,5\%$), für alle weiteren Isolate lag die Mykorrhizierungsfrequenz deutlich höher (Tabelle 9). Für die aus der Standardvermehrung und der „Targeted Inoculum Production“ stammenden Isolate zeigte sich Folgendes: Die Besiedlung mit Isolat 139 erwies sich für beide Vermehrungsmethoden als ausgewogen. Für Isolat 36 zeigte sich im Vergleich zu Screening I ein gegensätzliches Resultat. Die Besiedlung mit Isolat 36(t) erwies sich geringer als mit 36(s).

Tabelle 9: AMP-Besiedlung der Poinsettien 'Christmas Spirit' und 'Christmas Eve' vor Temperaturabsenkung in Screening III. M_F : mittlere Mykorrhizierungsfrequenz [%]; M_I : mittlere Mykorrhizierungsintensität; (-) AMP: mykorrhizafreie Kontrolle; (s/t): Inokulum aus der (s) Standardvermehrung/ (t) „Targeted Inoculum Production“ (n=6; $\bar{x} \pm SD$)

Sorte	AMP-Besiedlung	AMP-Isolate								
		(-) AMP	36 (s)	36 (t)	139 (s)	139 (t)	49	510	BEG 53	BEG 144
Christmas Eve	M_F	0,0 $\pm 0,0$	40,4 $\pm 13,9$	14,6 $\pm 4,3$	48,1 $\pm 19,7$	36,0 $\pm 14,7$	24,0 $\pm 2,2$	66,0 $\pm 11,7$	22,0 $\pm 9,7$	9,5 $\pm 6,0$
	M_I	1,0 $\pm 0,0$	1,4 $\pm 0,2$	1,1 $\pm 0,0$	1,6 $\pm 0,3$	1,4 $\pm 0,2$	1,3 $\pm 0,1$	1,7 $\pm 0,2$	1,2 $\pm 0,1$	1,1 $\pm 0,1$
Christmas Spirit	M_F	0,0 $\pm 0,0$	64,0 $\pm 13,3$	14,0 $\pm 3,6$	43,0 $\pm 8,8$	58,3 $\pm 6,3$	25,5 $\pm 8,2$	58,0 $\pm 8,4$	27,3 $\pm 6,7$	23,8 $\pm 2,8$
	M_I	1,0 $\pm 0,0$	1,8 $\pm 0,2$	1,1 $\pm 0,0$	1,5 $\pm 0,1$	1,7 $\pm 0,1$	1,3 $\pm 0,1$	2,1 $\pm 0,2$	1,3 $\pm 0,3$	1,3 $\pm 0,0$

Ein Einfluss der AMP zeigte sich hier ebenfalls verstärkt in Kombination mit der Sorte 'Christmas Spirit' (Abbildung 6, 7). Das Brakteenwachstum erwies sich nach Mykorrhizierung mit BEG 144 hinsichtlich Frisch- (-21 %; $p<0,001$; s. Anhang 7.1, Tabelle 33) und Trockengewicht (-20 %; $p<0,025$) sowie dem gesamten Sprossfrischgewicht (-17 %; $p<0,01$) unter 17,5 °C im Vergleich zur mykorrhizafreien Kontrolle als reduziert. Unter 15,0 °C führten 36(s) (-20 %; $p<0,01$), 36(t) (-22 %; $p<0,001$) und 139(s) (-25 %; $p<0,001$) zu 2,4 bis 3 cm kleineren Brakteenkränzen. Eine fördernde Wirkung konnte lediglich durch das Isolat 139(t) beobachtet werden. Hier war das Brakteenfrischgewicht gering (+7 %) sowie das Trockengewicht (+26 %; $p<0,05$) unter 15,0 °C deutlich erhöht. Dieses Isolat führte auch zu einem leicht, jedoch nicht signifikant erhöhten Frischgewicht (+12 %) des Sprosses und der Sprosslänge (+4 %) sowie einem deutlich erhöhten Trockengewicht des Sprosses (+14 %; $p<0,01$).

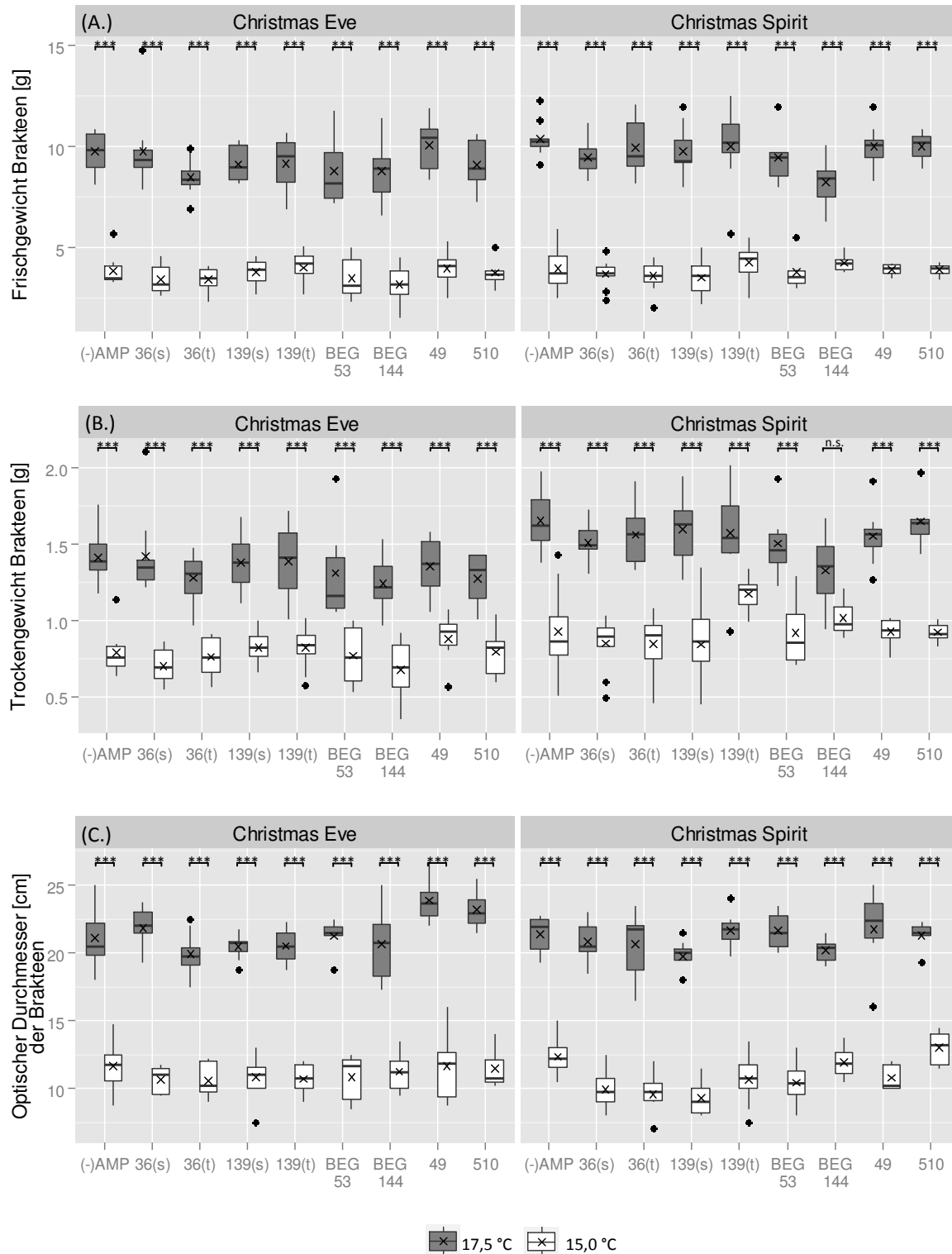


Abbildung 6: Einfluss der reduzierten Temperatur auf das Brakteenwachstum von *Euphorbia pulcherrima* 'Christmas Eve' und 'Christmas Spirit' in Screening III. (A.) Frischgewicht, (B.) Trockengewicht und (C.) mittlerer optischer Durchmesser der Brakteen pro Poinsettie nach 8 Wochen unter 17,5 bzw. 15,0 °C. AMP-Varianten: (-) AMP mykorrhizafreie Kontrolle und mit Isolat 36(s), 36(t), 139(s), 139(t), BEG53, BEG144, 49 sowie 510 mykorrhizierte Poinsettien (n=10 für (-) AMP, 36(s/t), 139(s/t), n=6 für BEG 53, BEG 144, 49, 510; GLM, MCP, Signifikanzcodes: '****' < 0,001 '**' < 0,01 '*' < 0,05; n.s. = nicht signifikant; x = arithmetisches Mittel)

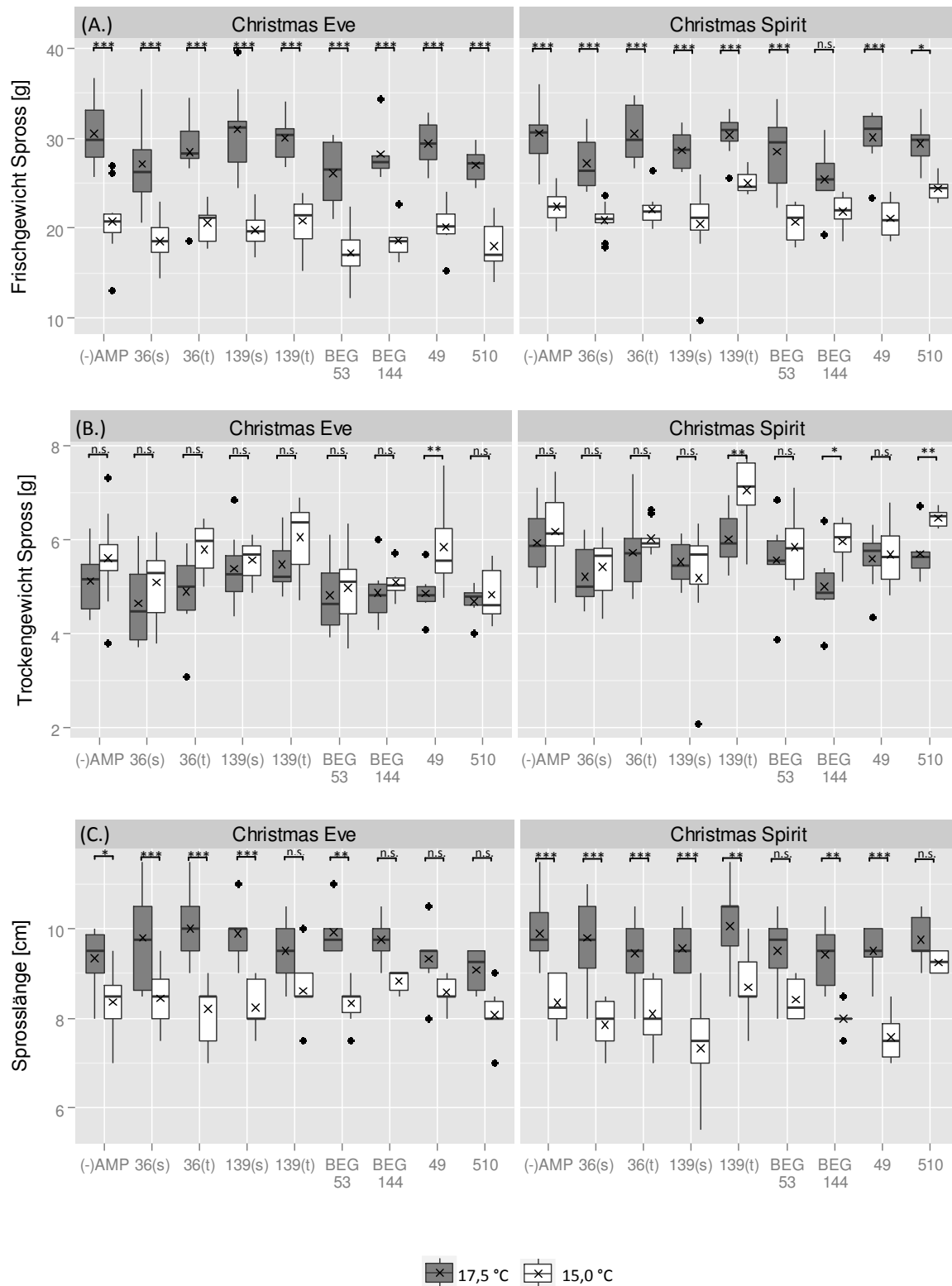


Abbildung 7: Einfluss der reduzierten Temperatur auf das Sprosswachstum von *Euphorbia pulcherrima* 'Christmas Eve' und 'Christmas Spirit' in Screening III. (A.) Frischgewicht, (B.) Trockengewicht und (C.) Länge des Hauptsprosses pro Poinsettie nach 8 Wochen unter 17,5 bzw. 15,0 °C. AMP-Varianten: (-) AMP mykorrhizafreie Kontrolle und mit Isolat 36(s), 36(t), 139(s), 139(t), BEG53, BEG144, 49 sowie 510 mykorrhizierte Poinsettien (n=10 für (-) AMP, 36(s/t), 139(s/t), n=6 für BEG 53, BEG 144, 49, 510; GLM, MCP, Signifikanzcodes: *** < 0,001 ** < 0,01 * < 0,05; n.s. = nicht signifikant; x = arithmetisches Mittel)

Für 'Christmas Eve' erwies sich lediglich durch das Isolat 49 ein Anstieg im mittleren, optischen Brakteendurchmesser im Vergleich zur Kontrolle unter 17,5 °C (9 %; $p < 0,01$) sowie ein erhöhtes Sprosstrockengewicht durch 139(t) in der Kühle (+9 %; $p < 0,05$).

In diesem Screening konnte die fördernde Wirkung des Isolates 139(t) unter Kühle in Kombination mit der Sorte 'Christmas Spirit' bestätigt werden. Die Wirkung dieses Isolats wird im Folgenden genauer betrachtet. Es bildet die Grundlage für die Untersuchung der Chlorophyllfluoreszenz-Messung sowie des Kohlenhydrathaushaltes (s. Kapitel 3).

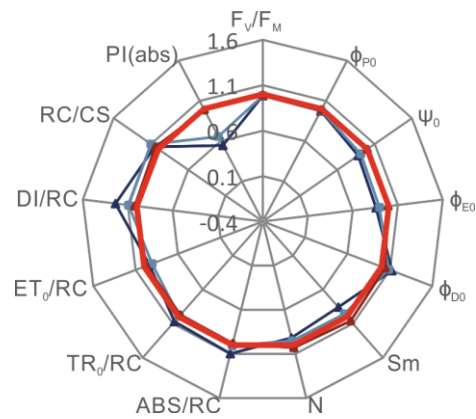
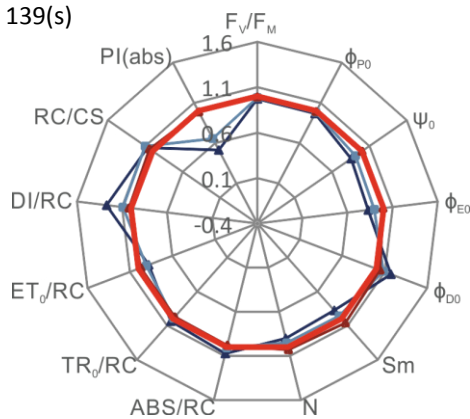
Chlorophyllfluoreszenz

In Abbildung 8 sind ausgewählte Parameter der Chlorophyllfluoreszenz für 'Christmas Spirit' dargestellt. Die Messungen wurden 28 und 56 Tage nach Beginn der Temperaturabsenkung in Screening III durchgeführt. Die berechneten Modellparameter geben Auskunft über den Einfluss der Kühle auf die Funktionsfähigkeit des Photosystems II und damit auf die Photosyntheseleistung. Die Ergebnisse sind in dieser Abbildung relativ zu der mykorrhizafreien, bei 17,5 °C kultivierten Variante dargestellt.

Dabei führte die reduzierte Temperatur zu einem Einfluss auf verschiedene Fluoreszenzparameter. Der häufig zur Stressfrüherkennung eingesetzte Basisparameter F_V/F_M zeigte nur geringfügige Veränderungen. Diese lagen bei einer Verringerung um 1 % ((-) AMP an Tag 28) bis 3 % (139 (s) an Tag 28 und 56). Stärkere Unterschiede konnten an beiden Messterminen in den Parametern zur Quantenausbeute des O-J-I-P-Tests beobachtet werden. Der Parameter ϕ_{P0} beschreibt die Quantenausbeute der primären Photochemie. Diese ist durch die Kühle an Tag 28 und 56 ebenfalls leicht, um 3 % (139(s)) bzw. 2 % ((-) AMP und 139 (t)), reduziert. Deutlichere Unterschiede wurden mit Ψ_0 und ϕ_{E0} detektiert. Ψ_0 beschreibt die Wahrscheinlichkeit der Trapping-Energie Elektronen über Q_A hinaus in die Elektronentransportkette zu übertragen. Diese Effizienz ist unter Kühle deutlich verringert: an Tag 28 um 9 % in der mykorrhizafreien Kontrolle sowie um 14 % (139(s)) und 12 % (139(t)) in den mykorrhizierten Varianten. Nach weiteren 28 Tagen erwies sie sich für die mit 139(s) inokulierten Poinsettien als nahezu unverändert. Für die Kontrolle und die mit 139(t) besiedelten Varianten waren die Effizienzen zu diesem Zeitpunkt weniger stark reduziert (-5 % bzw. -7 %). Auch unter 15,0 °C war die Effizienz der Elektronenübertragung in die Transportkette auf Basis der gesamten absorbierten Strahlung (ϕ_{E0}) reduziert. ϕ_{E0} war nach 28 Tagen im Mittel um 10 % ((-) AMP) bis 17 % (139(s)) verringert. Nach 56 Tagen erwies sich auch hier ϕ_{E0} für die Variante 139 (s) mit -15 % als nahezu unverändert. Für die Kontrollvariante wurde lediglich eine Reduktion von 6 % und für 139(t) von 9 % berechnet.

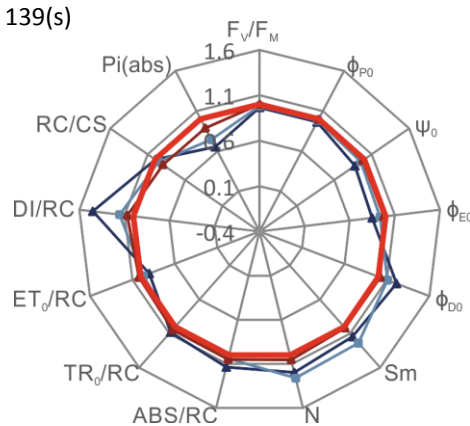
(A.): 28 Tage nach Temperaturabsenkung

139(s)

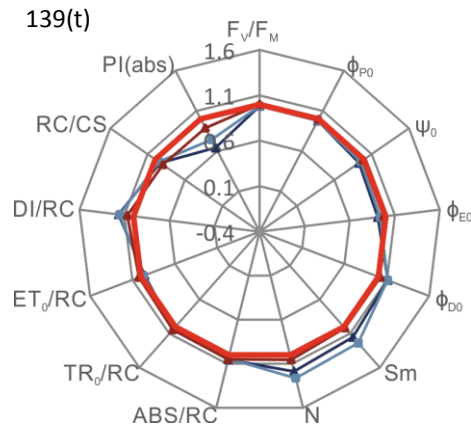


(B.): 56 Tage nach Temperaturabsenkung

139(s)



139(t)



—●— 15,0 °C (+) AMP —●— 15,0 °C (-) AMP
—●— 17,5 °C (+) AMP —●— 17,5 °C (-) AMP

(C.) Signifikante Unterschiede in ausgewählten Chlorophyllfluoreszenzparameter für den Vergleich zur mykorrhizafreien, bei Normaltemperatur (17,5 °C) kultivierten *Euphorbia pulcherrima* 'Christmas Spirit'

AMP-Isolat	(-) AMP		139 (s)				139 (t)			
	15,0 °C		15,0 °C		17,5 °C		15,0 °C		17,5 °C	
Temperatur	28	56	28	56	28	56	28	56	28	56
Tage	28	56	28	56	28	56	28	56	28	56
F_V/F_M	n.s.	n.s.	*	*	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
ϕ_{P0}	n.s.	n.s.	*	*	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Ψ_0	***	***	***	***	n.s.	n.s.	***	***	n.s.	n.s.
ϕ_{E0}	**	**	***	***	n.s.	n.s.	***	***	n.s.	n.s.
ϕ_{D0}	n.s.	n.s.	*	*	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Sm	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
N	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
ABS/RC	n.s.	n.s.	n.s.	*	n.s.	n.s.	*	n.s.	n.s.	n.s.
TR ₀ /RC	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
ET ₀ /RC	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
DI /RC	*	n.s.	*	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
RC/CS	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
PI(abs)	**	***	***	*	n.s.	n.s.	***	n.s.	n.s.	n.s.

Abbildung 8: Ausgewählte Chlorophyllfluoreszenzparameter für *Euphorbia x pulcherrima* 'Cristmas Spirit' 28 (A.) und 56 Tage (B.) nach Temperaturabsenkung. 139(s/t) mykorrhizierte Poinsettien relativ zur mykorrhizafreien (-) AMP, bei Normaltemperatur (17,5 °C) kultivierten Poinsettie. (s/t): Inokulum aus der (s) Standardvermehrung/ (t) „Targeted Inoculum Production“. (C.) Signifikante Unterschiede für die angegebenen Vergleiche (n=6, GLM, MCP, Signifikanzcodes: **** < 0,001 *** < 0,01 ** < 0,05 'n.s.' = nicht signifikant)

Die verringerte Quantenausbeute spiegelt sich kaum in den Parametern für spezifische Energieflüsse wider (ABS/RC , TR_0/RC , ET_0/RC , DI/RC). Die Energieflüsse zum Reaktionszentrum – darunter der absorbierte Photonenfluss (ABS/RC) sowie der Trapping-Energiefluss (TR_0/RC) – erwiesen sich in der Kühle als minimal erhöht. Gleichzeitig war die Energie, die für den Elektronentransportfluss aufgewendet wurde, nur leicht reduziert - an Tag 28 um 6 bis 13 % (139(t)) bzw. 139(s)) und an Tag 56 um 3 bis 10 % ((-) AMP bzw. 139(s)). Eine Ursache liegt in dem Anstieg der dissipierten, d.h. ungenutzten und in Form von Wärme und Fluoreszenz abgegebenen, Energie unter Kühle. Die dissipierte Energie pro Reaktionszentrum (DI/RC) erhöhte sich leicht und führte für einzelne Vergleiche zu signifikanten Unterschieden (Abbildung 8c). Unverändert blieb die Energie, die zum Schließen aller Reaktionszentren benötigt wird (S_m), die Anzahl der Q_A -Reduktionen zwischen Zeitpunkt $t=0$ und dem Erreichen der maximalen Fluoreszenz ($t=F_M$) sowie die Dichte der Q_A -reduzierenden Reaktionszentren in Photosystem II (RC/CS).

28 Tage nach Temperaturabsenkung wirkte sich die reduzierte Temperatur auf den Multi-parameter Performance Index ($PI(ABS)$) aus. Dieser beschreibt die potentielle Photosyntheseleistung pro Chlorophyllmolekül und wird häufig in Kombination mit dem Parameter DI/RC für die Beurteilung von Stress herangezogen. Beide Parameter werden für die Sorten 'Christmas Eve' sowie 'Christmas Spirit' mit den AMP-Isolaten 36(s/t) sowie 139(s/t) aus Screening III in Abbildung 9 gezeigt.

Der $PI(ABS)$ erwies sich unter Kühle in nahezu allen Varianten als reduziert. Dabei war der Unterschied zwischen den bei 17,5 °C und 15,0 °C kultivierten Poinsettien an Tag 28 größer als an Tag 56. Die Reduktion in der Photosyntheseleistung ist mit einem Anstieg in der dissipierten Energie verbunden. Diese war in der Kühle an Tag 28 im Mittel an 'Christmas Eve' in den mykorrhizierten Varianten am höchsten. In der Wärme führte die Mykorrhizierung mit 36(s) an 'Christmas Spirit' zu einer deutlich verringerten Photosyntheseleistung und einem damit verbundenen Anstieg in DI/RC (+28-74 %) im Vergleich zu den mykorrhizafreien bei Normaltemperatur kultivierten Poinsettien.

Die Parameter $PI(ABS)$ und DI/RC , die auf Grundlage der Messung an den photosynthetisch aktiven, grünen Blättern berechnet wurden, konnten keinen Sortenunterschied zwischen 'Christmas Eve' und 'Christmas Spirit' bestätigen. Darüber hinaus zeigte sich kein signifikanter, positiver AM-Effekt unter Kühle.

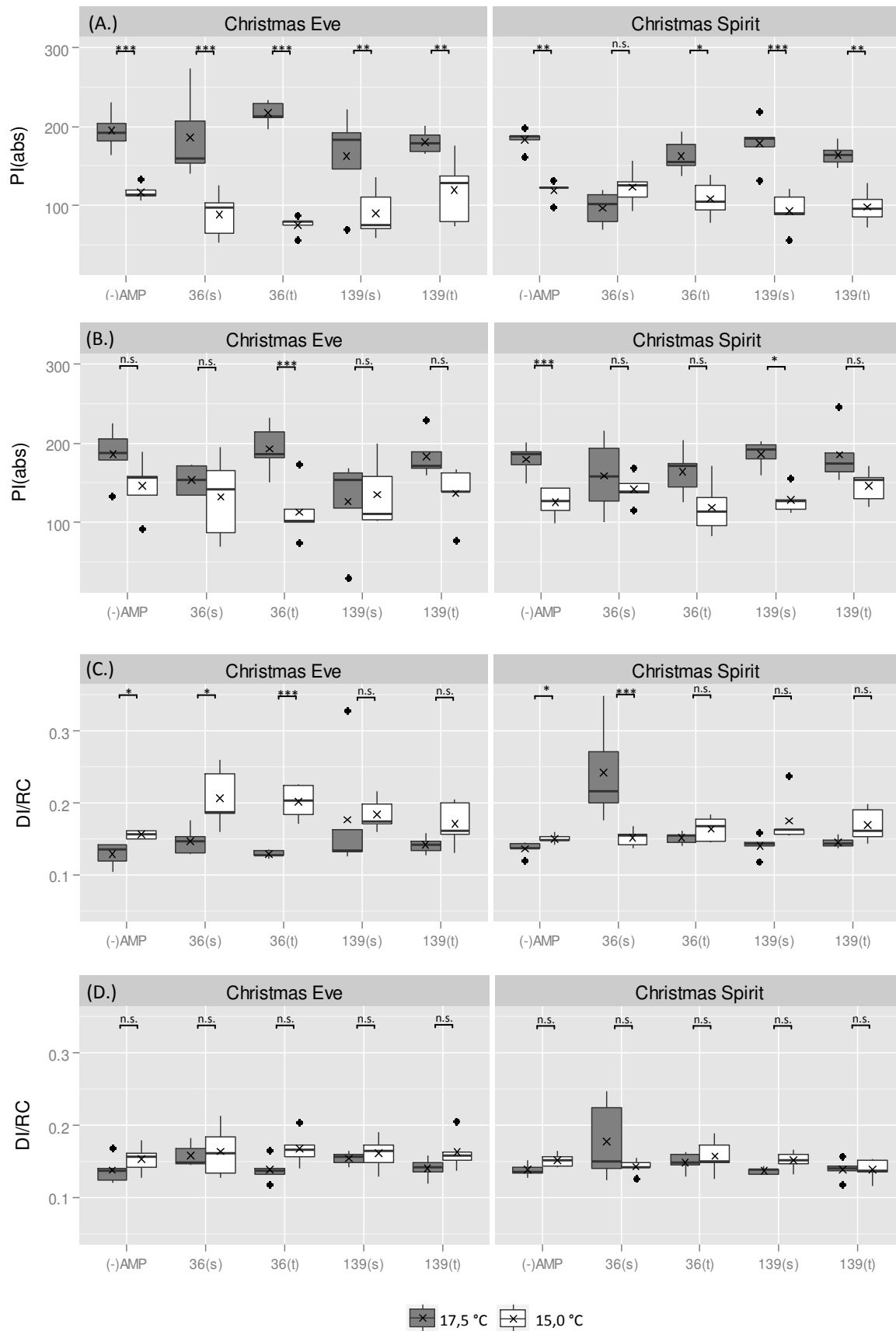


Abbildung 9: Einfluss der Temperaturreduktion auf die Chlorophyllfluoreszenz-Parameter Performance Index (PI(abs)) sowie dissipierter Energiefluss pro Reaktionszentrum (DI/RC) gemessen an Blättern von *Euphorbia pulcherrima* 'Christmas Eve' sowie 'Christmas Spirit'. (A.) PI(abs) 28 Tage (B.) PI(abs) 56 Tage (C.) DI/RC 28 Tage und (D.) DI/RC 56 Tage nach Kultur unter 17,5 bzw. 15,0 °C (n=6; GLM, MCP, Signifikanzcodes: '*' < 0,001 '**' < 0,01 '*' < 0,05; n.s. = nicht signifikant; x = arithmetisches Mittel).**

56 Tage nach Temperaturabsenkung wurde eine Chlorophyllfluoreszenz-Messung an den Brakteen der Poinsettien durchgeführt (Abbildung 10). Insgesamt ist die berechnete Photosyntheseleistung (PI(abs)) im Vergleich zu den grünen, photosynthetisch aktiven Blättern sehr gering (Abbildung 9), bewegt sich jedoch im messbaren Bereich. Der Anteil der dissipierten Energie ist folglich insgesamt sehr hoch. Die auf Grundlage dieser Messung berechneten Parameter PI(abs) sowie DI/RC weisen auf einen deutlichen Sortenunterschied hin. Für die Sorte 'Christmas Eve' konnte nahezu kein Unterschied in den Parametern PI(abs) und DI/RC zwischen den bei 17,5 °C und 15,0 °C kultivierten Poinsettien gefunden werden ($p < 0,01$). An 'Christmas Spirit' erwiesen sich dies Unterschiede als deutlich größer: Insbesondere war die dissipierte Energiemenge pro Reaktionszentrum (DI/RC) unter Kühle stark erhöht. In den mykorrhizierten Varianten ist diese im Mittel etwas geringer. Ein deutlicher AM-Effekt ist in den erhobenen und berechneten Daten jedoch nicht zu erkennen.

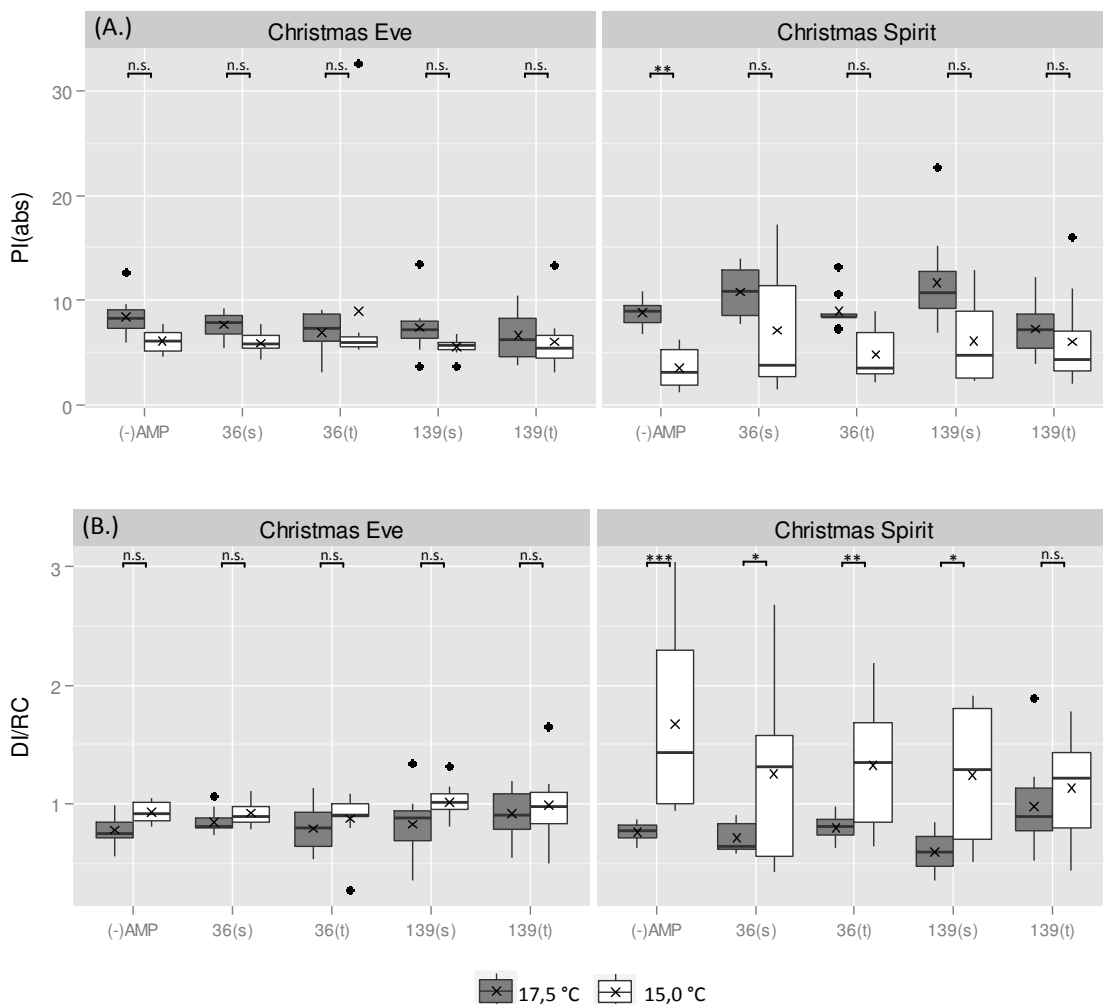


Abbildung 10: Einfluss der Temperaturreduktion auf die Chlorophyllfluoreszenz-Parameter Performance Index (PI(abs)) sowie dissipierter Energiefluss pro Reaktionszentrum (DI/RC) gemessen an den Brakteen von *Euphorbia pulcherrima* 'Christmas Eve' sowie 'Christmas Spirit'. (A.) PI(abs) (B.) DI/RC 56 Tage nach Kultur unter 17,5 bzw. 15,0 °C (n=6; GLM, MCP, Signifikanzcodes: '*' < 0,001 '**' < 0,01 '*' < 0,05; n.s. = nicht signifikant; x = arithmetisches Mittel).**

2.3.2 Untersuchung der AMP-Isolate an *Petunia x hybrida*

Im Folgenden werden die Ergebnisse der AMP-Screenings an Petunie dargestellt. In Screening I und II wurden alle 16 Isolate unter Gewächshausbedingungen auf ihre Wirkung unter reduzierten Temperaturen untersucht. In Screening III und IV folgte die Versuchswiederholung zu allen Isolaten unter Klimakammerbedingungen.

Screening I

Die Mykorrhizierung an Petunien erwies sich als deutlich geringer als an den Weihnachtssternen (2.3.1). Die Überprüfung vor Temperaturabsenkung zeigte, dass die AMP die Petunie 'Famous Dark Blue' nur sehr gering besiedelten. Die Mykorrhizierungsfrequenzen lagen an dieser Sorte für alle Isolate unter 10 % (Tabelle 10). Darüber hinaus verdeutlichen die geringen Mykorrhizierungsintensitäten, dass der Anteil der besiedelten Wurzelstücke i.d.R. eine sehr geringe Anzahl mykorrhizierter Zellen aufwies (s. 2.2.4). Die Besiedlung der Wurzeln von 'Mitchell' erwies sich hingegen für die meisten Isolate als stärker. Eine Mykorrhizierungsfrequenz über 10 % wurde für die Isolate 36(t), 139(t), BEG 53 sowie BEG 144 erzielt.

Tabelle 10: AMP-Besiedlung der Petunien 'Famous Dark Blue' und 'Mitchell' vor Temperaturabsenkung in Screening I. M_F: mittlere Mykorrhizierungsfrequenz [%]; M_I: mittlere Mykorrhizierungsintensität; (-) AMP: mykorrhizafreie Kontrolle; (s/t): Inokulum aus der (s) Standardvermehrung/ (t) „Targeted Inoculum Production“ (n=6; $\bar{x} \pm SD$)

Sorte	AMP-Besiedlung	AMP-Isolate									
		(-) AMP	36 (s)	36 (t)	139 (s)	139 (t)	BEG 53	BEG 144	INOQ 1	INOQ 2	INOQ 3
Famous Dark Blue	M _F	0,0 ± 0,0	2,1 ± 1,9	7,5 ± 3,5	1,2 ± 1,4	1,0 ± 1,0	5,0 ± 4,3	3,5 ± 1,4	4,2 ± 2,6	1,0 ± 1,4	4,0 ± 2,2
	M _I	1,0 ± 0,0	1,1 ± 0,1	1,1 ± 0,1	1,1 ± 0,1	1,1 ± 0,1	1,1 ± 0,1	1,1 ± 0,1	1,1 ± 0,1	1,1 ± 0,1	1,1 ± 0,1
Mitchell	M _F	0,0 ± 0,0	5,8 ± 3,0	20,0 ± 10,5	6,5 ± 2,9	30,0 ± 13,0	33,8 ± 10,7	37,5 ± 11,3	5,0 ± 3,2	3,0 ± 2,1	6,0 ± 2,9
	M _I	1,0 ± 0,0	1,1 ± 0,0	1,2 ± 0,1	1,1 ± 0,0	1,3 ± 0,1	1,4 ± 0,1	1,5 ± 0,1	1,1 ± 0,1	1,1 ± 0,1	1,1 ± 0,1

Vier Wochen nach Beginn der Temperaturabsenkung erfolgte die Auswertung verschiedener Wachstumsparameter (Abbildung 11). An der Sorte 'Famous Dark Blue' führte die reduzierte Kulturtemperatur (13,5 °C) zu keinerlei signifikanten Unterschieden im Vergleich zu den bei Normaltemperatur (17,5 °C) kultivierten Kontrollen. An dieser Sorte konnten nur negative AM-Effekte beobachtet werden: Das Frischgewicht des Sprosses erwies sich nach Inokulation mit 36(s) unter 13,5 °C (-29 %; p < 0,05; s. Anhang 7.1, Tabelle 34) und mit Isolat BEG 53 unter 17,5 °C (22 %; p < 0,05) im Vergleich zur mykorrhizafreien Kontrolle als deutlich reduziert. Für 36(s) wird die Hemmung des Wachstums ebenfalls in einem verringerten Trockengewicht bestätigt (-9 %; p < 0,05).

Das Wachstum der Sorte 'Mitchell' war bei 13,5 °C leicht reduziert. Dieses zeigte sich in den mykorrhizafreien Varianten vor allem hinsichtlich des Sprossfrischgewichtes (-12 %; $p < 0,025$) sowie in der Länge des Hauptsprosses (-21 %). Im Frischgewicht des Sprosses zeigte sich auch eine fördernde Wirkung verschiedener AMP-Isolate unter Kühle, darunter 36(t) (+10 %), 139(s) (+7 %), 139(t) (+7 %), BEG 53 (+10 %) sowie BEG 144 (+7 %). Diese erwiesen sich jedoch als nicht signifikant, bestätigten sich dagegen in einem leicht erhöhten Trockengewicht für BEG 53 (+9 %) sowie BEG 144 (+12 %). Auch die Länge des Sprosses erwies sich für BEG 144 deutlich größer ($p < 0,01$; 13,5 °C), der Hauptspross war im Mittel 7,3 cm länger als in der mykorrhizafreien Kontrolle. Die mit BEG 53 inokulierten Petunien wiesen sowohl unter 13,5 °C als unter 17,5 °C ein weitaus kompakteres Wachstum auf.

Unter Wärme konnten weitere Effekte auf die Länge des Hauptsprosses von 'Mitchell' beobachtet werden: Die mit BEG 144 (+47 %; $p < 0,001$), 36(s) (+44 %; $p < 0,001$) und INOQ2 (+36 %; $p < 0,001$) mykorrhizierten Petunien waren deutlich länger.

An der Sorte 'Mitchell' wurde auch ein negativer Effekt auf das Frischgewicht des Sprosses festgestellt. Die Besiedlung mit INOQ 1 führte im Vergleich zur mykorrhizafreien Kontrolle zu einem um 10 % reduzierten Frischgewicht ($p < 0,01$).

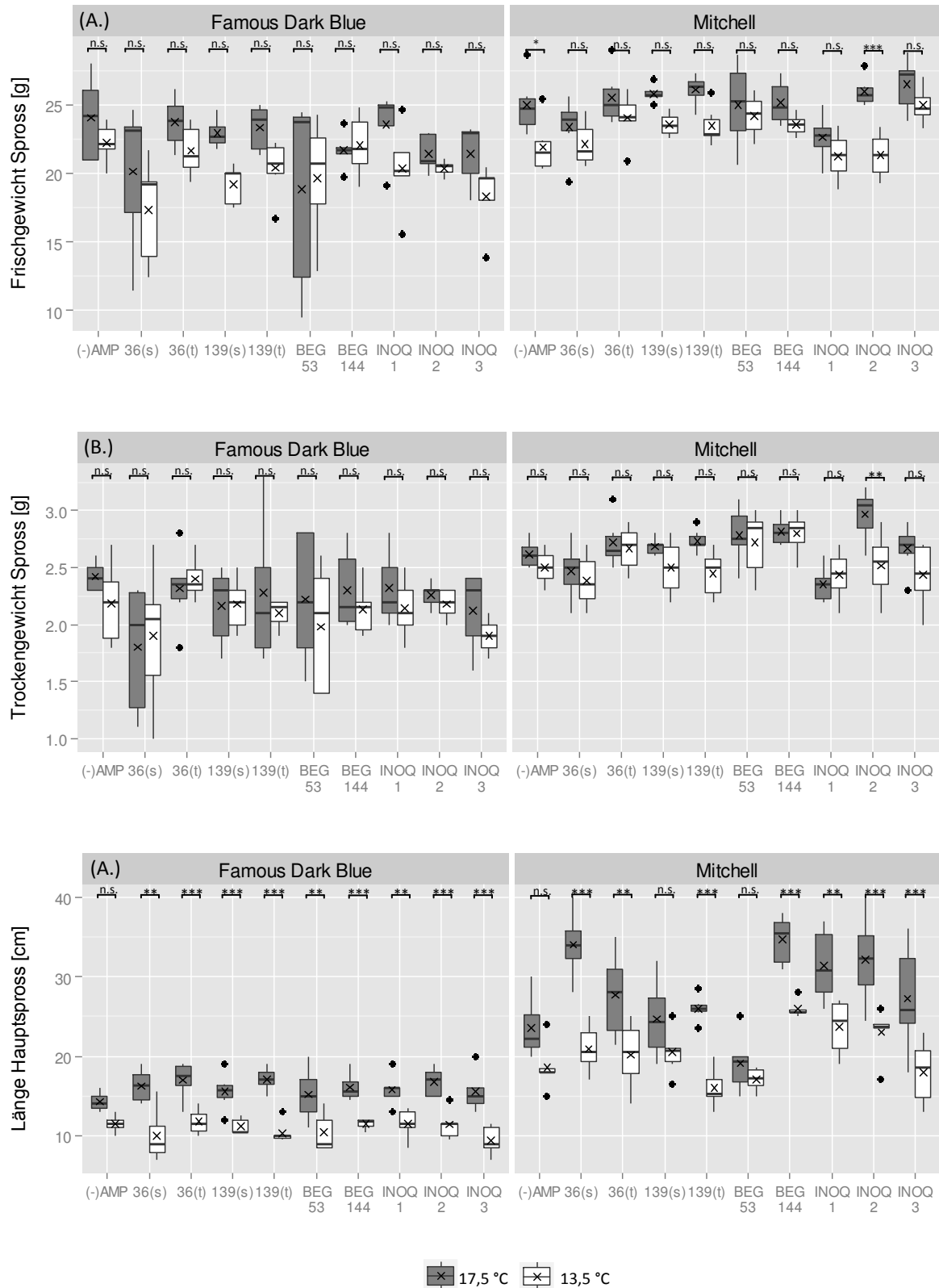


Abbildung 11: Einfluss der reduzierten Temperatur auf das Sprosswachstum von *Petunia x hybrida* 'Famous Dark Blue' und 'Mitchell' in Screening I. (A.) Frischgewicht, (B.) Trockengewicht und (C.) Länge des Hauptsprosses pro Petunie nach 4 Wochen unter Gewächshausbedingungen bei 17,5 bzw. 13,5°C. AMP-Varianten: (-) AMP mykorrhizafreie Kontrolle und mit Isolat 36(s), 36(t), 139(s), 139(t), BEG 53, BEG 144 sowie INOQ 1-3 mykorrhizierte Petunien (n=6; GLM, MCP, Signifikanzcodes: '****' < 0,001 '***' < 0,01 '*' < 0,05; n.s. = nicht signifikant; x = arithmetisches Mittel)

Screening II

Die Mykorrhizierung mit den in Screening II untersuchten Isolaten erzielten an Sorte 'Famous Dark Blue' weitaus höhere Resultate als in Screening I (Tabelle 11). Lediglich mit den Isolaten BEG 104 und V91 wurden Mykorrhizierungsfrequenzen unter 5 % erzielt. Dieses traf jedoch auch für die Sorte 'Mitchell' zu.

Tabelle 11: AMP-Besiedlung der Petunien 'Famous Dark Blue' und 'Mitchell' vor Temperaturabsenkung in Screening II. M_F: mittlere Mykorrhizierungsfrequenz [%]; M_I: mittlere Mykorrhizierungsintensität; (-) AMP: mykorrhizafreie Kontrolle (n=6; $\bar{x} \pm SD$)

Sorte	AMP-Besiedlung	AMP-Isolate							
		(-) AMP	BEG 29	BEG 31	BEG 48	BEG 104	V91	49	510
Famous Dark Blue	M _F	0,0 ± 0,0	43,6 ± 20,7	49,6 ± 12,4	43,3 ± 23,2	3,8 ± 2,5	2,5 ± 2,7	35,0 ± 5,0	52,1 ± 25,4
	M _I	1,0 ± 0,0	1,6 ± 0,4	1,7 ± 0,2	1,6 ± 0,5	1,1 ± 0,0	1,1 ± 0,0	1,4 ± 0,1	1,6 ± 0,4
Mitchell	M _F	0,0 ± 0,0	50,8 ± 8,6	53,8 ± 17,2	39,0 ± 10,1	2,7 ± 6,0	3,3 ± 3,8	42,9 ± 8,3	54,2 ± 10,8
	M _I	1,0 ± 0,0	1,6 ± 0,1	1,7 ± 0,3	1,5 ± 0,2	1,1 ± 0,1	1,1 ± 0,1	1,4 ± 0,1	1,6 ± 0,1

Die reduzierten Temperaturen wirkten sich auf das Wachstum der Sorte 'Famous Dark Blue' wiederum nur geringfügig aus (Abbildung 12). Die Sorte 'Mitchell' reagierte auf die Kühle in der mykorrhizafreien Kontrolle etwas stärker. Eine Hemmung des Wachstums bei 13,5 °C zeigte sich hier im Sprossfrischgewicht (-13 %; p<0,001; s. Anhang 7.1, Tabelle 35) sowie in den kleineren Hauptsprossen (-10 %; p<0,001).

Die AM wirkte sich in diesem Screening negativ auf das Wachstum der Petunien aus: Die Besiedlung mit BEG 104 an 'Famous Dark Blue' führte unter 17,5 °C zu einem stark reduzierten Frisch- (-26 %; p<0,01) sowie Trockengewicht (-28 %; p<0,05) des Sprosses. Das Trockengewicht war darüber hinaus auch durch Isolat 510 um 27 % (p<0,05) verringert. In der Kühle wurde kein AM-Effekt beobachtet.

Für die Sorte 'Mitchell' führte die Besiedlung mit BEG 29 (-9 %; p<0,05), BEG 31 (-12 %; p<0,01), BEG 104 (-11 %; p<0,001) sowie 510 (-9 %; p<0,05) in der Normalkultur zu einem leicht reduzierten Sprossfrischgewicht (FG). In dem Trockengewicht (TG) wird diese Wachstumshemmung für BEG 31 (-12 %; n.s.) und BEG 104 (-12 %; p<0,001) bestätigt. In der Kühle führten Isolat 510 (FG: -11 %; p<0,05) sowie insbesondere BEG 104 (FG: -17 %; p<0,001; TG: -20 %; p<0,001) zu einem reduzierten Sprossgewicht.

Ein fördernder Einfluss der AM unter reduzierten Temperaturen wurde in diesem Screening für kein Isolat beobachtet.

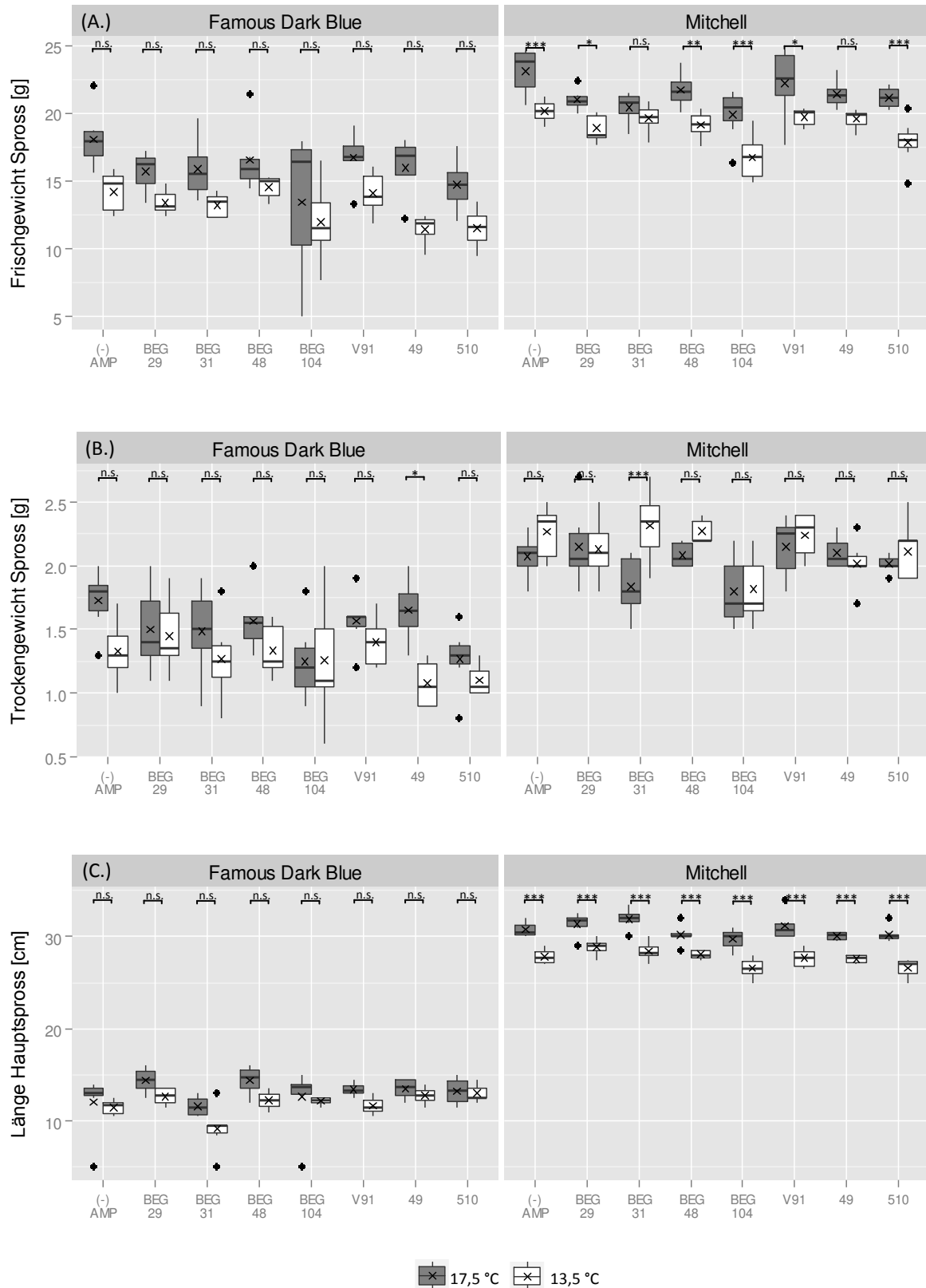


Abbildung 12: Einfluss der reduzierten Temperatur auf das Sprosswachstum von *Petunia x hybrida* 'Famous Dark Blue' und 'Mitchell' in Screening II. (A.) Frischgewicht, (B.) Trockengewicht und (C.) Länge des Hauptsprosses pro Petunie nach 4 Wochen unter Gewächshausbedingungen bei 17,5 bzw. 13,5 °C. AMP-Varianten: (-) AMP mykorrhizafreie Kontrolle und mit Isolat BEG 29, BEG 31, BEG 48, BEG 104, V91, 49 sowie 510 mykorrhizierter Petunien (n=6; GLM, MCP, Signifikanzcodes: '***' < 0,001 '**' < 0,01 '*' < 0,05; n.s. = nicht signifikant; x = arithmetisches Mittel)

Screening III

Alle in Screening I und II untersuchten AMP-Isolate wurden in den anschließenden Screenings nochmals unter Klimakammerbedingungen auf ihre Wirkung unter Kühle überprüft. Dabei wurde statt der Sorte 'Famous Dark Blue', die in Screening I und II nur gering auf die reduzierten Kulturtemperaturen und die AMP-Besiedlung reagierte, zwei weitere Sorten verwendet. Dabei handelt es sich um 'Fantasy Blue' und 'Sweet Sunshine Williams'.

Alle AMP-Isolate führten an den Petunien der Sorten 'Fantasy Blue', 'Mitchell' und 'Sweet Sunshine Williams' zur Ausbildung einer Symbiose (Tabelle 12). Dabei erwies sich die Mykorrhizierung mit BEG 104 sowie V 91 für alle Sorten als gering und bestätigte damit die Ergebnisse der vorangegangenen Versuche. Insgesamt wurden an der Sorte 'Mitchell' höhere Mykorrhizierungsfrequenzen und – intensitäten ermittelt.

Tabelle 12: AMP-Besiedlung der Petunien 'Fantasy Blue', 'Mitchell' und 'Sweet Sunshine Williams' vor Temperaturabsenkung in Screening III. M_F: mittlere Mykorrhizierungsfrequenz [%]; M_I: mittlere Mykorrhizierungintensität; (-) AMP: mykorrhizafreie Kontrolle. (n=6; $\bar{x} \pm SD$)

Sorte	AMP-Besiedlung	AMP-Isolate								
		(-) AMP	BEG 29	BEG 31	BEG 48	BEG 53	BEG 104	V91	49	510
Fantasy Blue	M _F	0,0 ±0,0	33,3 ±16,3	12,8 ±5,5	17,1 ±14,5	15,9 ±11,1	4,6 ±1,0	3,3 ±3,4	14,4 ±7,5	8,3 ±5,8
	M _I	1,0 ±0,0	1,6 ±0,5	1,1 ±0,1	1,2 ±0,1	1,2 ±0,1	1,1 ±0,1	1,1 ±0,1	1,1 ±0,1	1,2 ±0,1
Mitchell	M _F	0,0 ±0,0	16,3 ±8,3	40,5 ±10,9	36,5 ±7,0	37,1 ±5,1	2,5 ±2,3	1,7 ±2,0	38,3 ±13,5	35,0 ±5,2
	M _I	1,0 ±0,0	1,3 ±0,1	1,4 ±0,1	1,4 ±0,1	1,4 ±0,1	1,1 ±0,1	1,1 ±0,1	1,4 ±0,1	1,4 ±0,1
Sweet Sunshine Williams	M _F	0,0 ±0,0	10,8 ±5,8	8,8 ±7,2	29,6 ±6,0	13,7 ±3,8	1,9 ±1,3	3,8 ±1,9	12,0 ±8,9	10,8 ±8,2
	M _I	1,0 ±0,0	1,1 ±0,1	1,1 ±0,1	1,4 ±0,1	1,1 ±0,0	1,1 ±0,1	1,1 ±0,1	1,1 ±0,1	1,1 ±0,1

Die unter Klimakammerbedingungen durchgeführten Untersuchungen wiesen stärker ausgeprägte Unterschiede im Wachstum der bei 13,5 °C bzw. 17,5 °C kultivierten Petunien auf (Abbildung 13, 12). Diese zeigten sich vor allem im Sprossfrisch- und Sprosstrockengewicht sowie für 'Fantasy Blue' ebenfalls in der Länge des Hauptsprosses.

Folgende AM-Effekte wurden an den Petunien der verschiedenen Sorten verzeichnet: Für die Sorte 'Fantasy Blue' wurde nur ein negativer Effekt beobachtet. BEG 104 führte in der Kühle zu einem verminderten Frischgewicht des Sprosses (-16 %; p<0,05; s. Anhang 7.1, Tabelle 36). BEG 104 führte ebenfalls an der Sorte 'Mitchell' zu einem hemmenden Effekt auf das Wachstum unter Kühle. Dieses zeigte sich in einem reduzierten Frisch- (-11 %; p<0,05) sowie Trockengewicht (-26 %; p<0,01) des Sprosses.

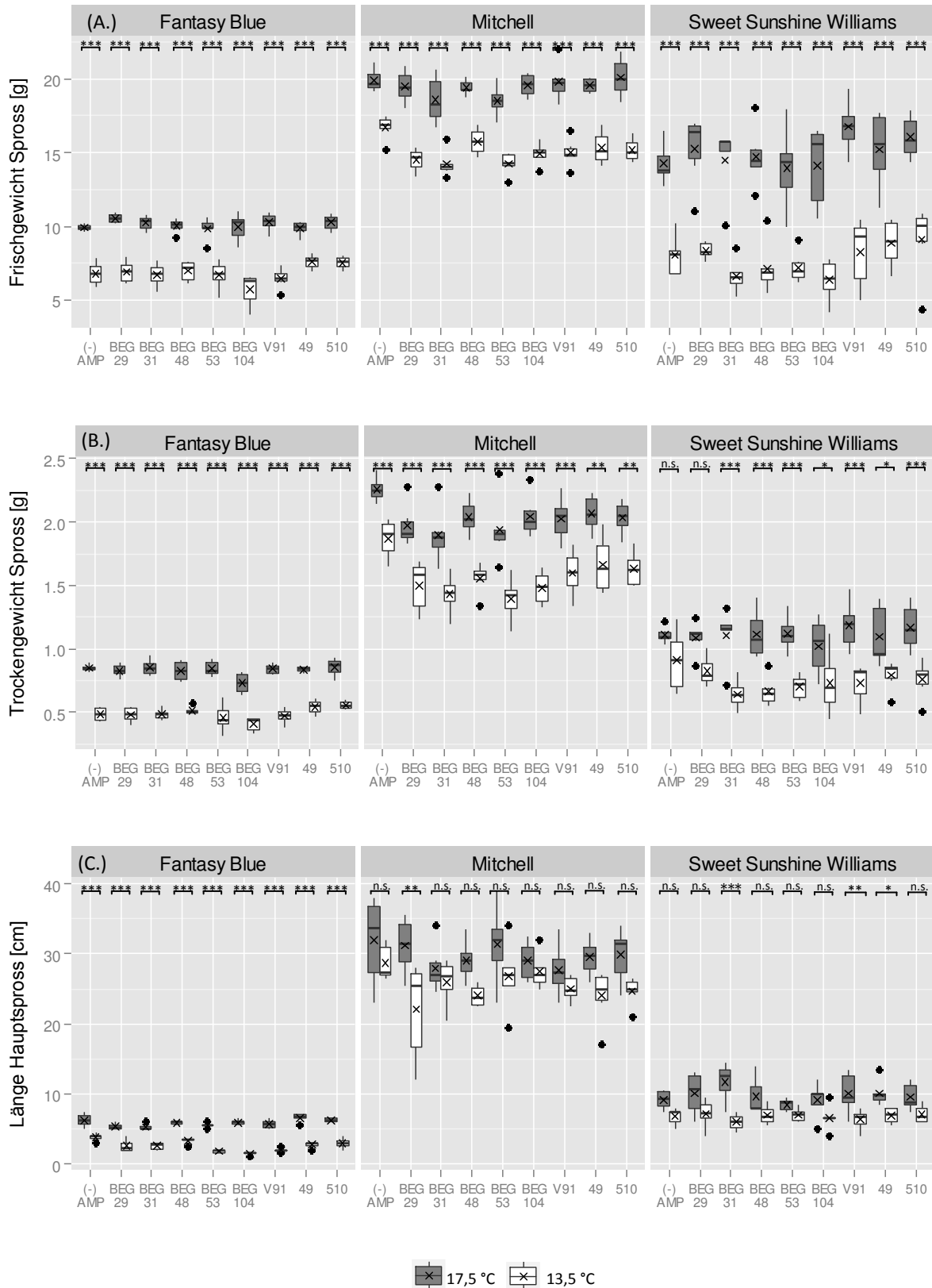


Abbildung 13: Einfluss der reduzierten Temperatur auf das Sprosswachstum von *Petunia x hybrida* 'Fantasy Blue', 'Mitchell' und 'Sweet Sunshine Williams' in Screening III. (A.) Frischgewicht, (B.) Trockengewicht und (C.) Länge des Hauptsprosses pro Petunie nach 4 Wochen unter Klimakammerbedingungen bei 17,5 bzw. 13,5 °C. AMP-Varianten: (-) AMP mykorrhizafreie Kontrolle und mit Isolat BEG 29, BEG 31, BEG 48, BEG 104, V91, 49 sowie 510 mykorrhizierte Petunien (n=6; GLM, MCP, Signifikanzcodes: '****' < 0,001 '***' < 0,01 '*' < 0,05; n.s. = nicht signifikant; x = arithmetisches Mittel)

Weitere negative Einflüsse auf das Frischgewicht des Sprosses wurden durch BEG 29 (-13 %; $p < 0,01$), BEG 31 (-15 %; $p < 0,001$), BEG 53 (-25 %; $p < 0,001$), BEG 104 (-11 %; $p < 0,05$) sowie V 91 (-10 %; $p < 0,05$) hervorgerufen. Unter Wärme wurde jedoch kein Einfluss beobachtet. Diese Wuchshemmung bestätigte sich jedoch in der Trockenmasse. Hier wurde auch in der Wärme für Isolat BEG 29 (-13 %; $p < 0,01$), BEG 31 (-16 %; $p < 0,001$), BEG 53 (-14 %; $p < 0,001$) eine Reduktion in der Sprosstrockenmasse beobachtet. Für die Sorte 'Sweet Sunshine Williams' konnten keine signifikanten AM-Effekte unter beiden Temperaturen ermittelt werden.

Screening IV

In Screening IV bildeten alle AMP-Isolate eine Symbiose an Petunie aus (Tabelle 13). Die Besiedlung stand auch hier in Abhängigkeit von den einzelnen AMP-Isolaten. Lediglich die Isolate INOQ 1 und 2 führten in nahezu allen Sorten zu geringen Mykorrhizierungsfrequenzen von unter 10 %.

Tabelle 13: AMP-Besiedlung der Petunien 'Fantasy Blue', 'Mitchell' und 'Sweet Sunshine Williams' vor Temperaturabsenkung in Screening IV. M_F: Mittlere Mykorrhizierungsfrequenz [%]; M_I: Mittlere Mykorrhizierungsintensität; (-) AMP: Mykorrhizafreie Kontrolle; (s/t): Inokulum aus der (s) Standardvermehrung/ (t) „Targeted Inoculum Production“ (n=6; $\bar{x} \pm SD$)

Sorte	AMP-Besiedlung	AMP-Isolate								
		(-) AMP	36 (s)	36 (t)	139 (s)	139 (t)	BEG 144	INOQ 1	INOQ 2	INOQ 3
Fantasy Blue	M _F	0,0 ± 0,0	26,7 ± 11,5	15,4 ± 5,3	17,1 ± 14,5	15,9 ± 11,1	10,4 ± 6,2	8,4 ± 4,1	3,3 ± 3,4	12,1 ± 7,5
	M _I	1,0 ± 0,0	1,4 ± 0,2	1,2 ± 0,1	1,2 ± 0,1	1,2 ± 0,1	1,1 ± 0,1	1,1 ± 0,1	1,1 ± 0,1	1,2 ± 0,1
Mitchell	M _F	0,0 ± 0,0	25,8 ± 11,1	41,4 ± 9,1	33,8 ± 6,1	38,4 ± 6,7	34,3 ± 8,5	10,9 ± 9,3	6,3 ± 5,2	21,1 ± 3,6
	M _I	1,0 ± 0,0	1,5 ± 0,2	1,4 ± 0,1	1,4 ± 0,1	1,4 ± 0,1	1,4 ± 0,1	1,1 ± 0,1	1,1 ± 0,1	1,2 ± 0,0
Sweet Sunshine Williams	M _F	0,0 ± 0,0	14,6 ± 4,6	18,8 ± 9,8	25,3 ± 4,9	18,3 ± 13,5	5,4 ± 4,0	2,9 ± 1,9	8,3 ± 3,4	9,6 ± 4,9
	M _I	1,0 ± 0,0	1,1 ± 0,1	1,2 ± 0,1	1,3 ± 0,1	1,2 ± 0,2	1,1 ± 0,1	1,1 ± 0,1	1,1 ± 0,1	1,1 ± 0,1

In Screening IV konnten folgende AM-Effekte beobachtet werden (Abbildung 14): An der Sorte 'Fantasy Blue' führten die Isolate 36(s) (+ 35 %; $p < 0,025$; s. Anhang 7.1, Tabelle 37), 139 (s) (+21 %; $p < 0,025$), 139 (t) (+36 %; $p < 0,025$) sowie INOQ 2 (+34 %; $p < 0,025$) zu einem erhöhten Sprossfrischgewicht in der Kühle. Unter 17,5 °C wurde ebenfalls eine Wachstumsförderung im Sprossfrischgewicht für die Isolate 36(s) (+17 %; $p < 0,05$), 36(t) (+19 %; $p < 0,01$), 139(s) (+21 %; $p < 0,01$) sowie BEG 144 (+22 %; $p < 0,01$) verzeichnet. Dieses bestätigte sich in der Trockensubstanz für 139(s) (+27 %; $p < 0,025$). Das Trockengewicht des Sprosses war in der Kühle in den mykorrhizierten Varianten um im Mittel 6 (INOQ1) bis 36 % 36(s) erhöht. Diese Unterschiede erwiesen sich jedoch nicht als signifikant.

Für die Sorten 'Mitchell' und 'Sweet Sunshine Williams' wurden unter beiden Temperaturen keine signifikanten AM-Effekte verzeichnet. Das Isolat BEG 144 führte jedoch in Kombination mit 'Mitchell' zu einem leicht erhöhten Frisch- (+6 %) sowie Trockengewicht (+11 %) des Sprosses.

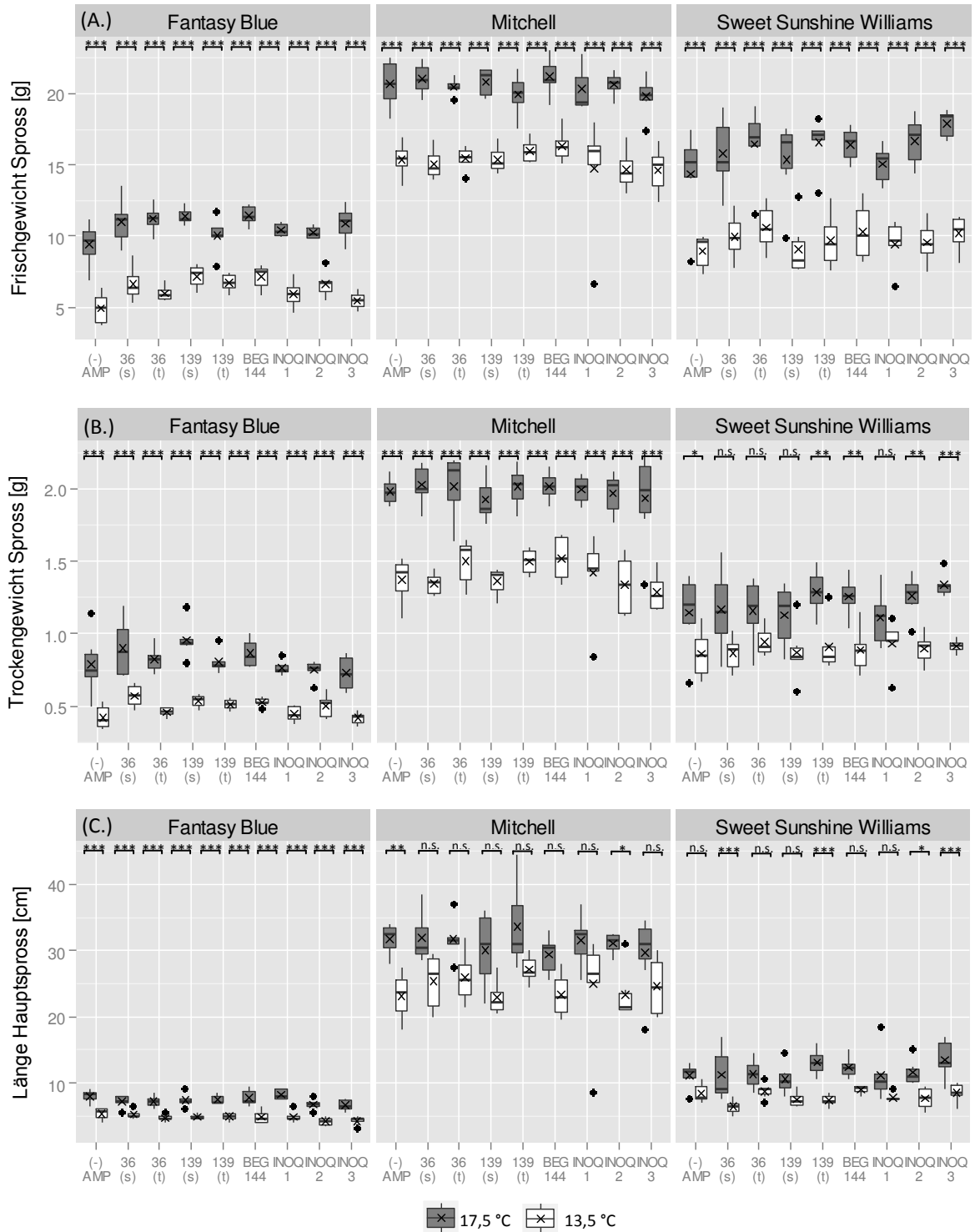
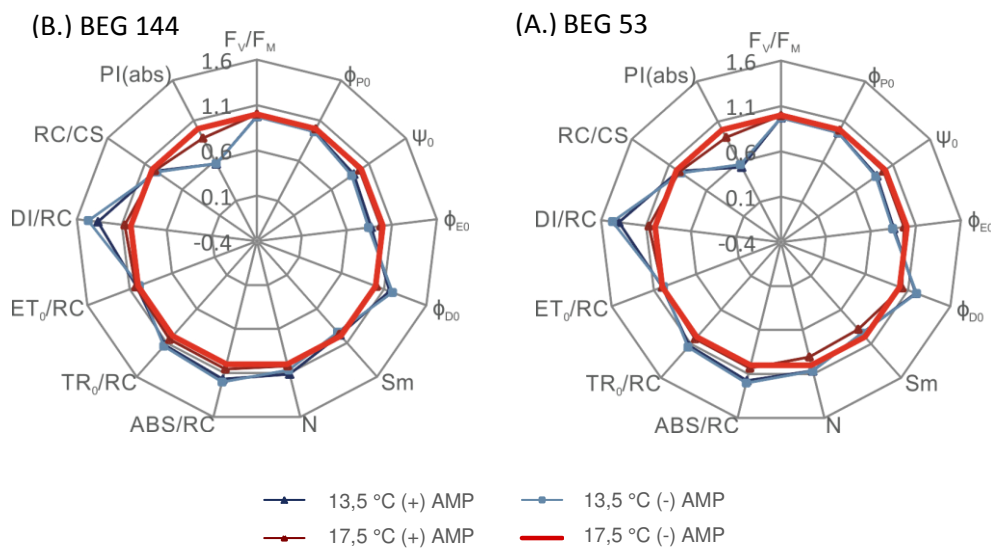


Abbildung 14: Einfluss der reduzierten Temperatur auf das Sprosswachstum von *Petunia x hybrida* 'Fantasy Blue', 'Mitchell' und 'Sweet Sunshine Williams' in Screening IV. (A.) Frischgewicht, (B.) Trockengewicht und (C.) Länge des Hauptsprosses pro Petunie nach 4 Wochen unter Klimakammerbedingungen bei 17,5 bzw. 13,5 °C. AMP-Varianten: (-) AMP mykorrhizafreie Kontrolle und mit Isolat 36(s), 36(t), 139(s), 139(t), BEG 144 sowie INOQ 1-3 mykorrhizierte Petunien (n=6; GLM, MCP, Signifikanzcodes: '***' < 0,001 '**' < 0,01 '*' < 0,05; n.s. = nicht signifikant; x = arithmetisches Mittel)

Chlorophyllfluoreszenz

Die Messung der Chlorophyllfluoreszenz wurde an Petunien 28 Tage nach Beginn der Temperaturbehandlung durchgeführt. Zuvor war eine Messung aufgrund der Blattgröße nicht möglich. Ausgewählte Parameter der Chlorophyllfluoreszenz sind für die Isolate BEG 144 sowie BEG 53 relativ zur mykorrhizafreien, warmen Variante aus Screening I in Abbildung 15 dargestellt. Ein Einfluss der reduzierten Temperatur (13,5 °C) im Vergleich zur Normaltemperatur (17,5 °C) wurde sowohl in den mykorrhizafreien als auch in den mit BEG 53 und BEG 144 inokulierten Pflanzen erkennbar (Abbildung 15).



(C.) Signifikante Unterschiede in ausgewählten Chlorophyllfluoreszenzparametern für den Vergleich zur mykorrhizafreien, bei Normaltemperatur (17,5 °C) kultivierten *Petunia x hybrida* 'Mitchell'

Parameter	(-) AMP		BEG 144		BEG 53
	13,5 °C	17,5 °C	13,5 °C	17,5 °C	13,5 °C
F_v/F_M	***	n.s.	***	n.s.	***
Φ_{P0}	***	n.s.	***	n.s.	***
Ψ_0	***	n.s.	**	n.s.	***
Φ_{E0}	***	n.s.	***	n.s.	***
Φ_{D0}	***	n.s.	***	n.s.	***
Sm	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
N	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
ABS/RC	***	n.s.	**	n.s.	**
TR_0/RC	**	n.s.	**	n.s.	**
ET_0/RC	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
DI/RC	***	n.s.	**	n.s.	**
RC/CS	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
$PI(abs)$	***	n.s.	***	n.s.	***

Abbildung 15: Ausgewählte Chlorophyllfluoreszenzparameter für *Petunia x hybrida* 'Mitchell' 28 Tage nach Temperaturabsenkung. (A.) BEG 144 mykorrhizierte (B.) BEG 53 mykorrhizierte Varianten relativ zur mykorrhizafreien (-)AMP, bei Normaltemperatur (17,5 °C) kultivierten *Petunia x hybrida* 'Mitchell' (C.) Signifikante Unterschiede für die angegebenen Vergleiche (n=6, GLM, MCP, Signifikanzcodes: '***' < 0,001 '**' < 0,01 'n.s.' = nicht signifikant)

Die reduzierte Temperatur wirkte sich direkt auf die Grund- und die maximale Fluoreszenz aus. Dieses verdeutlicht der Basisparameter F_V/F_M , der häufig zur Stressfrüherkennung eingesetzt wird. Er beschreibt die verringerte Quantenausbeute der primären Photochemie von Photosystem II durch Kühle, die leicht reduziert war (-3 %).

Stärkere Unterschiede konnten in den Parametern des O-J-I-P-Tests beobachtet werden. Darunter befinden sich Parameter, die die Quantenausbeute im Detail beschreiben (ϕ_{P0} , Ψ_0 , ϕ_{E0}). Sie weisen auf eine verringerte Quantenausbeute der primären Photochemie hin (ϕ_{P0}). Diese ist leicht reduziert (-4 % in (-) AMP und BEG 53; -3 % BEG 144). Ψ_0 beschreibt, dass die Wahrscheinlichkeit der Trapping-Energie Elektronen über Q_A hinaus in die Elektronentransportkette zu übertragen, unter Kühle deutlich verringert ist (-13 % (-) AMP, $p < 0,001$) und deutet auf eine verminderte Dunkelreaktion hin. Dieser Parameter erwies sich für die mykorrhizierten Pflanzen unter 13,5 °C als nicht so stark reduziert (-8 % BEG 144; -9 % BEG 53). Die Unterschiede zur 17,5 °C-Variante waren nicht signifikant. In der Folge der Verminderung in ϕ_{P0} und Ψ_0 ist die gesamte Effizienz der Elektronenübertragung in die Transportkette auf Basis der absorbierten Strahlung reduziert (ϕ_{E0}): Für die mykorrhizafreie Kontrolle wurde eine Reduktion um 16 % sowie um 8 % bzw. 12 % für die mit BEG 144 bzw. BEG 53 mykorrhizierten Petunien berechnet.

Die verringerte Quantenausbeute spiegelt sich auch in den Parametern für spezifische Energieflüsse wider (ABS/RC, TR_0 /RC, DI /RC). Sie charakterisieren die Funktionsfähigkeit der Reaktionszentren von Photosystem II. Durch die Kühle erwies sich der absorbierte Photonenfluss (ABS/RC; +20 %) und der Trapping-Energiefluss pro Reaktionszentrum (TR_0 /RC; +15 %) als erhöht. Gleichzeitig wurden ähnlich hohe Elektronentransportraten pro Reaktionszentrum (ET_0 /RC) erzielt. Hier wurde lediglich ein leichter Rückgang durch die Kühle beobachtet (-1 %, n.s.). In den mit BEG 53 und BEG 144 mykorrhizierten Petunien erwies sich dieser Parameter bei beiden Temperaturen als unverändert. Folglich musste mehr Strahlung absorbiert werden, um ähnlich hohe Elektronentransportraten zu erzielen. Eine Ursache liegt in dem Anstieg der dissipierten d.h. ungenutzten Energiemenge bei 13,5 °C im Vergleich zu 17,5 °C. Die dissipierte Energie pro Reaktionszentrum (DI /RC) erhöhte sich stark: in den mykorrhizafreien Kontrollen um 47 % und in den mit BEG 144 bzw. BEG 53 besiedelten Pflanzen um 37 % bzw. 40 %. Ein ähnlicher Anstieg wurde in der Quantenausbeute dissipierter Energie (ϕ_{D0}) beobachtet: Für die mykorrhizafreie Kontrolle wurde ein Anstieg um 20 % sowie für die mykorrhizierten Varianten 17 % (BEG 144) bzw. 19 % (BEG 53) berechnet.

Unverändert blieb die Energiemenge, die zum Schließen aller Reaktionszentren benötigt wird (S_m), die Anzahl der Q_A Reduktionen zwischen Zeitpunkt ($t=0$) und Erreichen der ma-

ximalen Fluoreszenz ($t=F_M$) sowie die Dichte der Q_A -reduzierenden Reaktionszentren in Photosystem II (RC/CS).

Deutlich wirkte sich jedoch die reduzierte Temperatur auf den Multiparameter PI(abs) aus. Dieser Performance Index beschreibt die Photosyntheseleistung pro Chlorophyllmolekül, die sich in der Kontrolle um 43 % und in den AMP-Varianten um 44 % (BEG 144) bzw. 38 % (BEG 53) reduzierte.

An dieser Stelle sollen die Parameter PI(abs) sowie DI/RC für die dissipierte Energie betrachtet werden. Die Untersuchung bezieht sich auf die Sorten 'Famous Dark Blue' sowie 'Mitchell' mit den AMP-Isolaten aus Screening I (Abbildung 16).

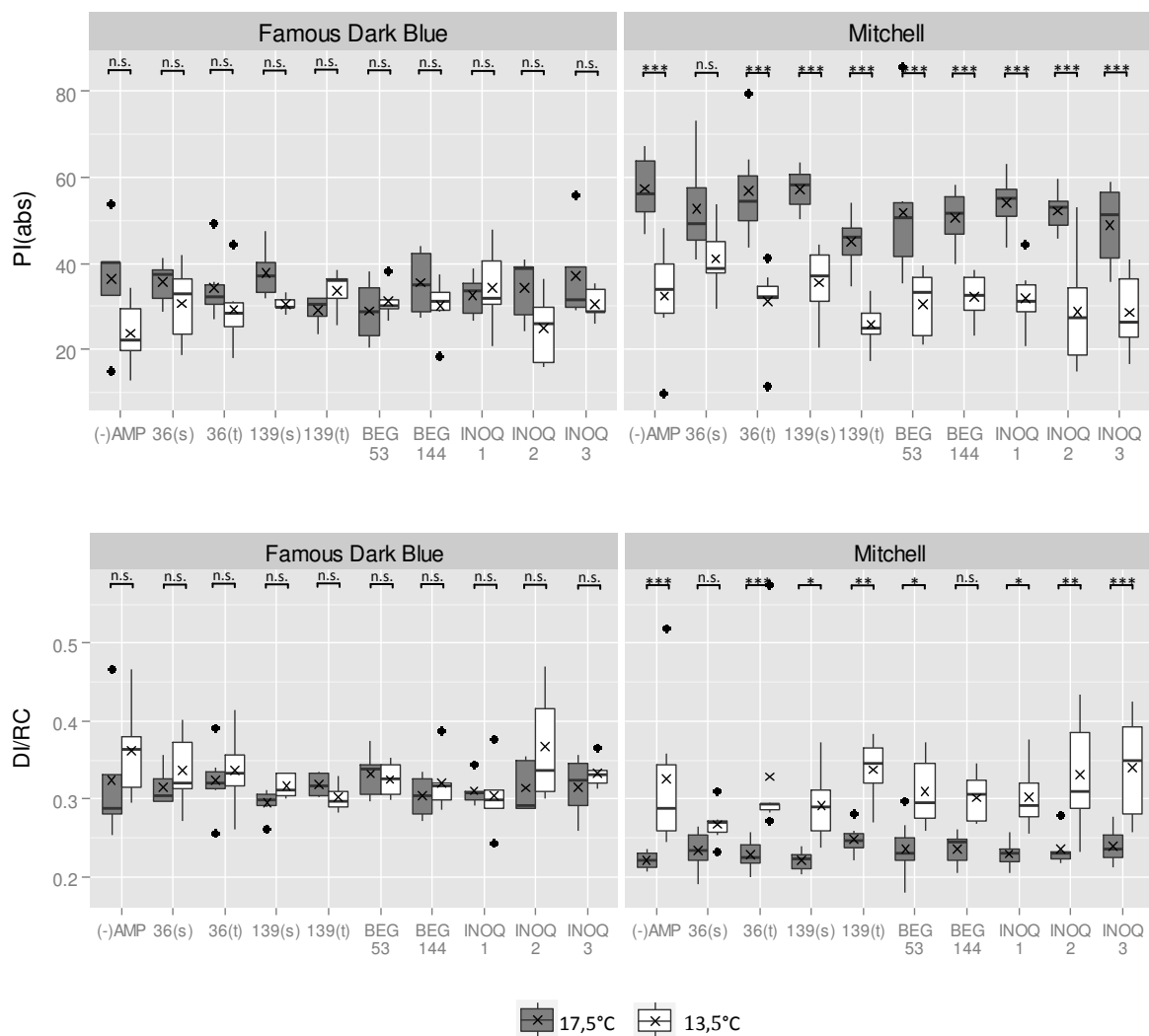


Abbildung 16: Einfluss der Temperaturreduktion auf die Chlorophyllfluoreszenz-Parameter Performance Index (PI(abs)) sowie dissipierter Energiefluss pro Reaktionszentrum (DI/RC) gemessen an *Petunia hybrida* 'Famous Dark Blue' sowie 'Mitchell'. 28 Tage nach Kultur unter 17,5 bzw. 13,5 °C. (n=6; GLM, MCP, Signifikanzcodes: '*' < 0,001 '**' < 0,01 '*' < 0,05; n.s. = nicht signifikant; x = arithmetisches Mittel).**

Die Chlorophyllfluoreszenzparameter PI(abs) sowie DI/RC weisen deutliche Unterschiede für die Sorten 'Famous Dark Blue' und 'Mitchell' auf. Für die Sorte 'Mitchell' konnte anhand beider Parameter ein deutlicher Einfluss der auf 13,5 °C reduzierten Temperatur gezeigt werden. Die Photosyntheseleistung nahm im Mittel um 43 % ab sowie die dissipierte Energie um 47 % zu ($p < 0,001$). Der für die Sorte 'Famous Dark Blue' berechnete PI(abs) erwies sich insgesamt geringer als der PI(abs) der Sorte 'Mitchell'. Die Reaktion auf die Kühle war geringer ausgeprägt, sie betrug für den PI(abs) im Mittel nur 35 % und der Anstieg in DC/RC 12 %. Die Parameter bestätigen somit die anhand der Wachstumsparameter aufgezeigten Reaktionen auf die Kühle in Screening I und II.

Die AM führte zu keinerlei signifikanten, positiven Einflüssen auf die Parameter PI(abs) und DI/RC unter beiden Temperaturen. Lediglich 36 (s) führte zu einem erhöhten PI(abs) (+26 %) und einem reduzierten DI/RC (-18 %) unter Kühle. Dieser Effekt erwies sich jedoch als nicht signifikant. Darüber hinaus ist anzumerken, dass dieses Isolat nur zu einer minimalen Mykorrhizierung ($M_F < 5 \%$) und keinerlei Wachstumsförderung führte.

Zwischenfazit

Die in Screening I gezeigten Wachstumsförderungen der Isolate BEG 53 sowie BEG 144 auf das Wachstum der Petunie 'Mitchell' konnten in Screening III und IV nicht vollständig bestätigt werden. Vielmehr zeigte sich für Isolat BEG 53 in Screening III ein gegenteiliges Ergebnis - eine Hemmung des Wachstums. Für BEG 144 erwies sich die Steigerung in der Biomasse unter Kühle deutlich geringer als in Screening I. Als problematisch wird in diesem Zusammenhang ein in Screening III und IV nachgewiesener Befall mit Calibrachoa Mottle Virus (CbMV) angesehen. Wechselwirkungen zwischen Viren und Pilzen können nicht ausgeschlossen werden (s. 2.4).

Die zuverlässige AMP-Besiedlung mit BEG 53 und BEG 144 in allen Screenings, die Ergebnisse der Chlorophyllfluoreszenz hinsichtlich der Quantenausbeute sowie die interessanten Ergebnisse des Screenings I an 'Mitchell' führten zu einer weiteren Überprüfung ihrer Wirkung unter Kühle. An virusfreiem Pflanzenmaterial bestätigte sich ihre fördernde Wirkung bei 13,5 °C. Das Pflanzenmaterial aus dieser Versuchswiederholung bildete direkt die Grundlage für die Stoffwechsel- und Transkriptomuntersuchungen (Kapitel 3). Die Ergebnisse sind in Kapitel 3 dargestellt.

2.4 Diskussion

Die reduzierten Temperaturen wirkten sich limitierend auf Wachstum und Entwicklung der Poinsettien und Petunien aus. Beide Kulturen erwiesen sich, wie bereits von SALTVEIT et al. (1990) und WALWORTH & WARNER (2009) beschrieben, als kühlempfindlich. Ihre Sorten unterschieden sich jedoch in der Sensitivität deutlich und bildeten mit ihrer unterschiedlichen genetischen Konstitution die Grundlage dieser Studie. Die Sortenunterschiede und der damit verbundene Einfluss der Kühle zeigten sich für die Petunie in allen erhobenen Wachstumsparametern und insbesondere im Frischgewicht des Sprosses. An den Weihnachtssterne wirkte die Kühle in erster Linie auf die Entwicklung und das Wachstum der ökonomisch bedeutsamen Brakteen. Dieses ist auf die Temperaturabsenkung während des Kurztages zurückzuführen. Dieser Zeitpunkt wurde aus dem Blickwinkel der gartenbaulichen Praxis gewählt: Die auf die Weihnachtszeit ausgerichtete Produktion von Poinsettien bedingt, dass die Kurztagsbedingungen mit dem Ziel der Brakteenausbildung während des Winterhalbjahres etabliert werden. Da dieser Zeitraum hinsichtlich einer Energieeinsparung mittels Temperaturreduktion von Bedeutung ist, wurde dieses Entwicklungsstadium als Versuchszeitpunkt ausgewählt.

Die AM führte unter reduzierten Temperaturen zu einzelnen Effekten. Diese standen in Abhängigkeit von der Kombination aus Wirtspflanzensorte und AMP-Isolat. An Poinsettien traten – trotz einer guten Symbioseausbildung in beiden Sorten – mehr AM-Effekte in Kombination mit der kühlesensitiven Sorte 'Christmas Spirit' auf. Dagegen konnten keinerlei Wirkungen an der ebenfalls kühlesensitiven Petuniensorte 'Sweet Sunshine Williams' beobachtet werden. Auch an der kühletoleranteren Sorte 'Famous Dark Blue' führte die AMP-Besiedlung zu keinen wachstumsfördernden Effekten. Vielmehr waren die verzeichneten Einflüsse an 'Famous Dark Blue' negativer Art. Darüber hinaus erwiesen sich die AMP-Isolate, die unter reduzierten Temperaturen zu einer erhöhten Biomasse der Wirtspflanzen führten, in beiden Kulturen als nicht identisch. Die AM-Effekte standen hierbei nicht in Abhängigkeit von der Besiedlungsintensität. Dieses weist auf induzierte AM-Effekte hin, für welche die Intensität der Mykorrhizierung nicht ausschlaggebend ist. Außerdem besiedelten die AMP-Isolate die Wirtspflanzenarten sowie ihre Sorten verschieden stark. Diese aufgezeigte spezifische Symbioseausbildung sowie ihre Wirkung steht in Einklang mit den Ergebnissen von VARMA & SCHÜEPP (1994) sowie KLIRONOMOS (2003). Das verdeutlicht, dass eine Vorhersage von AM-Effekten kaum möglich ist. Vielmehr weisen diese Ergebnisse auf die Bedeutung einer Auswahl von relevanten Kombinationen aus Wirtspflanze und AMP-Isolat im Rahmen von Screenings für die Untersuchung spezifischer Effekte hin.

An *Euphorbia pulcherrima* 'Christmas Spirit' besaß insbesondere das Isolat 139(t) einen fördernden Einfluss auf das Wachstum der Brakteen und den gesamten Spross der Poinsettien unter Kühle. Die Unterschiede zwischen den bei 15,0 und 17,5 °C kultivierten Pflanzen waren in den verschiedenen Parametern gering bis nicht nachweisbar. An *Petunia x hybrida* führte die AM unter Kühle insbesondere an der Sorte 'Mitchell' zu Effekten: Verschiedene Isolate bewirkten ein erhöhtes Sprossfrischgewicht. Eine Wachstumsförderung bestätigte sich lediglich für BEG 53 und BEG 144 auch in dem Trockengewicht. Für die anderen Isolate kann die Ursache des erhöhten Frischgewichtes auf einen größeren Wassergehalt im Spross durch die AM zurückgeführt werden (HAYEK et al. 2012). Darüber hinaus wiesen die mit BEG 144 mykorrhizierten 'Mitchell' einen deutlich längeren Hauptspross auf. Im Gegensatz dazu führte die Besiedlung mit BEG 53 an der Sorte 'Mitchell' zu einem kompakteren Wachstum, der Hauptspross erwies sich als deutlich kürzer. Welche Mechanismen an den beschriebenen wachstumsfördernden AM-Effekten beteiligt sein können, wird in Kapitel 3 näher untersucht und diskutiert.

An beiden Kulturen wurden auch wachstumshemmende AM-Effekte beobachtet. Insbesondere führten die Isolate BEG 104 sowie V91, unabhängig von ihrer Besiedlungsintensität, zu einem verminderten Brakteen- und Sprosswachstum an Poinsettien sowie einem reduzierten Wachstum der Petunien. Diese Effekte waren nicht ausschließlich auf die niedrigere Temperatur begrenzt. Verschiedene Literaturquellen bestätigen, dass die AM ein weites Spektrum von negativen bis positiven Wirkungen auf Wirtspflanzen besitzt (VARMA & SCHÜEPP 1994; JOHNSON et al. 1997; KLIRONOMOS 2003). Eine mögliche Ursache für negative Auswirkungen ist ein starker Kohlenstoffentzug durch die AMP unter gleichzeitig geringem Nutzen durch die AM für die Pflanze (THOMSON et al. 1994; SCHROEDER & JANOS 2004). Dieses kann insbesondere unter schlechten Lichtbedingungen (JOHNSON et al. 1997), hohen Phosphatgehalten im Boden (GRAHAM & EISSENSTAT 1994), frühen Symbiosestadien (DICKSON et al. 1999) oder bei sehr starker Besiedlung der Wurzeln des Symbiosepartners auftreten. Aufgrund der geringen Besiedlungsintensitäten in den vorliegenden Versuchen ist diese Ursache jedoch als unwahrscheinlich einzustufen (FACELLI et al. 2010). Eine weitere Ursache für Wuchshemmungen kann in der Phosphoraufnahme der Pflanze liegen. Diese ist in AM-Pflanzen über zwei Wege möglich, die direkte P-Aufnahme über die Wurzel sowie über die Hyphen der AMP und die anschließende Translokation in die Wurzel des Symbiosepartners (SMITH et al. 2009). Über radioaktiv markiertes Phosphat konnten PEARSON & JAKOBSEN (1993) zeigen, dass *G. caledonium* zur Inaktivierung der direkten P-Aufnahme führte. In der Folge erwies sich die Phosphor-Bilanz als reduziert. SMITH et al. (2009) sehen darin eine weitere mögliche Ursache für eine, AM-spezifische und durch unterschiedliche Signaltransduktion hervorgerufene, Hemmung des Wachstums durch AMP.

Ein weiterer negativer Einfluss kann durch Wechselwirkungen mit anderen Mikroorganismen oder Viren hervorgerufen werden. Es ist davon auszugehen, dass sich die Virusinfektion mit CbMV, welches über das gelieferte Stecklingsmaterial eingeführt wurde, auf die AM-Effekte auswirkte. In den Screenings III und IV konnte ein Befall an der Petunie 'Mitchell' nachgewiesen werden. In diesen Versuchen konnten AM-Effekte, die sich an CbMV-freien Pflanzen gezeigt hatten, nicht bestätigt werden. Eine Interaktion zwischen Wirtspflanze, AMP und Virus kann nicht ausgeschlossen werden: In Untersuchungen zur Wirkung von AM gegenüber Viren wird das System Wirtspflanze-Pathogen-AM i.d.R. gezielt ausgewählt und die Auswirkung auf das Virus untersucht. Die Wirkung der AM gegenüber Viren zeigte sich in verschiedenen Studien sowohl hemmend (MAFFEI et al. 2014) als auch fördernd (SHAUL et al. 1999; RÚA et al. 2013). Vielmehr verdeutlichten MIOZZI et al. (2011), dass Interaktionen zwischen Viren und AMP auf genetischer Ebene nicht auszuschließen sind. Sie zeigten z. B., dass die AMP die Genexpression virusinduzierender Gene limitierte. Folglich ist für eine Untersuchung von Interaktionen zwischen AMP und Wirtspflanze virusfreies Pflanzenmaterial unabdingbar.

Die arbuskuläre Mykorrhiza kommt in nahezu allen terrestrischen Ökosystemen vor (SMITH & READ 2008) und besiedelt unter natürlichen Bedingungen verschiedenste Habitate. In vielen dieser Lebensräume herrschen im Laufe des Jahres überwiegend Temperaturen unter 15 °C (TIBBETT & CAIRNEY 2007). Diese AMP könnten ein Potential für die Adaption der Wirtspflanze an kühle Temperaturen besitzen. So wurden in der vorliegenden Arbeit gezielt AMP aus kühleren Ökosystemen eingesetzt. Für die untersuchten AMP-Isolate aus kühlen Ökosystemen (Finnland, Kanada, Russland) konnte jedoch kein grundsätzlich positiver Einfluss auf die Pflanzen unter Kühle festgestellt werden. Zu beachten ist dabei, dass die bereitgestellten Isolate bereits über längere Zeiträume für wissenschaftliche Zwecke genutzt wurden. Ihre Vermehrung erfolgte dafür unter optimalen Bedingungen, d.h. unter Temperaturen, die oberhalb der im natürlichen Lebensraum herrschenden Temperaturen liegen.

Vielmehr zeigte sich jedoch eine positive Wirkung durch das im Rahmen der „Targeted Inoculum Production“ unter gezielt kühleren Temperaturen vermehrte AMP-Isolat 139(t) in Kombination mit der Poinsettie 'Christmas Spirit'. Das Ziel dieser Vermehrungsmethode liegt in der Selektion von gewünschten Eigenschaften durch abiotischen Stress während der Vermehrung. Die genetische Variabilität, auf deren Grundlage die Selektion basiert, ist hierbei auf die Eigenschaften der AMP und des Inokulums zurückzuführen: Die Hyphen der AMP sind unseptiert sowie multinukleat (SMITH & READ 2008). Dabei können die Nuklei heterokaryotisch sein (BEVER & MORTON 1999; SMITH & READ 2008). Darüber hinaus ist das Inokulum i.d.R. genetisch nicht sehr homogen, denn das Ausgangsmaterial beruht häufig auf einer Mehrsporenkultur (FELDMANN & GROTKASS 2002). Für die Selektion gewünschter Ei-

genschaften ist davon auszugehen, dass die Stärke des abiotischen Stresses und die Anzahl der Vermehrungszyklen eine große Rolle spielen. Beim Stressor Temperatur wird die Höhe der Temperaturabsenkung jedoch insbesondere durch das Wurzelwachstum und die erfolgreiche AMP-Besiedlung der Wurzeln begrenzt. Sie konnte in der vorliegenden Arbeit im Mittel auf 17 °C reduziert werden. Die Vermehrung erfolgte in zwei Zyklen.

Die Methode der „Targeted Inoculum Production“ konnte bereits erfolgreich für verschiedene pH-Werte des Bodens eingesetzt und dadurch eine Verbesserung der Besiedlungsfähigkeit der AMP an Wirtspflanzen unter abiotischem Stress erzielt werden (FELDMANN & GROTKASS 2002). FELDMANN & GROTKASS (2002) merken jedoch an, dass die AM-Effekte von weiteren Einflussfaktoren abhängen und dementsprechend nicht vollständig vorhersagbar sind. In der vorliegenden Arbeit erwies sich die Methode der „Targeted Inoculum Production“ als nicht uneingeschränkt erfolgreich. Das Isolat 139(t) bewirkte lediglich an der Poinsettie 'Christmas Spirit' eine positive Wirkung. Keine Effekte wurden für Isolat 36(t) beobachtet. Grundsätzlich wird in der beschriebenen Methode ein Potential für die erfolgreiche Anpassung gesehen. Eine Optimierung könnte durch den Einsatz einer stressspezifischen Wirtspflanze während der Vermehrung sowie die Durchführung weiterer Vermehrungszyklen erzielt werden. Darüber hinaus sollte in zukünftigen Untersuchungen die „Targeted Inoculum Production“ auch für die aus kühlen Ökosystemen stammenden AMP-Isolate überprüft werden.

Die Parameter der Chlorophyllfluoreszenz wurden bereits in verschiedenen Untersuchungen als nicht destruktive Methode für die Detektion von Kühlestress eingesetzt (FRACHEBOUD et al. 1999; STRAUSS et al. 2006). Die berechneten Modellparameter verdeutlichten in der vorliegenden Arbeit als Reaktion auf die Kühle eine reduzierte Quantenausbeute, Funktionsfähigkeit der Reaktionszentren und Photosyntheseleistung sowie ein Anstieg in der dissipierten Energie. Dabei reagierten die Petunien mit stärkeren Veränderungen als die Poinsettien. Für die Bewertung der Photosyntheseleistung werden vorrangig der Performance Index (PI(abs)) sowie die Menge der dissipierten Energie pro Reaktionszentrum (DI/RC) als geeignet angesehen. Der PI(abs) kombiniert die drei wesentlichen Schritte der photosynthetischen Aktivität: die Absorption der Lichtenergie, das Sammeln der Anregungsenergie sowie die Übertragung der Anregungsenergie auf die Elektronentransportkette (STRAUSS et al. 2006). Dieser Parameter wird auch in anderen Arbeiten als sensitiv und geeignet für die Stressdetektion bewertet (CORREA et al. 2006; STRAUSS et al. 2006; PAGTER et al. 2008).

Die Parameter PI(abs) und DI/RC wiesen auf eine leichte Adaptation der Poinsettien an die reduzierten Temperaturen nach 8 Wochen unter 15,0 °C hin. Darüber hinaus bestätigten die Parameter die Sortenunterschiede beider Kulturen hinsichtlich Toleranz und Sensitivität

gegenüber Kühle. Für die Poinsettien war diese Beurteilung nur auf Grundlage der Fluoreszenzmessung an den empfindlicheren Brakteen möglich. Grundlage bildet hier der verbleibende, jedoch geringe Chlorophyllgehalt der Brakteen. WOODROW & GRODZINSKI (1987) sowie KANNANGARA & HANSSON (1998) konnten trotz hoher Anthocyangehalte sowohl in den ursprünglich grünen und dann der Umfärbungsreaktion unterliegenden Blättern als auch in den direkt rot gebildeten Brakteen Chlorophyll nachweisen.

In verschiedenen Untersuchungen konnte ein deutlicher Einfluss der AM auf die Parameter der Chlorophyllfluoreszenz beobachtet werden. CORREA et al. (2006) konnten eine Erhöhung des PI(abs) durch AMP beobachten, dieser Effekt stand jedoch in deutlicher Abhängigkeit vom Pflanzenalter und der Stickstoffernährung. PINIOR et al. (2005) konnten eine AM-induzierte Trockentoleranz an *Rosa x hybrida* anhand verschiedener Chlorophyllfluoreszenzparameter, darunter PI(abs) sowie DI/RC, charakterisieren. Die Ergebnisse der vorliegenden Arbeit stehen im Gegensatz dazu. Die Parameter der Chlorophyllfluoreszenz konnten kaum AM-Effekte aufzeigen. Lediglich in der Quantenausbeute konnten für einzelne Isolate Veränderungen verzeichnet werden. Folglich kann in dieser Studie die Beurteilung sowie Charakterisierung von AM-Effekten unter abiotischem Stress nicht allein auf der Grundlage der Chlorophyllfluoreszenz bewertet werden. Vielmehr müssen umfangreichere Parameter für Wachstum, Entwicklung, physiologische und molekulargenetische Veränderungen berücksichtigt werden.

Insgesamt verdeutlichen die im Rahmen dieses Kapitels präsentierten Untersuchungen, dass die AMP zu wachstumsfördernden Effekten an Petunie und Poinsettie unter reduzierten Kulturtemperaturen führen können. Welche Mechanismen an den beschriebenen Effekten beteiligt sind, soll in Kapitel 3 anhand von physiologischen und molekularbiologischen Analysen charakterisiert werden. Dazu wurden die in diesem Kapitel untersuchten Kombinationen aus Isolat 139 (t) und *Euphorbia pulcherrima* 'Christmas Eve' bzw. 'Christmas Spirit' sowie Isolat BEG 53 und BEG 144 an *Petunia x hybrida* 'Mitchell' für weitere Versuche ausgewählt.

3 Charakterisierung physiologischer und molekulargenetischer Veränderungen durch eine Symbiose zwischen arbuskulären Mykorrhizapilzen und *Euphorbia pulcherrima* bzw. *Petunia x hybrida* unter Kühlestress

Zusammenfassung

In dem vorliegenden Kapitel wurden die in Kapitel 2 ausgewählten Kombinationen aus AMP-Isolat und Wirtspflanzensorte physiologisch und molekularbiologisch untersucht. Das Ziel lag in der Charakterisierung von Veränderungen durch reduzierte Kulturtemperaturen, der AM-Symbiose sowie deren Kombination. Dafür wurden Kühleversuche mit dem *Glomus etunicatum* Isolat 139 (t) an *Euphorbia pulcherrima* 'Christmas Eve' und 'Christmas Spirit' sowie den *G. intraradices* Isolaten BEG 53 und BEG 144 an Petunie 'Mitchell' durchgeführt.

Für die Poinsettien wurde der Kohlenhydrathaushalt untersucht. Es zeigte sich ein deutlicher Sortenunterschied. Die kühesensitivere Sorte 'Christmas Spirit' wies im Mittel geringere Kohlenhydratgehalte auf als die kühletolerantere 'Christmas Eve'. Des Weiteren führte die Kühle an dieser Sorte nach 49 Tagen zu einem Anstieg löslicher Zucker, insbesondere der Saccharose, sowie Stärke in Sink- und Sourcegewebe.

Für die Petunie 'Mitchell' wurde der Kohlenhydrat-, der Phytohormonhaushalt sowie das Transkriptom untersucht. Die reduzierte Temperatur führte nach 21 Tagen zu erhöhten Glucose- und Fructosegehalten im Sourcegewebe. Die mit BEG 144 mykorrhizierten Petunien wiesen bereits nach 7 Tagen höhere Gehalte dieser auf. AMP-Isolat und Kühle besaßen jedoch keinen signifikanten Einfluss auf den Phytohormonhaushalt der Petunie. Die Microarray-Analyse verdeutlichte, dass sowohl die AM-Symbiose als auch die Kühle zu signifikanten Veränderungen im Transkriptom führte. Unter Kühle induzierte die AM Proteine, die für die Adaptation an Kühlestress bekannt sind und führte zu einer Kompensation unter Kühle.

3.1 Einleitung

Pflanzen reagieren auf Kühle und andere Umwelteinflüsse mit vielfältigen Veränderungen, sie können sich auf metabolische Prozesse sowie auf die Genexpression auswirken. Nach Perzeption, d.h. Wahrnehmung des Stresses, entstehen Signale, die über Signalkaskaden zur Regulation von Transkriptionsfaktoren führen. Es folgt die Aktivierung von Genen als Stressantwort, die für Proteine codieren und deren Expression zu einer Stresstoleranz führen kann (Abbildung 17). Insgesamt kann zwischen spezifischen und unspezifischen Stressreaktionen unterschieden werden (SCHULZE et al. 2005). Dabei führt Kühlestress nicht nur durch direkte Effekte zu Veränderungen, sondern auch indirekt z.B. durch osmotischen oder oxidativen Stress (CHINNUSAMY et al. 2007). Zu berücksichtigen ist, dass verschiedene Pflanzenarten sowie tolerante und sensitive Pflanzensorten unterschiedlich auf Kühlestress reagieren (RUELLAND & COLLIN 2012).

Für Kühlestress sind die Stresssensoren in Pflanzen noch nicht vollkommen identifiziert (CHINNUSAMY et al. 2010). Niedrige Temperaturen führen jedoch zu einer reduzierten Kinetik metabolischer Reaktionen, zu einer reduzierten Enzymaktivität (RUELLAND et al. 2009) und zu einem Verlust von Membranfunktionen (TAIZ & ZEIGER 2008; RUELLAND et al. 2009). Es ist davon auszugehen, dass die Plasmamembranen für die Stressperzeption eine wichtige Bedeutung besitzen (CHINNUSAMY et al. 2010). Zellmembranen unterliegen einer temperaturabhängigen Veränderung in ihrer Fluidität, mit abnehmender Temperatur verfestigen sie sich (CHINNUSAMY et al. 2010; RUELLAND & COLLIN 2012). Dieser Effekt steht in Abhängigkeit des Gehalts an ungesättigten Fettsäuren, die als Kühleschutz vermehrt in Membranen eingebaut werden können (STAMP 1996). Eine Verfestigung der Membranen kann sich auf alle Membranprozesse und integrale Membranproteine auswirken, darunter z. B. die Funktion der Ionenkanäle, Elektronentransfer und Wassertransport (RUELLAND et al. 2009). Temperaturabsenkungen können des Weiteren zu Konformationsänderungen von Proteinen und Nukleinsäuren (CHINNUSAMY et al. 2007; RUELLAND & COLLIN 2012) sowie zur Depolymerisation von Mikrotubuli und Mikrofilamenten des Cytoskeletts führen (RUELLAND & COLLIN 2012).

Alle diese Faktoren können als mögliche Ursachen angesehen werden, Veränderungen im Metabolismus und folglich Veränderungen in Metabolitkonzentrationen hervorzurufen (CHINNUSAMY et al. 2010). Von besonderer Bedeutung ist die Calciumionenkonzentration im Cytosol, diese steigt sehr schnell unter Kühleinfluss an (RUELLAND & COLLIN 2012). Diese Reaktion wird durch die Temperaturdifferenz - nicht durch die absolute Temperatur - kontrolliert (RUELLAND & COLLIN 2012). Calciumionen können darüber hinaus auch indirekt durch calciumregulierende oder -interagierende Proteine, darunter z. B. Kinasen und

Phospholipasen, Signalkaskaden regulieren. In der Folge werden Transkriptionsfaktoren induziert (RUELLAND & COLLIN 2012).

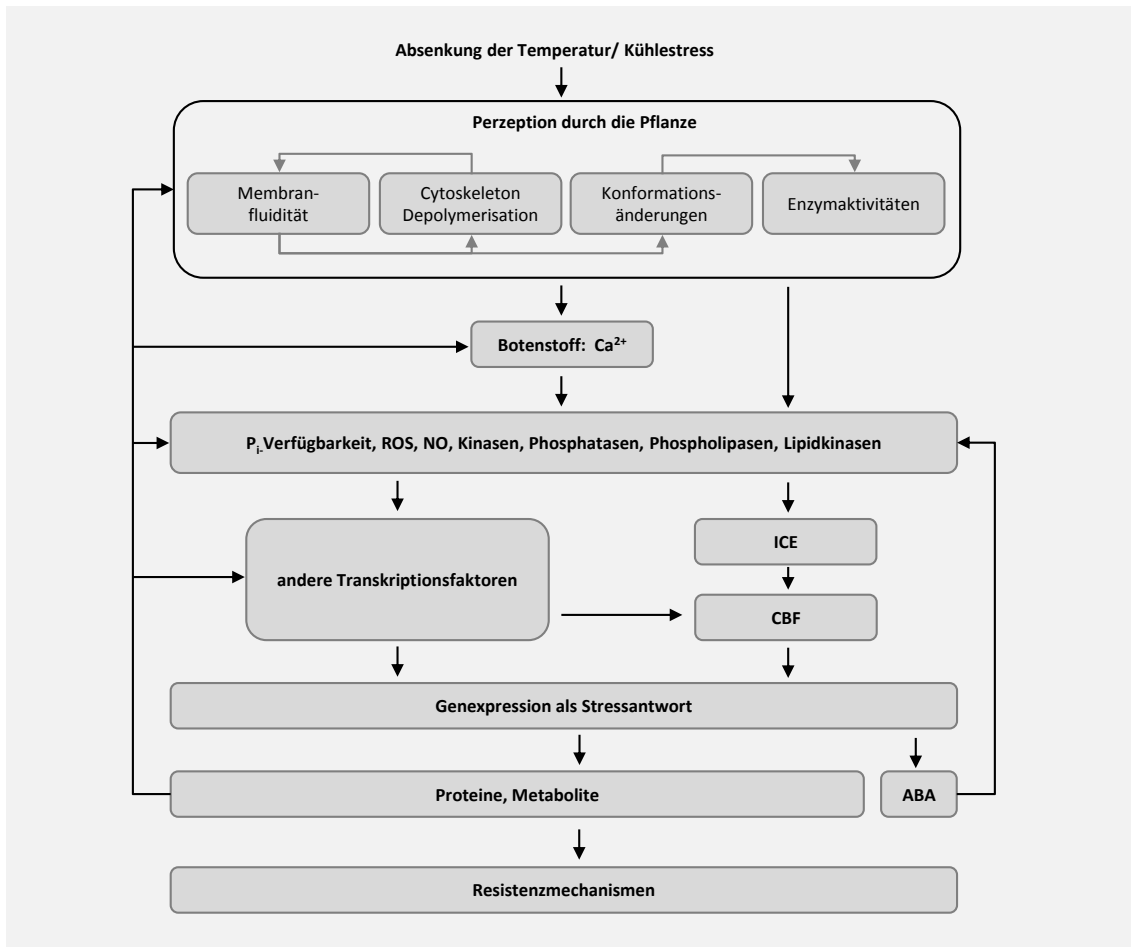


Abbildung 17: Schematische Darstellung möglicher Reaktionen von Pflanzen auf Kühle (verändert nach RUELLAND & COLLIN 2012). Nach Perzeption der Kühle auf zellulärer Ebene entstehen Signale, die über Signalkaskaden zur Expression von Transkriptionsfaktoren führen. Von besonderer Bedeutung sind dabei die Botenstoffe, insbesondere die Calciumionenkonzentration (Ca^{2+}), sowie der Transkriptionsfaktor ICE (Inducer of Cold Expression), welcher die Induktion von CBF (C-Repeat Binding Factors) kontrolliert. Es folgt die Aktivierung von Genen als Stressantwort, die für Proteine kodieren und deren Expression zu einer Stresstoleranz führen kann. Abscisinsäure (ABA) kann als sekundärer Botenstoff fungieren. Mögliche Wechselwirkungen sind durch die Pfeile dargestellt.

Reduzierte Temperaturen wirken sich außerdem bereits nach kürzester Zeit auf temperatursensitive Reaktionen der Photosynthese aus (Abbildung 18). Während der Lichtreaktion wird Strahlungsenergie durch die Photosysteme (PS) I und II in biochemische Energie umgewandelt und die für die Dunkelreaktion notwendigen Moleküle $\text{NADPH}+\text{H}^+$ und ATP werden bereitgestellt. In der Dunkelreaktion erfolgt die energieaufwändige Assimilation von CO_2 zu Kohlenhydraten. Dazu wird CO_2 im Calvin-Zyklus von Ribulose-1,5-bisphosphat (RubP) fixiert, das Produkt zerfällt in zwei 3-Phosphoglycerinsäure-Moleküle (3-PGS), welche unter Energieverbrauch zu 3-Phosphoglycerinaldehyd (3-PGA) reduziert werden. Der Großteil der Triosephosphate verbleibt für die Regeneration von Ribulose-1,5-

bisphosphat im Stroma. Ein Anteil wird im Austausch mit Phosphationen ins Cytoplasma transportiert und zur Bildung von Saccharose genutzt (RUELLAND et al. 2009).

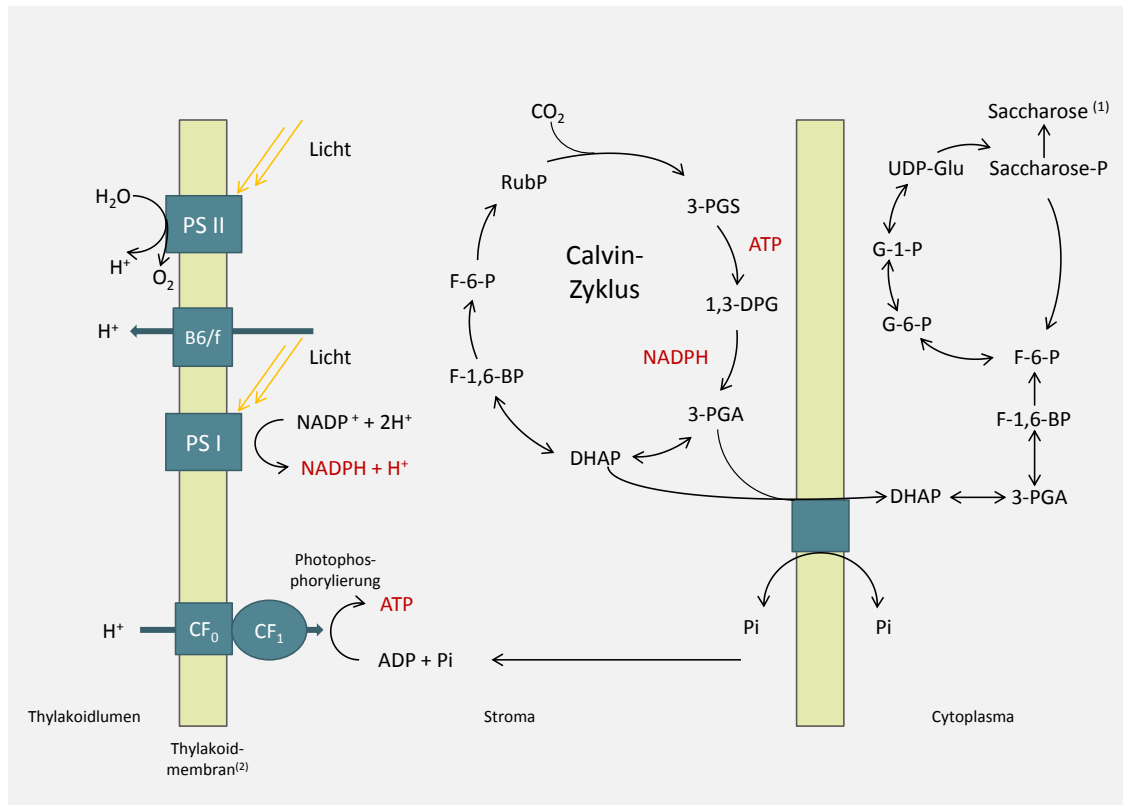


Abbildung 18: Schematische Darstellung der Photosynthese (verändert nach RUELLAND et al. 2009)

Abkürzungen: PS I: Photosystem I, PS II: Photosystem II, B6/f: Cytochrom-b6/f-Komplex, F- 1,6-BP: Fructose-1,6-bisphosphat, F-6-P: Fructose-6-Phosphat, CF0/CF1: Kopplungsfaktoren, RubP: Ribulose-1,5-bisphosphat, 3-PGS: 3-Phosphoglycerinsäure, 1,3-DPG: 1,3-Diphosphoglycerinsäure, 3-PGA: 3-Phosphoglycerinaldehyd, DHAP: Dihydroxyacetonphosphat, G-6-P: Glucose-6-Phosphat, G-1-P: Glucose-1-Phosphat, UDP-G: UDP-Glucose, Pi: Phosphationen

Hauptorte einer Schädigung durch kühle Temperaturen: ⁽¹⁾ Hemmung der Saccharose-Synthese im Cytosol

⁽²⁾ Hemmung des Elektronentransportes in der Thylakoidmembran

Unter reduzierten Temperaturen laufen die chemischen Reaktionen verlangsamt ab, wobei die Sensitivität einzelner Reaktionen gegenüber Temperaturen unterschiedlich stark ist (RUELLAND et al. 2009). Insbesondere können folgende Prozesse der Photosynthese betroffen sein: Die Hemmung der Saccharose-Synthese (Abbildung 18, (1)) führt zur Akkumulation phosphorylierter Zwischenprodukte, was sich wiederum in der rückläufigen Menge anorganischen Phosphats (P_i) im Cytoplasma bemerkbar macht (RUELLAND et al. 2009). Dieses führt zu einer reduzierten Photophosphorylierung von ADP zu ATP im Stroma, da der Zyklus zwischen dem Cytoplasma und dem Stroma gestört ist. Das limitiert wiederum die ATP-abhängige Regeneration von Ribulose-1,5-bisphosphat und damit die CO_2 -Fixierung (RUELLAND et al. 2009). Die Lichtreaktion ist dagegen weniger temperaturabhängig. In der Folge wird mehr Energie umgewandelt, als in den anschließenden metabolischen Reaktionen verbraucht werden kann (ENSMINGER et al. 2006; RUELLAND & COLLIN

2012). Das ist insbesondere unter hohen Lichtintensitäten der Fall (ALLEN & ORT 2001). Darüber hinaus kann es aufgrund erhöhter Membranviskosität zu einer Hemmung des Elektronentransportes in der Thylakoidmembran (Abbildung 18, (2)) kommen (ENSMINGER et al. 2006). Die Folge ist ein Anstieg reaktiver Sauerstoffspezies (ROS) (RUELLAND & COLLIN 2012). Diese schädigen verschiedene Bestandteile des Photosystems, darunter z. B. die D1-Komponente des PS II, und führen in der Folge zu Photoinhibition (ALLEN & ORT 2001). Da durch Kühle die Enzymaktivität der gegen ROS inaktivierenden Enzyme, z.B. Zink- und Kupfer-Dismutasen sowie Ascorbat-Peroxidasen, reduziert ist, kommt es zur ROS-Akkumulation und in der Folge zur Peroxidation von Membranlipiden (RUELLAND & ZACHOWSKI 2010; RUELLAND & COLLIN 2012). Ein Unterschied zwischen kühesensitiven und -toleranten Pflanzen kann in der Sensitivität der ROS abbauenden Enzyme unter Kühle liegen (TJUS et al. 2001 in RUELLAND et al. 2009).

Neben den genannten Botenstoffen wie die Ca^{2+} -Konzentration können weitere sekundäre Botenstoffe wie P_i , ROS, Stickstoffmonoxid und Abscisinsäure (ABA) sowie Enzyme, darunter Kinasen, Phospholipasen und Phosphatasen, an der Signalkaskade beteiligt sein (CHINNUSAMY et al. 2007; RUELLAND & COLLIN 2012). Das Stresshormon ABA kann unter Kühlestress akkumulieren und an der Aktivierung des Transkriptionsfaktors CBF (C-Repeat Binding Factors) beteiligt sein (RUELLAND & COLLIN 2012).

Folglich können Temperaturänderungen durch viele Sensoren auf Pflanzen wirken, die wiederum nicht völlig unabhängig voneinander betrachtet werden können (RUELLAND & COLLIN 2012). Die Aktivierung erfolgt nicht zeitgleich, vielmehr handelt es sich um spezifische Reaktionen auf unterschiedliche Temperaturbereiche und Dauer der Stresseinwirkung. Alle hier aufgezeigten Botenstoffe können an der Aktivierung von Transkriptionsfaktoren beteiligt sein, darunter insbesondere CBF und ICE (Inducer of Cold Expression). Beide Transkriptionsfaktoren besitzen eine zentrale Rolle bei der Genregulation unter Kühle, wobei ICE die Induktion von CBF kontrolliert (RUELLAND & COLLIN 2012). Das Resultat liegt in Veränderungen der Genexpression und die damit verbundene Synthese spezifischer, durch Kühle induzierter Proteine. Häufig werden unter Kühle sog. COR Gene (Cold Regulated Genes) hochreguliert sowie Gene, die an der Photosynthese beteiligt sind, reprimiert (JANSKÁ et al. 2010). Des Weiteren kann Kühle zur Synthese von Hitzeschockproteinen führen. Diese haben eine ähnliche Funktion wie molekulare Chaperone und stabilisieren die Struktur von Proteinen (TAIZ & ZEIGER 2008). Wichtig für die Membranstabilisierung und zum Schutz vor Denaturierung sind Dehydrine (JANSKÁ et al. 2010), die häufig in Form von LEA-Proteinen (Late Embryogenesis Abundant) akkumulieren (RUELLAND & COLLIN 2012). PR-Proteine (Pathogenesis-related proteins) werden nicht ausschließlich durch biotischen Stress induziert. Unter Kühle werden z.B. β -1,3-Glucanasen,

Thaumatococcus-ähnliche Proteine, Chitinasen und Lipid-Transfer-Proteine gebildet (JANSKÁ et al. 2010).

Die durch Kühle induzierte Genexpression sowie die direkte Wirkung der Temperatur kann zu Veränderungen im Metabolismus der Pflanze führen und in der Folge eine Akklimatisierung bzw. Toleranz hervorrufen (RUELLAND & ZACHOWSKI 2010). Davon betroffen sind insbesondere Veränderungen im Kohlenhydrat-, Aminosäure- und Sekundärstoffwechsel (JANSKÁ et al. 2010). GUY et al. (2008) sehen als zentralen Einfluss der Kühle den Kohlenhydratmetabolismus an. Diese kann z. B. zur Akkumulation löslicher Zucker, darunter z. B. Glucose, Fructose, Saccharose oder Raffinose führen (TANTAU & DÖRFLING 1991; KAPLAN et al. 2007; JANSKÁ et al. 2010). Darüber hinaus wurden Veränderungen hinsichtlich Stickstoffverbindungen aufgrund von reduzierten Temperaturen beobachtet (KRASSENSKY & JONAK 2012). An *Petunia x hybrida* wurde unter 5 °C die Akkumulation von Phenolen und insbesondere von Gentsisinsäure verzeichnet (PENNYCOOKE et al. 2005).

Welche physiologischen, biochemischen und molekulargenetischen Veränderungen durch eine Symbiose zwischen arbuskulären Mykorrhizapilzen und *Euphorbia pulcherrima* bzw. *Petunia x hybrida* unter Kühlestress hervorgerufen werden, soll im Folgenden untersucht werden. Grundlage dieser Versuche bilden die in Kapitel 2 ausgewählten Kombinationen zwischen AMP-Isolat und Wirtspflanzensorte. Im Mittelpunkt dieser Untersuchung steht für beide Kulturen der Kohlenhydrathaushalt. Für die Petunie wird darüber hinaus der Phytohormonhaushalt sowie das Transkriptom analysiert.

3.2 Material und Methoden

Die Versuche wurden wie unter 2.2.3 beschrieben unter Klimakammerbedingungen durchgeführt. Die Untersuchungen zum Kohlenhydrathaushalt erfolgten an Petunien und Poinsettien. Die Hormonanalytik und die Genexpressionsanalyse wurde lediglich an der Petunie 'Mitchell' durchgeführt. Bei den in Kapitel 2 ausgewählten AMP-Isolat-Kombinationen handelt es sich um Folgende:

Poinsettien: 'Christmas Spirit' und 'Christmas Eve', AMP-Isolat: 139(t)

Petunie: 'Mitchell', AMP-Isolate: BEG 144 und BEG 53

3.2.1 Entnahme der Proben

Die Pflanzenproben für die physiologischen Untersuchungen wurden wie folgt entnommen: An Petunie erfolgte die Entnahme an Tag 1, 7 und 21 nach Temperaturabsenkung. Beprobte wurde der Apex des Hauptsprosses von 1 bis 2 cm Länge als Sinkgewebe sowie

die zwei jüngsten voll entwickelten Blätter als Sourcegewebe. Den Sourceblättern wurden die Stichproben mittig, zwischen Mittelrippe und Blattrand, entnommen. An Poinsettien wurden die Proben an Tag 1, 14 und 49 entnommen. Als Sinkgewebe diente eine Probe aus dem obersten Blatt, welches eine Blattspreite von mindestens 3 cm Länge besaß. Bei dem beprobten Sourceblatt handelte es sich um ein voll entwickeltes, grünes Blatt, welches sich vier Blattetagen unterhalb des Sinkblatts befand.

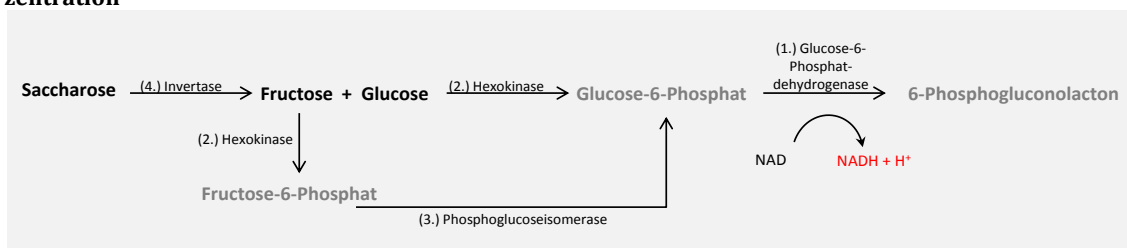
Die Beprobung erfolgte für beide Pflanzenarten sechs Stunden nach Ende der Dunkelperiode. Für jede Probe wurden 50-100 mg (Kohlenhydrat-), 100-150 mg (Hormon-) bzw. >200 mg (Transkriptomanalyse, s. 3.2.4) eingewogen und in flüssigem Stickstoff schockgefroren. Für alle anschließenden Analysen erfolgte die Lagerung der Pflanzenproben bei -80 °C bis zur weiteren Aufbereitung. Die beprobten Pflanzen wurden nach der Entnahme verworfen.

3.2.2 Untersuchungen zum Kohlenhydrathaushalt

Die Extraktion und Messung löslicher Zucker und Stärke erfolgte in Anlehnung an TRETHERWEY et al. (1998) und GERNNS (2000). Das Messprinzip basiert auf folgenden enzymatischen Reaktionen: Durch das Enzym Glucose-6-Phosphatdehydrogenase (1.) werden Glucose-6-Phosphat Moleküle zu 6-Phosphogluconolacton oxidiert. Hierbei wird NAD zu NADH+H⁺ reduziert. Anschließend wird die NADH+H⁺-Konzentration beim Extinktionsmaximum, einer Wellenlänge von 340 nm, photometrisch bestimmt. Glucose-6-Phosphat liegt einerseits in dem Pflanzengewebe vor, andererseits entsteht es durch die Zugabe von Hexokinase (2.) (Abbildung 19): Für die Bestimmung der Glucose- und Fructosekonzentration werden diese durch Hexokinase zu Glucose-6-Phosphat und Fructose-6-Phosphat phosphoryliert. Die Glucose-6-Phosphat-Moleküle durchlaufen die bereits beschriebene Reaktion. Durch die Zugabe von Phosphoglucoseisomerase (3.) wird Fructose-6-Phosphat zu Glucose-6-Phosphat umgewandelt. In einem weiteren Schritt folgt eine hydrolytische Spaltung der Saccharose durch Invertase (4.) in Glucose und Fructose.

Die jeweilige Kohlenhydratkonzentration wurde durch die Differenz der Extinktion vor und nach der Zugabe des spezifischen Enzyms ermittelt.

Abbildung 19: Enzymatische Reaktionen zur Bestimmung der Glucose, Fructose und Saccharose Konzentration



Probenaufbereitung

Nach dem Mörsern der Probe in flüssigem Stickstoff wurden die löslichen Zucker (Glucose, Fructose und Saccharose; GFS) in 1 ml Ethanol (80 %) extrahiert. Die Proben wurden bei 80 °C für 60 min inkubiert und nach zwei Zentrifugationsschritten (14 000 g, 20 min bei 4 °C) wurde der Überstand mit den löslichen Zuckern zurückgetrocknet. Dieses erfolgte für die Petunien wie folgt: 100 µl des Überstands wurden in Mikrotiterplatten bei 50 °C eingetrocknet. Für die Poinsettienproben wurde während der Zentrifugation Chlorophyll mit Aktivkohle gefällt. Getrocknet wurden 300 µl des GFS-Extraktes über Nacht bei 50 °C. Die Proben wurden bis zur photometrischen Messung bei -80 °C gelagert.

Das bei der ersten Zentrifugation entstandene Pellet bildete die Grundlage für die Stärkeextraktion. Dieses wurde mit Ethanol (80 %) und HPLC-Wasser gewaschen, bevor es in 400 µl KOH (0,2 N) resuspendiert wurde. Während der KOH-Inkubation über Nacht bei 4 °C und während einer Inkubationsphase von 2 Stunden bei 95 °C erfolgte das Aufbrechen der Stärke. Nach der Neutralisierung mit 70 µL Essigsäure (1 N) und einem weiteren Zentrifugationsschritt (14 000 g, 20 min) folgte die Spaltung der Stärke, bestehend aus Amylose und Amylopektin, durch Amyloglucosidase in Glucose. Dazu inkubierten 150 µL Aliquot der Proben mit 150 µL Amyloglucosidase (14 U je ml, in 50 mM NaAc, pH=5,2) über Nacht bei 37 °C. Anschließend wurde die Glucosekonzentration in 50 µl des Aliquot der Inkubationslösung photometrisch gemessen.

Photometrische Messung

Die photometrische Messung erfolgte an einem Mikroplattenreader (Petunien: µQuant, Bio-Tek Instruments INC, Software KC4 Kineticalc for Windows 3.01 Rev. 7; Poinsettien: Thermo Scientific Multiscan FC) bei 340 nm wie folgt: Die in den Mikrotiterplatten getrockneten Proben sowie Standards wurden in Puffer, bestehend aus NAD und ATP in 100 mM Imidazol-HCl und 5 mM Magnesiumchlorid (pH 6,9), gelöst. Die zurückgetrockneten Extrakte der Poinsettienproben wurden in 300 µL HPLC-Wasser gelöst und nochmals zentrifugiert (14 000 g, 20 min bei 4 °C). Für die Messung wurden 20 µl pro Probe mit dem o.a. Puffer eingesetzt. Für jede Probe wurden 2 technische Wiederholungen durchgeführt, die Anzahl der biologischen Wiederholungen ist für die jeweiligen Versuche in den Ergebnissen angegeben und lag zwischen 8-12.

Anschließend erfolgte die schrittweise Zugabe der Enzyme (1 µl/Well) und eine darauf folgende Inkubationsphase bei 37 °C. Konzentration sowie Dauer der Inkubationsphase sind für das jeweilige Enzym Tabelle 14 zu entnehmen. Die Aufzeichnung der Kinetik erfolgte über fünf Minuten.

Tabelle 14: Enzyme der Kohlenhydratanalyse, ihre eingesetzte Konzentration für 100 Proben sowie Länge der Inkubationsphase

Enzym	Konzentration [U/100 P]	Inkubationsphase bei 37 °C [min]
Glucose-6-P-Dehydrogenase	50	15
Hexokinase	50	20
Phosphoglucoseisomerase	17,5	25
Invertase	300	30

Berechnung der Zuckerkonzentration

Die Berechnung der Zuckerkonzentration je Gramm Frischsubstanz erfolgte für Glucose, Fructose und Saccharose nach Formel 3 und die Berechnung der Stärkekonzentration nach Formel 4:

$$F. 3: \text{Zuckerkonzentration} = \frac{\Delta H \cdot mV \cdot eV_{H_2O}}{E_{mM} \cdot eV_M \cdot FS \cdot k}$$

$$F. 4: \text{Stärkekonzentration in Glucoseeinheiten} = \frac{\Delta H \cdot mV \cdot eV_N \cdot iV}{E_{mM} \cdot A_M \cdot A_I \cdot FS}$$

Berechnung der Zucker- und Stärkekonzentration [$\mu\text{mol/g FM}$]

- ΔH = Differenzen der mittleren Extinktion nach Zugabe der einzelnen Enzyme
- mV = Messvolumen auf der Mikrotiterplatte [ml]
- eV_{H_2O} = totales Extraktvolumen in Wasser [ml]
- eV_M = Extraktvolumen auf der Mikrotiterplatte [ml]
- eV_N = Extraktvolumen nach Neutralisation [ml]
- iV = Inkubationsvolumen [ml]
- A_M = Aliquot der Probe auf der Mikrotiterplatte [ml]
- A_I = Aliquot der Probe bei Inkubation [ml]
- k = Koeffizient für Monosaccharide (= 1) bzw. Saccharose (= 2)
- FS = Frischsubstanz [g]
- E_{mM} = Extinktionskoeffizient des NADH [$\text{mL } \mu\text{mol}^{-1} \text{cm}^{-1}$]:
bezieht sich auf eine Schichtdicke von 1 cm und wurde vorher für das Messsystem anhand einer Kalibrationskurve mit NADH bestimmt.
 E_{mM} (μQuant) = $5,3 \text{ mL } \mu\text{mol}^{-1} \text{cm}^{-1}$
 E_{mM} (Multiscan FC) = $5,5 \text{ mL } \mu\text{mol}^{-1} \text{cm}^{-1}$

3.2.3 Untersuchungen zum Phytohormonhaushalt

Die quantitative Analyse der Phytohormone Indol-3-Essigsäure (IAA), Abscisinsäure (ABA) sowie Jasmonsäure (JA) erfolgte nach MÜLLER et al. (2002). Dazu wurden ausgewählte Proben der dreigliedrigen Aufbereitung, bestehend aus Extraktion der Hormone, Festphasenextraktion sowie Veresterung, unterzogen:

Extraktion der Phytohormone

Die Extraktion der Phytohormone aus dem bei $-80\text{ }^{\circ}\text{C}$ gelagerten Pflanzenmaterial erfolgte in 1 ml Methanol. Der gefrorenen Probe wurden fünf Stahlkugeln (Durchmesser 3 mm), Methanol sowie die Isotopenstandards $(^2\text{H})_2$ -IAA, $(^2\text{H})_6$ -ABA (jeweils 10,3 pmol) und $(^2\text{H})_6$ -JA (27,7 pmol) hinzugefügt. Nach dem Mahlen der Proben in einer Schwingmühle (Retsch MM301, Haan) folgte eine 15-minütige Inkubationsphase sowie drei Aufreinigungs- und Zentrifugationsschritte: Nach Zentrifugation (10 min, 13000 g) wurde der Überstand überführt. Das entstandene Pellet wurde in 300 μl Methanol resuspendiert und nach Inkubation (15 min) erneut zentrifugiert. Die gesammelten Überstände wurden einem weiteren Zentrifugationsschritt unterzogen. Analyt und Isotopenstandard in Methanol wurden abschließend in der SpeedVac (Savant SPD 11V, Fisher Scientific) bei $40\text{ }^{\circ}\text{C}$ für 30 min bei 300 mbar und anschließend bei 180 mbar über Nacht eingetrocknet. Bis zur Durchführung des nächsten Schritts erfolgte die Lagerung der Proben bei $-80\text{ }^{\circ}\text{C}$.

Festphasenextraktion

Zur Anreicherung der Analyten und Entfernung störender Substanzen wurde eine Festphasenextraktion durchgeführt. Dazu wurde die getrocknete Probe in 50 μl Methanol gelöst und mit 200 μl Diethylether versetzt.

Die Festphasenextraktion erfolgte über CHROMABOND® NH_2 Polypropylensäulen (Macherey-Nagel). Dazu wurden folgende Schritte durchgeführt:

1. Die Säulen wurden mit drei Füllungen (je 200 μl) Diethylether konditioniert. Anschließend erfolgte das Auftragen der Proben auf die Säulen.
2. Anschließend wurden diese mit zwei Säulenfüllungen Diethylether und jeweils drei Säulenfüllungen Chloroform/Isopopropanol (2:1, v/v) und Chloroform gewaschen; mit einer Säulenfüllung Diethylether wurde das Chloroform vertrieben.
3. Abschließend wurden die Säulen mit drei Füllungen angesäuertem Diethylether (4% Essigsäure, v/v) eluiert.

Die Eluate wurden unter gasförmigem Stickstoff bei Raumtemperatur evaporiert. Bis zur Durchführung des nächsten Schritts erfolgte die Lagerung der Eluate bei $-80\text{ }^{\circ}\text{C}$.

Veresterung

Unmittelbar vor der Messung erfolgte die Veresterung. Dazu wurden die getrockneten Proben in 50 μl Methanol resuspendiert und mit 200 μl etherischer Diazomethanlösung (20 % Diazomethan in Diethylether) methyliert. Nach einer Inkubation von 10 min erfolgte das Zurücktrocknen der Proben unter gasförmigem Stickstoff bei Raumtemperatur sowie anschließend das Lösen in 10 μl Ethylacetat.

Bestimmung der Hormonkonzentration mittels Gaschromatographie-Tandem-Massenspektrometrie (GC-MS/MS)

Die anschließende Messung erfolgte am GC-MS/MS: Pro Probe wurde 1 µl mittels Autoinjektor (Combi Pal, CTC Analytics AG, Schweiz) in das GC-MS/MS injiziert. Die Auftrennung erfolgte am Gaschromatographen (Varian CP-3800, Agilent, Santa Clara, CA, USA), die Fragmentierung am Ionenfallen-Massenspektrometer (Varian Saturn 2200). Die Einstellungen am GC und MS sind Anhang 7.2 zu entnehmen. Die Berechnung der Phytohormongehalte erfolgte durch das Verhältnis der Signale der Probe zu dem dazugehörigen isoto-
penmarkierten Fragment.

3.2.4 Transkriptomanalyse

Für die Analyse unterschiedlich exprimierter Gene in der Petunie 'Mitchell' durch reduzierte Kulturtemperatur und Mykorrhizierung mit dem AMP-Isolat BEG 144 wurde eine Microarray-Untersuchung durchgeführt. Für diese erfolgte die Probennahme in Anlehnung an die Entnahme der Proben für Hormon- und Zuckeranalytik (vgl. 3.2.1) jedoch mit folgenden Änderungen: Die Proben wurden an Tag 7 und 21 nach der Temperaturabsenkung entnommen. Beprobte Sourceblatt und Wurzel. Die Wurzelproben wurden nach dem groben Entfernen des Substrates in Eiswasser gewaschen und zügig in flüssigem Stickstoff schockgefroren. Bis zur RNA-Extraktion erfolgte die Lagerung der Proben bei -80 °C. Die Analysen wurden pro Variante mit drei Wiederholungen, jeweils bestehend aus gepoolten Proben von vier verschiedenen Pflanzen, durchgeführt.

Microarray-Chip

Für die Transkriptomanalysen wurde der Petunien Multi-Plex Microarray (8x60K, Design ID 48196) hergestellt von Fa. Agilent, erarbeitet von BREUILLIN et al. (2010), eingesetzt. Auf jedem Chip befinden sich 24816 Sequenzen von *P. hybrida* und *P. axillaris*, die zum Zeitpunkt der Entwicklung des Microarray-Chips in Genbank (15713), TIGR (4466) und Sol Genomics Network SGN (5135) verfügbar waren (BREUILLIN et al. 2010).

Isolation der Gesamt-RNA

Die Isolation der RNA erfolgte mittels Qiagen RNeasy Plant Mini Kit inklusive DNase Verdau (Qiagen RNase-Free DNase Set). Das Standardprotokoll wurde um einen zusätzlichen Waschpufferschritt nach dem DNase Verdau mit 700 µl TE-Puffer (10 mM Tris, 1mM EDTA in 70 % EtOH; pH 7,5) pro Säule optimiert. Reinheit und Konzentration der RNA wurden indirekt am Nanodrop (Nanodrop 2000c, Scientific Thermo) durch die OD 260/280 und OD 260/230 bestimmt.

Durchführung der Transkriptomanalyse

Die Durchführung der Transkriptomanalyse erfolgte durch OakLabs GmbH und umfasste folgende Schritte: Probenaufbereitung inklusive cDNA-Synthese und anschließender anti-sense cRNA-Synthese, Hybridisierung, Detektion der Signale und Umwandlung in Expressionsraten.

3.2.5 Statistische Auswertung

Transkriptomanalyse

Für die Normalisierung des vollständigen Datensatzes wurde die Quantil-Normalisierung nach BOLSTAD et al. (2003) eingesetzt. Diese erfolgte ebenfalls durch die Firma OakLabs GmbH. Die statistische Auswertung wurde anschließend mit Bioconductor in R (Version 3.0.2, R CORE TEAM 2013) durchgeführt: Um unterschiedlich exprimierte Gene zu finden, wurden für ausgewählte Kontraste und jedes einzelne Gen lineare Modelle nach SMYTH (2004) berechnet. Die ausgewählten Kontraste sind für die jeweiligen Ergebnisse aufgeführt (s. 3.3.4). Grundlage bildeten die logarithmierten Expressionsraten zur Basis zwei, wobei die Datensätze für die Organe „Wurzel“ und „Blatt“ getrennt betrachtet wurden. Für die Berechnung signifikanter Unterschiede zwischen einzelnen Kontrasten wurde die „Empirical Bayes“ Teststatistik berechnet. Die p-Werte dieser Teststatistik wurden nach BENJAMINI & HOCHBERG (1995) adjustiert. Eine Auswahl biologisch relevanter und statistisch signifikanter Gene erfolgte über eine Kombination aus mindestens 2-fachem Expressionsunterschied („log-2-fold-changes“, FC) und adjustierten p-Werten ($F. 5$):

$$F. 5: \log_2ratio = \log_2(Expressionsrate a) - \log_2(Expressionsrate b);$$

$$FC = |\log_2ratio|$$

Bedingung für die Auswahl statistisch signifikanter Gene: $FC > 1$ und $p < 0,05$

Die anschließende Annotierung der Sequenzdaten erfolgte nach AHKAMI et al. (2014). Diese basiert auf einer automatischen Zuweisung von Funktionen mittels BLASTX auf Grundlage der Datenbanken NCBI, NRPEP, TAIR8PEP sowie manuell auf Grundlage der Datenbanken PFAM und BRENDA (AHKAMI et al. 2014). Darauf aufbauend erfolgte eine Einteilung in 13 Funktionsklassen und je nach Klasse in weitere Untergruppen (s. Anhang 7.4., Tabelle 41). Die Anzahl der Gene pro Funktionsklasse variierte sehr stark. Für die Bewertung der Veränderungen hinsichtlich bestimmter Prozesse wurde der Anteil signifikant regulierter Gene im Verhältnis zu der Gesamtanzahl der jeweiligen Funktionsklasse betrachtet.

Physiologische Parameter

Die statistische Auswertung der Kohlenhydrat- und Hormongehalte erfolgte in R (Version 3.0.2, R CORE TEAM 2013). Für die Bestimmung signifikanter Unterschiede wurden generalisierte lineare Modelle (GLM) berechnet. Dabei wurde die Gaussverteilung als Verteilungsannahme eingesetzt. Es folgte eine Devianzanalyse inklusive F-Test sowie multiple Mittelwertvergleiche (MCP) für ausgewählte Kontraste (R-Package „multcomp“).

3.3 Ergebnisse

3.3.1 Einfluss der reduzierten Temperatur auf das Pflanzenwachstum

Die für die physiologischen und molekularbiologischen Untersuchungen durchgeführten Versuche wurden ebenfalls hinsichtlich verschiedener Wachstumsparameter 28 (Petunien) bzw. 56 Tage (Poinsettien) nach Temperaturdifferenzierung ausgewertet. Die Ergebnisse verdeutlichen, dass die reduzierte Kulturtemperatur sowohl an Petunien als auch an Poinsettien zu einer Reduktion des Wachstums und der Entwicklung führte (Anhang 7.3, Abbildung 36, 37). Die AM-Symbiose besaß folgende Einflüsse auf das Wachstum: BEG 144 bewirkte eine Wachstumsförderung an der Petunie 'Mitchell' hinsichtlich Sprossfrisch- und Sprosstrockenmasse sowie Länge des Hauptsprosses. Das Isolat BEG 53 besaß keinen Einfluss auf das Wachstum der Petunien. Darüber hinaus führte das AMP-Isolat 139 (t) an der Poinsettie 'Christmas Spirit' zu einer leichten Wachstumsförderung, die sich im Sprossfrisch- und Sprosstrockengewicht zeigte. Für die Sorte 'Christmas Eve' wurde kein Einfluss der AMP auf das Wachstum unter reduzierter Temperatur beobachtet.

Das Pflanzenmaterial dieser Untersuchungen ging in die Analyse der Kohlenhydrate und Phytohormone sowie in die Microarray-basierte Transkriptomanalyse ein.

3.3.2 Kohlenhydrathaushalt

Die Untersuchungen zum Kohlenhydrathaushalt erfolgten an Petunien und Poinsettien. Für beide Kulturen wurden Glucose-, Fructose-, Saccharose- sowie Stärkegehalte für Sink- und Sourcegewebe bestimmt. Dazu wurden verschiedene Zeitpunkte nach Beginn der Temperaturbehandlung betrachtet: Für beide Pflanzenarten erfolgte die erste Probenentnahme 24 Stunden (d1) nach Temperaturabsenkung. Für Petunien wurden die nächsten Proben an Tag 14 sowie 21 entnommen, an Poinsettien entsprechend der längeren Kultur- und Versuchszeit (s. 2.2.3) an Tag 14 und 49.

Kohlenhydrathaushalt: Poinsettien

Die in Abbildung 20 und 21 dargestellten Ergebnisse zeigen einen sortenspezifischen Unterschied in den Zuckergehalten: Die kühleempfindlichere Sorte 'Christmas Spirit' wies im Mittel geringere Kohlenhydratgehalte im Sinkgewebe sowie geringere Gehalte an Monosacchariden im Sourcegewebe auf als die Sorte 'Christmas Eve'.

Des Weiteren zeigten sich für die Sorte 'Christmas Spirit' leicht bis stark erhöhte Zuckergehalte in der Kühle (15,0 °C). Dieses war nach 24 Stunden und 14 Tagen nur vereinzelt, für die Glucosekonzentration im Sinkgewebe (Tag 1) und den Stärkegehalt im Sourcegewebe (Tag 14) der mykorrhizafreien Kontrollen, zu beobachten. 49 Tage nach Temperaturdifferenzierung zeigten sich deutliche Veränderungen in Sink- und Sourcegewebe hinsichtlich der Gehalte an Saccharose, Summe der löslichen Zucker (Glucose, Fructose und Saccharose) sowie der Stärke. Die Saccharosegehalte erwiesen sich bei 15,0 °C im Sinkgewebe im Mittel um das 2,2- bis 2,7-fache ((-) AMP: $p < 0,05$; BEG 144: $p < 0,01$) und im Sourcegewebe um das 1,2-fache (BEG 144: $p < 0,01$) erhöht. Dieses spiegelt sich auch in den jeweiligen Summen der löslichen Zucker wider. Die Differenz in den Summen der löslichen Zucker zwischen den 15,0 bzw. 17,5 °C-Varianten der mykorrhizierten Varianten erwiesen sich größer als in den mykorrhizafreien Kontrollen und führten zu signifikanten Unterschieden ($p < 0,01$). Die Stärkegehalte zeigten sich an Tag 49 im Sinkgewebe leicht (\emptyset 2,3 $\mu\text{mol/g FS}$; $p < 0,01$) und im Sourcegewebe stark erhöht. In der mykorrhizafreien Kontrolle waren diese im Sourcegewebe im Mittel um 16,4 $\mu\text{mol/g FS}$ und in der AM-Variante um 13,0 $\mu\text{mol/g FS}$ ($p < 0,001$), erhöht.

Für die Sorte 'Christmas Eve' sind dagegen im Sourcegewebe keine Veränderungen dieser Art im Gehalt der löslichen Zucker, sowohl einzeln als auch in der Summe betrachtet, zu beobachten (Abbildung 21). Vielmehr erwies sich der Fructosegehalt nach 49 Tagen in der Kühle als leicht reduziert, im Mittel um 2,67 $\mu\text{mol/g FS}$ in der mykorrhizafreien ($p < 0,05$) bzw. um 1,3 $\mu\text{mol/g FS}$ (n.s.) in der mykorrhizierten Variante. Der Stärkegehalt war jedoch auch an dieser Stelle bei 15 °C stark um 16,3 $\mu\text{mol/g FS}$ ((-) AMP) bzw. 24,6 $\mu\text{mol/g FS}$ (139(t)) erhöht. Im Sinkgewebe wurde an keinem Termin ein Einfluss der Temperatur auf die Stärkegehalte beobachtet. Die Kühle führte nach 49 Tagen lediglich zu einem leichten, signifikanten Anstieg im Fructosegehalt (+ 1,0 $\mu\text{mol/g FS}$; $p < 0,001$) sowie in der Summe der löslichen Zucker ((-)AMP: + 11,6 $\mu\text{mol/g FS}$; $p < 0,001$) der mykorrhizafreien Kontrollen. In den mykorrhizierten Pflanzen erwies sich hingegen der Glucosegehalt an Tag 49 unter 17,5 °C im Mittel leicht erhöht (139(t): +15 %; $p < 0,05$).

Insgesamt wurde für die Poinsettien unter Kühle kein signifikanter Effekt durch die Mykorrhiza auf den Kohlenhydrathaushalt beobachtet.

3 Charakterisierung physiologischer und molekulargenetischer Veränderungen

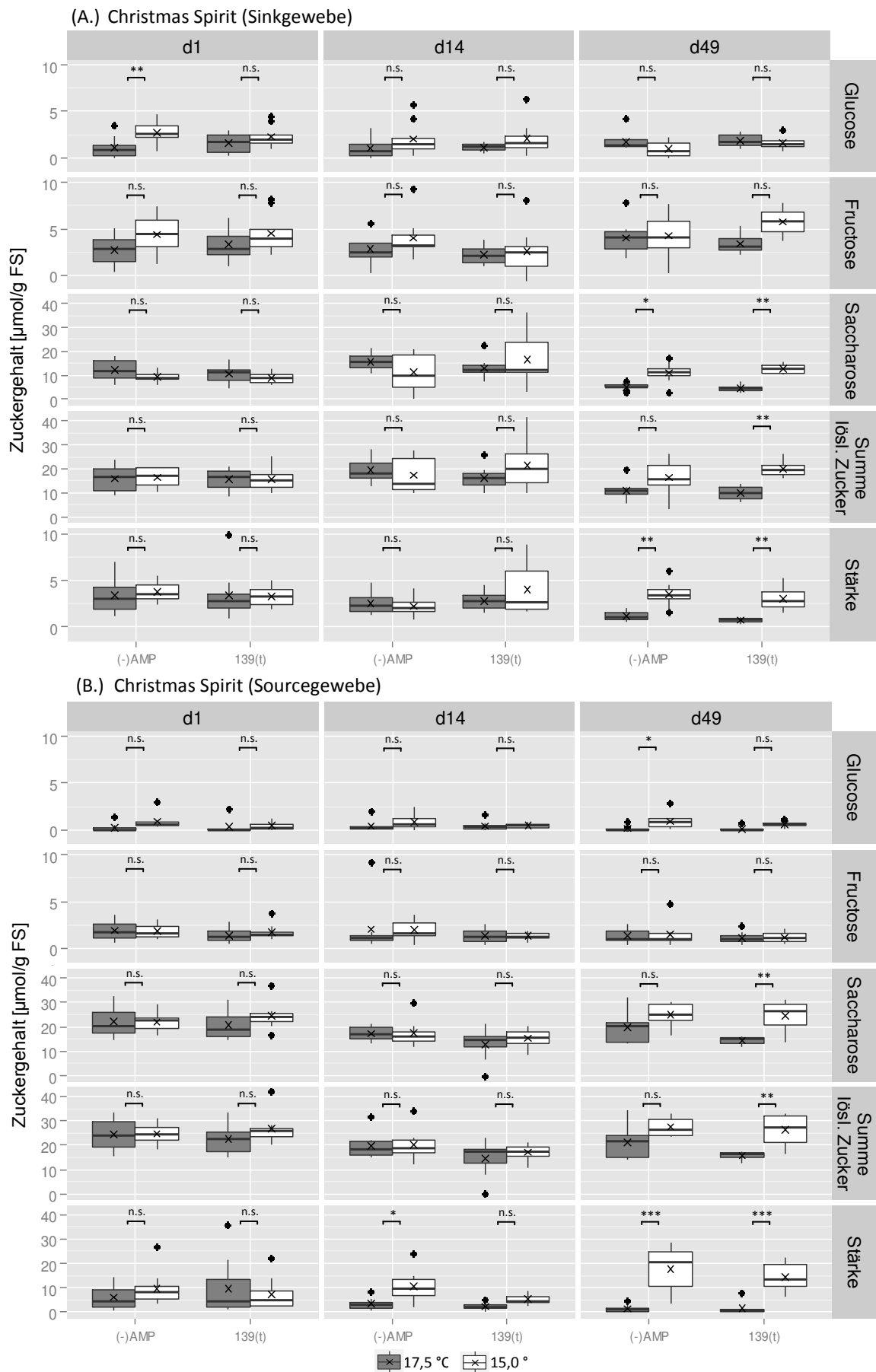


Abbildung 20: Einfluss der reduzierten Temperatur auf die Kohlenhydratgehalte der Poinsettie 'Christmas Spirit'. Glucose (G), Fructose (F), Saccharose (S), Summe löslicher Zucker (G+F+S) sowie Stärkegehalte [$\mu\text{mol/g FS}$] in Sink- (A.) und Sourcegewebe (B.) an Tag (d) 1, 14 und 49 nach Temperaturdifferenzierung. Die Stärkegehalte sind in Glucoseeinheiten angegeben. FS: Frischsubstanz; AMP-Varianten: mykorrhizafreie Kontrolle (-) AMP und mykorrhizierte Poinsettien mit Isolat 139(t), (n=8; GLM, MCP, Sign. codes: **** $< 0,001$ *** $< 0,01$ ** $< 0,05$; n.s. = nicht signifikant; x=arithmetisches Mittel)

3 Charakterisierung physiologischer und molekulargenetischer Veränderungen

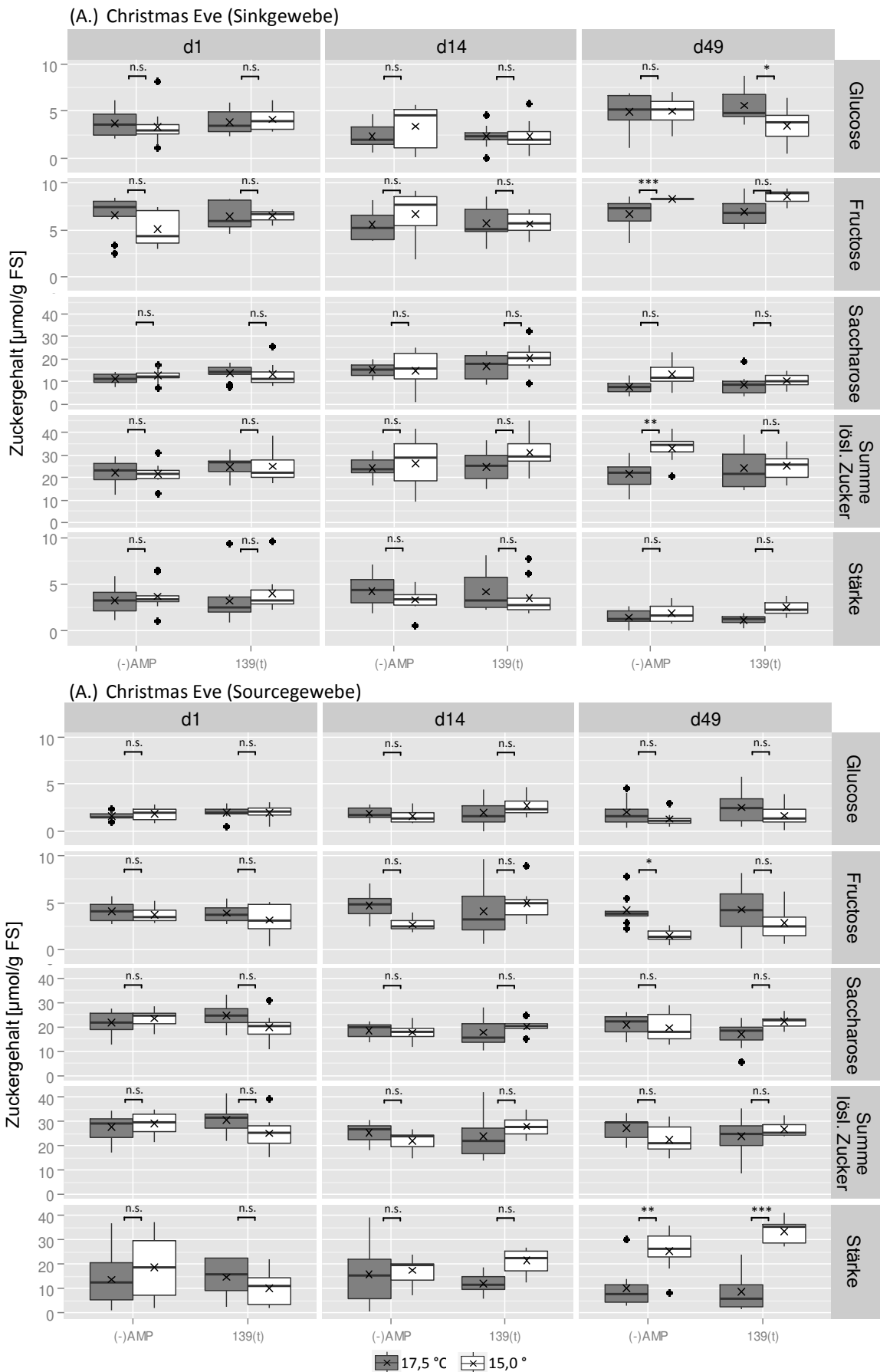


Abbildung 21: Einfluss der reduzierten Temperatur auf die Kohlenhydratgehalte der Poinsettie 'Christmas Eve'. Glucose (G), Fructose (F), Saccharose (S), Summe löslicher Zucker (G+F+S) sowie Stärkegehalte [$\mu\text{mol/g FS}$] in Sink- (A.) und Sourcegewebe (B.) an Tag (d) 1, 14 und 49 nach Temperaturdifferenzierung. Die Stärkegehalte sind in Glucoseeinheiten angegeben. FS: Frischsubstanz; AMP-Varianten: mykorrhizafreie Kontrolle (-) AMP und mykorrhizierte Poinsettien mit Isolat 139(t), (n=8; GLM, MCP, Sign. codes: **** < 0,001 *** < 0,01 ** < 0,05; n.s. = nicht signifikant; x=arithmetisches Mittel)

Kohlenhydrathaushalt: Petunien

Die reduzierten Temperaturen führten auch in der Petunie 'Mitchell' zu Veränderungen im Kohlenhydrathaushalt (Abbildung 22, 23). 24 Stunden nach Beginn der Temperaturbehandlung zeigten sich erste Unterschiede im Saccharosegehalt der Apexproben (Abbildung 22). In den nicht mykorrhizierten Kontrollpflanzen erwiesen sich diese in der Kühle im Mittel um 52 % ($p < 0,001$) reduziert. In den AM-Varianten zeigte sich dieser Unterschied mit 24 % (BEG 144) bis 29 % (BEG 53) als etwas geringer, war jedoch nicht signifikant. Nach 7 Tagen zeigte sich ein umgekehrtes Bild: In der Kühle waren die Saccharosegehalte um das 4,9-fache (BEG 53; n.s.) bis 7,0-fache ((-) AMP; $p < 0,001$) höher als in den warmen Varianten. Anzumerken ist jedoch, dass die Saccharosegehalte zu diesem Zeitpunkt im Vergleich zu Tag 1 insbesondere bei Normaltemperatur sehr gering waren. Nach 21 Tagen in der Kühle erwiesen sich die Glucosegehalte leicht (1,3- bis 1,5-fach; n.s.) und ebenfalls der Fructosegehalt der Kontrolle leicht (1,7-fach; n.s.) erhöht. Dieses führte in der mykorrhizafreien Kontrolle in der Summe der Hexosen und der löslichen Zucker zu einem signifikanten Anstieg ($p < 0,01$). Für die AM-Varianten wurde kein Einfluss dieser Art beobachtet.

Im Sourcegewebe führte die Kühle nach 21 Tagen zu einem Anstieg der Hexosen, insbesondere der Glucose (Abbildung 23). Dieses war sowohl für die mykorrhizafreien ($0,89 \mu\text{mol/g FS}$; $p < 0,001$) als auch für die mit Isolat BEG 53 ($1,1 \mu\text{mol/g FS}$; $p < 0,01$) und 144 ($1,5 \mu\text{mol/g FS}$; $p < 0,001$) besiedelten Petunien zu beobachten. Die Saccharosegehalte verhielten sich gegenteilig, die Konzentrationen waren in den Proben der kühlen Variante an Tag 21 um $0,8 \mu\text{mol/g FS}$ ((-) AMP; n.s.) bis $1,0 \mu\text{mol/g FS}$ (BEG 144; $p < 0,01$) reduziert. Dies führte dazu, dass sich die Summe der löslichen Zucker für die Temperaturvarianten an Tag 21 nicht signifikant unterschieden.

Die mit dem Isolat BEG 144 mykorrhizierten und bei reduzierter Temperatur kultivierten Petunien wiesen bereits an Tag 7 höhere Glucose- ($1,2 \mu\text{mol/g FS}$; $p < 0,01$) und Fructosegehalte ($1,5 \mu\text{mol/g FS}$; $p < 0,001$) auf als die Varianten unter Normaltemperatur. Die Glucosegehalte waren im Mittel im Vergleich zur mykorrhizafreien Kontrolle ($0,79 \mu\text{mol/g FS}$) und der mit BEG 53 mykorrhizierten Petunien ($0,88 \mu\text{mol/g FS}$) doppelt so hoch. Unter Normaltemperatur erwiesen sich insbesondere an Tag 1 die Fructosegehalte sowie die Summe der löslichen Zucker der Blattproben von den AMP-Varianten im Vergleich zu der mykorrhizafreien Kontrolle als leicht reduziert.

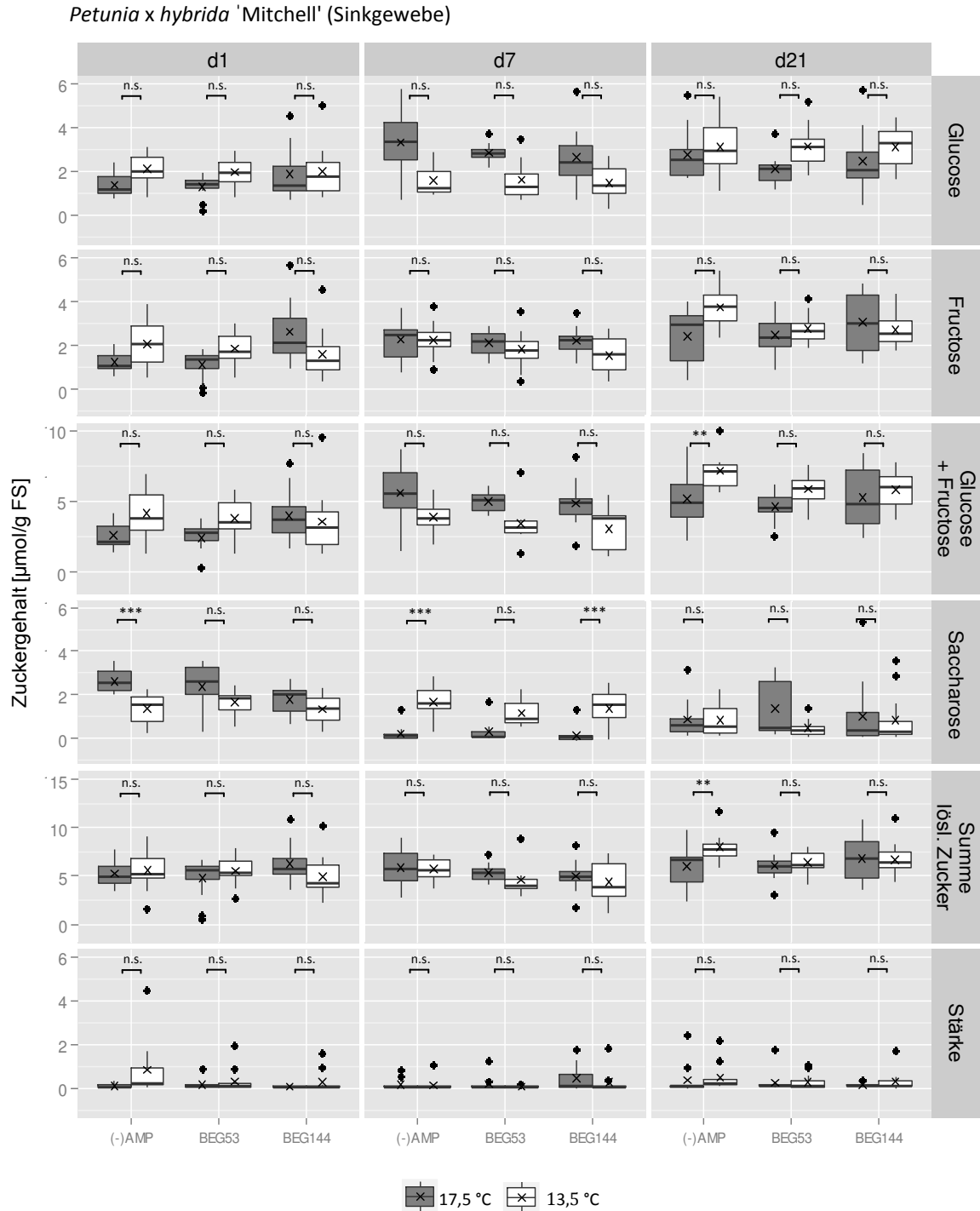


Abbildung 22: Einfluss der reduzierten Temperatur auf die Kohlenhydratgehalte der Apexproben (Sinkgewebe) der *Petunia x hybrida* 'Mitchell'. Glucose (G), Fructose (F), Saccharose (S), Summe löslicher Zucker (G+F+S) sowie Stärkegehalte [$\mu\text{mol/g FS}$] in Sink- (A.) und Sourcegewebe (B.) an Tag (d) 1, 7 und 21 nach Temperaturdifferenzierung. Die Stärkegehalte sind in Glucoseeinheiten angegeben. FS: Frischsubstanz; AMP-Varianten: mykorrhizafreie Kontrolle (-) AMP und mykorrhizierte Petunien mit Isolat BEG 53 und BEG 144 (n=12, Fructose n=10; GLM, MCP, Sign. codes: '***' < 0,001 '**' < 0,01 '*' < 0,05; n.s. = nicht signifikant; x=arithmetisches Mittel)

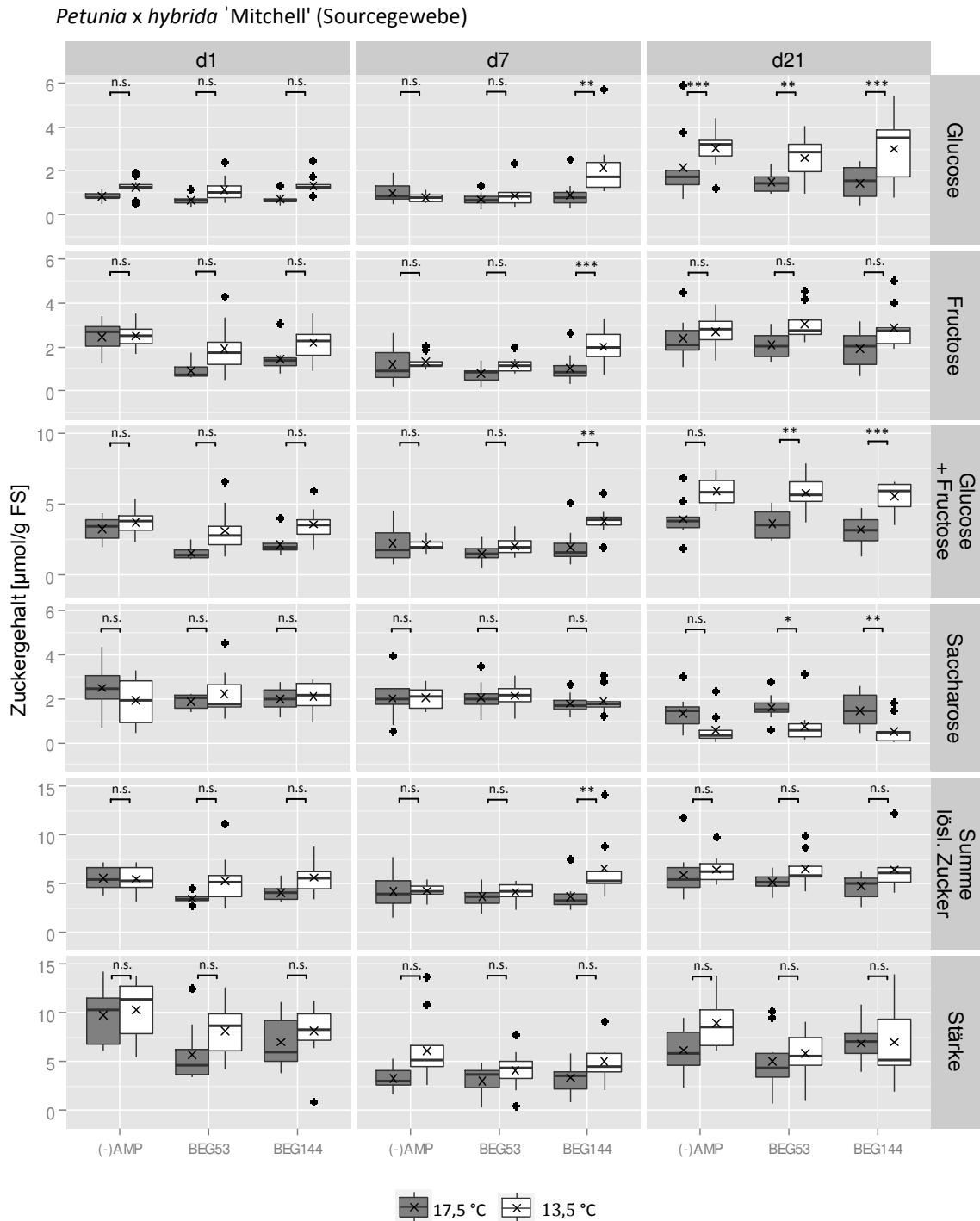


Abbildung 23: Einfluss der reduzierten Temperatur auf die Kohlenhydratgehalte der Blattproben (Sourcegewebe) der *Petunia x hybrida* 'Mitchell'. Glucose (G), Fructose (F), Saccharose (S), Summe löslicher Zucker (G+F+S) sowie Stärkegehalte [$\mu\text{mol/g FS}$] in Sink- (A.) und Sourcegewebe (B.) an Tag (d) 1, 7 und 21 nach Temperaturdifferenzierung. Die Stärkegehalte sind in Glucoseeinheiten angegeben. FS: Frischsubstanz, AMP-Varianten: mykorrhizafreie Kontrolle (-) AMP und mykorrhizierte Petunien mit Isolat BEG 53 und BEG 144 (n=12, Fructose n=10; GLM, MCP, Sign. codes: **** < 0,001 *** < 0,01 * < 0,05; n.s. = nicht signifikant; x = arithmetisches Mittel)

3.3.3 Phytohormonhaushalt

Die quantitative Analyse der Phytohormone Indol-3-Essigsäure (IAA), Abscisinsäure (ABA) sowie Jasmonsäure (JA) für Apex- und Blattproben zeigte keinen Einfluss der Temperatur und der AMP auf die IAA- und ABA- Konzentration der untersuchten Proben (Abbildung 24). Es wurde lediglich ein leichter Anstieg in der ABA-Konzentration zwischen Tag 7 und 21 sowohl im Blatt und insbesondere im Apex sowie bei Normaltemperatur und in der Kühle beobachtet. Die Konzentration an IAA in den Apexproben nahm von Tag 7 zu Tag 21 bei 16 °C leicht ab ($p < 0,05$) – die Gehalte unter 13,5 °C erwiesen sich als minimal geringer (n.s.). Die Jasmonsäuregehalte der mykorrhizafreien Petunien (17,5 °C) in Sink- und Sourcegewebe waren im Mittel stark erhöht. Jedoch lag eine große Streuung der Phytohormongehalte vor.

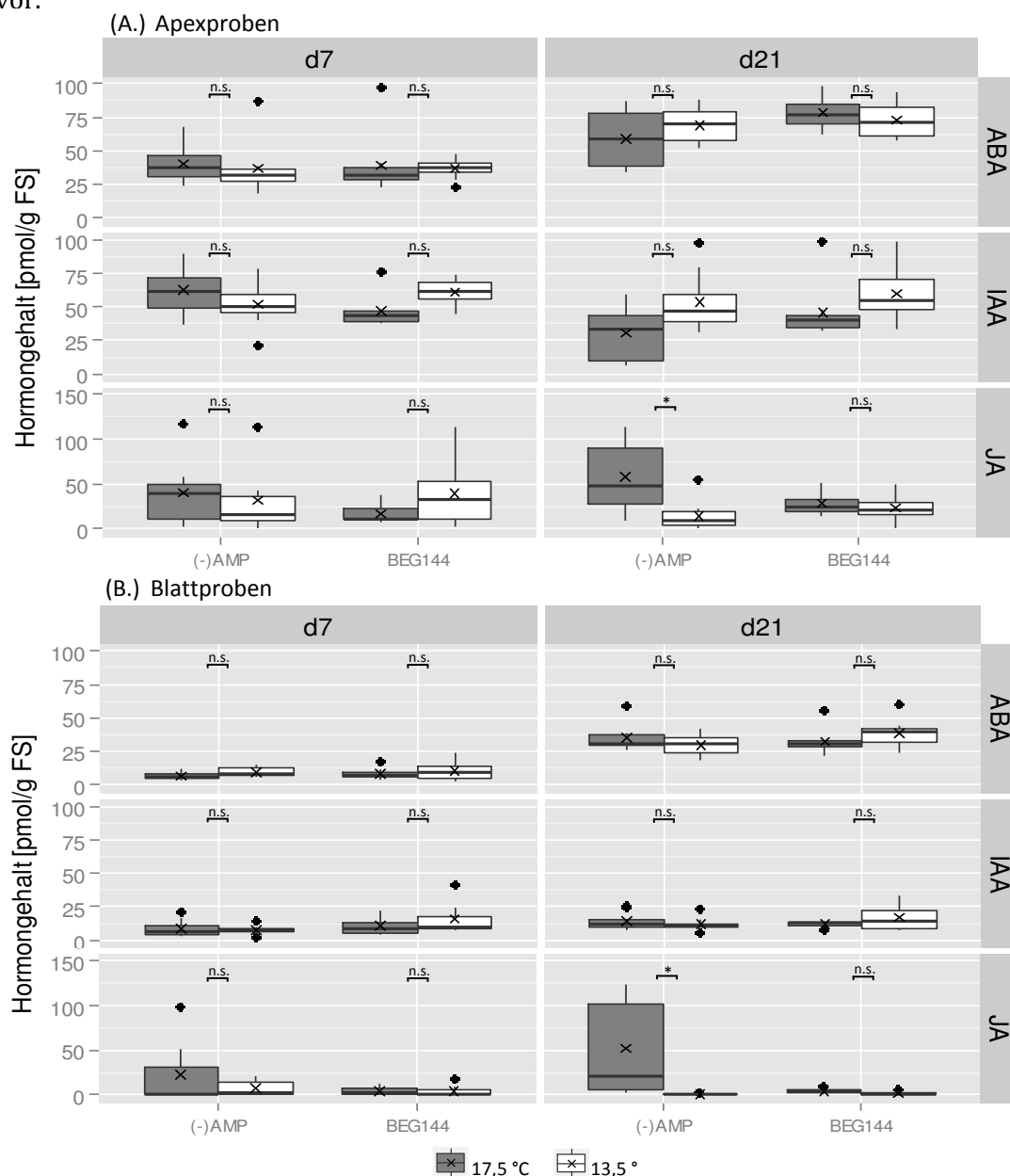


Abbildung 24: Einfluss der reduzierten Temperatur auf den Phytohormonhaushalt der *Petunia x hybrida* 'Mitchell'. Abscisinsäure- (ABA), Indol-3-Essigsäure- (IAA) sowie Jasmonsäuregehalte (JA) [pmol/g FS] in Apex- (A.) und Blattproben (B.) Tag (d) 7 und 21 nach Temperaturabsenkung. FS: Frischsubstanz, AMP-Varianten: mykorrhizafreie (-) AMP und mit BEG 144 mykorrhizierte Petunien (n=8; GLM, MCP, Sign. codes: * $< 0,05$; n.s. = nicht signifikant; x=arithmetisches Mittel)

3.3.4 Transkriptomanalyse

Im Rahmen der Microarray-basierten Transkriptomanalyse wurde eine große Anzahl differentiell regulierter Gene durch die Temperaturabsenkung sowie die Besiedlung der Petunie 'Mitchell' mit AMP-Isolat BEG 144 ermittelt (Abbildung 25). Dabei besaß die Kühle im Blatt einen stärkeren Einfluss auf das Transkriptom als in der Wurzel. Die Symbiose mit AMP führte hingegen zu größeren Veränderungen in der Wurzel.

Eine detaillierte Analyse der unterschiedlich exprimierten Gene in den mykorrhizierten und den kühegestressten Pflanzen sowie der Kombination aus beidem ist im Folgenden aufgeführt.

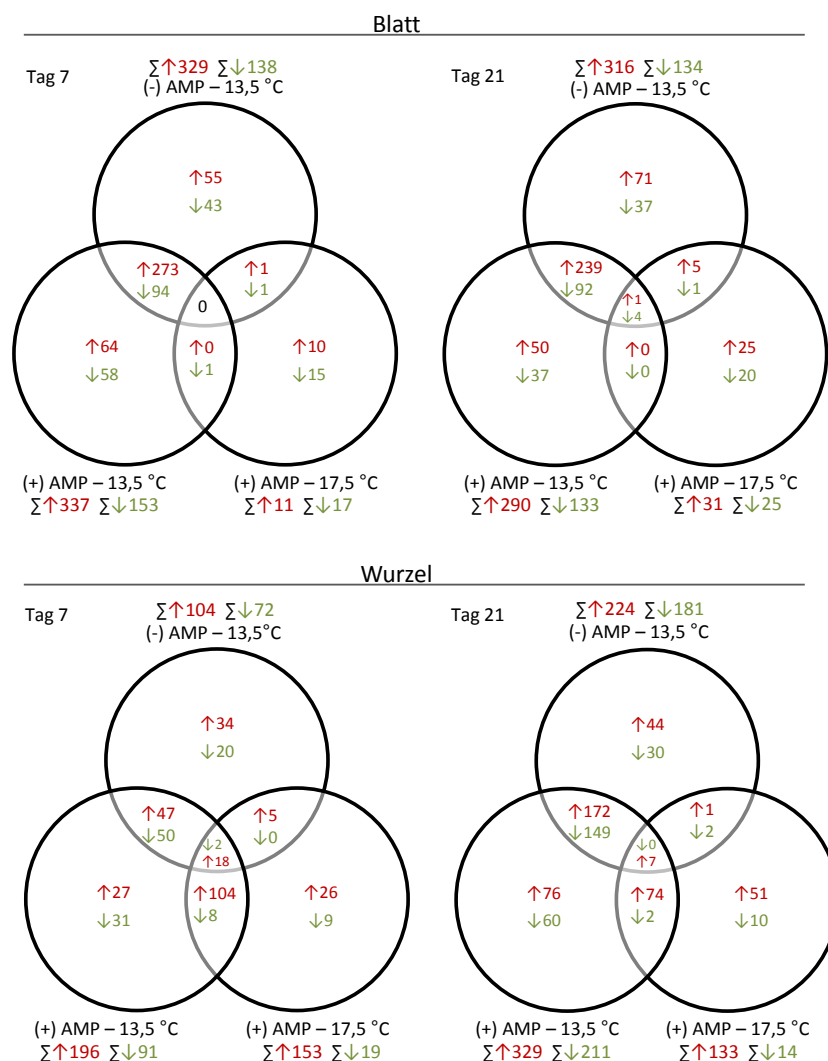


Abbildung 25: Übersicht über Anzahl und Gemeinsamkeiten der signifikant induzierten (rot \uparrow) und reprimierten (grün \downarrow) Gene der jeweiligen Varianten im Vergleich zur mykorrhizafreien *Petunia x hybrida* 'Mitchell' unter Normaltemperatur (17,5 °C). Varianten: 1. (-) AMP -13,5 °C: mykorrhizafreie Petunien unter reduzierter Temperatur; 2. (+) AMP -13,5 °C: mykorrhizierte Petunien unter reduzierter Temperatur; 3. (+) AMP -17,5 °C mykorrhizierte Petunien unter Normaltemperatur. Gruppierte Darstellung für die Gene im Blatt und in der Wurzel, 7 bzw. 21 Tage nach Temperaturdifferenzierung. Die Summen (Σ) verdeutlichen die Gesamtanzahl differentiell regulierter Gene für den jeweiligen Vergleich. In den Schnittmengen liegt die Anzahl identischer, in die gleiche Richtung regulierter Gene.

3.3.4.1 Mykorrhiza regulierte Gene

Die Probenahme für die Transkriptomanalyse erfolgte 7 und 21 Tage nach Temperaturdifferenzierung. Dieses entspricht 28 bzw. 42 Tage nach AMP-Inokulation mit BEG 144. Die Mykorrhizierungsfrequenz lag in diesem Versuch vor Temperaturabsenkung bei 20,4 ($\pm 6,6$) %. 28 Tage nach Temperaturdifferenzierung wiesen die Wurzeln unter Normaltemperatur eine Besiedlung von 49,4 ($\pm 16,1$) % und unter Kühle von 31 ($\pm 10,7$) % auf.

Unter Normaltemperatur zeigte der Vergleich zwischen den mit BEG 144 mykorrhizierten und den mykorrhizafreien Wurzeln der Petunie 'Mitchell', dass die AM zu 153 (Tag 7) bzw. 133 (Tag 21) induzierten und 19 (Tag 7) bzw. 14 (Tag 21) reprimierten Genen führte (Abbildung 25). Eine große Anzahl dieser Gene wurde auch in der Wurzel unter reduzierter Temperatur durch BEG 144 reguliert (Tag 7: $\uparrow 122$, $\downarrow 10$; Tag 21: $\uparrow 133$, $\downarrow 2$; Abbildung 25, S. 68). Weiterhin wurde ein Einfluss auf die Genregulation durch die AM-Symbiose im Blatt beobachtet. Die Anzahl signifikant regulierter Gene erwies sich deutlich geringer als in den Wurzeln. Zudem lag keine Überschneidung zu regulierten Genen der Wurzel vor. Die Symbiose mit AMP führte unter Normaltemperatur im Blatt zu 11 (Tag 7) bzw. 31 (Tag 21) induzierten und 16 (Tag 7) bzw. 26 (Tag 21) reprimierten Genen. Eine vollständige Liste der signifikant regulierten Gene ist Anhang 7.5, Tabelle 42 und 43 zu entnehmen.

Für die Wurzelproben kann eine Vermischung von pilzlicher und pflanzlicher RNA, die im Microarray verwendet wurde, nicht ausgeschlossen werden. Es erfolgte daher eine Überprüfung aller signifikant regulierten Gene zu homologen Sequenzen und ihren Herkunftsn. Dabei erwiesen sich 19 AM-spezifisch regulierte Gene homolog zu Sequenzen pilzlicher und 16 zu Sequenzen anderer Organismen. Des Weiteren konnte für eine große Anzahl an Genen (Wurzel: 86; Blatt: 36) keine Homologie zu Sequenzen in öffentlichen Datenbanken festgestellt werden. Derzeit existieren für diese keine Hinweise auf ihre Funktion. Im Folgenden werden nur Gene berücksichtigt, für die eine pflanzliche Herkunft bestätigt wurde. Es folgte eine Betrachtung der Funktionsklassen, denen die differentiell regulierten Gene zugeordnet wurden (s. 3.2.5). Abbildung 26 zeigt den Anteil AM-regulierter Gene pro Funktionsklasse 7 und 21 Tage nach Temperaturdifferenzierung für Blatt und Wurzel. Die Klassen mit den stärksten Veränderungen und einer besonderen Bedeutung hinsichtlich der AM-Symbiose werden im Folgenden für Wurzel- und Blattproben betrachtet.

Mykorrhiza regulierte Gene in der Wurzel

Die AM-Symbiose führte insbesondere in der Wurzel zu Veränderungen in den Funktionsklassen „XII. Biotische und abiotische Stimuli“ (Tag 7: 0,8 % Gene pro Funktionsklasse reguliert; Tag 21: 0,5 %), „V. Primärmetabolismus“ (Tag 7: 0,7 %, Tag 21: 0,5 %), „VI. Sekundär- und Hormonmetabolismus“ (Tag 7: 0,7 %) sowie „I. Zellwand“ (Tag 21: 0,5 %).

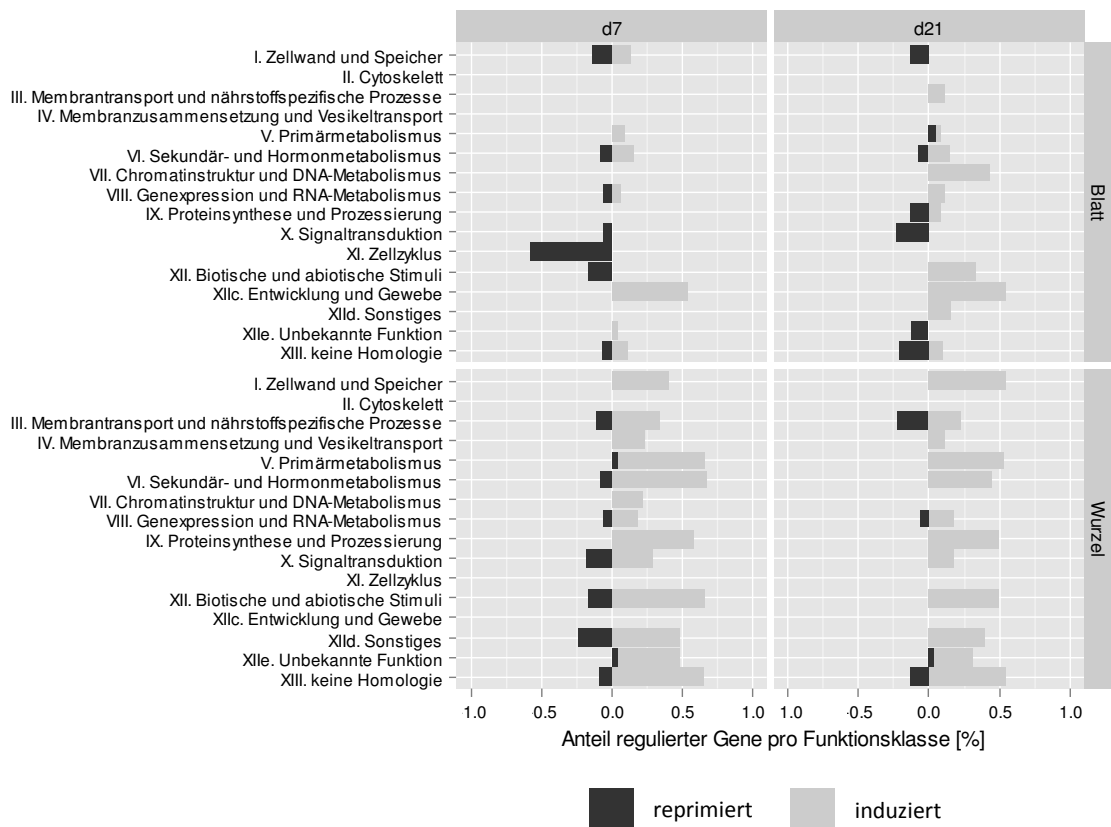


Abbildung 26: Anteil signifikant AM-regulierter Gene [%] pro Funktionsklasse 7 bzw. 21 Tage (d) nach Temperaturdifferenzierung in Blatt und Wurzel der Petunie 'Mitchell'. Zugrunde liegt der Vergleich zwischen BEG 144 mykorrhizierten (17,5 °C) und mykorrhizafreien Kontrollen (17,5 °C). Die Zuordnung zu den Funktionsklassen erfolgte nach AHKAMI et al. (2014).

Biotische und abiotische Stimuli

Die AM-Symbiose führte zur Induktion dreier Gene der Funktionsklasse „XIIa. Biotische Stimuli“ (Tabelle 15). Die mit der Abwehrreaktion verbundenen Proteine wiesen einen Anstieg in der Genexpression um das 13-fache (Osmotin-ähnliches Protein, Tag 7) bis 60-fache (saure Endochitinase, Tag 21) auf. Darunter befinden sich jeweils an Tag 7 und 21 ein Osmotin-ähnliches Protein, eine saure Endochitinase und ein Chitinase Präkursor. Des Weiteren war aus dem Bereich „abiotische Stimuli (XIIb.)“ an Tag 7 jeweils ein Hitzeschockprotein induziert und reprimiert.

Tabelle 15: AM-regulierte Gene in der Wurzel der Petunie 'Mitchell' aus den Funktionsklassen XIIa. Biotische und XIIb. Abiotische Stimuli. Zeitpunkt: Tag 7 bzw. 21 nach Temperaturdifferenzierung; FC: „log₂-fold-changes“ / Expressionsunterschied als log₂-Intensitätsverhältnis. Zugrunde liegt der Vergleich zwischen BEG 144 mykorrhizierten und mykorrhizafreien Kontrollen unter Normaltemperatur.

Microarray ID und Funktionsklasse	Funktion	Zeitpunkt	FC
XIIa. Biotic stimuli			
cn8494	Osmotin-like protein	7	3,7
		21	4,8
cn8660	Acidic endochitinase	7	5,7
		21	5,9
GO_drpoolB-CL542Contig1	Chitinase 1 precursor	7	5,3
		21	5,1
XIIb. Abiotic stimuli			
cn1731 ^(d)	Heat shock protein 70	7	-1,9
GO_drpoolB-CL1202Contig2	Heat shock protein 70	7	3,6

Primärmetabolismus

Die AM-Symbiose besaß einen Einfluss auf den Primärmetabolismus und führte zur Induktion von 17 Genen und zur Reprimierung eines Gens (Tabelle 16). Das Transkriptom wies im Bereich des Kohlenhydratmetabolismus geringe Veränderungen auf: eine Fructokinase sowie zwei Oxidoreduktasen (Aldo-/Ketoreduktase, Dehydrogenase) erwiesen sich als induziert. Des Weiteren traten Veränderungen des Transkriptoms im Bereich des Fettstoffwechsels auf: 8 Gene, die für Proteine des Fettstoffwechsels codieren, waren induziert. Mit lediglich einer Ausnahme sind diese an beiden untersuchten Terminen signifikant reguliert. Darunter befinden sich Proteine, die an der Biosynthese beteiligt sind, wie z. B. 3 Acyl-Carrier-Proteine, die eine zentrale Einheit der Fettsäuresynthese bilden, oder Glycerin-3-phosphat-Dehydrogenase als wesentliches Enzym der Biosynthese von Triglyceriden (WEILER & NOVER 2008). Darüber hinaus waren auch Lipasen hochreguliert, die am Fettsäureabbau, der hydrolytischen Spaltung der Fettmoleküle in Glycerin und Fettsäuren, beteiligt sind (WEILER & NOVER 2008).

Tabelle 16: AM-regulierte Gene in der Wurzel der Petunie 'Mitchell' aus der Funktionsklasse V. Primärmetabolismus. Zeitpunkt: Tag 7 bzw. 21 nach Temperaturdifferenzierung; FC: „log₂-fold-changes“/ Expressionsunterschied als log₂-Intensitätsverhältnis. Zugrunde liegt der Vergleich zwischen BEG 144 mykorrhizierten und mykorrhizafreien Kontrollen unter Normaltemperatur.

Microarray ID und Funktionsklasse	Funktion	Zeitpunkt	FC
Va. C1-C12 Metabolism			
cn6309	Fructokinase	7	3,3
		21	2,1
GO_dr004P0013M19_F_ab1	Aldo/keto reductase	21	2,1
GO_drpoolB-CL1456Contig1	Short-chain dehydrogenase/reductase (SDR) family protein	7	2,0
Vc. Lipid-Metabolism			
cn4070	Acyl-Carrier-Protein	7	4,0
		21	3,6
cn4071	Acyl-Carrier-Protein	7	3,8
		21	2,7
GO_drpoolB-CL7060Contig1	Acyl-Carrier-Protein	7	4,3
cn5471	Glycerin-3-phosphat-Dehydrogenase	7	1,6
		21	3,0
GO_dr004P0004L18_F_ab1	Glycerin-3-phosphat-Dehydrogenase	7	2,0
		21	1,7
cn8693	GDSSL-Lipase	7	4,8
		21	3,2
GO_drpoolB-CL2127Contig1	Triacylglycerollipase	7	4,2
		21	4,1
Vd. Amino acid and N metabolism			
cn5684	Glutamate decarboxylase	7	-1,4
GO_dr004P0015D19_F_ab1	Gamma-glutamyl-gamma-aminobutyrate hydrolase	7	2,3
		21	4,0
Ve. Chloroplast, Photosynthesis, Calvin cycle			
GO_drpoolB-CL749Contig1	RuBisCO small subunit	7	2,4
Vg. Antioxidative metabolism and Redox state			
cn8393	Glutathione-S-transferase	7	2,7
GO_drpoolB-CL1481Contig1	Peroxidase	7	5,5
		21	3,6
GO_drpoolB-CL5846Contig1	Haem peroxidase	7	4,0
		21	3,2

Im Bereich des Aminosäure- und Stickstoffhaushalts erwies sich eine Glutamat-Decarboxylase an Tag 7 als reprimiert. Diese katalysiert primär die Bildung der γ -Aminobuttersäure (GABA) aus Glutaminsäure (BOUCHÉ & FROMM 2004). Gleichzeitig erwies sich an Tag 7 und 21 eine GABA-Hydrolase als deutlich induziert. An Tag 7 war ein Anstieg in der Expression eines Gens aus der diversen Genfamilie Glutathion-S-Transferase sowie an Tag 7 und 21 zwei Peroxidasen, die als Antioxidantien wirken können (MITTLER 2002), zu verzeichnen.

Sekundärstoffwechsel und Phytohormone

Die AM-Symbiose führte zu signifikanten Veränderungen im Transkriptom hinsichtlich des Sekundärstoffwechsels und Phytohormonhaushalts (Tabelle 17). 8 Gene, die für Proteine des Sekundärstoffwechsels codieren, waren induziert. Dazu zählen Proteine, die an der Biosynthese von Terpenen (Tabelle 17: a), Isoflavonoiden (b) und Carotinoiden (c) beteiligt sind. Im Bereich des Phytohormonstoffwechsels zeigte sich die Induktion zweier IAA-Amido Synthetasen. Diese sind durch die Bildung von IAA-Aminosäure Konjugaten an der Auxin Homeostasis (DING et al. 2008) beteiligt. Darüber hinaus erwies sich ein DELLA-Protein, bekannt als Repressor der Gibbellerin-Signalkette (SCHOPFER et al. 2010; FLOSS et al. 2013), um das 3,3-fache induziert und ein Ethylen Transkriptionsfaktor um das 2,3-fache reprimiert.

Tabelle 17: AM-regulierte Gene in der Wurzel der Petunie 'Mitchell' aus der Funktionsklasse VIa. Sekundärmetabolismus und VIb. Phytohormonhaushalt. Zeitpunkt: Tag 7 bzw. 21 nach Temperaturdifferenzierung; FC: „log₂-fold-changes“ / Expressionsunterschied als log₂-Intensitätsverhältnis. Die Buchstaben (a-c) beziehen sich auf die Verweise im Text. Zugrunde liegt der Vergleich zwischen BEG 144 mykorrhizierten und mykorrhizafreien Kontrollen unter Normaltemperatur.

Microarray ID und Funktionsklasse	Funktion	Zeitpunkt	FC
VIa. Secondary metabolism			
EB175059_1 ^(a)	(b) Isoflavonoid Glucosyltransferase	7	1,2
		21	1,2
GO_dr001P0002D01_F_ab1	(a) Triterpene carboxylic acid glucosyltransferase	7	1,9
		21	1,6
GO_dr001P0019P22_F_ab1	Phenylacetaldehyde synthase	7	1,4
GO_drpoolB-CL1028Contig1	(a) Geranylgeranyl pyrophosphate synthase	7	1,2
GO_drpoolB-CL6062Contig	Anthranilate N-benzoyltransferase	7	4,4
		21	4,1
GO_drpoolB-CL8604Contig	(a) Terpenoid cyclase	21	2,5
GO_drpoolB-CL8749Contig1	(c) Phytoen synthase	21	2,1
IP_PHBS009B23u	Uridine diphosphate (UDP-) Glykosyltransferase	7	1,1
VIb1. Auxin metabolism and perception			
cn5291	Indole-3-acetic acid-amido synthetase GH3	7	1,3
GO_drpoolB-CL42Contig2	Indole-3-acetic acid-amido synthetase GH3	7	1,5
VIb4. Gibberellin metabolism and perception			
GO_dr001P0012B11_F_ab1	DELLA protein (GA response repressor)	21	1,7
VIb5. Ethylene metabolism and perception			
GO_dr004P0024N21_F_ab	Ethylene-responsive transcription factor	7	-1,2

Zellwand

Hinsichtlich der Funktionsklasse „Ia. Zellwand“ zeigte sich, dass durch die AMP sowohl Proteine, die am Zellwandabbau (Pektinesterase, Pektatlyase) und deren Modifikation (Arabinogalactanproteine) beiligt sind, induziert waren (Tabelle 18).

Tabelle 18: Signifikant AM-regulierte Gene der Wurzel der Petunie 'Mitchell', die der Funktionsklasse Ia. Zellwand zugeordnet werden. Zeitpunkt: Tag 7 bzw. 21 nach Temperaturdifferenzierung; FC: „log₂-fold-changes“ / Expressionsunterschied als log₂-Intensitätsverhältnis. Zugrunde liegt der Vergleich zwischen BEG 144 mykorrhizierten und mykorrhizafreien Kontrollen unter Normaltemperatur.

Microarray ID und Funktionsklasse	Funktion	Zeitpunkt	FC
Ia. Cell wall	Pectate lyase family protein	21	2,1
cn10409	Fasciclin-like arabinogalactan protein	7	4,5
cn1085		21	3,8
cn1840	Pectinesterase	7	5,8
		21	7,5
cn4989	Alpha-N-acetylglucosaminidase family	7	1,7

Weitere Funktionsklassen

In der Funktionsklasse „IIIa. Membrantransport“ ist ein Nodulin 26-ähnliches Protein und ein PDR-ähnlicher ABC-Transporter induziert (7.5, Tabelle 43). Darüber hinaus wurde eine Transkriptakkumulation hinsichtlich eines Phosphattransporters (PT) beobachtet, die sich über die Wiederholungen der 16 °C-Variante jedoch als nicht signifikant erwies. Im Mittel war der PT 4 um das 2,5-fache sowie der PT 5 um das 3,9 fache hochreguliert.

Des Weiteren sind aus der Funktionsklasse „IX. Proteinsynthese“ viele Proteasen, meist an beiden Terminen, signifikant induziert. Es handelt sich in erster Linie um Cysteinproteasen sowie um zwei Serin-Carboxypeptidasen.

Werden die AM-regulierten Gene der Wurzel im Detail mit mykorrhizaspezifischen Genen aus einer weiteren Untersuchung an Petunie von BREUILLIN et al. (2010) verglichen, ist eine Übereinstimmung mit 16 Sequenzen pflanzlicher Herkunft und 4 mit unbekannter Homologie zu finden (Anhang 7.5, Tabelle 43). Diese sind zu 82 % an beiden Terminen (Tag 7 und 21) signifikant reguliert. Darunter befinden sich vor allem Proteasen und PR-Proteine.

Mykorrhiza regulierte Gene im Blatt

Die AM-Symbiose führte im Blatt insbesondere zu Veränderungen in den Funktionsklassen „XI. Zellzyklus“ (Tag 7: 0,6 % Gene pro Funktionsklasse signifikant reguliert), „XIIc. Spezifische Funktionen hinsichtlich Entwicklung und Gewebe“ (Tag 7: 0,5 %; Tag 21: 0,5 %), „VII. Chromatinstruktur und DNA-Metabolismus“ (Tag 21: 0,4 %) sowie „I. Zellwand“ (Tag 7: 0,3 %) (Abbildung 26). Insgesamt erwiesen sich mehr Gene reprimiert als induziert (Tabelle 19).

In der kleinen Funktionsgruppe „XI. Zellzyklus“ (174 Gene) erwies sich lediglich ein Gen als signifikant induziert. Dieses codiert für eine Cyclin-abhängige Proteinkinase, welche in verschiedene Prozesse der Zellbiologie und Regulation des Zellzyklus involviert ist (JOURBÈS et al. 2000; SCHOPFER et al. 2010). Darüber hinaus wurde im Spross im Bereich der Chromatinstruktur und des DNA-Metabolismus (Funktionsklasse VII.) ein Gen homolog zu einem putativen „High Mobility Protein 1/2 (HMG 1/2)“ aus *Solanum tuberosum* reprimiert sowie eine Esterase (putative Endonuclease/ Exonuclease/ Phosphatase) induziert. HMG 1/2 Proteine sind in posttranslationalen Modifikationen von Proteinen involviert (GRASSER 1995).

An Tag 7 ist, wie auch in der Wurzel, in der Funktionsklasse „Ia. Zellwand“ eine Pektinesterase hochreguliert. Zudem sind an Tag 21 verschiedene Gene der Funktionsklasse „IX. Proteinsynthese“ reguliert, darunter befinden sich Proteasen sowie eine Ubiquitin-Protein Ligase.

Die stärkste Veränderung des Transkriptoms im Blatt erfolgte hinsichtlich eines Nitrattransporters, dieser erwies sich im Mittel um das 10,6-fache induziert.

Des Weiteren sind im Blatt an Tag 21 verschiedene Proteine der Signaltransduktion reprimiert, darunter der Ca²⁺-Rezeptor Calmodulin und eine Serin/Threonin-Proteinkinase. Proteinkinasen sind an der Aktivierung bzw. Deaktivierung von Proteinen durch die Übertragung des Phosphatrests von ATP auf diese beteiligt (SCHOPFER et al. 2010).

Ein der Funktionsklasse „XIIa. Biotischen Stimuli“ zugewiesenes Gen codiert für Thaumatin und war um das 2,3-fache hochreguliert. Zusätzlich war ein „Disease resistance protein“ um das 2,6-fache reprimiert. Der Funktionsklasse „XIIb. Abiotische Stimuli“ ist ein Necrostatin-1 (NEC1) Protein zugeordnet, dieses wird in erster Linie in Nektarien von *Petunia x hybrida* exprimiert, konnte jedoch auch in Blättern nachgewiesen werden. Dort wird diesem eine Funktion als vakuolärer Fructosetransporter zugeschrieben (GE et al. 2000).

Tabelle 19: Signifikant AM-regulierte Gene im Blatt ausgewählter Funktionsklassen der Petunie 'Mitchell'. Zeitpunkt: Tag 7 bzw. 21 nach Temperaturdifferenzierung; FC: „log-2-fold-changes“/ Expressionsunterschied als log₂-Intensitätsverhältnis. Zugrunde liegt der Vergleich zwischen BEG 144 mykorrhizierten und mykorrhizafreien Kontrollen unter Normaltemperatur.

Microarray ID und Funktionsklasse	Funktion	Zeitpunkt	FC
Ia. Cell wall			
cn3477	Hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	7	-3,0
SG_SGN-U209721	Pectinesterase	7	1,3
Ib. Storage			
cn8800	Alpha-1,4-glucan-protein synthase	21	-1,7
IIIb. Mineral nutrient responsive and aquisition			
cn8619	High affinity nitrate transporter	21	3,4
VII. Chromatin and DNA metabolism			
cn7810	High mobility group (HMG1/2) family protein	21	-1,0
cn7850	Endonuclease/exonuclease/phosphatase	21	1,2
X. Signaltransduktion			
cn2135	CBL-interacting serine/threonine-protein kinase CBL: calcineurin-B-like proteins	7	-1,4
cn8870	Calmodulin	21	-2,1
DC243397_1	Phosphoinositide 3-phosphatase	21	-2,0
GO_dr001P0002G04_F_ab1	Two-component system sensor histidine kinase/ response regulator	21	-2,8
SG_SGN-U210584	Calcium-binding EF hand family protein	21	-2,1
XI. Cell cycle			
SG_SGN-U211239	Cyclin-related protein kinase	7	-1,2
XIIa. Biotic Stimuli			
GO_drpoolB-CL4736Contig1	Disease resistance protein	7	-1,4
cn2005	Thaumatococcus	21	1,2
XIIb. Abiotisch Stimuli			
cn450	Necrostatin-1 (NEC1)	21	3,2
XIIc. Development and tissue specific			
cn6483	Unfertilized embryo sac	7	1,8
cn5692	Petunia Germinating Pollen S/D3	21	1,3

3.3.4.2 Kühle regulierte Gene

Die Absenkung der Temperatur führte zu signifikanten Veränderungen im Transkriptom der Petunie. Der folgenden Auswertung liegt der Vergleich zwischen den Expressionsraten mykorrhizafreier Petunien unter Normaltemperatur (17,5 °C) zu den unter reduzierter Temperatur (13,5 °C) kultivierten Pflanzen zugrunde. Hierbei zeigte sich ein deutlicher Einfluss der reduzierten Temperatur auf das Blatt. Insgesamt wurden 329 (Tag 7) bzw. 316 (Tag 21) induzierte und 138 (Tag 7) bzw. 134 (Tag 21) reprimierte Gene bestimmt (Abbildung 25, S. 68). Die Anzahl der regulierten Gene im Blatt erwies sich während der andauernden Kühle als relativ konstant. Jedoch erwiesen sich lediglich 109 Gene an beiden Terminen als identisch reguliert. Die Kühle führte zu einer geringeren Anzahl signifikant regulierter Gene in der Wurzel (Tag 7: 176; Tag 21: 405). Hier stimmten 61 Gene an beiden Terminen überein. Darüber hinaus war ein deutlicher Anstieg in der Anzahl der regulierten Gene von Tag 7 (↑ 104, ↓ 72) zu 21 (↑ 224, ↓ 181) zu beobachten. Eine vollständige Liste der signifikant regulierten Gene ist Anhang 7.5, Tabelle 44 und 45 zu entnehmen. Abbildung 27 zeigt den Anteil durch die Kühle regulierter Gene pro Funktionsklasse 7 und 21 Tage nach Temperaturdifferenzierung für Blatt und Wurzel.

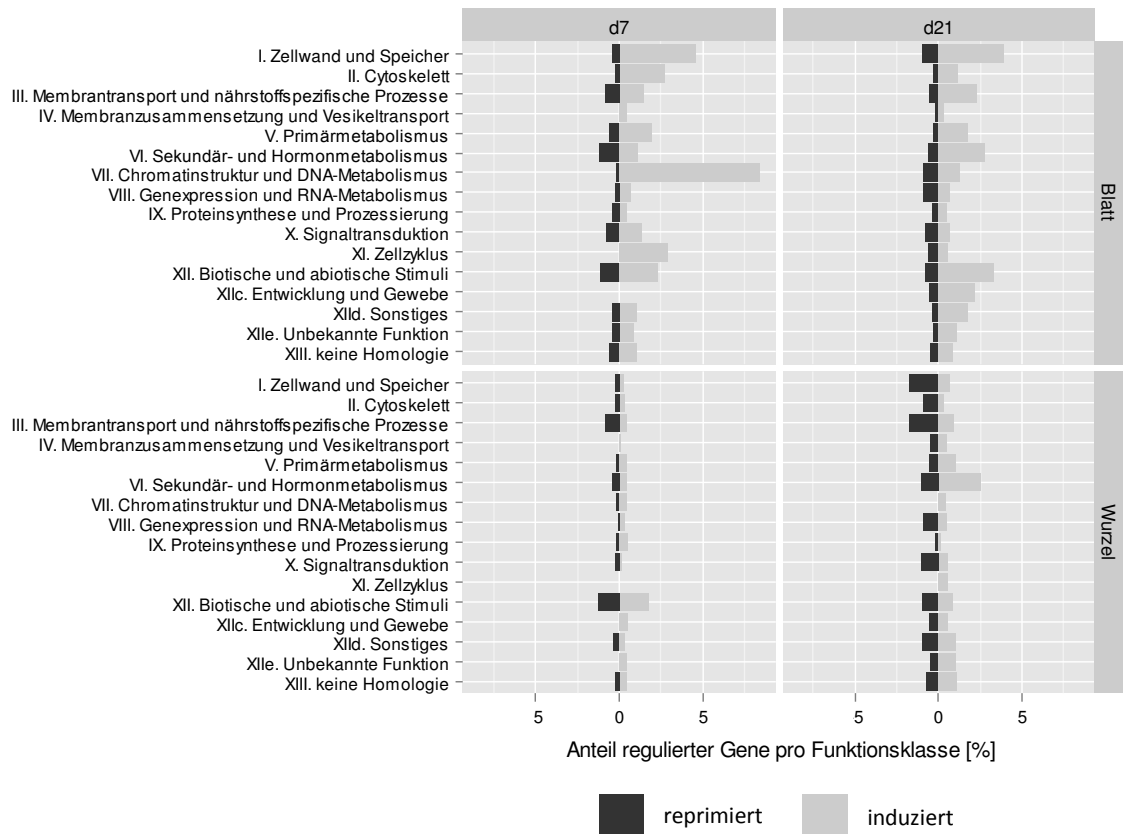


Abbildung 27: Anteil signifikant regulierter Gene [%] durch die reduzierte Temperatur pro Funktionsklasse 7 bzw. 21 Tage (d) nach Temperaturdifferenzierung in Blatt und Wurzel der Petunie 'Mitchell'. Zugrunde liegt der Vergleich zwischen mykorrhizafreien Petunien unter 13,5 °C und 17,5 °C. Die Zuordnung zu den Funktionsklassen erfolgte nach AHKAMI et al. (2014).

Die reduzierte Temperatur führte im Blatt insbesondere zu Veränderungen in den Funktionsklassen „VII. Chromatinstruktur und DNA-Metabolismus“ (Tag 7; 8,6 % Gene pro Funktionsklasse reguliert), „I. Zellwand“ (Tag 7: 5,0 %; Tag 21: 4,9 %), „XII. Biotische und Abiotische Stimuli“ (Tag 7: 3,5 %; Tag 21: 4,1 %) sowie „VI. Sekundär- und Hormonmetabolismus“ (Tag 21: 3,4 %). In der Wurzel wurden die durch Kühle differenziell regulierten Gene insbesondere in den Funktionsklassen „VI. Sekundär- und Hormonmetabolismus“ (Tag 7: 0,9; Tag 21: 3,6), „XII. Biotische und Abiotische Stimuli“ (Tag 7: 3,1 %), „III. Membrantransport und nährstoffspezifische Prozesse“ (Tag 7: 1,4 %; Tag 21: 3,6 %) sowie „I. Zellwand“ (Tag 21: 2,4 %) beobachtet.

Chromatinstruktur und DNA-Metabolismus

Insbesondere 7 Tage nach Temperaturabsenkung wurde im Blatt eine große Anzahl (35) signifikant regulierter Gene aus der Funktionsklasse „VII. Chromatinstruktur und DNA-Metabolismus“ beobachtet (s. Anhang 7.5, S. 174 Blatt, S. 188 Wurzel). Diese sind zum Großteil induziert, lediglich ein Gen ist reprimiert. Nach 21 Tagen erwiesen sich noch 10 Gene im Blatt als signifikant reguliert, darunter 40 % reprimiert. In der Wurzel zeigte sich

ein geringerer Einfluss auf diese Funktionsklasse, lediglich 4 induzierte und 1 reprimiertes Gen wurden ermittelt.

7 Tage nach Temperaturabsenkung wurde im Blatt insbesondere eine Histon-Transkriptakkumulation beobachtet. Die DNA-Bindungsproteine erwiesen sich um das 2,3 bis 7-fache induziert. Des Weiteren war ein pflanzenspezifisches Enzym für die Methylierung von DNA (Chromomethylase; FC = 3,2; CHINNUSAMY et al. 2010) und für die Acetylierung (GCN5-related N-acetyltransferase), sowie eine ATP-abhängige DNA-Helicase (FC=2,0) und 3 Reparaturproteine (FC=1,1 bis 1,4) induziert.

Zellwand

Die Kühle führte zu erheblichen Veränderungen hinsichtlich Genen, die für Proteine des Zellwandaufbau (Cellulose-Synthasen), -abbau (Polygalacturonasen, Pektinesterasen) und insbesondere deren Modifikation (Expansine, Arabinogalactanproteine, Fasciclin-ähnliche Arabinogalactanproteine) codieren (s. Anhang 7.5 S. 169 Blatt, S. 185 Wurzel). Dies war im Blatt sowohl an Tag 7 (34 Gene) als auch an Tag 21 (35) zu beobachten und zum Teil erwiesen sich identische Gene an beiden Terminen als signifikant reguliert. In der Wurzel lagen die größten Veränderungen an Tag 21 (18 Gene) vor. Im Gegensatz zum Blatt wurden hier mehr Gene reprimiert (\downarrow 13, \uparrow 5), darunter insbesondere Expansin-ähnliche Proteine (7) und Galactosidasen (2).

Primärmetabolismus

Im Bereich des Kohlenhydratmetabolismus führte die Kühle ebenfalls zu einigen Veränderungen im Transkriptom (Tabelle 20): Im Blatt erwiesen sich Enzyme, die an der Spaltung von Saccharose in Glucose und Fructose beteiligt sind (Saccharose Synthasen, Invertasen, RICHTER (1998)), als signifikant induziert. Des Weiteren erwiesen sich 4 Inosit-3-Phosphat Synthasen als marginal induziert (FC: 1,1-1,3). Dieses ist ein Schlüsselenzym für die Biosynthese von Inosit, welches für Pflanzenwachstum und intrazelluläre Signaltransduktion essentiell ist (SMART & FLORES 1997). Darüber hinaus wurden an Tag 7 zwei Alkohol-Dehydrogenasen im Blatt und 4 in der Wurzel reprimiert. Hingegen war an Tag 21 im Blatt eine Phosphoglycerat-Mutase sowie in der Wurzel eine Hexokinase induziert. Alle 3 Enzyme sind an der Glykolyse beteiligt (WEILER & NOVER 2008). In der Wurzel wurde an Tag 21 außerdem ein Invertase Inhibitor induziert und 3 Stachyose Synthase Präkursor reprimiert. Letztere sind an der Biosynthese des Oligosaccharids Stachyose beteiligt, welches zur Raffinose-Familie gehört (ELSAYED et al. 2013).

Tabelle 20: Durch die Kühle signifikant regulierte Gene der Petunie 'Mitchell' aus der Funktionsklasse V. Kohlenhydratmetabolismus. Organ: Blatt und Wurzel, Zeitpunkt: Tag 7 bzw. 21 nach Temperaturdifferenzierung; FC: „log₂-fold-changes“ / Expressionsunterschied als log₂-Intensitätsverhältnis. Zugrunde liegt der Vergleich zwischen mykorrhizafreien Kontrollen unter Normaltemperatur (17,5 °C) und Kühle (13,5 °C).

Microarray ID und Funktionsklasse	Funktion	Organ	Zeitpunkt	FC
cn10388	Inositol-3-phosphate synthase	Blatt	21	1,1
cn2986	2-hydroxyphytanoyl-CoA lyase	Blatt	7	1,1
cn2986	2-hydroxyphytanoyl-CoA lyase	Blatt	21	1,3
cn4546	Fructokinase	Blatt	21	1,2
cn790	Alcohol dehydrogenase	Blatt	7	-1,6
cn8803	Inositol-3-phosphate synthase	Blatt	21	1,3
DC242271_1	Inositol-3-phosphate synthase	Blatt	21	1,1
DY395678_1	Phosphoglycerate mutase	Blatt	21	2,7
GI_TC1179	Alcohol dehydrogenase	Blatt	7	-2,2
GO_dr001P0012G11_F_ab1	Sucrose synthase	Blatt	7	1,0
GO_dr004P0002015_F_ab1	Inositol-3-phosphate synthase	Blatt	21	1,1
GO_dr004P0024F02_F_ab1	Dihydrofolate reductase-thymidylate synthase	Blatt	7	1,1
GO_drpoolB-CL4857Contig1	ATP binding / galactokinase	Blatt	7	-1,1
GO_drpoolB-CL5102Contig1	Phosphofruktokinase	Blatt	21	-1,3
GO_drpoolB-CL5360Contig1	Sucrose synthase	Blatt	7	1,0
GO_drpoolB-CL6671Contig1	Vacuolar invertase	Blatt	7	1,2
GO_drpoolB-CL8339Contig1	Acid invertase	Blatt	21	1,1
cn10117	Hexokinase 7	Wurzel	21	1,7
cn4546	Fructokinase	Wurzel	21	1,0
cn8606	2-deoxyglucose-6-phosphate phosphatase	Wurzel	7	1,2
cn9420	Invertase inhibitor	Wurzel	21	1,6
GO_drpoolB-CL2232Contig1	Stachyose synthase precursor	Wurzel	7	-2,6
GO_drpoolB-CL2232Contig1	Stachyose synthase precursor	Wurzel	21	-2,5
GO_drpoolB-CL2583Contig1	Quinonprotein alcohol dehydrogenase	Wurzel	21	2,1
GO_drpoolB-CL3289Contig1	Phosphoenolpyruvate carboxylase kinase	Wurzel	21	1,1
GO_drpoolB-CL384Contig1	2-deoxyglucose-6-phosphate phosphatase	Wurzel	7	1,3
GO_drpoolB-CL4393Contig1	Short chain alcohol dehydrogenase	Wurzel	7	1,3
GO_drpoolB-CL4393Contig1	Short chain alcohol dehydrogenase	Wurzel	21	1,5
GO_drpoolB-CL8239Contig1	Stachyose synthase	Wurzel	21	-1,6
GO_drpoolB-CL902Contig2	Alcohol dehydrogenase	Wurzel	21	1,0

Die ebenfalls zum Primärmetabolismus gehörende Funktionsklasse „Vc. Lipid Metabolismus“ wies sowohl im Blatt als auch in der Wurzel Veränderungen im Transkriptom durch die Kühle auf (s. Anhang 7.5, S. 171 Blatt, S. 186 Wurzel): Im Blatt zeigte sich eine Transkriptakkumulation hinsichtlich Desaturasen (6 Gene, FC: 1,4-1,6) und in Blatt und Wurzel in GDSL-Lipasen (Blatt: 5 Gene, FC: 1,2-2,7; Wurzel: 5 Gene; FC: 1,2-1,7). Desaturasen sind an der Bildung von ungesättigten Fettsäuren beteiligt (WEILER & NOVER 2008). GDSL-Lipasen gehören zu einer großen Familie hydrolytischer Enzyme und besitzen in Pflanzen vielseitige Funktionen hinsichtlich Entwicklung und Morphogenese (AKOH et al. 2004; NARANJO et al. 2006). Des Weiteren erwiesen sich in der Wurzel 2 Acyl-Carrier-Proteine, die eine zentrale Einheit der Fettsäuresynthese bilden (WEILER & NOVER 2008), sowie eine Glycerin-3-phosphat-Dehydrogenase, ein wesentliches Enzym der Biosynthese von Triglyceriden (WEILER & NOVER 2008), als induziert.

Darüber hinaus führte die reduzierte Temperatur in Blatt und Wurzel zur differentiellen Regulation verschiedener Gene, die für Antioxidantien codieren (Anhang 7.5, S. 172 Blatt, S. 187 Wurzel): Im Blatt wurden jeweils an beiden Terminen 13 differentiell regulierte Gene verzeichnet (Tag 7: 10 ↑ und 3↓; Tag 21: 12 ↑ und 1↓), darunter insbesondere für Gluthatione-S-Transferasen (5), Dismutasen (4), Peroxidasen (3) sowie Glutaredoxin (2) codierende Gene. In der Wurzel erwies sich die Anzahl als etwas geringer (14), darunter waren sowohl induzierte (8) als auch reprimierte (6) Gene, insbesondere Peroxidasen (6) und Gluthatione-S-Transferasen (4).

Im Bereich der Photosynthese (Funktionsklasse Ve.) führte die reduzierte Temperatur im Blatt zu der Induktion von Plastocyanin (3) und weiteren Kupferproteinen (2) sowie an Tag 21 zur Reprimierung eines Cytochrom-b6/f-Komplexes (Anhang 7.5, S. 172 Blatt).

In der Funktionsklasse „Vd. Aminosäure und Stickstoffmetabolismus“ waren im Blatt in erster Linie sowohl an Tag 7 als auch 21 Arginin Decarboxylasen (6 Gene, FC: 1,2-1,5), beteiligt an der Synthese von Putrescin (Polyamin, HANFREY et al. 2001), induziert sowie Prolin Oxidasen/Dehydrogenasen (2), beteiligt am Abbau von Prolin (SZABADOS & SAVOURÉ 2010), reprimiert (Anhang 7.5, S. 172 Blatt, 186 Wurzel). Ebenfalls in Zusammenhang zum Prolinmetabolismus stehend, erwies sich eine Pyrrolin-5-carboxylat-Synthetase als induziert (FC: 1,2), diese ist für die Prolinsynthese aus Glutamat essentiell (SZABADOS & SAVOURÉ 2010). Die stärkste Transkriptakkumulation erfolgte für ein Gen, das für eine Serin Hydroxymethyltransferase codiert (68,6-fache). Diese katalysiert die Bildung von Glycin aus Serin (SCHIRCH & SZEBENYI 2005). In Blatt und Wurzel erwiesen sich des Weiteren Glutamat Decarboxylasen (Blatt: 1; Wurzel: 3) als reprimiert. Diese katalysieren primär die Bildung der γ -Aminobuttersäure (GABA) aus Glutaminsäure (BOUCHÉ & FROMM 2004). In der Wurzel erwiesen sich außerdem Cystathionin- β -Synthasen (2) als reprimiert und eine Asparaginase und Methionin-S-Methyltransferase als induziert.

In der Funktionsklasse „Vf. Nucleotid Metabolismus“ wurden lediglich signifikante Veränderungen im Blatt, insbesondere 7 Tage nach Temperaturdifferenzierung, verzeichnet (Anhang 7.5, S. 172). Die Gene dieser Funktionsklasse sind zum Großteil induziert (11), lediglich wenige Ausnahmen sind reprimiert (5). Darunter befinden sich insbesondere Apyrasen (4 ↓), diese katalysieren die Hydrolyse von ATP, Ribonukleotidreduktasen (↑ 6), essentiell für die DNA-Synthese (CHABOUE et al. 2000) sowie Cytidineaminasen (2 ↑) und Adenin-Phosphoribosyltransferasen (2 ↑), beteiligt an der Biosynthese von Purin-Nucleosiden und Pyrimidin-Nucleosiden (STASOLLA et al. 2003).

Sekundär- und Hormonmetabolismus

Die reduzierte Temperatur besaß einen großen Einfluss auf den Sekundär- und Hormonmetabolismus (Funktionsklasse IV) in Blatt und Wurzel.

Die transkriptionalen Veränderungen im Hormonmetabolismus des Blattes traten insbesondere hinsichtlich Gibberellin (6↑, 1↓), Auxin (1↑, 3↓), Ethylen (3↑, 1↓), Cytokinin (3↑), Abscisinsäure (2↑) und Jasmonsäure (1↑, 4↓) auf (Tabelle 21). In der Wurzel wurden die meisten Veränderungen in der Biosynthese von Auxin (5↑, 6↓), Gibberellin (4↑, 3↓) und Ethylen (1↑, 4↓), weniger von Jasmonsäure (2↑) und Brassinosteroiden (1↑) beobachtet.

Der Einfluss auf den Sekundärmetabolismus zeigte sich insbesondere hinsichtlich der Biosynthese von Flavonoiden (Tabelle 22, a; WINKEL-SHIRLEY 2001), Terpenen (b, MCGARVEY & CROTEAU 1995), Phenylpropanoiden (c, VOGT 2010) und Steroid Hormonen (d, BISHOP & KONCZ 2002). Gleichzeitig erwiesen sich die an der Oxidation von Flavonoiden beteiligten Polyphenoloxidasen (e) als herunterreguliert (POURCEL et al. 2007). Darüber hinaus wurde ein Schlüsselenzym des Chlorophyllabbaus (Chlorophyllase) im Blatt an Tag 7 reprimiert und an Tag 21 induziert (TSUCHIYA et al. 1999) sowie ein Enzym, beteiligt an der Chlorophyll-Synthese (f), an Tag 7 um das 8,6-fache reprimiert (NAGATA et al. 2005).

Biotische und Abiotische Stimuli

In der Funktionsklasse „XIIb. Abiotische Stimuli“ erwiesen sich insbesondere an Tag 7 Hitzeschockproteine im Blatt als induziert (3) und in der Wurzel als reprimiert (8) (Anhang 7.5, S. 178 Blatt, S. 190 Wurzel). Darüber hinaus führte die Kühle zu einer Transkriptakkumulation von Genen, die für sog. „Early light inducible“ Proteine (6) codieren. Zusätzlich erwiesen sich 2 DREB-Proteine (Dehydration-responsive element binding proteins) als reprimiert.

Die Kühle führte auch zu einem Einfluss auf Proteine, die der Funktionsklasse „XIIb. Biotische Stimuli“ zugeordnet werden. Darunter befinden sich z. B. Saure Endochitinasen, Chitinasen und Defensin.

Tabelle 21: Durch die Kühle signifikant regulierte Gene der Petunie 'Mitchell' aus der Funktionsklasse Vlb. Hormonmetabolismus. Organ: Blatt und Wurzel, Zeitpunkt: Tag 7 bzw. 21 nach Temperaturdifferenzierung; FC: „log₂-fold-changes“ / Expressionsunterschied als log₂-Intensitätsverhältnis. Zugrunde liegt der Vergleich zwischen mykorrhizafreien Kontrollen unter Normaltemperatur (17,5 °C) und reduzierter Temperatur (13,5 °C).

Microarray ID und Funktionsklasse	Funktion	Organ	Zeitpunkt	FC
Vlb1. Auxin metabolism and perception				
cn10123	Indoleacetic acid-induced transcription factor	Blatt	21	3,4
cn1442	Auxin-repressed protein	Blatt	7	-1,4
cn1443	Auxin-repressed protein	Blatt	7	-1,3
IP_PHBS010D15u	SAUR family protein	Blatt	21	-4,0
cn1442	Auxin-repressed protein	Wurzel	21	-1,3
cn1443	Auxin-repressed protein	Wurzel	21	-1,4
cn5291	Indole-3-acetic acid-amido synthetase GH3	Wurzel	7	-1,1
		Wurzel	21	-1,0
GO_dr004P0021L02_F_ab1	Auxin-binding protein	Wurzel	7	1,4
GO_dr004P0031A01_F_ab1	Auxin-induced protein PCNT116	Wurzel	21	1,0
GO_drpoolB-CL42Contig2	Indole-3-acetic acid-amido synthetase GH3	Wurzel	7	-1,4
		Wurzel	21	-1,1
GO_drpoolB-CL7732Contig1	Auxin-induced protein	Wurzel	7	1,1
GO_drpoolB-CL958Contig1	Auxin-responsive family protein	Wurzel	21	1,6
GO_drpoolB-CL958Contig1	Auxin-responsive family protein	Wurzel	21	1,1
Vlb2. Cytokinin metabolism and perception				
DC243198_1	Cytokinin oxidase	Blatt	7	1,2
GO_drpoolB-CL2906Contig1	Cytokinin receptor	Blatt	7	1,9
Vlb3. Abscisic acid metabolism and perception				
cn7849	Abscisic acid-induced protein	Blatt	21	2,0
GO_drpoolB-CL7461Contig1	AWPM-19-like membrane family protein (ABA-responsive)	Blatt	21	1,2
cn3529	ABA-inducible protein	Wurzel	21	2,4
cn6	Abscisic stress ripening protein	Wurzel	21	-3,0
cn8	Abscisic stress ripening protein	Wurzel	7	-1,7
cn8	Abscisic stress ripening protein	Wurzel	21	-3,0
cn8363	9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase	Wurzel	21	2,5
GO_drpoolB-CL6861Contig1	9-cis-epoxy-carotenoid dioxygenase 2	Wurzel	21	2,0
Vlb4. Gibberellin metabolism and perception				
cn1090	Gibberellin 2-beta-dioxygenase	Blatt	21	1,0
cn3295	Gibberellin-responsive GBF-interacting protein 1(Gip1)-like protein; GBF: G-box Binding Factor	Blatt	7	1,6
cn3301		Blatt	7	1,4
cn7375	Gibberellin induced protein 3	Blatt	7	1,0
cn832	Gibberellin-induced protein	Blatt	7	1,2
GO_dr001P0002014_F_ab1	Gibberellin receptor gibberellin insensitive dwarf 1 (GID1)	Blatt	7	-1,3
GO_drpoolB-CL4258Contig1	Gibberellin-regulated GASA/GAST/Snakin family Protein	Blatt	21	1,0
cn2849	Gibberellin 20 oxidase	Wurzel	21	1,4
cn8430	Gibberellin 20 oxidase	Wurzel	21	1,0
cn8481	Copalyl diphosphate synthase	Wurzel	21	2,7
GO_drpoolB-CL4258Contig1	Gibberellin-regulated GASA/GAST/Snakin family protein	Wurzel	21	-1,8
GO_drpoolB-CL590Contig1	Gibberellin 20 oxidase	Wurzel	7	-3,1
GO_drpoolB-CL590Contig1	Gibberellin 20 oxidase	Wurzel	21	-2,0
GO_drpoolB-CL9449Contig1	Gibberellin 20-oxidase	Wurzel	21	1,4
Vlb5. Ethylene metabolism and perception				
cn9129	Ethylene responsive element binding factor	Blatt	7	1,6
		Blatt	21	1,5
GO_dr001P0016F20_F_ab1	Ethylene-responsive element binding factor	Blatt	21	1,7
GO_dr004P0022122_F_ab1	Ethylene-responsive transcription factor	Blatt	21	-1,2
cn3690	1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase	Wurzel	21	-1,0
cn885	Ethylene-responsive protein	Wurzel	21	-1,7
GO_dr001P0018F20_F_ab1	1-aminocyclopropane-1-carboxylic acid (ACC) synthase	Wurzel	21	-1,0
GO_drpoolB-CL2213Contig1	Ethylene-responsive transcription factor	Wurzel	21	1,1
GO_drpoolB-CL8955Contig1	N-acetyltransferase	Wurzel	21	-1,4
Vlb6. Jasmonate metabolism and perception				
cn1171	Lipoxygenase	Blatt	7	-1,9
cn729	Lipoxygenase	Blatt	7	-1,3
EB174935_1	Lipoxygenase	Blatt	7	-2,0
GO_dr004P0014N06_F_ab1	Methyl jasmonate induced MYB-related transcription factor	Blatt	21	1,4
SG_SGN-U211560	Lipoxygenase	Blatt	7	-1,7
GO_dr001P0008A09_F_ab1	12-oxophytodiene reductase	Wurzel	21	2,4
GO_drpoolB-CL7989Contig1	12-oxophytodiene reductase	Wurzel	21	1,0
Vlb8. Brassinosteroid metabolism and perception				
GO_dr001P0001P09_F_ab1	3-oxo-5-alpha-steroid 4-dehydrogenase family protein	Wurzel	21	2,3

Tabelle 22: Durch die Kühle signifikant regulierte Gene der Petunie 'Mitchell' aus der Funktionsklasse Sekundärmetabolismus. Zeitpunkt: Tag 7 bzw. 21 nach Temperaturdifferenzierung; FC: „log₂-fold-changes“/ Expressionsunterschied als log₂-Intensitätsverhältnis. Die Buchstaben (a-f) beziehen sich auf die Verweise im Text. Zugrunde liegt der Vergleich zwischen mykorrhizafreien Kontrollen unter Normal- (17,5 °C) und reduzierter Temperatur (13,5 °C).

Microarray ID und Funktionsklasse	Funktion	Organ	Zeitpunkt	FC
GO_dr004P0007L20_F_ab1	2-oxoglutarate-dependent dioxygenase	Blatt	21	1,0
cn3494	(f) 3,8-divinyl protochlorophyllide a 8-vinyl reductase	Blatt	7	-3,1
SG_SGN-U211455	(b) 3-hydroxy-3-methylglutaryl-coenzyme A reductase	Blatt	21	1,6
DC241469_1	(b) 3-hydroxy-3-methylglutaryl-coenzyme A reductase 1	Blatt	21	1,0
GO_drs13P0028M19_R_ab1	3-phosphoshikimate 1-carboxyvinyltransferase	Blatt	21	1,3
cn4299	(c) 4-coumarate- coenzyme A ligase	Blatt	21	1,1
cn1274	(c) 4-coumarate- coenzyme A ligase	Blatt	21	1,1
cn5942	(c) 4-coumarate- coenzyme A ligase	Blatt	21	1,1
cn4289	(g) Anthranilate N-benzoyltransferase	Blatt	7	1,6
cn591	(g) Anthranilate N-benzoyltransferase	Blatt	7	2,0
cn4289	(g) Anthranilate N-benzoyltransferase	Blatt	21	1,8
cn125	(c) Caffeoyl-Coenzym A O-methyltransferase 3	Blatt	21	1,3
GI_TC1174	(a) Chalcone synthase J	Blatt	7	1,2
		Blatt	21	1,4
cn2838	(f) Chlorophyllase 2	Blatt	7	-1,2
		Blatt	21	1,4
cn6634	(c) Cinnamic acid 4-hydroxylase	Blatt	21	1,1
GO_dr001P0011P13_F_ab1	(c) Cinnamoyl-Coenzym A reductase	Blatt	21	1,2
cn1275	(c) Coumarate-Coenzym A ligase 1	Blatt	21	1,1
cn8795	Carboxylesterase (CXE)	Blatt	21	1,7
cn437	Dimethylaniline monooxygenase	Blatt	7	-2,2
		Blatt	21	-2,3
IP_PHBS008I23u	Dihydroxyphenylalanine (DOPA) decarboxylase	Blatt	7	1,3
		Blatt	21	-1,2
cn2961(a)	(a) Flavanone 3beta-hydroxylase	Blatt	7	1,1
cn3362	(a) Flavonoid 3'-monooxygenase	Blatt	7	1,2
cn3362	(a) Flavonoid 3'-monooxygenase	Blatt	21	1,3
cn5354	(a) Flavonol synthase	Blatt	7	-1,9
GO_drpoolB-CL4036Contig1	(a) Leucoanthocyanidin dioxygenase	Blatt	7	2,5
GO_dr004P0017F02_F_ab1	Littorine mutase/monooxygenase	Blatt	21	1,0
GO_drpoolB-CL7999Contig1	Metallo-beta-lactamase family protein	Blatt	21	-1,5
cn7211	(b) Monoterpene synthase	Blatt	7	-2,8
		Blatt	21	-2,0
GO_drpoolB-CL1629Contig1	Multicopper oxidase	Blatt	21	1,3
GO_drpoolB-CL4542Contig1	Multicopper oxidase	Blatt	21	-1,8
SG_SGN-U208603	Multicopper oxidase	Blatt	21	1,1
cn69	Phenylalanine ammonialyase	Blatt	21	1,0
cn2367	Phenylalanine ammonia-lyase	Blatt	21	0,9
cn7964	Phenylcoumaran benzylic ether reductase	Blatt	21	1,3
cn7653	(e) Polyphenol oxidase	Blatt	7	-2,0
cn8861	(e) Polyphenol oxidase	Blatt	7	-2,2
GO_dr004P0018J03_F_ab1	(e) Polyphenol oxidase	Blatt	7	-2,1
cn8861	(e) Polyphenol oxidase	Blatt	21	1,2
GO_dr004P0018J03_F_ab1	(e) Polyphenol oxidase	Blatt	21	-1,2
cn5750	Progesterone 5-beta-reductase	Blatt	21	1,1
IP_PHBS005M07u	Progesterone 5-beta-reductase	Blatt	21	-2,3
cn2035	S-adenosylmethionine decarboxylase	Blatt	21	1,1
GO_drpoolB-CL6596Contig1	(b) Terpene synthase	Blatt	7	-1,4
		Blatt	21	2,5
IP_PHBS008C04u	Uridine 5'-diphospho-glucuronosyl/glucosyl transferase	Blatt	21	-1,4
GO_drpoolB-CL4591Contig1	Uridine 5'-diphospho (UDP)-glucosyltransferase	Blatt	7	1,3
cn8263	2-oxoglutarate-dependent dioxygenase	Wurzel	21	1,6
cn8429	2-oxoglutarate-dependent dioxygenase	Wurzel	21	0,9
GO_drpoolB-CL5834Contig1	(c) Cinnamyl alcohol dehydrogenase	Wurzel	21	1,3
GO_drpoolB-CL7829Contig1	Cycloartenol synthase	Wurzel	21	1,7
cn3441	(a) Flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase	Wurzel	7	-1,3
GO_drpoolB-CL3949Contig1	(a) Flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase	Wurzel	7	-1,4
cn9284	(a) Flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase	Wurzel	21	1,9
GO_drpoolB-CL1028Contig1	Geranylgeranyl pyrophosphate synthase	Wurzel	21	1,6
GO_drpoolB-CL1919Contig1	Geranylgeranyl pyrophosphate synthase	Wurzel	21	2,1
GO_drpoolB-CL657Contig1	(a) Isoflavone reductase	Wurzel	21	-2,3
GO_drpoolB-CL4036Contig1	Leucoanthocyanidin dioxygenase	Wurzel	7	1
cn7211	(b) Monoterpene synthase	Wurzel	21	1
cn8456	Multicopper oxidase	Wurzel	21	1,1
GO_drs12P0009B07_R_ab1	N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase	Wurzel	7	1,1
GO_drpoolB-CL2707Contig1	(d) P450 steroid hydroxylase	Wurzel	21	1,1
cn522	Phenylacetaldehyde synthase	Wurzel	7	2
GO_dr001P0019P22_F_ab1	Phenylacetaldehyde synthase	Wurzel	7	1,8
GO_drpoolB-CL8749Contig1	Phytoene synthase	Wurzel	21	2,9
cn5750	Progesterone 5-beta-reductase	Wurzel	21	1,1
IP_PHBS005M07u	Progesterone 5-beta-reductase	Wurzel	21	1,4
cn5536	Sinapyl alcohol dehydrogenase	Wurzel	21	1
GO_drpoolB-CL1662Contig1	Steroid dehydrogenase	Wurzel	21	-1,5
GO_drpoolB-CL1275Contig1	(d) Steroid hydroxylase	Wurzel	21	1,5
GO_dr001P0002G09_F_ab1	(b) Terpenoid cyclase	Wurzel	21	1
GO_drpoolB-CL8604Contig1	(b) Terpenoid cyclase	Wurzel	21	2,3
GO_dr001P0002D01_F_ab1	Triterpene carboxylic acid glucosyltransferase	Wurzel	21	1,3
IP_PHBS008C04u	Uridine 5'-diphospho-glucuronosyl/glucosyl transferase	Wurzel	21	1,2
GO_dr001P0009B16_F_ab1	Uridine 5'-diphospho (UDP)-glucosyltransferase	Wurzel	21	1,3

Weitere Funktionsklassen

Die Kühle besaß einen großen Einfluss auf Gene der Funktionsklasse „III. Membrantransport und nährstoffspezifische Prozesse“, insbesondere hinsichtlich Nährstofftransporter, darunter Sulfattransporter (5↓), Nitrattransporter (5↓, 2↑) und Phosphattransporter (2↑). Des Weiteren zeigte sich ein Einfluss auf Proteine (Funktionsklasse IX.), darunter Chaperone (5↓, 1↑).

Darüber hinaus waren diverse mit der Signaltransduktion und -perzeption verbundene Gene differentiell reguliert. Dieses war im Blatt insbesondere an Tag 7 (Tag 7: 13↓, 23↑; Tag 21: 13↓, 11↑) und in der Wurzel an Tag 21 (Tag 7: 5↓, 3↑; Tag 21: 18↓, 10↑) ausgeprägt. Verschiedene Transkriptionsfaktoren erwiesen sich als signifikant reguliert (Blatt: 36; Wurzel:17); darunter insbesondere der Transkriptionsfaktor LHY (Late Elongated Hypocotyl; 7↑), Homeobox (7↓), GATA (3↓), Myb (Myeloblastosis; ↓3, ↑3), bHLH (basic helix-loop-helix; ↓2, ↑1) und AP2 (Apetala 2; ↑2).

3.3.4.3 Mykorrhiza und Kühle regulierte Gene

Die reduzierte Temperatur führte an der mit BEG 144 mykorrhizierten Petunie 'Mitchell' zu signifikanten Einflüssen auf das Transkriptom. Welche Unterschiede zu den mykorrhizafreien Pflanzen unter Kühle vorlagen, soll im Folgenden analysiert werden. Die Auswahl der relevanten sowie signifikant regulierten Gene beruht auf den Vergleichen zwischen folgenden Varianten: (1.) Der direkte Vergleich zwischen den mykorrhizierten zu den mykorrhizafreien Petunien der Sorte 'Mitchell' bei reduzierter Temperatur (13,5 °C). (2.) Ein Differenzterm, berechnet auf der Grundlage der Unterschiede zwischen den bei 17,5 °C zu 13,5 °C kultivierten Pflanzen, für die mykorrhizierten Petunien in Bezug zu den mykorrhizafreien Varianten. Darüber hinaus werden im Folgenden für die ausgewählten Gene die Expressionsraten ins Verhältnis zu den mykorrhizafreien Kontrollen (17,5 °C) gesetzt. Eine vollständige Liste der signifikant regulierten Gene ist Anhang 7.5, Tabelle 46 und 47 zu entnehmen. In Abbildung 28 ist der Anteil signifikant regulierter Gene dieser Vergleiche pro Funktionsklasse dargestellt. Im Gegensatz zu den in 3.3.4.1 und 3.3.4.2 gezeigten Ergebnisse wird hier, auf Basis der zwei zugrunde liegenden Vergleiche, die Summe der regulierten Gene betrachtet.

Der größte Anteil an signifikant regulierten Genen beider Vergleiche liegt im Blatt in folgenden Funktionsklassen vor: „XIIc. Entwicklung und Gewebe“ (Tag 7 und 21: 1,1 %); „I. Zellwand und Speicher“ (Tag 7: 0,5 %; Tag 21: 0,7 %), „VII. Chromatinstruktur und DNA-Metabolismus“ (Tag 21: 0,6 %), „XII. Biotische und abiotische Stimuli“ (Tag 7: 0,5 %). In der Wurzel sind signifikant regulierte Gene insbesondere den Funktionsklassen „III. Membrantransport und nährstoffspezifische Prozesse“ (Tag 7: 0,3; Tag 21: 0,8 %), „II.

Cytoskelett“ (Tag 21: 0,6 %), „V. Primärmetabolismus“ (Tag 7 und 21: 0,4 %) sowie „VII. Chromatinstruktur und DNA-Metabolismus“ (Tag 7: 0,6 %) zugeordnet.

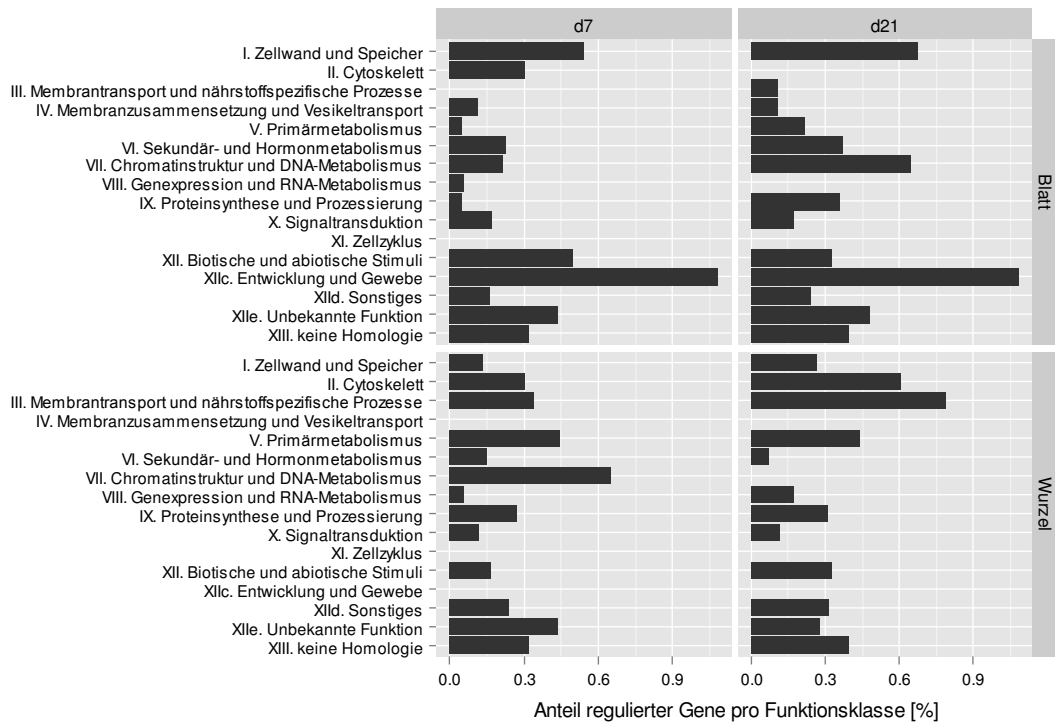


Abbildung 28: Anteil signifikant regulierter Gene [%] pro Funktionsklasse durch Mykorrhiza und Kühle 7 bzw. 21 Tage (d) nach Temperaturdifferenzierung in Blatt und Wurzel der Petunie 'Mitchell'. Zugrunde liegt der Vergleich zwischen BEG 144 mykorrhizierten (13,5 °C) und mykorrhizafreien Kontrollen (13,5°C) sowie ein Differenzterm zwischen 17,5 und 13,5 °C für die mykorrhizierten Petunien in Bezug zu den mykorrhizafreien Varianten. Die Zuordnung zu den Funktionsklassen erfolgte nach AHKAMI et al. (2014).

Zellwand

Die AM führte unter reduzierter Temperatur, ebenfalls wie unter Normaltemperatur, in der Wurzel zur Induktion eines Fascilin-ähnlichen Arabinogalactanproteins und einer Pektinesterase (Tabelle 23). Dagegen erwies sich eine Pektatlyase unter Kühle als unverändert. Darüber hinaus wurden im Blatt 2 Pektinesterasen induziert, wovon eine in der Wärme nicht reguliert war.

In den mykorrhizafreien Kontrollen führte die reduzierte Temperatur zu einem um das 4,3-fache induzierte Prolin-reiche Protein. In der Kombination mit AM war dieses Protein nur leicht, um das 1,3-fache (n.s.), hochreguliert. Ebenfalls erweist sich ein Gen, das für Expansin codiert in der Kühle an Tag 21 um das 3,5-fache induziert. Mit AM (FC= -0,4) lag kein Unterschied zur warmen Kontrolle vor. In den AM-Varianten wurde jedoch an Tag 7 ein Gen induziert, das für α -Expansin codiert.

Im Gegensatz dazu führte die reduzierte Temperatur ausschließlich in den Blättern mykorrhizierter Petunien zur Induktion eines COBRA-ähnlichen Protein Präkursors und zur Reprimierung eines putativen Glycoprotein 1- ähnlichen Zellwandproteins. Gene der COBRA-Familie sind an der Zellexpansion und der Biosynthese der Zellwand beteiligt, ihre

Funktionen sind jedoch noch nicht vollständig untersucht (BRADY et al. 2007; HOCHHOLDINGER et al. 2008).

Tabelle 23: Durch Mykorrhiza und Kühle signifikant regulierte Gene im Blatt der Petunie 'Mitchell' aus der Funktionsklasse Ia. Zellwand. Organ: Blatt und Wurzel, Zeitpunkt: Tag 7 bzw. 21 nach Temperaturdifferenzierung; FC: „log₂-fold-changes“ / Expressionsunterschied als log₂-Intensitätsverhältnis. Zugrunde liegt der Vergleich zwischen BEG 144 mykorrhizierten (13,5 °C) und mykorrhizafreien Kontrollen (13,5°C) sowie ein Differenzterm zwischen 17,5 und 13,5 °C für die mykorrhizierten Petunien in Bezug zu den mykorrhizafreien Varianten. FC 1 bezieht sich auf den Vergleich mykorrhiziert (13,5 °C) zu mykorrhizafrei (13,5 °C); FC 2 bezieht sich auf den Vergleich mykorrhiziert (17,5 °C) zu mykorrhiziert (13,5 °C).

Microarray ID und Funktionsklasse	Funktion	Organ	Zeitpunkt	FC 1	FC 2
Ia. Cell wall					
cn5657	COBRA-like protein 10 precursor	Blatt	21	2,8	3,0
cn8553	Cell wall protein glycoprotein 1-like	Blatt	21	-1,1	0,0
cn8678	Proline-rich protein	Blatt	21	-1,7	0,6
GO_dr004P0010F07_F_ab1	Expansin	Blatt	21	-2,2	-0,2
GO_drpoolB-CL2501Contig1	Arabinogalactan protein	Blatt	21	-0,9	-0,8
GO_dr001P0011K23_F_ab1	Alpha-L-fucosidase	Blatt	7	-1,2	-1,1
GO_dr004P0004N03_F_ab1	Pectinesterase	Blatt	7	-1,0	0,9
GO_drpoolB-CL5159Contig1	Alpha-expansin	Blatt	7	1,5	1,9
SG_SGN-U209721	Pectinesterase	Blatt	7	1,8	0,3
cn1085	Fasciclin-like arabinogalactan protein	Wurzel	7	1,7	-0,5
cn10409	Pectate lyase family protein	Wurzel	21	-0,1	-2,1
cn1840	Pectinesterase	Wurzel	21	6,3	-0,7
Ib. Storage					
cn8800	Alpha-1,4-glucan-protein synthase	Blatt	21	0,1	1,5

Primärmetabolismus

Das Transkriptom der mykorrhizierten und mykorrhizafreien Petunien unterschied sich ebenfalls hinsichtlich Genen, die am Primärmetabolismus beteiligt sind (Tabelle 24): Im Bereich des Kohlenhydratmetabolismus erwies sich eine Saccharose Synthase im Blatt an Tag 7 in der AM-Variante (17,5 °C; FC: 0,4) und in der Kühle ((-)AMP, 13,5 °C; FC: 0,6) im Vergleich zur mykorrhizafreien Kontrolle leicht hochreguliert. Die Genexpression in der AM-Variante (13,5 °C) war jedoch unverändert (FC: 0,0). Des Weiteren führte die AM sowohl unter Normaltemperatur als auch unter reduzierter Temperatur in der Wurzel zu induzierten Genen, die am Kohlenhydratmetabolismus beteiligt sind (Tab. 24, a). Eine Hexokinase erwies sich jedoch lediglich in der Kühle ((-) AMP) im Vergleich zur Kontrolle ((-) AMP) als induziert (FC: 1,7), in der AM-Variante (13,5 °C und 17,5 °C) zeigte sich keine Veränderung.

Die AM führte unter Normal- und reduzierter Temperatur zur Induktion von Genen, die den Funktionsklassen „Vc. Lipidmetabolismus“ (b) und „Vd. Aminosäuremetabolismus“ (c) zugeordnet werden. Im Bereich des Aminosäuremetabolismus führte die Kühle zur Induktion einer Glycerat Dehydrogenase (d, FC: 0,8; Vergleich zu (-) AMP 16 °C), in Kombination mit AM erwies sich der Anstieg deutlich größer (FC: 2,1; Vergleich zu (-) AMP 16 °C). Gegenteilig führte die Kühle zur Induktion von Glutaredoxin (e), in der AM-Variante (13,5 °C) wurde jedoch keine Veränderung verzeichnet. Darüber hinaus führte wiederum ausschließlich die Kombination aus AM und Kühle zur Regulation weiterer Gene (f).

Tabelle 24: Durch Mykorrhiza und Kühle signifikant regulierte Gene im Blatt der Petunie 'Mitchell' aus der Funktionsklasse V. Primärmetabolismus. Organ: Blatt und Wurzel, Zeitpunkt: Tag 7 bzw. 21 nach Temperaturdifferenzierung; FC: „log₂-fold-changes“/ Expressionsunterschied als log₂-Intensitätsverhältnis. Die Buchstaben (a-f) beziehen sich auf die Verweise im Text. Zugrunde liegt der Vergleich zwischen BEG 144 mykorrhizierten (13,5 °C) und mykorrhizafreien Kontrollen (13,5°C) sowie ein Differenzterm zwischen 17,5 und 13,5 °C für die mykorrhizierten Petunien in Bezug zu den mykorrhizafreien Varianten. FC 1 bezieht sich auf den Vergleich mykorrhiziert (13,5 °C) zu mykorrhizafrei (13,5 °C); FC 2 bezieht sich auf den Vergleich mykorrhiziert (17,5 °C) zu mykorrhiziert (13,5 °C).

Microarray ID und Funktionsklasse		Funktion	Organ	Zeitpunkt	FC 1	FC 2
Va. C1-C12 metabolism						
cn1370	(f)	Mitochondrial formate dehydrogenase (FDH)	Blatt	7	3,0	1,9
GO_drpoolB-CL5436Contig1		Sucrose synthase	Blatt	7	-0,6	-0,4
GO_dr004P0013M19_F_ab1	(a)	Aldo/keto reductase	Wurzel	21	1,0	-1,3
cn6309	(a)	Fructokinase	Wurzel	7	1,4	-0,7
				21	1,5	-0,6
cn10117		Hexokinase 7	Wurzel	21	-2,0	0,0
cn9420	(a)	Invertase inhibitor	Wurzel	7	1,0	-0,1
GO_drpoolB-CL2232Contig1		Stachyose synthase precursor	Wurzel	7	1,2	-0,2
Vc. Lipid metabolism						
cn4070	(b)	Acyl carrier protein	Wurzel	7	1,1	-0,7
			Wurzel	21	2,3	-0,4
cn4071	(b)	Acyl carrier protein	Wurzel	7	0,3	-0,7
cn583		Extracellular lipase	Wurzel	7	-0,6	-0,7
cn8693	(b)	GDSL-motif lipase/hydrolase family protein	Wurzel	21	3,1	-0,3
cn5471	(b)	Glycerol-3-phosphate dehydrogenase	Wurzel	21	1,3	-0,4
GO_dr004P0004L18_F_ab1	(b)	Glycerol-3-phosphate dehydrogenase	Wurzel	7	0,3	-0,5
			Wurzel	21	2,3	-0,4
GO_drpoolB-CL2127Contig1	(b)	Triacylglycerol lipase	Wurzel	21	3,4	-1,9
Vd. Amino acid and N metabolism						
GO_dr004P0021O14_F_ab1	(d)	Glycerate dehydrogenase	Blatt	21	0,7	2,1
GO_drs12P0002G04_R_ab1		Fumarylacetoacetase	Blatt	7	-1,2	-1,8
GO_dr004P0015D19_F_ab1	(c)	Gamma-glutamyl-gamma-aminobutyrate hydrolase	Wurzel	7	2,1	0,4
			Wurzel	21	2,5	-1,6
Ve. Chloroplast, Photosynthesis, Calvin cycle						
cn5788		Plastocyanin-like domain-containing protein	Blatt	21	0,1	2,4
GO_dr004P0008J15_F_ab1	(f)	Stellacyanin	Blatt	21	-1,1	-1,3
Vf. Nucleotide metabolism						
SG_SGN-U209022		Inosine-uridine preferring nucleoside hydrolase	Blatt	21	-0,9	-0,3
Vg. Antioxidative metabolism and Redox state						
cn7425	(e)	Glutaredoxin	Blatt	21	-2,0	0,1
GO_drpoolB-CL1481Contig1	(f)	Peroxidase	Wurzel	7	1,7	1,6
cn517		Thioredoxin	Wurzel	21	2,5	-0,9

Sekundär- und Hormonmetabolismus

Ein Einfluss der reduzierten Temperatur auf die Biosynthese von Sekundärmetaboliten und Phytohormonen wurde bereits in Kapitel 3.3.4.2 (S. 80) beschrieben. Hier zeigt sich nun ein Einfluss der AM (13,5 °C) auf einige dieser Gene (Tabelle 25). Darunter sind Einzelne, die sich als stärker induziert (Tabelle 25, a) bzw. als unverändert (b) gegenüber den mykorrhizafreien Kontrollen erwiesen (17,5 °C). Darüber hinaus waren unter 13,5 °C einige Gene reprimiert, die sich in der AM-Variante (13,5 °C) jedoch ebenfalls als unverändert erwiesen (c). Des Weiteren beeinflusste die AM unter Normaltemperatur Sekundärmetabolite und Phytohormone (s. 3.3.4.1, S. 72). Einige Gene, die dem Sekundär- (d) und Auxinmetabolismus (e) zugeordnet sind, erwiesen sich ebenfalls in den AM-Varianten unter 13,5 °C als induziert.

Im Bereich des ABA-Metabolismus erwies sich im Blatt an Tag 21 eine Carotenoid Dioxygenase (f), Schlüsselenzym der ABA-Biosynthese (SEO & KOSHIBA 2002), in der AM-Variante (13,5 °C) als induziert. Gleichzeitig waren die Expressionsraten der mykorrhizafreien Variante (13,5 °C) im Vergleich zu den mykorrhizafreien Kontrollen (17,5°C) unverändert sowie zwischen mykorrhizafreier Kontrolle (17,5 °C) und AM-Variante (17,5 °C) reprimiert.

Tabelle 25: Durch Mykorrhiza und Kühle signifikant regulierte Gene im Blatt der Petunie 'Mitchell' aus der Funktionsklasse VI. Sekundär- und Hormonmetabolismus. Organ: Blatt und Wurzel, Zeitpunkt: Tag 7 bzw. 21 nach Temperaturdifferenzierung; FC: „log₂-fold-changes“/ Expressionsunterschied als log₂-Intensitätsverhältnis. Die Buchstaben (a-g) beziehen sich auf die Verweise im Text. Zugrunde liegt der Vergleich zwischen BEG 144 mykorrhizierten (13,5 °C) und mykorrhizafreien Kontrollen (13,5°C) sowie ein Differenzterm zwischen 17,5 und 13,5 °C für die mykorrhizierten Petunien in Bezug zu den mykorrhizafreien Varianten. FC 1 bezieht sich auf den Vergleich mykorrhiziert (13,5 °C) zu mykorrhizafrei (13,5 °C); FC 2 bezieht sich auf den Vergleich mykorrhiziert (17,5 °C) zu mykorrhiziert (13,5 °C).

Microarray ID und Funktionsklasse	Funktion	Organ	Zeitpunkt	FC 1	FC 2
Vla. Secondary metabolism					
cn2367	(a) Phenylalanine ammonia-lyase	Blatt	21	0,3	2,1
cn8213	(b) Reticuline oxidase	Blatt	21	-0,5	-0,7
GO_drpoolB-CL4591Contig1	(b) UDP-glucosyltransferase	Blatt	21	-2,6	0,0
GO_drpoolB-CL7999Contig1	(c) Metallo-beta-lactamase family protein	Blatt	21	1,4	-0,8
cn437	(c) Dimethylaniline monooxygenase	Blatt	7	1,8	-0,3
GO_drpoolB-CL6062Contig1	(d) Anthranilate N-benzoyltransferase	Wurzel	21	2,7	-1,5
GO_dr001P0019P22_F_ab1	Phenylacetaldehyde synthase	Wurzel	7	-0,5	-0,1
IP_PHBS009B23u	(d) Uridine 5'-diphospho (UDP)-glucuronosyltransferase	Wurzel	7	1,1	-0,4
Vlb1. Auxin metabolism and perception					
cn5291	(e) Indole-3-acetic acid-amido synthetase GH3	Wurzel	7	1,5	-0,9
GO_drpoolB-CL42Contig2	(e) Indole-3-acetic acid-amido synthetase GH3	Wurzel	7	1,9	-1,0
Vlb3. Abscisic acid metabolism and perception					
cn9068	(f) 9-cis-epoxy-carotenoid dioxygenase 1	Blatt	21	0,7	1,2
Vlb4. Gibberellin metabolism and perception					
GO_drpoolB-CL916Contig1	(g) GA2 ent-kaurene synthase	Blatt	7	-2,4	-1,6
Vlb5. Ethylene metabolism and perception					
cn885	(g) Ethylene-responsive protein	Blatt	21	2,0	1,7
IP_PHBS001D24u	(g) 1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase	Blatt	21	4,4	4,2
IP_PHBS012I22u	(g) 1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase	Blatt	21	5,6	5,6
GO_dr001P0011E21_F_ab1	Ethylene response factor	Wurzel	7	1,3	0,2

Ebenfalls besaß die AM unter Kühle einen Einfluss auf verschiedene Gene der Funktionsklassen „Vlb4. Gibberellinmetabolismus“ und „Vlb. Ethylenmetabolismus“. Darunter waren einige Gene ausschließlich durch diese Kombination reguliert (g), z. B. eine GA2 ent-Kaurene Synthase, essentiell für die GA-Synthese in Pflanzen (HEDDEN & PHILLIPS 2000), sowie zwei 1-Aminocyclopropan-1-carbonsäure-Synthasen, beteiligt an der Ethylen-Biosynthese (BLEECKER & KENDE 2000).

Biotische und abiotische Stimuli

In der Funktionsklasse „XII. Biotische und abiotische Stimuli“ (Tabelle 26) führte die Kombination aus AM und Kühle in der Wurzel zur Regulierung von Genen, die ebenfalls unter Normaltemperatur reguliert waren (a). Die Unterschiede in den Expressionsraten zur my-

korrrhizafreien Kontrolle (17,5 °C) erwiesen sich unter 17,5 °C deutlich höher (FC 4,8-5,7) als unter 13,5 °C (FC: 2,6-4,6). Eine saure Endochitinase wurde darüber hinaus auch unter reduzierter Temperatur ((-) AMP) induziert (b).

Im Blatt waren ausschließlich Veränderungen im Transkriptom in der AM-Variante unter 13,5 °C zu verzeichnen (c): Kühle und AM führte zur Induktion von 3 Genen, darunter ein Gen, dass für Defensin, eines für β -1,3-Glucanase induzierbaren Elicitor sowie für einen DREB-ähnlichen Transkriptionsfaktor (Dehydration-responsive element binding) codiert.

Tabelle 26: Durch Mykorrhiza und Kühle signifikant regulierte Gene im Blatt der Petunie 'Mitchell' aus der Funktionsklasse XII. Biotische und abiotische Stimuli. Organ: Blatt und Wurzel, Zeitpunkt: Tag 7 bzw. 21 nach Temperaturdifferenzierung; FC: „log-2-fold-changes“/ Expressionsunterschied als log₂-Intensitätsverhältnis. Die Buchstaben (a-c) beziehen sich auf die Verweise im Text. Zugrunde liegt der Vergleich zwischen BEG 144 mykorrhizierten (13,5 °C) und mykorrhizafreien Kontrollen (13,5°C) sowie ein Differenzterm zwischen 17,5 und 13,5 °C für die mykorrhizierten Petunien in Bezug zu den mykorrhizafreien Varianten. FC 1 bezieht sich auf den Vergleich mykorrhiziert (13,5 °C) zu mykorrhizafrei (13,5 °C); FC 2 bezieht sich auf den Vergleich mykorrhiziert (17,5 °C) zu mykorrhiziert (13,5 °C).

Microarray ID und Funktionsklasse	Funktion	Organ	Zeitpunkt	FC 1	FC 2
XIIa. Biotic stimuli					
GO_drpoolB-CL8536Contig1	(c) Defensin	Blatt	21	2,4	2,4
GO_drpoolB-CL4736Contig1	Disease resistance protein	Blatt	7	0,2	0,8
GO_drpoolB-CL6599Contig1	(c) Elicitor inducible beta-1,3-glucanase	Blatt	7	1,9	1,5
cn8660	(a,b) Acidic endochitinase	Wurzel	7	0,0	-1,2
GO_drpoolB-CL542Contig1	(a) Chitinase 1 precursor	Wurzel	21	2,8	-1,7
cn8494	(a) Osmotin-like protein	Wurzel	21	2,6	-2,2
XIIb. Abiotic stimuli					
cn450	Necrostatin-1 (NEC1)	Blatt	21	-2,1	-3,3
IP_PHBS008P03u	(c) Dehydration-responsive element binding protein/ DREB-like transcription factor	Blatt	7	1,7	-1,6

Membrantransport und nährstoffspezifische Prozesse

Wie unter Normaltemperatur führte die AM auch unter Kühle zur Induktion eines ABC-Transporters (Tabelle 27, a). Dabei erwiesen sich die Unterschiede in den Expressionsraten zur mykorrhizafreien Kontrolle (17,5 °C) höher (FC: 4,8) als bei 13,5 °C (FC: 3,6). Darüber hinaus wurde unter Kühle noch ein weiteres Nodulin 26-ähnliches Protein (b) induziert.

Die unter Normaltemperatur an Tag 7 und 21 induzierten Nitrattransporter der Wurzel (c) waren ebenfalls durch die AM unter 13,5 °C moderat hochreguliert bzw. unterschieden sich nicht von der mykorrhizafreien Kontrolle (17,5 °C). Unter reduzierter Temperatur erwiesen sich diese als reprimiert.

Des Weiteren wurde sowohl unter reduzierter Temperatur als auch durch die AM und deren Kombination ein Gen induziert, das für einen Metall-Ionen-Transporter (d) codiert. Dagegen erwiesen sich Phosphat-abhängige Proteine sowohl durch die Kühle als auch durch die AM als reprimiert (e).

Tabelle 27: Durch Mykorrhiza und Kühle signifikant regulierte Gene im Blatt der Petunie 'Mitchell' aus der Funktionsklasse III. Membrantransport und nährstoffspezifische Prozesse. Organ: Blatt und Wurzel, Zeitpunkt: Tag 7 bzw. 21 nach Temperaturdifferenzierung; FC: „log₂-fold-changes“ / Expressionsunterschied als log₂-Intensitätsverhältnis. Die Buchstaben (a-e) beziehen sich auf die Verweise im Text. Zugrunde liegt der Vergleich zwischen BEG 144 mykorrhizierten (13,5 °C) und mykorrhizafreien Kontrollen (13,5°C) sowie ein Differenzterm zwischen 17,5 und 13,5 °C für die mykorrhizierten Petunien in Bezug zu den mykorrhizafreien Varianten. FC 1 bezieht sich auf den Vergleich mykorrhiziert (13,5 °C) zu mykorrhizafrei (13,5 °C); FC 2 bezieht sich auf den Vergleich mykorrhiziert (17,5 °C) zu mykorrhiziert (13,5 °C).

Microarray ID und Funktionsklasse	Funktion	Organ	Zeitpunkt	FC 1	FC 2
IIIa. Membrane transport					
SG_SGN-U210333	(b) Nodulin(NOD)26-like intrinsic protein	Wurzel	21	2,7	2,8
GO_drpoolB- CL7288Contig1	(a) PDR-type ABC transporter	Wurzel	21	3,9	-1,1
IIIb. Mineral nutrient responsive and aquisition					
GO_drpoolB-CL2736Contig1	(c) High affinity nitrate transporter	Wurzel	7	1,1	0,1
			21	1,2	-0,9
GO_drs31P0006M14_R_ab1	(c) High affinity nitrate transporter	Wurzel	7	1,1	-0,2
			21	1,1	-1,2
GO_drpoolB-CL7158Contig1	(d) Metal ion transporter	Wurzel	7	-0,2	0,3
cn3085	(e) Phosphate-responsive protein	Wurzel	21	0,4	0,3
cn3086	(e) Phosphate-responsive protein	Wurzel	21	0,4	0,3
cn3087	(e) Phosphate-responsive protein	Wurzel	21	0,5	0,4

Weitere Funktionsklassen

Die AM besaß einen Einfluss auf Transkriptionsfaktoren: Ein unter reduzierter Temperatur induzierter Myb-Transkriptionsfaktor erwies sich durch die AM unter Kühle im Vergleich zur Kontrolle (17,5 °C) als unverändert. Ebenfalls traten hinsichtlich eines „LOB domain-containing Proteins“ der Funktionsklasse „VIII. Genexpression und RNA-Metabolismus“ durch die AM unter Kühle keine Unterschiede in den Expressionsraten im Vergleich zur mykorrhizafreien Kontrolle (17,5 °C) auf. In der mykorrhizafreien Variante unter Kühle erwies sich dieses Gen jedoch als reprimiert. Ähnliche Einflüsse zeigten sich durch die AM unter reduzierter Temperatur auf 3 Proteine, die an der Signalperzeption und -transduktion im Blatt beteiligt sind (MAP-Kinase, „NBS-LRR type Resistance Protein“, „Rho Guanyl-Nucleotide Exchange Factor“).

Ein zu der Funktionsklasse „VII. Chromatinstruktur“ gehörendes DNA-Repair Protein wurde sowohl durch die Kühle, als auch durch die AM und deren Kombination in der Wurzel signifikant reguliert (FC: 0,8-1). Dagegen erwies sich ein HMG1/2 Protein nur in der Kombination von Kühle und AM im Blatt als induziert, eine Esterase (putative Endonuclease/ Exonuclease/ Phosphatase) an Tag 7 reprimiert und an Tag 21 induziert.

In der kleinen Funktionsgruppe „XIc Entwicklung und Gewebe“ (185 Gene), erwies sich insbesondere ein LEA-Protein nur in der Kombination von Kühle und AM als induziert.

Das der Funktionsklasse „II. Cytoskelett“ zugerechnete β -Tubulin war lediglich in den mykorrhizafreien Petunien unter reduzierter Temperatur induziert. Dagegen führte ausschließlich die Kombination von AM und Kühle zur Reprimierung von Annexin.

3.4 Diskussion

Die reduzierten Temperaturen und die AM-Symbiose führten zu umfangreichen Veränderungen in Physiologie und Transkriptom der Petunie bzw. Poinsettie.

Kohlenhydrathaushalt

In der vorliegenden Untersuchung wiesen Petunien und Poinsettien unter den jeweils reduzierten Kulturtemperaturen erhöhte Kohlenhydratgehalte im Sourcegewebe auf. Für die Poinsettien war dieser Effekt lediglich an der Sorte 'Christmas Spirit' zu beobachten: Die Konzentration der löslichen Zucker sowie der Stärke erwies sich nach 49 Tagen als leicht bis stark erhöht. Der erhöhte Gehalt der löslichen Zucker war hauptsächlich auf einen Anstieg der Saccharosegehalte zurückzuführen. In den Petunienblättern konzentrierte sich der Anstieg in den Kohlenhydratgehalten 21 Tage nach Temperaturdifferenzierung hingegen auf Glucose und Fructose.

Eine Akkumulation von löslichen Zuckern unter Kühle wurde bereits in vielen Studien aufgezeigt, z. B. an *Spinacia oleracea* (GUY et al. 1992), *Petunia hybrida* und *Pelargonium × hortorum* (MERRITT et al. 1992), *Oryza sativa* L. (MORSY et al. 2007) sowie *Solanum tuberosum* (OUFIR et al. 2008). In einigen Untersuchungen wurde insbesondere ein Anstieg der Saccharosekonzentration verzeichnet (GUY et al. 1992; MORSY et al. 2007; PASTORCZYK et al. 2014). Eine Ursache könnte in einer erhöhten Aktivität der an der Saccharose-Synthese beteiligten Enzyme liegen (STRAND et al. 2003), so erwies sich bei GUY et al. (1992) durch die Kühle die Saccharose-Phosphat-Synthase-Aktivität als signifikant erhöht. Saccharose stellt unter abiotischem Stress eine gute Speicherform von Glucose- und Fructosemolekülen dar: Diese kann schnell mobilisiert werden, einerseits für den Transport zu Orten des Verbrauchs andererseits als schnell verfügbare Energiequelle (GUY et al. 1992). Des Weiteren konnten STRAND et al. (2003) an transgenen *Arabidopsis thaliana* einen Zusammenhang zwischen Saccharose-Metabolismus und Kühltoleranz aufzeigen. Unter funktionsfähiger Saccharosesynthese erwies sich die Toleranz gegenüber Kühle als erhöht.

Dagegen zeigen die Ergebnisse der Kohlenhydratanalyse für die Petunien nach 24 Stunden eine Reduktion in den Saccharosegehalten des Sinkgewebes. Dieses könnte auf einen unter Kühle reduzierten Transport vom Source- ins Sinkgewebe zurückgeführt werden. Zum gleichen Zeitpunkt waren die Gehalte an Monosacchariden marginal erhöht (n.s.). Ein ähnliches Ergebnis lag 21 Tage nach Temperaturdifferenzierung im Sourcegewebe vor: Die Glucose- und Fructosegehalte erwiesen sich als erhöht, die Saccharosegehalte dagegen als reduziert. Diese Ergebnisse weisen vielmehr auf einen erhöhten Abbau der Saccharose

hin. Nach MORSY et al. (2007) könnte der Anstieg in der Saccharose-Spaltung auf eine erhöhte Invertase-Aktivität zurückgeführt werden.

Eine Anreicherung von Glucose und Fructose unter Kühle wird häufig auch auf einen vermehrten Stärkeabbau zurückgeführt (KRATSCHEK & WISE 2000; KAPLAN et al. 2007). Dieser resultiert direkt in einen quantitativen Anstieg von Hexosephosphaten, welche die Ausgangssubstanzen der Saccharose-Biosynthese bilden. Schließlich führt der Stärkeabbau über das Zwischenprodukt Saccharose zu erhöhten Glucose- und Fructosekonzentrationen (RUELLAND & COLLIN 2012). In der vorliegenden Untersuchung wurde jedoch ein gegenteiliges Ergebnis beobachtet, es erfolgte nach 49 (Poinsettien) bzw. 21 Tagen (Petunien) unter Kühle eine Akkumulation von Stärke. GUY et al. (1992) beschrieben bereits, dass bei kühesensitiven Pflanzen (*Solanum*, *Citrus*) Temperaturstress auch zu einer Stärkeakkumulation führen kann. Eine Ursache könnte in der Hemmung des Stärkeabbaus durch die Kühle oder durch bereits akkumulierte, hohe Hexosekonzentrationen liegen (GUY et al. 1992).

Für die Poinsettien zeigte sich darüber hinaus ein sortenspezifischer Unterschied in den Zuckergehalten: Die kühlempfindlichere Sorte 'Christmas Spirit' wies geringere Kohlenhydratgehalte im Sinkgewebe sowie geringere Gehalte an Monosacchariden im Sourcegewebe auf als die Sorte 'Christmas Eve'. Die verschiedenen Kohlenhydratkonzentrationen können eine Erklärung für die unterschiedlich ausgeprägten Kühlesensitivitäten beider Sorten sein.

Insgesamt wird der Akkumulation von Kohlenhydraten unter reduzierten Temperaturen eine bedeutende Rolle hinsichtlich einer Kühletoleranz zugeschrieben: Lösliche Zucker sind osmotisch wirksame Moleküle und können die Zelldehydratation vermeiden (RUELLAND & COLLIN 2012). Des Weiteren können Kohlenhydrate als Kryoprotektoren Membranen und integrale Membranproteine schützen und dadurch stabilisierend wirken (RUELLAND & COLLIN 2012). Darüber hinaus können Zuckermoleküle als ROS Radikalfänger wirken (BOHNERT & JENSEN 1996; RUELLAND et al. 2009; KEUNEN et al. 2013). Hinsichtlich einer Frosttoleranz führt die Anreicherung von löslichen Zuckern zur Vermeidung der Eiskristallbildung durch die Absenkung des Gefrierpunktes (RUELLAND et al. 2009).

Das AMP-Isolat BEG 144 führte an Petunien zu einem frühzeitigeren Anstieg (Tag 7) der Glucose- und Fructosegehalte im Vergleich zu der mykorrhizafreien Kontrolle. Dieser Anstieg könnte ein Hinweis auf eine frühzeitige Einlagerung von Zucker als Reaktion auf die kühlen Temperaturen sein und kann als Hinweis auf einen Schutzmechanismus durch die AM angesehen werden.

Die zum Teil unter Normaltemperatur an Tag 1 reduzierten Zuckergehalte in den mykorrhizierten Petunien können auf einen Kohlenstoffentzug durch die AMP zurückgeführt werden. Die AMP erhalten vom Symbiosepartner im Austausch für Nährstoffe essentielle Kohlenhydrate (SMITH & READ 2008). Dabei können die AMP den Pflanzen bis zu 20 % der Photosynthate entziehen (HARRISON 1999) und wirken somit als zusätzlicher Sink in den Wurzeln der Pflanzen. Besitzen die Kohlenhydrate die aufgezeigte Bedeutung für die Kühle, so könnte sich ein frühzeitiger Kohlenhydratentzug durch die AM negativ auf die Kühle-sensitivität auswirken. Der beschriebene Kohlenhydratentzug trat jedoch nur unter Normaltemperatur auf.

Phytohormonhaushalt

Im Rahmen der quantitativen Phytohormonanalyse konnte kein Einfluss der reduzierten Temperatur sowie der AM bestimmt werden. Grundsätzlich können sich kühle Temperaturen sowie die AM umfangreich auf den Hormonhaushalt von Pflanzen auswirken:

Phytohormone nehmen eine große Rolle bei der Reaktion von Pflanzen gegenüber Umwelteinflüssen, darunter auch Temperaturstress, ein (KOHLI et al. 2013). Diese sind an der Regulierung von Wachstum und Entwicklung unter den herrschenden Bedingungen sowie an der Akklimatisierung und dem Erzielen einer Kühle- oder Frosttoleranz beteiligt (KOSOVÁ et al. 2012). In diesem Zusammenhang sind Phytohormone an der Stressperzeption sowie der kühleinduzierten Genregulation beteiligt (NGUYEN et al. 2009). Sie unterliegen dabei zahlreichen, komplexen Wechselwirkungen.

Ein Einfluss von reduzierten Temperaturen auf einzelne Phytohormone wurde in verschiedenen Studien untersucht: An *Oryza sativa* L. (LEE et al. 1995), *Phaseolus vulgaris* (VERNIERI et al. 2001) und *Zea mays* (AROCA et al. 2003) konnte z. B. eine Akkumulation des stressspezifischen Hormons ABA beobachtet werden. Bekannt ist, dass ABA nach Akkumulation unter Kühle u. a. an der Aktivierung von CBF und der Ausbildung einer Kühle-toleranz beteiligt sein kann (RUELLAND & COLLIN 2012). Darüber hinaus wurde der Einfluss von Kühle auf weitere Stresshormone wie Jasmonsäure (JA) und Salicylsäure (SA) untersucht: Verschiedene Arbeiten zeigen, dass Kühle zu einer Akkumulation von SA führte, darunter an *Arabidopsis* (SCOTT et al. 2004), *Vitis vinifera* L. (WAN et al. 2009) und *Triticum aestivum* L. (KOSOVÁ et al. 2012). Des Weiteren führte die Applikation von Methyljasmonat an *Oryza sativa* L. zu einer induzierten Kühle-toleranz (LEE et al. 1996).

Darüber hinaus ist vereinzelt ein Einfluss der Temperatur auf Phytohormone, die in erster Linie in Zusammenhang mit der Regulierung von Wachstum und Entwicklung stehen, beschrieben: In einer Untersuchung an *Triticum* nahm die Konzentration an Gibberellin (GA), Cytokinin (CK) und Auxin unter Kühle ab (VANKOVÁ et al. 2014). Die Überexpression eines

an der CK-Biosynthese beteiligten Gens und ein Anstieg in der CK-Konzentration in *Arabidopsis* führten hingegen zu einer erhöhten Kühltoleranz (GUO et al. 2010). An *Arabidopsis* zeigten SHIBASAKI et al. (2009), dass Kühle den basipetalen Auxin-Transport hemmte.

Nur wenige Untersuchungen betrachten den Einfluss der Temperatur auf die Biosynthese verschiedener Phytohormone. KOSOVÁ et al. (2012) untersuchten umfangreiche Einflüsse reduzierter Temperaturen auf ABA, IAA, GA, SA, CK, JA sowie Aminocyclopropan-carbonsäure an kühesensitivem und kühetolerantem *Triticum aestivum* L. Die Untersuchung verdeutlicht, dass Kühle (4 °C) zu enormen hormonalen Veränderungen führen kann. Diese stehen jedoch in Abhängigkeit vom Genotyp und unterliegen verschiedenen Stadien. KOSOVÁ et al. (2012) unterschieden dazu 3 Reaktionsphasen der Kühleewirkung, die „Alarm-Phase“ einen Tag nach einsetzen der Kühle, die „Akklimatisierungs-Phase“ (Tag 3-7) sowie die „Resistenzphase“ (Tag 21).

Auch die AM kann den Phytohormonhaushalt maßgeblich beeinflussen. Neben der Bedeutung von Phytohormonen bei der Besiedlung der Cortezzellen, der Ausbildung der Symbiose in den Wurzeln sowie Wachstum und Verzweigung der Pilzhyphen (BARKER & TAGU 2000; SMITH & READ 2008), ist von einem umfangreichen Einfluss der AM auf den Phytohormonhaushalt der gesamten Pflanze auszugehen (LUDWIG-MÜLLER 2010). Ein Großteil der Untersuchungen hinsichtlich eines AM-Einflusses auf den Phytohormonhaushalt des Symbiosepartners beziehen sich jedoch auf die Wurzel (HAUSE et al. 2007; JENTSCHER et al. 2007; LUDWIG-MÜLLER 2010). In einzelnen Studien wurde der Einfluss der AM auf ausgewählte Phytohormone in Spross bzw. Blatt untersucht, beispielhaft sind sie im Folgenden aufgeführt:

Hinsichtlich Auxin zeigten verschiedene Untersuchungen eine systemische Regulierung durch eine AM: KALDORF & LUDWIG-MULLER (2000) und FITZE et al. (2005) untersuchten den Einfluss von AM auf den Auxinhaushalt in Form von IAA bzw. Indol-3-Buttersäure (IBA) in Blatt und Wurzel von *Zea mays*. Ein Anstieg in der IBA-Konzentration wurde sowohl in der Wurzel als auch im Blatt beobachtet. Des Weiteren verzeichneten YAO et al. (2005) einen Anstieg in der IAA-Konzentration sowie in der Konzentration des CK Isopentenyladenin durch AM an *Litchi chinensi*. An *Linum usitatissimum* konnte bereits ein Einfluss der AM auf die CK- (DRÜGE & SCHONBECK 1993), Auxin- und GA-Gehalte (DUGASSA et al. 1996) des Sprosses aufgezeigt werden.

Insgesamt ist der Einfluss der AM auf den Phytohormonhaushalt der Pflanzen nicht vollständig untersucht, viele Funktionen sind bisher nicht bekannt und voraussichtlich genotypspezifisch (LUDWIG-MÜLLER 2010). Die AM besitzt jedoch durch die Regulation der Phytohormone einen Einfluss auf Wachstum und Entwicklung sowie auf Abwehrreaktio-

nen der Symbiosepartner gegenüber biotischem und abiotischem Stress (SHAUL et al. 1999; LUDWIG-MÜLLER 2010).

Das in der vorliegenden Untersuchung keine signifikanten Einflüsse der reduzierten Temperatur und der AM detektiert wurden, kann auf verschiedene Ursachen zurückgeführt werden: Die Stressreaktion einer Pflanze steht u. a. in Abhängigkeit von der Stressintensität. Folglich könnten die gewählten reduzierten Temperaturen (3 K Differenz) für messbare Einflüsse auf die untersuchten Hormone zu gering gewesen sein. Darüber hinaus steht die Reaktion in Abhängigkeit vom Genotyp (KOSOVÁ et al. 2012). Des Weiteren stellt die durchgeführte Analyse lediglich Momentaufnahmen dar. Zeitpunkt der Probenentnahme, insbesondere hinsichtlich verschiedener Stressphasen, und rasche Durchführung dieser sind entscheidend. Eine Ursache für die stark streuenden JA-Gehalte kann in der Probenentnahme liegen. Die Entnahme der Proben kann mit erhöhter Bildung des Stresshormons Jasmonsäure verbunden sein. Die Probenahme muss dementsprechend schnell und gründlich erfolgen.

Die lokale Wirkung der AM auf die Phytohormongehalte in den Wurzeln standen nicht im Mittelpunkt der vorliegenden Untersuchung. Aussagen über einen Einfluss auf diese können folglich nicht getroffen werden. Von größerem Interesse wurde hier der Einfluss der AM auf den Spross, den primären Einflussort der Kühle, angesehen. Eine systemische Wirkung der AM auf die Phytohormongehalte im Blatt konnte jedoch nicht nachgewiesen werden.

Transkriptomanalyse

Im Rahmen der Microarray-basierten Transkriptomanalyse wurde eine große Anzahl differentiell regulierter Gene durch die AM-Symbiose, die Temperaturabsenkung sowie deren Kombination ermittelt. Die Bedeutung einzelner Veränderungen wird im Folgenden diskutiert.

AM-regulierte Gene

Die vorliegende Untersuchung zeigt, dass sich das Transkriptom mykorrhizafreier und mykorrhizierter Pflanzen, insbesondere der Wurzeln, unter Normaltemperatur stark unterschied. Die AM führte zu einer größeren Anzahl induzierter als reprimierter Gene, was sich als konsistent zu einer Untersuchung von BREUILLIN et al. (2010) an *Petunia x hybrida* erwies. Darüber hinaus wurden auch im Blatt systemisch transkriptionale Veränderungen hervorgerufen. Dieser Effekt wurde auch in Untersuchungen an *Medicago truncatula* (LIU et al. 2007), *Solanum lycopersicum* (FIORILLI et al. 2009), *Populus alba L.* (CICATELLI et al. 2012) festgestellt. Im Blatt wurden insgesamt mehr signifikant reprimierte als induzierte

Gene bestimmt. Darüber hinaus verdeutlicht ein Vergleich der Expressionsraten, dass es sich im Blatt um moderate Veränderungen handelte (FC: 1 bis 3,2/ -1 bis -4 im Blatt ggü. 1,1 bis 7,5/ -1 bis -1,9 in der Wurzel). Dieses beobachteten bereits LIU et al. (2007) an *Medicago truncatula* und FIORILLI et al. (2009) an *Solanum lycopersicum*.

Für eine große Anzahl an Genen kann über eine Homologie zu bekannten Genen eine Aussage über die Funktion getroffen werden, diese werden im Folgenden diskutiert. Jedoch wurde ebenfalls für eine große Anzahl an Genen keine Übereinstimmung zu Sequenzen in öffentlichen Datenbanken gefunden. Folglich könnte es sich bei diesen Sequenzen um noch unbekannte AM-spezifische Gene oder um pilzliche Sequenzen handeln (BREUILLIN et al. 2010).

Die AM induzierte Gene, die mit dem Zellwandabbau und der Zellwandmodifikation assoziiert sind. Die Besiedlung einer Wurzel mit AMP, darunter insbesondere die Penetration der Epidermis, das inter- und intrazelluläre Wachstum der Pilzhypen und die Ausbildung einer periarbuskulären Membran, geht mit Veränderungen der Zellwand einher (HOHNJEC et al. 2005). Vielfach wurden in diesem Zusammenhang Veränderungen im Transkriptom hinsichtlich Zellwandfunktionen beobachtet z. B. an *Lotus japonicus* (GUETHER et al. 2009), *Medicago truncatula* (HOHNJEC et al. 2005) oder *Solanum lycopersicum* (FIORILLI et al. 2011; SALVIOLI et al. 2012). Die in dieser Untersuchung induzierten Pektinesterasen und Pektatlyasen, beteiligt am Zellwandabbau, können dabei in einem direkten Zusammenhang mit der Penetration der Wirtspflanze oder der inter- und intrazellulären Ausbreitung der Pilzhypen stehen. Von Rhizobien an *Lotus japonicus* ist die Bedeutung der Pektatlyasen bekannt. Diese werden lokal durch die Pflanze für die Penetration gebildet und ermöglichen die Ausbildung der Symbiose (XIE et al. 2012). Darüber hinaus deuten die Arabinogalactanproteine auf Veränderungen in der Zellwand hin. Diese gehören zu den Glykoproteinen und nehmen eine wichtige Rolle in verschiedenen Prozessen des Wachstums und der Entwicklung von Pflanzen ein (SHOWALTER 2001). Ihre Induktion wurde bereits in Untersuchungen aufgezeigt (VAN BUUREN et al. 1999; HOHNJEC et al. 2005). VAN BUUREN et al. (1999) ermittelten, dass Arabinogalactane lediglich in Zellen, die Arbuskeln enthalten, induziert sind. Auf Grundlage früherer immunologischer Daten schlussfolgerten sie, dass Arabinogalactanproteine u.a. eine Bedeutung für die periarbuskuläre Membran besitzen. Darüber hinaus beeinflusste die AM den Primärmetabolismus der Petunie in Wurzel und Spross. In der Wurzel traten Veränderungen insbesondere im Zusammenhang mit dem Lipid-Metabolismus auf. Die sich in den Cortexzellen ausbildenden Arbuskeln besitzen eine Lebenszeit von nur wenigen Tagen (HOHNJEC et al. 2005). Sie werden von einer periarbuskulären Membran umgeben, die einem kontinuierlichen Auf- und Abbau unterliegt. HOHNJEC et al. (2005) führten die Induktion von Proteinen, die an der Festssäurebio-

synthese sowie an der Degradation der Fettsäuren beteiligt sind auf diese Prozesse zurück. Als weniger stark erwiesen sich die Auswirkungen auf den Kohlenhydratmetabolismus. Die in Mykorrhizastudien häufig induzierten Saccharose-Synthasen oder Invertasen (HOHNJEC et al. 2005) wiesen hier keinerlei signifikante Veränderungen in den Genexpressionsraten auf. Beide Enzyme sind für die Spaltung der Saccharose in Glucose und Fructose und folglich für den Kohlenhydratentzug durch die AMP notwendig. Eine Ursache für diese geringen Unterschiede könnte in der vorliegenden Untersuchung in der ausreichenden Phosphatversorgung der Petunien liegen. Eine hohe P_i Versorgung kann zu einem verringerten Kohlenhydrataustausch an den Symbiosepartner führen (OLSSON et al. 2006). Analog dazu zeigen RAVNSKOV et al. (2003), dass auch die Genexpression hinsichtlich Saccharose-Synthase mit ansteigenden Phosphatgehalten in Wurzeln von *Zea mays* abnahm. Des Weiteren zeigte sich sowohl in der Wurzel als auch im Blatt eine RNA-Akkumulation hinsichtlich Peroxidasen. Sie sind hier der Funktionsklasse „Vg. Antioxidativer Metabolismus“ zugeordnet. Peroxidasen gehören aber einer Multigenfamilie an, die an vielen physiologischen Prozessen beteiligt sind (PASSARDI et al. 2005). Hinsichtlich AM können Peroxidasen mit Veränderungen in der Zellwand assoziiert sein (PASSARDI et al. 2005). Die Funktionen der durch AM exprimierten Peroxidasen können vielseitig sein: Sie können sich auf das Wachstum des Symbiosepartners auswirken, bei der Besiedlung zur ROS-Bildung führen und an Abwehrreaktionen der Pflanze beteiligt sein (PASSARDI et al. 2005). An der Petunie 'Mitchell' erwies sich außerdem eine Gluthatione-S-Transferase als induziert. Dieser wird eine Beteiligung an Detoxifizierungs-Prozessen der Pflanze zugeschrieben (HOHNJEC et al. 2005). Gluthatione-S-Transferasen wurden auch in *Medicago*-Wurzeln durch AMP induziert und konnten bereits als AM-spezifische Marker eingesetzt werden (WULF et al. 2003; HOHNJEC et al. 2005).

Ebenfalls besaß die AM einen Einfluss auf den Sekundärmetabolismus der Petunie. Die AM führte zu einer Aktivierung von Genen die für Proteine verschiedener Sekundärmetabolite codieren, darunter Isoflavonoide, Terpene sowie Carotinoide in der Wurzel und Flavonoide im Blatt. Für alle genannten Sekundärmetabolite ist bekannt, dass sie in AM vorkommen (HARRISON & DIXON 1993; FESTER et al. 2002; HOHNJEC et al. 2005). LIU et al. (2007) konnten ebenfalls die Induktion einer Isoflavonoid Glukosyltransferase beobachten, die jedoch lokal auf mykorrhizierte Zellen beschränkt war. Diese Beobachtung führte zu der Schlussfolgerung, dass AMP eine lokale Aktivierung der Biosynthese sekundärerer Metabolite bewirken können (LIU et al. 2007).

FESTER et al. (2002) beobachteten, dass *Zea mays* und *Nicotina tabacum* mit AM-Symbiose verschiedene Carotinoide in den Wurzeln akumulierten und beschrieben, dass die Carotinoid- Biosynthese für die Funktionsfähigkeit der Symbiose von Bedeutung ist. Viele

mykorrhizierte Pflanzen besitzen gelbe Wurzeln, es wird angenommen dass diese auf ein Abbauprodukt der Carotinoide zurückzuführen ist (STRACK et al. 2003).

Die AM besaß einen Einfluss auf Phytohormone: Unterschiedliche Gene beteiligt an der Auxin-, Gibbellerin- sowie Ethylenbiosynthese erwiesen sich in der Wurzel als signifikant reguliert. 2 IAA Amido Synthetase waren an Tag 7 moderat induziert. Dieses ist ein Enzym zur Erhaltung der Auxin Homeostatis, dass bereits an Tomate durch AM signifikant reguliert wurde (FIORILLI et al. 2011). Das induzierte DELLA-Protein ist als Repressor der GA-Signaltransduktion bekannt (FLOSS et al. 2013). FLOSS et al. (2013) zeigten, dass dieses Protein für die Arbuskelausbildung notwendig ist. Der Einfluss auf den Phytohormonhaushalt im Spross erwies sich im Gegensatz zu FIORILLI et al. (2009) als sehr gering und bestätigt die quantitative Phytohormonanalyse. Ein Einfluss auf die Genexpression bestand lediglich hinsichtlich der quantitativ nicht untersuchten Gibbellerine und Ethylen.

FIORILLI et al. (2009) beschreiben als einen wesentlichen Prozess in AM-Wurzeln den „Protein-Turnover“. In der vorliegenden Untersuchung erwiesen sich insbesondere AM charakteristische Proteasen als induziert. BREUILLIN et al. (2010) fassen zusammen, dass in allen bisher durchgeführten Transkriptomanalysen die AM zu einer Induktion von Proteasen verschiedenen Typs führte (HOHNJEC et al. 2005; LIU et al. 2007; FIORILLI et al. 2009). Nach TAKEDA et al. (2007) können Proteasen an nahezu allen Prozessen der AM-Symbiose beteiligt sein, darunter an der Bildung und am Abbau symbiontischer Strukturen oder der Signaltransduktion. Wie auch in der vorliegenden Untersuchung wurde bereits in umfangreichen Studien die Aktivierung von PR-Proteinen beobachtet (SHAUL et al. 1999; BREUILLIN et al. 2010).

Insgesamt verdeutlichen diese Ergebnisse, dass die AM-Symbiose erfolgreich und typisch ausgebildet wurde. Alle aufgezeigten Veränderungen gehen mit umfangreichen Veränderungen zellulärer Strukturen und Veränderungen im Metabolismus einher. Voraussetzung ist eine veränderte Genexpression, in erster Linie hervorgerufen durch Transkriptionsfaktoren. In der Wurzel wurden 9 Gene und im Blatt 1 Gen bestimmt, die für Transkriptionsfaktoren codieren.

Darüber hinaus konnten verschiedene Autoren zeigen, dass Gene auch durch den von der AM ausgelösten Phosphateffekt induziert werden können. Ein Phosphateffekt sollte in der vorliegenden Untersuchung ausgeschlossen werden. BREUILLIN et al. (2010) untersuchten den Einfluss von Phosphor auf das Transkriptom der Petunie 'Mitchell'. Ein Vergleich der Phosphor-regulierten Gene zeigte, dass in der vorliegenden Untersuchung lediglich ein Gen, das BREUILLIN et al. (2010) als P-induziert beschrieben, sich hier durch die AM als induziert erwies (cn 8971, X. Signalling). Darüber hinaus führte die AM zur Induktion zwei weiterer Gene (cn 1622, cn7194), die von BREUILLIN et al. (2010) durch Phosphor als rep-

rimiert beschrieben wurden. Insgesamt ist auf Grundlage dieser Ergebnisse davon auszugehen, dass die hier beschriebenen AM-regulierten Gene nicht durch einen AM-ausgelösten P-Effekt reguliert waren.

Kühle-regulierte Gene

Sowohl 7 als auch 21 Tage nach Temperaturabsenkung konnte ein großer Einfluss der um 3 K reduzierten Temperatur auf die Genexpression in Blatt und Wurzel der Petunie 'Mitchell' beobachtet werden. Die höchste Aktivität in der Genregulation wurde im Blatt an Tag 7 und in der Wurzel an Tag 21 detektiert. Die funktionelle Annotation verdeutlicht, in welchen physiologischen Prozessen Veränderungen durch Kühle hervorgerufen wurden. Der größte Einfluss der Kühle auf das Blatt wurde in der Funktionsklasse „VII. Chromatinstruktur und DNA-Metabolismus“ beobachtet. 7 Tage nach Temperaturdifferenzierung führte die Kühle zur Induktion verschiedener Histone, DNA-Reparaturproteine und Enzymen für die Methylierung und Acetylierung von Histonen. Die stressinduzierte Methylierung und Veränderungen der Histonzusammensetzung besitzen eine Schlüsselrolle in der stress-induzierten Genexpression und damit für die Entwicklung der Pflanze unter Stress (CHINNUSAMY et al. 2010).

Darüber hinaus waren bei Kühle 53 Transkriptionsfaktoren reguliert. Einige der Familien dieser Transkriptionsfaktoren wurden bereits in Zusammenhang mit Kühle an anderen Pflanzenarten beobachtet, u.a. LHY (7), Myb (6), bHLH (3), NAC (1) und WRKY (1) (DONG et al. 2011; CHAWADE et al. 2013). FOWLER & TOMASHOW (2002), AGARWAL et al. (2006) und DONG et al. (2011) konnten zeigen, dass die Transkriptionsfaktoren bHLH, R2R3-Myb, LHY sowie DREB 1 Proteine zur Aktivierung von CBF führen (FOWLER & TOMASHOW 2002; AGARWAL et al. 2006; DONG et al. 2011). Dieser Transkriptionsfaktor wiederum hat eine zentrale Rolle bei der Genregulation unter Kühle und kann an der Ausbildung einer Kühle-toleranz beteiligt sein (s. 3.1).

Die Kühle führte zur Expression von Proteinen, die an der Modifikation der Zellwand beteiligt sind. Darunter befinden sich z.B. Expansine und Arabinogalactanproteine. Expansine besitzen Funktionen in der Morphogenese, Entwicklung, und der Adaption gegenüber Stress (ZENONI et al. 2009). Darüber hinaus wird auch den in der Petunie an Tag 7 induzierten Fasciclin-ähnlichen Arabinogalactanproteinen eine Bedeutung hinsichtlich Entwicklung der Pflanzen sowie gegenüber abiotischem Stress beigemessen (JOHNSON et al. 2003). Die induzierten Desaturasen können zu einem Anstieg von ungesättigten Fettsäuren in der Zellmembranen führen (HANNAH et al. 2005). Wie bereits in 3.1 beschrieben unterliegen Zellmembranen einer temperaturabhängigen Veränderung in ihrer Fluidität (CHINNUSAMY et al. 2010; RUELLAND & COLLIN 2012). Mit abnehmender Temperatur verfes-

tigen sie sich, ein Effekt der in Abhängigkeit von dem Gehalt an ungesättigten Fettsäuren steht. Ein Anstieg dieser in den Membranen kann als Schutzmechanismus vor reduzierten Temperaturen angesehen werden.

Die reduzierte Temperatur besaß einen großen Einfluss auf den Primärmetabolismus der Petunie 'Mitchell': In der Funktionsklasse „Ve. Photosynthese“ führte die Kühle insbesondere 7 Tage nach Temperaturdifferenzierung zur Induktion von Plastocyanin. Dieses ist am Elektronentransport vom Cytochrom-b6-f-Komplex zum PS I beteiligt. Die Überexpression kann als Hinweis auf einen erhöhten Energiebedarf für die Photosynthese angesehen werden. Am Tag 21 führte die Kühle zur Reprimierung eines Gens, das für einen Cytochrom-b6-f-Komplex codiert. Dies weist darauf hin, dass nach 21 Tagen der Energiebedarf wieder reduziert ist. Es konnte nicht beobachtet werden, dass die Absenkung der Temperatur zu einer Hemmung der temperatursensitiven Dunkelreaktion führte (s. 3.1).

Im Bereich des Kohlenhydratmetabolismus führte die Kühle zur Induktion verschiedener Enzyme, die an der Saccharose-Spaltung, Inosit- und Stachyose-Synthese beteiligt sind sowie zur Reprimierung verschiedener Proteine, die an der Glykolyse beteiligt sind. Die Expressionsraten bestätigen die Ergebnisse der Kohlenhydratanalytik: Die reduzierten Saccharosegehalte im Sourcegewebe können dementsprechend auf einen Anstieg der Saccharosespaltung durch Invertase und Saccharose-Synthase zurückgeführt werden. Eine Akkumulation von Inosit oder Raffinosezuckern wurde bereits unter abiotischem Stress bzw. Kühle beobachtet und kann zu einer Toleranz gegenüber diesen führen (MORSY et al. 2007; TAN et al. 2013; PASTORCZYK et al. 2014). Die im Blatt induzierten Proteine der Glykolyse zeigen nach GUY et al. (2008), dass ein erhöhter Bedarf für Energie und/oder Kohlenstoffatomen besteht.

Kühle Temperaturen führen zu einer Akkumulation von ROS und in der Folge zu oxidativem Stress. ROS können Proteine, DNA oder Lipide nachhaltig schädigen (GILL & TUTEJA 2010; CHAWADE et al. 2013). Zum Schutz können Pflanzen enzymatische und nicht-enzymatische Abwehrsysteme aktivieren. Dadurch steigt die Anzahl an Radikal- und O₂-Fängern, darunter z. B. Peroxidasen, Glutathione, Superoxid Dismutasen, Glutaredoxine oder Thioredoxine, die auch in der vorliegenden Untersuchung durch die Kühle induziert waren.

Des Weiteren wurde beobachtet, dass Proteine der Biosynthese des Polyamins Putrescin induziert waren. Darüber hinaus erwiesen sich Gene, die an der Prolinsynthese beteiligt sind als induziert. Die mit dem Abbau der Proline assoziierten Gene waren hingegen reprimiert. Beides weist auf Transkriptomebene auf einen Anstieg in der Polyamine- und Prolinsynthese hin. Eine erhöhte Genexpression bzw. Akkumulation von Polyaminen bzw. Prolin wurde bereits mehrfach unter Kühle beobachtet (OUFIR et al. 2008; SZABADOS

& SAVOURÉ 2010; GUPTA et al. 2013). Die Funktion dieser kann im Schutz vor osmotischem Stress, der Wirkung als chemische Chaperone oder als ROS Radikalfänger liegen (OUFIR et al. 2008; SZABADOS & SAVOURÉ 2010).

Hinsichtlich des Sekundärmetabolismus hatte die reduzierte Temperatur einen Einfluss auf die Flavonidbiosynthese. Dieses Ergebnis steht in Einklang mit HANNAH et al. (2006). Sie konnten darüber hinaus zeigen, dass Flavonoide an der Frosttoleranz von *Arabidopsis* beteiligt sind.

Im Blatt führte die Kühle an Tag 21 zur Induktion von 2 ABA induzierten Proteinen. Nach KOIKE et al. (1997) wird das dazu zählende AWPM-ähnliche Protein durch einen Anstieg der ABA-Konzentration induziert. Für Weizen konnte für dieses Protein ein Zusammenhang mit einer ABA-induzierten Frosttoleranz aufgezeigt werden (KOIKE et al. 1997). Darüber hinaus erwiesen sich im Blatt Enzyme, die am Abbau von GA und CK beteiligt sind als induziert. Dieses bestätigt die Ergebnisse von VANKOVÁ et al. (2014), die eine Reduktion der Konzentrationen dieser Wachstumshormone in *Arabidopsis* unter Kühle feststellten. Des Weiteren weisen die reprimierten Lipoxygenasen im Blatt an Tag 7 auf eine reduzierte JA-Biosynthese hin (CREELMAN & MULLETT 1997). Diese Ergebnisse verdeutlichen – im Gegensatz zu den quantitativen Analysen - dass die Phytohormone eine bedeutsame Rolle in der Reaktion auf Kühle besitzen.

Des Weiteren erwiesen sich im Bereich der abiotischen Stimuli insbesondere Hitzeschockproteine an Tag 7 in der Wurzel als reprimiert und an Tag 21 im Blatt als induziert.

Hitzeschockproteine werden sowohl unter Kühle- und Hitzestress akkumuliert, sie haben eine ähnliche Funktion wie molekulare Chaperone und stabilisieren die Struktur von Proteinen (TAIZ & ZEIGER 2008). Neben diesen, dem abiotischen Stress zugeordneten Proteinen, wurden auch Proteine, die grundsätzlich biotischem Stress zugeordnet werden (z. B. PR-Proteine) induziert. Nach JANSKÁ et al. (2010) ist die Aktivierung dieser nicht ausschließlich auf biotischen Stress limitiert, sondern kann auch unter Kühle erzielt werden.

Insgesamt verdeutlichen diese Ergebnisse, dass unter reduzierten Kulturtemperaturen das Transkriptom nicht nur eine Stressreaktion sondern auch erste Anzeichen für eine Adaptation der Petunie 'Mitchell' an die Kühle aufzeigt.

AM-regulierte Gene unter Kühle

Die Untersuchung der Genexpression für die unter Kühle kultivierten und mit BEG 144 mykorrhizierten Petunien zeigte, dass sich das Transkriptom dieser, hinsichtlich einiger Gene, von allen anderen Varianten unterschied. Die Ergebnisse verdeutlichen, dass trotz einer geringeren AM-Besiedlung zu Versuchsende (s. 3.3.4.1) die Symbiose charakteristisch ausgebildet wurde. An Tag 7 erwiesen sich 65 % der signifikant AM-regulierten Gene in der Wurzel der bei 17,5 °C und 13,5 °C kultivierten Petunien als identisch. 21 Tage nach Temperaturabsenkung war die Schnittmenge mit 51 % etwas geringer. Darüber hinaus besaß auch die Kühle einen signifikanten Einfluss. 78 % (Tag 7) bzw. 73 % (Tag 21) der Gene der mykorrhizafreien (13,5°C) und der mykorrhizierten (13,5 °C) Petunien erwiesen sich im Blatt als identisch reguliert.

Die AM führte jedoch auch unter Kühle zu Veränderungen: Einige Gene erwiesen sich nur in der Kombination aus reduzierter Temperatur und AM als signifikant reguliert. Dazu zählt die Induktion eines Schlüsselenzyms für die ABA-Biosynthese (Carotenoid Dioxygenase) im Blatt. Das Stresshormon ABA besitzt hinsichtlich Stressperzeption und Signaltransduktion unter Kühle eine entscheidende Rolle (s. 3.1). In der Funktionsklasse „Hormonmetabolismus“ erwies sich auch ausschließlich durch die AM unter Kühle ein Enzym der GA-Synthese im Blatt an Tag 7 als deutlich reprimiert (GA2 ent-Kaurene Synthase) sowie 2 Synthesen, beteiligt an der Ethylen-Biosynthese, als deutlich induziert.

Außerdem ist lediglich in der Kombination von Kühle und AM ein weiterer DREB-ähnlicher Transkriptionsfaktor induziert. Die Bedeutung dieses Faktors für die Aktivierung von CBF und die zentrale Rolle für die Ausbildung einer Kühltoleranz wurden bereits aufgezeigt (FOWLER & TOMASHOW 2002; AGARWAL et al. 2006; DONG et al. 2011). Darüber hinaus zeigte sich die Aktivierung weiterer an der Abwehrreaktion beteiligter Proteine (Defensin und β -1,3-Glucanase) sowie eines LEA-Proteins. Hierbei handelt es sich um Dehydrine, die für die Membranstabilisierung und zum Schutz vor Denaturierung unter Kühlestress bedeutsam sind (s. 3.1, JANSKÁ et al. 2010; RUELLAND & COLLIN 2012). Ein Gen, das für FDH (Mitochondrial formate dehydrogenase) codiert, wurde induziert. Dieses ist als stressinduzierte Dehydrogenase aus *Solanum lycopersicum* bekannt (HOURTON-CABASSA et al. 1998). Im Bereich der Zellwand war durch die AM unter Kühle ein COBRA-ähnliches Protein induziert. Diese sind an der Zellexpansion und Synthese der Zellwand beteiligt, die genaue Funktion ist jedoch bislang unbekannt (BRADY et al. 2007; HOCHHOLDINGER et al. 2008). In der Funktionsklasse „Ia. Zellwand“ erwies sich darüber hinaus an Tag 7 ein Glycoprotein 1-ähnliches Zellwandprotein in mykorrhizierten und mykorrhizafreien Petunien unter Kühle als induziert. 21 Tage nach Temperaturdifferenzierung lag kein Unterschied mehr in den Expressionsraten für dieses Protein zwischen den mykorrhizierten

Petunien unter 13,5 °C im Vergleich zu den Kontrollen unter 17,5 °C vor. Des Weiteren wurde eine Glycerat Dehydrogenase des Aminosäuremetabolismus unter Kühle induziert, mit AM wurde dieser Effekt nochmals verstärkt.

Darüber hinaus zeigte sich ein Kompensationseffekt durch die AM: Diese führte jeweils an beiden Terminen zu zwei signifikant induzierten Nitrattransportern. Die Kühle bewirkte jedoch eine deutliche Reprimierung dieser Gene. Die AM-Pflanzen unter Kühle unterschieden sich jedoch nicht von den Kontrollen unter Normaltemperatur, was auf eine unveränderte Nitratversorgung dieser Pflanzen hindeutet und eine Erklärung für die geringere Wachstumsreduktion dieser unter Kühle liefert. Des Weiteren führte die Kühle zur Reprimierung von Genen, die am Sekundärmetabolismus beteiligt sind. In den AM-Varianten unter Kühle erwies sich die Genexpression dieser im Vergleich zu den Kontrollen unter Normaltemperatur als unverändert. Unverändert, im Vergleich zur mykorrhizafreien Variante unter Normaltemperatur, erwiesen sich auch die Expressionsraten eines Myb-Transkriptionsfaktors sowie dreier an der Signalperzeption und -transduktion beteiligter Proteine (MAP-Kinase, „NBS-LRR type Resistance Protein“, „Rho Guanyl-Nucleotide Exchange Factor“).

Gegenteilig waren jedoch einige Gene, die unter Kühle signifikant reguliert waren, durch die AM unverändert: Darunter befinden sich Gene, die für Proteine mit antioxidativen Eigenschaften (Prolin-reiches Protein und Glutaredoxin), Expansin, eine Hexokinase in der Wurzel sowie eine Saccharose-Synthase im Blatt codieren. Jedoch wurden in den AM-Pflanzen unter Kühle andere antioxidative Verbindungen (Peroxidase, Thioredoxin) und ein anderes Gen, das für Expansin codiert, signifikant induziert. Die beobachtete Regulation der Saccharose-Synthase steht im Gegensatz zu den Ergebnissen der Kohlenhydratanalysen, in denen ein frühzeitiger Anstieg der Glucose- und Fructosekonzentration beobachtet wurde. Dieses kann durch die vorliegenden Ergebnisse der Microarray-Analyse nicht bestätigt werden.

Insgesamt weisen diese Ergebnisse auf eine verstärkte Aktivierung von Proteinen beteiligt an Stressperzeption und Signaltransduktion, die in Zusammenhang mit der Adaptation an Kühlestress stehen, durch die AM unter Kühle hin. Einige kühlestressinduzierte Einflüsse waren jedoch in den mykorrhizierten Petunien reduziert. Hinsichtlich der Stickstofftransporter trat ein Kompensationseffekt auf. Dieser könnte eine mögliche Ursache für eine Wachstumsförderung unter Kühle durch die AM sein.

Fazit

Insgesamt verdeutlichen die Ergebnisse dieses Kapitels, dass sowohl die Mykorrhiza als auch die Kühle und deren Kombination einen Einfluss auf Wachstum, Entwicklung und

Physiologie der Wirtspflanzen besaßen. Die Kohlenhydratgehalte erwiesen sich unter Kühle von besonderer Bedeutung für Petunien und Poinsettien. Dies bestätigte sich für die Petunien in der Genexpressionsstudie. Die Microarray-Analyse verdeutlichte darüber hinaus, wie umfangreich der Einfluss der AM, der Kühle und deren Kombination auf das Transkriptom der Petuniensorte 'Mitchell' war. Die AM führte zu sehr charakteristischen Veränderungen hinsichtlich Symbioseausbildung und -funktion. Für die mykorrhizafreien Petunien unter Kühle konnte eine deutliche Stressreaktion sowie erste Anzeichen für eine Adaptation an die reduzierten Temperaturen verzeichnet werden. Die AM führte unter Kühle zur Kompensation verschiedener Kühle-Effekte sowie zur Induktion von weiteren Proteinen, die für eine Adaptation an Kühlestress bekannt sind.

Zu beachten ist jedoch, dass die durchgeführten Analysen lediglich Momentaufnahmen für die ausgewählten Versuchsvarianten darstellen. Die Microarray-basierte Transkriptomanalyse liefert für die spezifische Fragestellung eine große Anzahl von signifikant regulierten Genen. Die Methodik ermöglicht jedoch noch keine Aussage über Veränderungen auf Protein- und Metabolitebene. Darüber hinaus können systembedingte Fehler, z.B. aufgrund von Kreuzhybridisierungen, in den Expressionsraten auftreten. Eine Validierung der Ergebnisse auf Transkriptomebene, z. B. mittels Quantitativer Real-Time PCR, kann die Ergebnisse sichern. Die Durchführung einer Validierung war im Rahmen dieser Arbeit nicht vorgesehen. Aus diesem Grund war es besonders wichtig, Fehlerquellen methodisch zu minimieren, z. B. durch eine sehr strikte statistische Auswertung.

Insgesamt ist zu beachten, dass hier eine spezifische Kombination aus Temperaturen, AMP-Isolat und Wirtspflanze untersucht wurde. Es ist davon auszugehen, dass auch auf Transkriptomebene die Wirkung der AM und Kühle für verschiedene Genotypen spezifisch ist. Für eine Verallgemeinerung der Ergebnisse ist ebenfalls eine Überprüfung dieser notwendig. Anhand von weiteren Transkriptomuntersuchungen verschiedener Petuniensorten und AMP-Isolate könnten die für Kühle bedeutsamsten Funktionsklassen und Mechanismen validiert werden. Darüber hinaus ist ein Vergleich zu Sorten, die sich in ihrer Kühleempfindlichkeit von der Petunie 'Mitchell' unterscheiden, bzw. zu einem AMP-Isolat, das zu einer Verstärkung der Kühlesensitivität führt, anzuraten. Dieser Vergleich kann hilfreiche Informationen über die in der Ausbildung von Kühletoleranz beteiligten Mechanismen liefern. Darüber hinaus können Unterschiede zwischen verschiedenen kühlempfindlichen Petuniensorten untersucht werden. Im Rahmen dieses Forschungsprojektes konnten diese sehr aufwändigen und kostenintensiven Untersuchungen jedoch nicht durchgeführt werden.

4 Die Wirkung arbuskulärer Mykorrhizapilze gegenüber *Botrytis cinerea* und *Pythium ultimum* an *Euphorbia pulcherrima* und *Petunia x hybrida* unter reduzierten Kulturtemperaturen

Zusammenfassung

Umweltfaktoren, besonders Temperatur und Feuchtigkeit, besitzen einen erheblichen Einfluss auf das Auftreten von Pathogenen. Unter Gewächshausbedingungen kann ein Absenken der Kulturtemperatur mit einer Veränderung des Mikroklimas im Pflanzenbestand einhergehen. Es ist mit einem Anstieg der relativen Luftfeuchte und einem langsameren Abtrocknen der Substrate, d.h. erhöhten Bodenfeuchten, zu rechnen. Ob die in Kapitel 2 und 3 gewählten Temperaturen das Auftreten und die Entwicklung von Schaderregern fördern, soll hier am Beispiel von *Botrytis cinerea* sowie *Pythium ultimum* untersucht werden. Dabei wurde für das bodenbürtige Pathogen *Pythium* die reduzierte Temperatur in Kombination mit einer erhöhten Bodenfeuchte und für das Sprosspathogen *Botrytis* in Kombination mit einer erhöhten Luftfeuchte betrachtet. Darüber hinaus wurde die Möglichkeit einer Schutzwirkung durch das AMP-Isolat 139 unter den genannten Bedingungen an *Petunia x hybrida* 'Fantasy Blue' und *Euphorbia pulcherrima* 'Christmas Eve' untersucht. Niedrige Temperatur (13,5 °C) und zugleich erhöhte Luftfeuchte (85 %) führten zu einer erhöhten Befallsintensität mit *Botrytis cinerea* auf Blüten der Petunie. Bei Poinsettien wurde der Befall auf den Blättern betrachtet. Dieser erwies sich bei 17,5 °C und einer relativen Luftfeuchte von 85 % am größten. Die reduzierte Temperatur (15,0 °C bzw. 13,5 °C) und erhöhte Bodenfeuchte (34 %) führten an Poinsettien zu einem deutlichen und an Petunie zu einem leichten Anstieg des Befalls mit *Pythium*. Insgesamt konnte eine erhöhte Befallsintensität beobachtet werden, wenn eine Veränderung der Kulturtemperatur in Kombination mit erhöhter Luft- bzw. Bodenfeuchte auftrat. Das Risiko für einen Befall mit *Botrytis* und *Pythium* wird unter diesen Bedingungen als erhöht angesehen. Verändert sich jedoch nur die Feuchte oder die Temperatur im Rahmen der untersuchten Spannweiten, ist lediglich von einem geringen Einfluss auszugehen. Unter den gewählten Bedingungen besaß die AM keinen Einfluss auf die Befallsintensität mit *Botrytis cinerea*, führte jedoch zu einer Befallsreduktion mit *Pythium ultimum*.

4.1 Einleitung

Das Auftreten und die Entwicklung von Pflanzenkrankheiten wird in erheblichem Umfang durch Umweltfaktoren beeinflusst (AGRIOS 2005; HUA 2013): Das Wachstum und die Anfälligkeit der Wirtspflanze, die Vermehrung und Aktivität der Pathogene sowie die Wechselwirkung zwischen Wirtspflanze und Pathogen unterliegen ihren Einflüssen (AGRIOS 2005). Unter den Umweltfaktoren nimmt die Temperatur eine wichtige Rolle ein, diese wird nicht nur als vorherrschend sondern auch als komplex beschrieben (AGRIOS 2005; HUA 2013). Eine Ursache liegt in den mit Temperaturänderungen einhergehenden Veränderungen weiterer Umweltfaktoren, wie z. B. Feuchtigkeit (HUA 2013). Unter Gewächshausbedingungen führt das Absenken der Kulturtemperatur z. B. zu einem langsameren Abtrocknen der Substrate, womit eine erhöhte Bodenfeuchte verbunden ist. Des Weiteren bedingt die niedrigere Kulturtemperatur einen Anstieg in der relativen Luftfeuchte. Diese Faktoren können zu einem erhöhten phytopathologischen Risiko führen. Im Folgenden soll dieses für die in Kapitel 2 und 3 gewählten reduzierten Kulturtemperaturen untersucht werden. Dabei liegt der Fokus auf pilzlichen und pilzähnlichen Pathogenen und wird anhand der Beispielpathogene *Botrytis cinerea* sowie *Pythium ultimum* untersucht.

Bodenbürtiges Pathogen *Pythium* spp.

Zu der großen und diversen Gattung *Pythium* aus der Klasse der Oomycetes (Chromista) gehören viele bedeutsame phytopathogene, bodenbürtige Arten (MARTIN & LOPER 1999). Ihre ubiquitäre Verbreitung, ihre lange Persistenz im Boden und in abgestorbenem Pflanzenmaterial sowie die schwierige Bekämpfung machen sie zu ökonomisch wichtigen Pathogenen in Gartenbau und Landwirtschaft (MARTIN & LOPER 1999; MOORMAN et al. 2002). Einige *Pythium* Arten, z. B. *P. ultimum* und *P. aphanidermatum*, sind darüber hinaus wirtsspezifisch, wohingegen andere, darunter *P. graminicola* oder *P. spinosum*, einen begrenzten Wirtspflanzenkreis aufweisen (MARTIN & LOPER 1999). Viele Zierpflanzen werden von *Pythium* befallen, darunter auch Petunien und Poinsettien (BATEMAN & DIMOCK 1959; BATEMAN 1961; KRÖBER 1985; MOORMAN et al. 2002). *Pythium* spp. verursachen Spross- und Wurzelfäulen sowie Umfallkrankheiten insbesondere an Sämlingen und Stecklingen (AGRIOS 2005). Das Auftreten dieser Pathogene wird durch verschiedene Umweltfaktoren beeinflusst, darunter Feuchte, Temperatur, pH-Wert und Nährstoffgehalt des Bodens (MARTIN & LOPER 1999).

Die Bodenfeuchte spielt eine große Rolle für die Entwicklung von *Pythium*. Verschiedene Untersuchungen, die unter kontrollierten Versuchsbedingungen durchgeführt wurden, zeigten einen stärkeren *Pythium*-Befall in feuchteren Substraten: Beispielsweise förderten feuchte und anaerobe Bedingungen das Auftreten von *Pythium* an Tomate (JUNEAU et al.

2006). BATEMAN (1961) konnte zeigen, dass die Befallsintensität mit *P. ultimum* an Poinsettien bei einer Bodenfeuchte von 30 bis 70 % langsam, darüber jedoch erheblich anstieg. Des Weiteren zeigten MÜNDEL et al. (1995) eine verminderte Anzahl aufgelaufener Färberdiestel-Sämlinge nach Inokulation mit *P. ultimum* bei erhöhter Bodenfeuchte in einem Temperaturbereich von 10-25 °C. Bei einer Temperatur von 5 °C besaß die Feuchtigkeit jedoch keinen Einfluss mehr.

Weitere Beispiele beschreiben den vielfältigen Einfluss der Temperatur auf den Befall mit *Pythium*. Es wurde beobachtet, dass sowohl reduzierte als auch erhöhte Temperaturen *Pythium* fördern können. PIVONIA et al. (2012) beschrieben z. B. einen verstärkten Befall mit *Pythium* spp. an Pfefferpflanzen in kalten Wintern. Eine Überprüfung unter Gewächshausbedingungen zeigte den stärksten Befall bei im Mittel 8,6 °C im Vergleich zu 10,5 °C, 14 °C und 20 °C. Dagegen beobachteten SOPHER & SUTTON (2009) für einen Paprikaversuch in hydroponischer Kultur eine Förderung des Befalls bei erhöhter Temperatur. Die Inokulation mit *P. aphanidermatum* führte bei einer Wurzeltemperatur von 33 °C zur stärkeren Ausbildung von Symptomen im Vergleich zu der 23 °C Variante. Die Symptome verstärkten sich insbesondere mit der Länge der Expositionszeit. NELSON & CRAFT (1991) untersuchten die Virulenz verschiedener *Pythium*-Arten und -Isolate an *Lolium perenne* und *Agrostis stolonifera* bei 13 °C und 28 °C. Es zeigten sich deutliche Unterschiede für beide Wirtspflanzen, die untersuchten *Pythium*-Arten und -Isolate. Bei einigen Kombinationen trat ein Unterschied in der Befallsintensität zwischen 13 °C und 28 °C auf, andere unterschieden sich jedoch nicht. Diese Studien verdeutlichen, dass allgemein gültige Aussagen über den Einfluss der Temperatur auf das Auftreten von *Pythium* nicht möglich sind. Variationen wurden je nach *Pythium*-Art, -Isolat sowie Wirtspflanze beobachtet (MARTIN & LOPER 1999). MARTIN & LOPER (1999) beschreiben nach Auswertung vielfältiger Studien jedoch, dass die Befallsintensität mit *P. ultimum* bei kühleren Bodentemperaturen in der Tendenz steigt. Festzuhalten ist, dass *P. ultimum* in einem sehr weiten Temperaturbereich lebensfähig ist. Laut KRÖBER (1985) liegt das Temperaturminimum bei 2 °C, das Optimum zwischen 25-32 °C sowie das Maximum bei 33-35 °C.

Temperatur und Feuchtigkeit wirken sich direkt auf die Entwicklung von *Pythium* aus. Die Feuchtigkeit beeinflusst die Zoosporenbildung und -verbreitung, für die freies Wasser notwendig ist (MARTIN & LOPER 1999). Die Zoosporen differenzieren sich in den Vesikeln der asexuell gebildeten Sporangien und verursachen Neuinfektionen (WEBSTER & WEBER 2007). Die Temperatur beeinflusst ihre Entwicklung, sie kann sich insbesondere auf die Sporenkeimung und die Keimschlauchbildung auswirken (MARTIN & LOPER 1999).

Sprosspathogen *Botrytis cinerea*

Das Pathogen *Botrytis cinerea* (Teleomorph: *Botryotinia fuckeliana*, Ascomycota) ist der Erreger der Grauschimmelfäule an Trieben, Blättern, Blüten und Früchten von über 200 Wirtspflanzenarten (WILLIAMSON et al. 2007). Es handelt sich um ein - sowohl während der Kultur, der Lagerung und des Transportes von Pflanzen - wichtiges, weltweit verbreitetes, nekrotrophes Sprosspathogen (ELAD et al. 2004; WILLIAMSON et al. 2007). In der Produktion von Zierpflanzen unter Gewächshausbedingungen besitzt *Botrytis* eine bedeutsame Rolle (MØLLER et al. 2009) und befällt auch Petunien (KRAHL & RANDLE 1999) und Poinsettien (HAUSBECK & MOORMANN 1996; PRITCHARD et al. 1996). Die Symptome können je nach befallenem Organ vielseitig sein, darunter Fäulnis an Früchten, punktuelle Läsionen bis Fäulen an Blütenblättern oder eingesunkenes Gewebe bzw. Nekrosen auf Blättern (KRAHL & RANDLE 1999; WILLIAMSON et al. 2007). Typisch ist insbesondere der graue Konidienrasen auf Blättern und Früchten (WILLIAMSON et al. 2007). Häufig treten latente Infektionen auf, die nach sehr langer Zeit unter geeigneten Bedingungen zu Symptomen führen. *Botrytis* tritt insbesondere bei hoher Feuchtigkeit, reduziertem Licht, geringen bis moderaten Temperaturen und unter hoher Stickstoffdüngung auf (WILLIAMSON et al. 2007).

Temperatur und Luftfeuchte besitzen direkte Effekte auf die Entwicklung von *Botrytis* (DIK & WUBBEN 2004). Die hohe Luftfeuchte fördert insbesondere die Produktion der Konidien (WILLIAMSON et al. 2007). Die Makrokonidien (Blastosporen) werden auf der infizierten Wirtspflanze an verzweigten Konidiophoren gebildet und dienen der Verbreitung und Neuinfektion (WEBSTER & WEBER 2007). Es können auch Mikrokonidien in von Phialiden gebildeten Clustern direkt aus dem Myzel gebildet werden (WEBER & WEBSTER 2003; WEBSTER & WEBER 2007). Die Überwinterung von *Botrytis* erfolgt in Form von Sklerotien (WEBSTER & WEBER 2007). Der optimale Temperaturbereich für die Entwicklung von *B. cinerea* wird in der Literatur mit unterschiedlichen Spannweiten, darunter z.B. 18-23°C (AGRIOS 2005) oder 12-30°C (JARVIS et al. 1992 in DIK & WUBBEN 2004), angegeben. Eine Infektion wurde jedoch auch bei Temperaturen von 3 °C beobachtet, tritt jedoch i.d.R. zwischen 15 bis 25 °C auf (JARVIS 1989).

Die Bekämpfung wird von WILLIAMSON et al. (2007) aufgrund des großen Wirtspflanzenkreises, der langen Überdauerung in Form von Myzel, Konidien und Sklerotien in abgestorbenen Pflanzenresten sowie einer starken Neigung zur Resistenzbildung als schwierig eingestuft. Grundsätzlich besteht ein großer Bedarf für eine erfolgreiche biologische Bekämpfung.

Einfluss arbuskulärer Mykorrhizapilze auf biotische Stressoren

Arbuskulären Mykorrhizapilzen wird insgesamt eine fördernde Wirkung gegenüber biotischen Stressoren zugeschrieben (POZO & AZCÓN-AGUILAR 2007). Dieses lässt sich jedoch nicht vollkommen verallgemeinern. Vielmehr unterliegt die Wirkung auch hier vielfältigen Wechselwirkungen zwischen AMP-Isolat, Wirtspflanze, Pathogen und Umwelteinflüssen (POZO & AZCÓN-AGUILAR 2007). An dieser Stelle sollen bekannte Einflüsse der AM auf phytopathogene Pilze und Oomyceten zusammengefasst werden: Vielfach wurde eine Verminderung des Befalls mit bodenbürtigen Pathogenen durch AM beobachtet (SCHÖNBECK et al. 1994; POZO & AZCÓN-AGUILAR 2007; GIANINAZZI et al. 2010). Dabei handelte es sich hauptsächlich um Welken und Wurzelfäulen, hervorgerufen durch Pilze, z. B. *Rhizoctonia* (YAO et al. 2002), *Fusarium* (DUGASSA et al. 1996; STEINKELLNER et al. 2012) *Verticillium* (LIU 1995), *Thielaviopsis basicola* (HAYEK et al. 2012) oder *Gaeumannomyces graminis* var. *tritici* (KHAOSAAD et al. 2007), sowie Oomyceten, darunter *Phytophthora* (LIOUSSANNE et al. 2009), *Pythium* (ROSENDAHL 1990; LARSEN et al. 2012) und *Aphanomyces* (BØDKER et al. 1998; POZO & AZCÓN-AGUILAR 2007; ZHANG & FRANKEN 2014). Seltener und weniger beständig sind die Ergebnisse gegenüber Blattpathogenen (POZO & AZCÓN-AGUILAR 2007). So konnte durch AM eine Reduktion im Befall mit Phytoplasmen und dem nekrotrophen Pathogen *Alternaria solani* (FRITZ et al. 2006) an Tomate verzeichnet werden. Die Anfälligkeit gegenüber biotrophen Schaderregern, darunter *Erysiphe graminis* (GERNNS et al. 2001) sowie *Oidium lini* (DUGASSA et al. 1996), stieg jedoch in verschiedenen Untersuchungen an. Für *Botrytis cinerea* sind gegenteilige Ergebnisse in der Literatur beschrieben: FIORILLI et al. (2011) beschreiben eine Schutzwirkung durch *Glomus mosseae* gegenüber *Botrytis cinerea* an Tomate. Dagegen beobachteten SHAUL et al. (1999) eine höhere Befallsintensität mit *B. cinerea* an mit *Glomus intraradices* mykorrhiziertem Tabak. Diese Ergebnisse verdeutlichen wiederum die komplexen Interaktionen zwischen Wirtspflanzenart und -sorte, AMP-Isolaten und Umwelteinflüssen. Insgesamt ist nach WHIPPS (2004) der Einfluss von AMP auf die Resistenz gegenüber biotischem Stress auf vier wichtige Ursachen zurückzuführen: (1.) auf direkte Konkurrenz um Photosynthate, Kohlenhydrate sowie um Besiedlungsstellen, (2.) auf Kompensation des durch den Erreger verursachten Schadens, z. B. durch ein verbessertes Pflanzenwachstum aufgrund einer erhöhten Nährstoffaufnahme, (3.) auf biochemische Veränderungen in der Pflanze und der damit verbundenen Aktivierung des Abwehrsystems der Pflanze bzw. der erzielten induzierten Resistenz und (4.) auf Veränderungen der Mikroorganismenpopulation in der Rhizosphäre z. B. durch veränderte Wurzelexsudation oder die Bildung antibiotischer Substanzen.

Zielsetzung

Im vorliegenden Kapitel soll das Auftreten und die Entwicklung von *Botrytis cinerea* sowie *Pythium ultimum* an *Petunia x hybrida* 'Fantasy Blue' und *Euphorbia pulcherrima* 'Christmas Eve' bei reduzierten Kulturtemperaturen untersucht werden. Dabei wird für das bodenbürtige Pathogen *Pythium* die reduzierte Temperatur in Kombination mit einer erhöhten Bodenfeuchte und für das Sprosspathogen *Botrytis* in Kombination mit einer erhöhten Luftfeuchte betrachtet. Darüber hinaus wurde die Schutzwirkung des AMP-Isolates 139, welches bereits in vorangegangenen Untersuchungen zu physiologischen Interaktionen im Wirt-Pathogen-Symbiont Komplex eingesetzt wurde (GERNNS et al. 2001), gegenüber diesen Pathogenen unter den genannten Bedingungen untersucht.

4.2 Material und Methoden

Die Untersuchungen zum Auftreten und der Entwicklung von *Botrytis cinerea* sowie *Pythium ultimum* erfolgte an *Petunia x hybrida* und *Euphorbia pulcherrima*. Für die Petunie wurden Sämlinge der Sorte 'Fantasy Blue' und für die Poinsettien Jungpflanzen der Sorte 'Christmas Eve' eingesetzt. Die drei Wochen alten Sämlinge bzw. Jungpflanzen wurden mit ausgewählten AMP-Isolaten inokuliert (139 (s), 139 (t)). Nach weiteren vier Wochen erfolgte die Überprüfung der AMP-Besiedlung (Methodik s. 2.2.4) sowie die Inokulation mit ausgewählten Pathogenen (s. 4.2.1, s. 4.2.2). In den hier beschriebenen Versuchen war die Brakteeninduktion bei *Euphorbia pulcherrima* nicht von Bedeutung, sie wurden daher unter Langtagbedingungen durchgeführt. Die weitere Versuchsdurchführung richtete sich in der Temperatur und Abfolge nach den unter 2.2.3 beschriebenen Kühleversuchen.

4.2.1 Sprosspathogen: *Botrytis cinerea*

Das verwendete *B. cinerea* Isolat wurde aus befallenen Petunien über ein Selektivmedium (EDWARDS & SEDDON 2001) isoliert und anschließend mikroskopisch anhand morphologischer Eigenschaften sowie molekularbiologisch bestimmt. Dafür wurde die DNA mittels DNeasy Plant Mini Kit (Quiagen) extrahiert, eine PCR mit spezifischen Primern nach RIGOTTI et al. (2002), eine Gelelektrophorese und eine Sequenzierung durchgeführt. In Vorversuchen erfolgte die Überprüfung der Pathogenität an Petunien und Poinsettien sowie die Auswahl einer geeigneten Inokulationsmethode.

B. cinerea wurde mittels Sprühapplikation einer Sporensuspension, bestehend aus $6,5 \times 10^5$ Konidien/ml Saccharoselösung (2 %) inokuliert. Grundlage dieser Suspension bildete eine 10 Tage alte Kultur auf Biomalzaggar (BMA: 2 % Gerstenmalzextrakt; Fa. Villa Natura; 2 % Agar Fa. Fluka; pH 5,5). Die Suspension wurde gleichmäßig mit 0,5 ml pro Pflanze (Petunien) bzw. 1 ml pro Pflanze (Poinsettien) ausgebracht. Die Kontrollpflanzen

wurden lediglich mit Saccharoselösung besprüht. In Vorversuchen hatte sich eine Inkubationsphase von 24 Stunden bei einer relativen Luftfeuchte von 95 % als zwingend notwendig für eine Infektion erwiesen. Entsprechend wurde in den Klimakammern erst anschließend eine relative Luftfeuchte von 65 % bzw. 85 % eingestellt.

Die Auswertung des Befalls erfolgte über eine visuelle Bonitur in Anlehnung an ELMHIRST et al. (2011). Bei den Petunien wurden die Symptome auf den Blüten und bei den Poinsettien auf den Blättern betrachtet. Dazu wurde die Gesamtanzahl der Blüten bzw. Blätter, Anzahl der befallenen Blüten bzw. Blätter sowie die Befallsstärke pro befallene Blüte bzw. Blatt (1= kein Befall, 2 = 1-15 %; 3 = >15-30 %; 4 = >30-45 %, 5 = >45-60 % Blüten- bzw. Blattfläche mit Symptomen) ermittelt. Darüber hinaus wurde das Sprossfrischgewicht pro Pflanze erhoben (s. 2.2.5). Um sicherzustellen, dass die bonitierten Symptome durch einen Befall mit *B. cinerea* hervorgerufen wurden, erfolgten exemplarische Reisolierungen. Dazu wurden Blütenproben mit Symptomen in Ethanol (70 %) oberflächensterilisiert und anschließend auf BMA (2 % mit 0,25 g/L Oxytetracyclin) ausgelegt. Nach dem Auswachsen von Pilzen erfolgte die Identifikation von *Botrytis* mikroskopisch anhand morphologischer Eigenschaften.

4.2.2 Bodenbürtiges Pathogen: *Pythium ultimum*

Das in den Versuchen eingesetzte *Pythium ultimum*-Isolat stammte aus der Sammlung des Instituts für Gartenbauliche Produktionssysteme, Abteilung Phytomedizin, Leibniz Universität Hannover.

Die Inokulation mit *P. ultimum* erfolgte über eine 14 Tage alte Kultur auf Hanf-Weizensamen-Medium (LIU et al. 2009). 6 g des Mediums wurden pro Pflanze in das Substrat eingebracht. Der Kontrolle wurde nicht bewachsenes Hanf-Weizensamen-Medium zugesetzt. Anschließend erfolgte die Einstellung der Bodenfeuchte. Dazu wurde mit einem Bodenfeuchtesensor (ThetaProbe, Delta-T Devices Ltd., Cambridge, U.K.) eine Feuchte von 14 bzw. 34 % eingestellt und anschließend täglich gravimetrisch kontrolliert. Die Feuchtestufen wurden vor Versuchsbeginn experimentell ermittelt. Sie richten sich nach Substratfeuchten, bei denen keine visuellen Anzeichen für Trocken- oder Feuchtestress an den Versuchspflanzen vorlagen.

14 (Poinsettie) bzw. 21 Tage (Petunie) nach der Inokulation erfolgte die Auswertung. Der *Pythium*-Befall sowie die AMP-Besiedlung (s. 2.2.4) wurden mittels mikroskopischer Bonitur an 40 Wurzelstücken von 1 cm Länge pro Wiederholung quantifiziert. Dazu erfolgte eine Färbung mit Säurefuchsin in Milchsäure (0,1 %). Der Boniturschlüssel zur Ermittlung der Intensität des Pathogenbefalls orientierte sich für Petunien an der Anzahl reproduktiver Strukturen, d.h. der Anzahl an Oosporen sowie Sporangien von *Pythium* (Tabelle 28).

Da der Befall bei Poinsettien mit *Pythium ultimum* weitaus stärkere Symptome hervorrief, wurde hier eine makroskopische Bonitur, orientiert am Verbräunungsgrad der Wurzeln, durchgeführt. Zum Vergleich der Häufigkeitsverteilung in den Bonitursklassen wurde für jede Behandlung ein Index für die Befallsstärke (KI) berechnet. Die Berechnung erfolgte in Anlehnung an die Besiedlungsintensität der Mykorrhiza (s. 2.2.4).

Tabelle 28: Boniturschlüssel für den *Pythium*-Befall der Wurzeln von Petunien und Poinsettien

Boniturnote	Mikroskopische Bonitur <i>Pythium</i> -Befall an Petunienwurzeln	Makroskopische Bonitur Verbräunung der Poinsettienwurzeln durch <i>Pythium</i> -Befall
1	keine Strukturen der Pathogene sichtbar	0 %
2	< 10 reproduktive Strukturen	bis zu 33 % verbräunt
3	10-50 reproduktive Strukturen	> 33-67 % verbräunt
4	> 50 reproduktive Strukturen	> 67-100 % verbräunt

4.2.3 Mikrofotografien

Die in dieser Arbeit abgebildeten Mikrofotografien wurden an einem Zeiss Axio Imager A2 Lichtmikroskop unter Verwendung von Plan-Neofluar Objektiven (10x-20x-40x-100x) und Differentiellem-Interferenzkontrast-Verfahren mit der Kamera AxioCam MRc (Zeiss) aufgenommen.

4.2.4 Statistische Auswertung

Für die Bestimmung signifikanter Unterschiede im *Botrytis*- bzw. *Pythium*-Befall durch Luft-, Bodenfeuchte oder Temperatur wurden generalisierte lineare Modelle (GLM) in R (Version 3.0.2, R CORE TEAM 2013) berechnet. Die Grundlage bildeten die jeweiligen Verhältnisse zwischen Blättern bzw. Blüten mit Symptomen zur Gesamtanzahl. Für die Verteilungsannahme wurde die Quasibinomialverteilung eingesetzt. Zur Auswertung der Bonituren wurden zusätzliche Gewichtungsfaktoren in das Modell integriert. Es folgte eine Devianzanalyse inkl. Chi-Quadrat-Test sowie multiple Mittelwertvergleiche für ausgewählte Kontraste (R-Package „multcomp“, Tukey HSD). Die Zuweisung der Buchstaben für die Signifikanzen erfolgte auf Grundlage von einem α -Wert von 5 % mit der Funktion multcompLetters (R-Package „multcompView“). Alle Grafiken wurden in R mittels Package „ggplot2“ erstellt.

4.3 Ergebnisse

Für die Pathogenitätsversuche wurden jeweils zwei Versuchswiederholungen durchgeführt. Diese sind im Folgenden mit Versuch 1 bzw. 2 gekennzeichnet.

4.3.1 *Botrytis cinerea*

Die *Botrytis*-Inokulation erfolgte vier Wochen nach Inokulation der AMP. Die Mykorrhizierungsfrequenz der Petunienwurzeln lag zu diesem Zeitpunkt bei im Mittel 27 % ($\pm 13,4$; 139(t) Versuch 2) bis 38 % ($\pm 8,1$; 139(t) Versuch 1) und die der Poinsettienwurzeln bei 63 % (± 19 ; 139 (s) Versuch 1) bis 83 % (± 12 ; 139 (s) Versuch 2).

Petunien

7 Tage nach der *Botrytis*-Inokulation konnten erste Symptome an den Blüten beobachtet werden. Diese zeichneten sich durch punktuelle, entfärbte Läsionen auf den Petalen der Blüten aus (Abbildung 29). Sie waren sowohl von innen als auch von außen auf der Blüte sichtbar (Abbildung 29 A, B). Bei genauerer Betrachtung zeigte sich, dass an diesen Stellen die Farbpigmente reduziert waren (Abbildung 29 C, D). Im Bereich der Läsionen wölbten sich die epidermalen und parenchymatischen Zellen kraterförmig nach außen (Abbildung 29, D). Das Zentrum bildeten nekrotische, kollabierte Zellen. Aus den symptomatischen Bereichen wurde Gewebe entnommen, aus dem *B. cinerea* erfolgreich reisoliert wurde.



Abbildung 29: *Botrytis*-Befall auf den Petalen von *Petunia x hybrida* 'Fantasy Blue' A, B: Punktuelle Läsionen auf Blüten 9 Tage nach der Inokulation. C: Vergrößerung einer entfärbten Läsion auf der Blüte, Aufsicht. D: Querschnitt durch eine entfärbte Läsion auf der Blüte.

Die Ergebnisse der Quantifizierung des *Botrytis*-Befalls zeigten, dass die Kombination aus einer Temperatur von 13,5 °C und einer relativen Luftfeuchte von 85 % zu dem stärksten Befall auf den Blütenblättern 14 Tage nach Inokulation führten (Abbildung 30, 31). Unter dieser Bedingung zeigten 77 % (Versuch 1) bzw. 67 % (Versuch 2) der Blüten der mykorrhizafreien Petunien *Botrytis*-Symptome. In den AM-Varianten wiesen 78-81 % der Blüten pro Petunie Symptome auf. Dagegen lag der niedrigste Befall mit 34 % ((-) AMP, Versuch 1) bis 54 % (139(t), Versuch 2) bei 16 °C und einer relativen Luftfeuchte von 65 % vor. Die Unterschiede erwiesen sich jedoch nur für einzelne Vergleiche als signifikant (Abbildung 30).

Ebenfalls verdeutlichte die Befallsstärke, dass der Befall mit *B. cinerea* bei einer relativen Luftfeuchte von 85 % stärker ausgeprägt ist als bei 65 % (Abbildung 31). Dieses zeigte sich insbesondere bei der reduzierten Temperatur von 13,5 °C (KI = 2,3-2,7). Die Befallsstärke unterschied sich jedoch nicht signifikant zu den Varianten bei 17,5 °C und 85 % relativer Luftfeuchte (KI = 1,9-2,4) sowie 13,5 °C und 65 % relativer Luftfeuchte (KI = 1,7-2,2). Insgesamt führte der *Botrytis*-Befall zu keinem signifikanten Einfluss auf die Biomassebildung (Anhang 7.6, Tabelle 48). Des Weiteren führte die AM-Symbiose zu keinem signifikanten Einfluss auf die Befallsintensität mit *B. cinerea*.

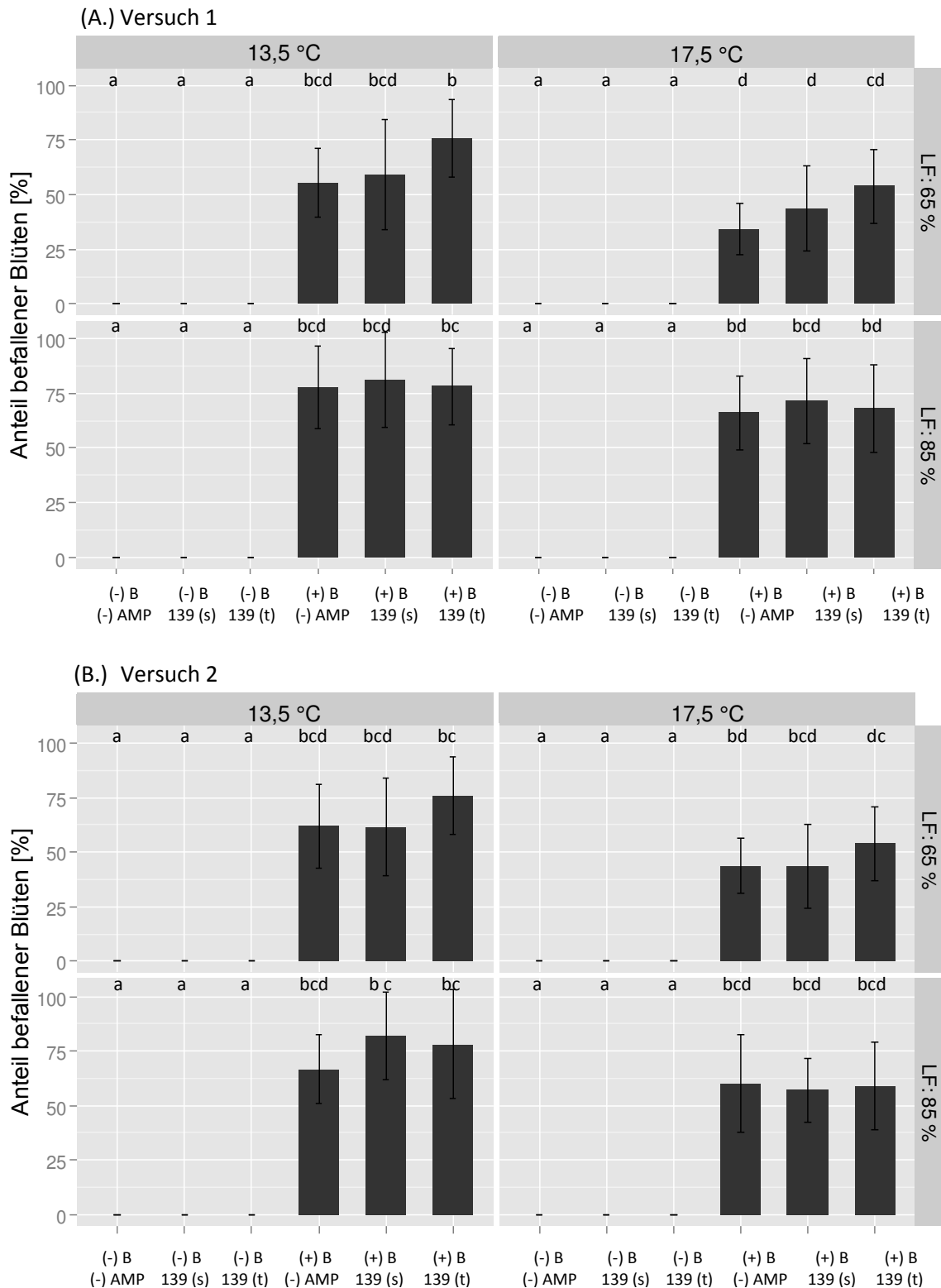


Abbildung 30: Befallshäufigkeit (Anteil befallener Blüten in % der Gesamtanzahl Blüten) bei *Petunia x hybrida* 'Fantasy Blue' 14 Tage nach Inokulation mit *Botrytis cinerea*. (+) /(-) B: mit bzw. ohne *Botrytis*-Inokulation, AMP-Varianten: (-) AMP mykorrhizafreie Kontrolle und mit Isolat 139(s/t) mykorrhizierte Pflanzen, LF: relative Luftfeuchte, (A.)/(B.); Versuchswiederholung 1 und 2. (n=10; GLM, MCP, Buchstaben weisen auf signifikante Unterschiede zwischen Varianten hin, $\alpha = 5 \%$)

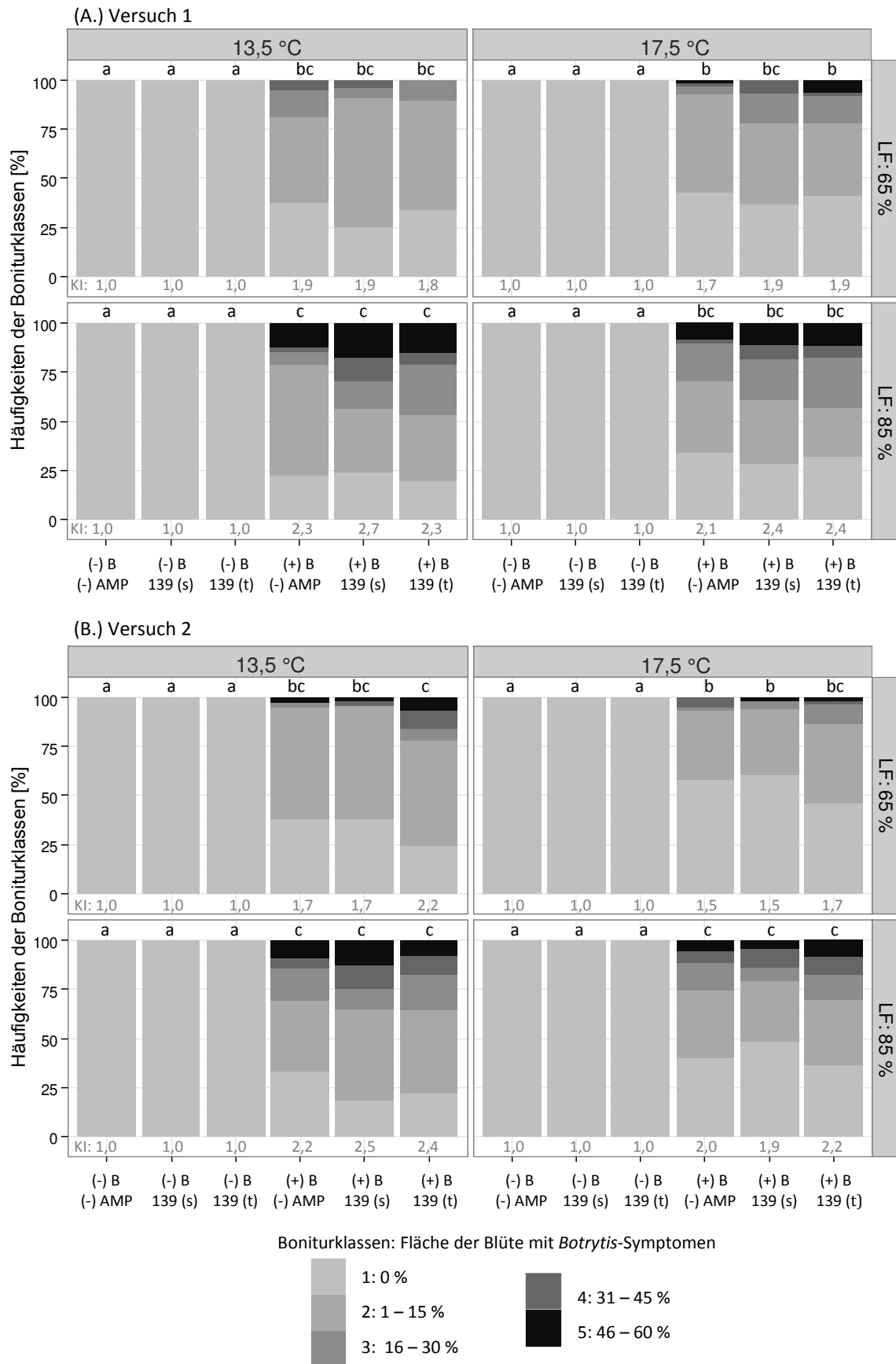


Abbildung 31: Befallsstärke auf Blüten der *Petunia x hybrida* 'Fantasy Blue' in Häufigkeiten der Boniturklassen 1-5 [%] 14 Tage nach Inokulation mit *Botrytis cinerea*. (+)/(-)B: mit bzw. ohne *Botrytis*-Inokulation, AMP-Varianten: (-) AMP mykorrhizafreie Kontrolle und mit Isolat 139(s/t) mykorrhizierte Pflanzen, LF: relative Luftfeuchte, (A.)/(B.) Versuchswiederholung 1 und 2, KI: Index für die Befallsstärke. (n=10; GLM, MCP, Buchstaben weisen auf signifikante Unterschiede zwischen Varianten hin, $\alpha = 5 \%$).

Poinsettien

Für *Euphorbia pulcherrima* wurde der *Botrytis*-Befall der Blätter betrachtet. Dieser zeigte sich in Form von Chlorosen und Nekrosen auf der Blattoberfläche. Aus diesen Bereichen wurde ebenfalls Gewebe entnommen, aus diesem konnte *Botrytis cinerea* erfolgreich reisoliert werden.

Die Befallsintensität erwies sich insgesamt geringer als an den Petunien (Abbildung 32, 33). Der größte Anteil an Blättern, die einen *Botrytis*-Befall aufwiesen, wurde bei 17,5 °C und einer relativen Luftfeuchte von 85 % beobachtet (Abbildung 32). Hier zeigten 22 % (139 (t); Versuch 2) bis 28 % ((-) AMP, Versuch 1) der Blätter Symptome. Der niedrigste Befall mit 13 % (139(s), Versuch 2) bis 17 % (139(t), Versuch 2) befallener Blätter lag bei 15 °C und einer relativen Luftfeuchte von 65 % vor. Jedoch erwiesen sich die Unterschiede hinsichtlich der Anzahl der Blätter mit *Botrytis*-Befall sehr gering und nur für einzelne Vergleiche als signifikant (Abbildung 32).

Dieses wird ebenfalls durch die Befallsstärke bestätigt: Der stärkste Befall (KI = 1,3-1,4) lag bei 17,5 °C und einer Luftfeuchte von 85 % vor (Abbildung 33). Die Befallsstärken unterschieden sich jedoch nicht signifikant zu den Varianten bei 15,0 °C und 85 % Luftfeuchte (KI = 1,2-1,3) sowie unter 13,5 °C und 65 % Luftfeuchte (KI = 1,2). Bei 15 °C wurde kein Einfluss durch die erhöhte Luftfeuchte beobachtet. Darüber hinaus besaß die AM-Symbiose keinen Einfluss auf den *Botrytis*-Befall.

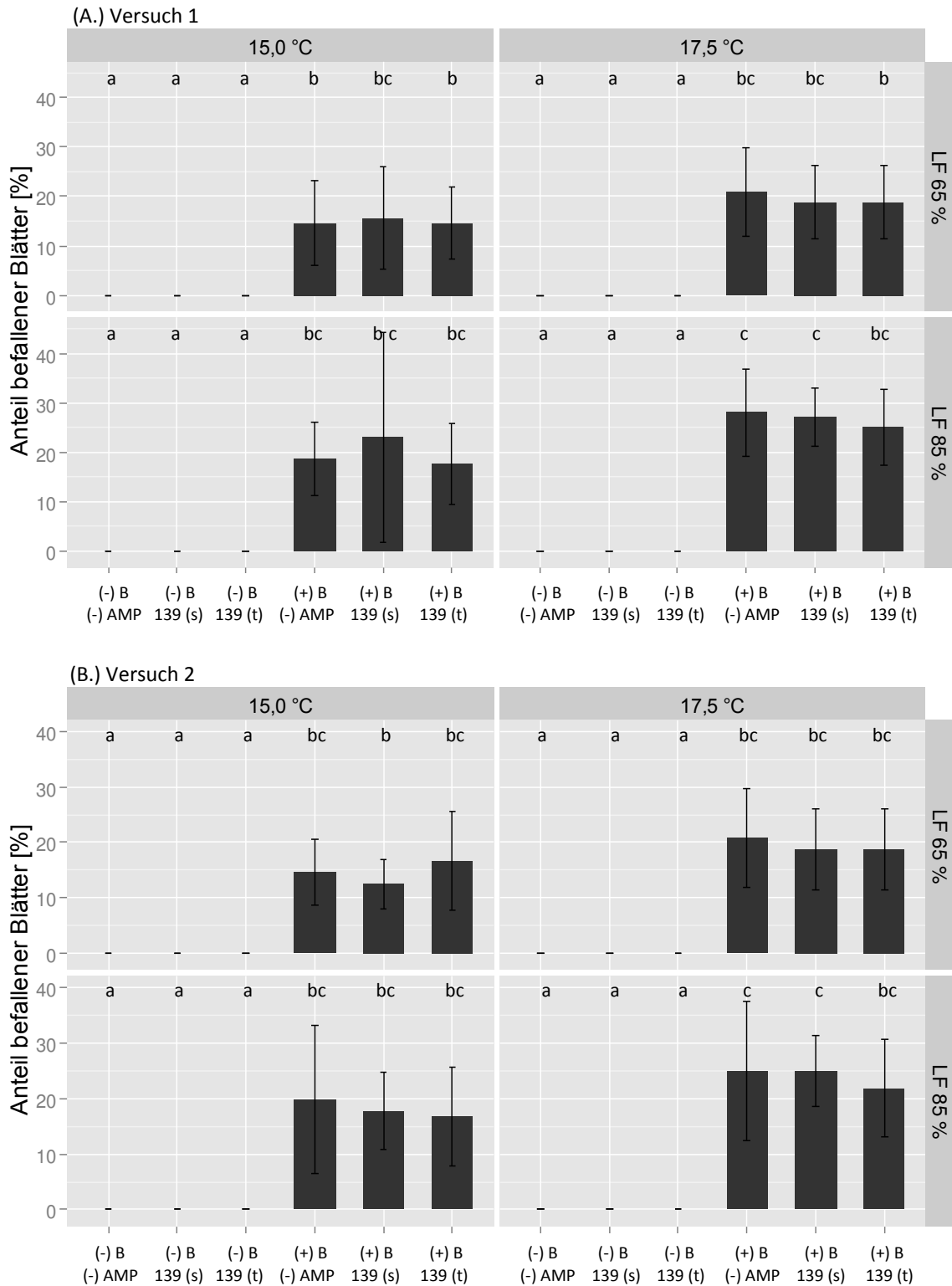
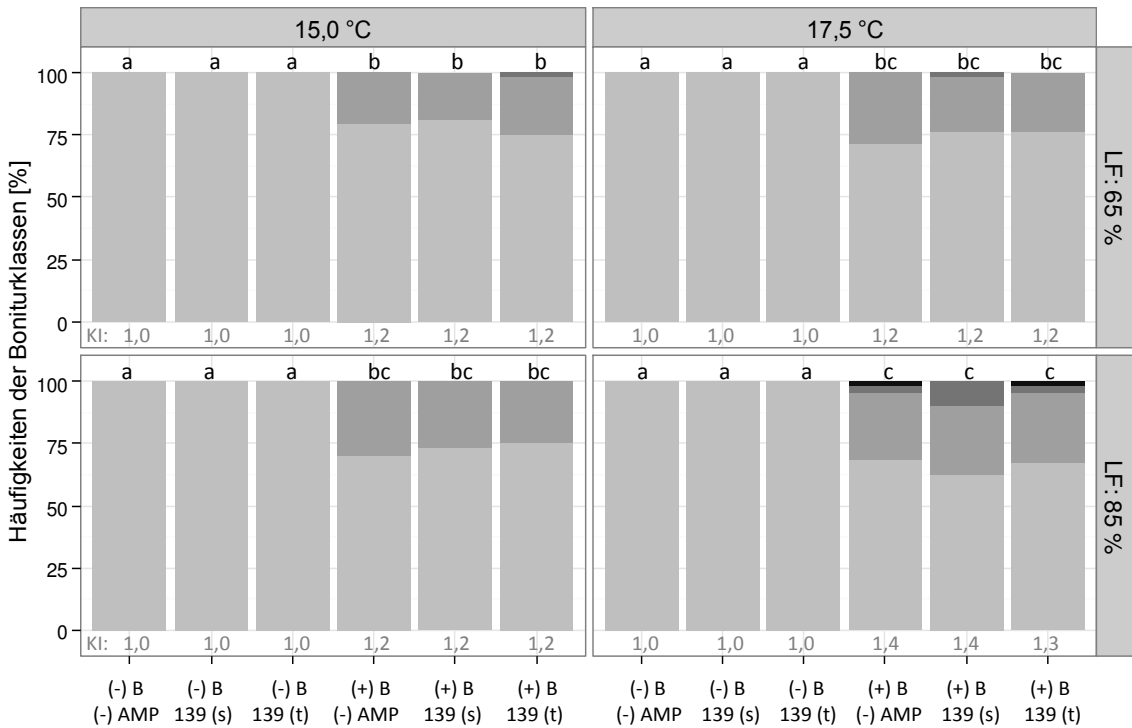
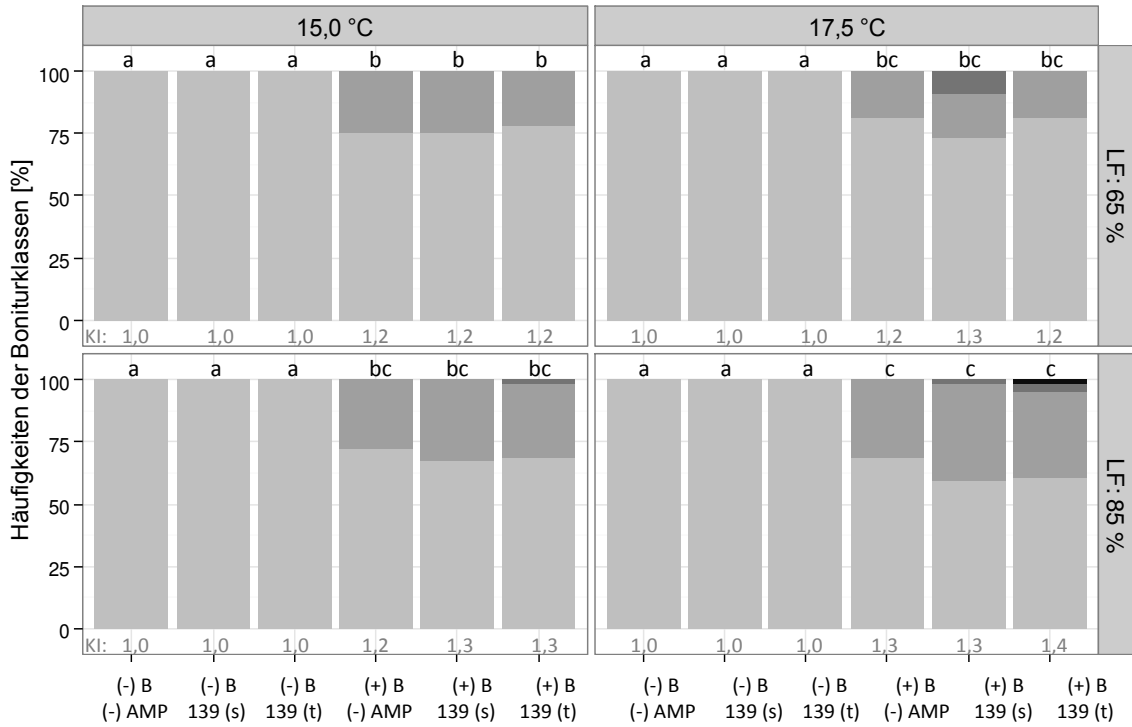


Abbildung 32: Befallshäufigkeit (Anteil befallener Blätter in % der Gesamtanzahl Blätter) bei *Euphorbia pulcherrima* 'Christmas Eve' 14 Tage nach Inokulation mit *Botrytis cinerea*. (+) /(-) B: mit bzw. ohne *Botrytis*-Inokulation, AMP-Varianten: (-) AMP mykorrhizafreie Kontrolle und mit Isolat 139(s/t) mykorrhizierte Pflanzen, LF: relative Luftfeuchte, (A.)/ (B.) Versuchswiederholung 1 und 2. (n=8; GLM, MCP, Buchstaben weisen auf signifikante Unterschiede zwischen Varianten hin, $\alpha = 5 \%$)



Boniturklassen: Blattfläche mit Symptomen



Abbildung 33: Befallsstärke auf Blättern von *Euphorbia pulcherrima* 'Christmas Eve' in Häufigkeiten der Boniturklassen 1-5 [%] 14 Tage nach Inokulation mit *Botrytis cinerea*. (+) /(-) B: mit bzw. ohne *Botrytis*-Inokulation, AMP-Varianten: (-) AMP mykorrhizafreie Kontrolle und mit Isolat 139(s/t) mykorrhizierte Pflanzen, LF: relative Luftfeuchte, (A.) / (B.) Versuchswiederholung 1 und 2., KI: Index für die Befallsstärke. (n=8; GLM, MCP, Buchstaben weisen auf signifikante Unterschiede zwischen Varianten hin, $\alpha = 5 \%$)

4.3.2 *Pythium ultimum*

Die Inokulation mit *Pythium ultimum* erfolgte vier Wochen nach Inokulation mit den AMP-Isolaten 139 (s) und 139 (t). Zu diesem Zeitpunkt lag die Mykorrhizierungsfrequenz in den Petunienwurzeln zwischen 32 % (139 (s), Versuch 1) und 61 % (139 (s), Versuch 2) sowie in den Wurzeln der Poinsettien zwischen 35 % (139 (t); Versuch 1) und 85 % (139 (t), Versuch 2). Insgesamt wurde sowohl bei Petunie als auch bei Poinsettie ein deutlicher *Pythium*-Befall festgestellt (Abbildung 34, 35). Die Poinsettien erwiesen sich jedoch als weitaus anfälliger.

Petunie

In allen mit *Pythium* inokulierten Pflanzen konnte während der mikroskopischen Bonitur ein Befall festgestellt werden. In Versuch 1 wurde für die mykorrhizafreien Petunien kein signifikanter Einfluss durch die Temperatur- und Bodenfeuchten beobachtet. In Versuch 2 führte sowohl die erhöhte Bodenfeuchte (KI = 1,3), die reduzierte Temperatur (KI = 1,3) als auch die Kombination aus beidem (KI = 1,4) zu einer leicht erhöhten Befallsintensität im Vergleich zur Normaltemperatur und einer Bodenfeuchte von 14 % (KI = 1,2).

Die AM-Symbiose führte zu einer leichten bis deutlichen Reduktion des Befalls. Die Unterschiede erwiesen sich jedoch nur für einzelne Vergleiche als signifikant. Kein Einfluss besaß die AM insbesondere in Versuch 2 bei Normaltemperatur und einer Bodenfeuchte von 14 % (KI = 1,2). Bei reduzierter Temperatur und erhöhter Bodenfeuchte führte die AM zu einer deutlichen Reduktion des *Pythium*-Befalls.

Es zeigte sich kein Unterschied zwischen dem unter gezielt kühleren Temperaturen vermehrten AMP-Isolat 139 (t) und dem unter Standardbedingungen vermehrten Isolat 139 (s). Die Besiedlung mit 139 (t) erwies sich hinsichtlich der Häufigkeit der besiedelten Wurzelstücke, jedoch mit einigen Einschränkungen in Versuch 2, als höher (Tabelle 29). Ebenfalls wurde in der Versuchswiederholung eine höhere Mykorrhizierungsfrequenz erzielt als in Versuch 1.

Tabelle 29: AMP-Besiedlung in Häufigkeiten besiedelter Wurzeln [%] der *Petunia x hybrida* 'Fantasy Blue' 21 Tage nach Temperaturabsenkung und *Pythium*-Inokulation.

Varianten: Temperatur 13,5/ 17,5 °C; mykorrhiziert (139(s), 139(t)), mykorrhizafrei (-) AMP; mit (+) bzw. (-) ohne *Pythium*-Inokulation; Bodenfeuchte (BF) 14/ 34 %; Versuchswiederholung 1 (V1) und 2 (V2) (n=8)

Variante		13,5 °C						17,5 °C					
AMP		(-)	139	139	(-)	139	139	(-)	139	139	(-)	139	139
Pythium		AMP	(s)	(t)	AMP	(s)	(t)	AMP	(s)	(t)	AMP	(s)	(t)
		(-)	(-)	(-)	(+)	(+)	(+)	(-)	(-)	(-)	(+)	(+)	(+)
V1	BF 14	0	29,4	51,4	0	13,9	41,6	0	30,2	61,8	0	23,4	38,6
	BF 34	0	20,1	46,8	0	11,6	36,6	0	13,1	57,8	0	25,6	57,2
V2	BF 14	0	70,0	70,0	0	63,6	72,2	0	61,2	81,3	0	71,9	53,9
	BF 34	0	67,5	75,8	0	73,0	69,9	0	67,7	75,7	0	78,8	81,9

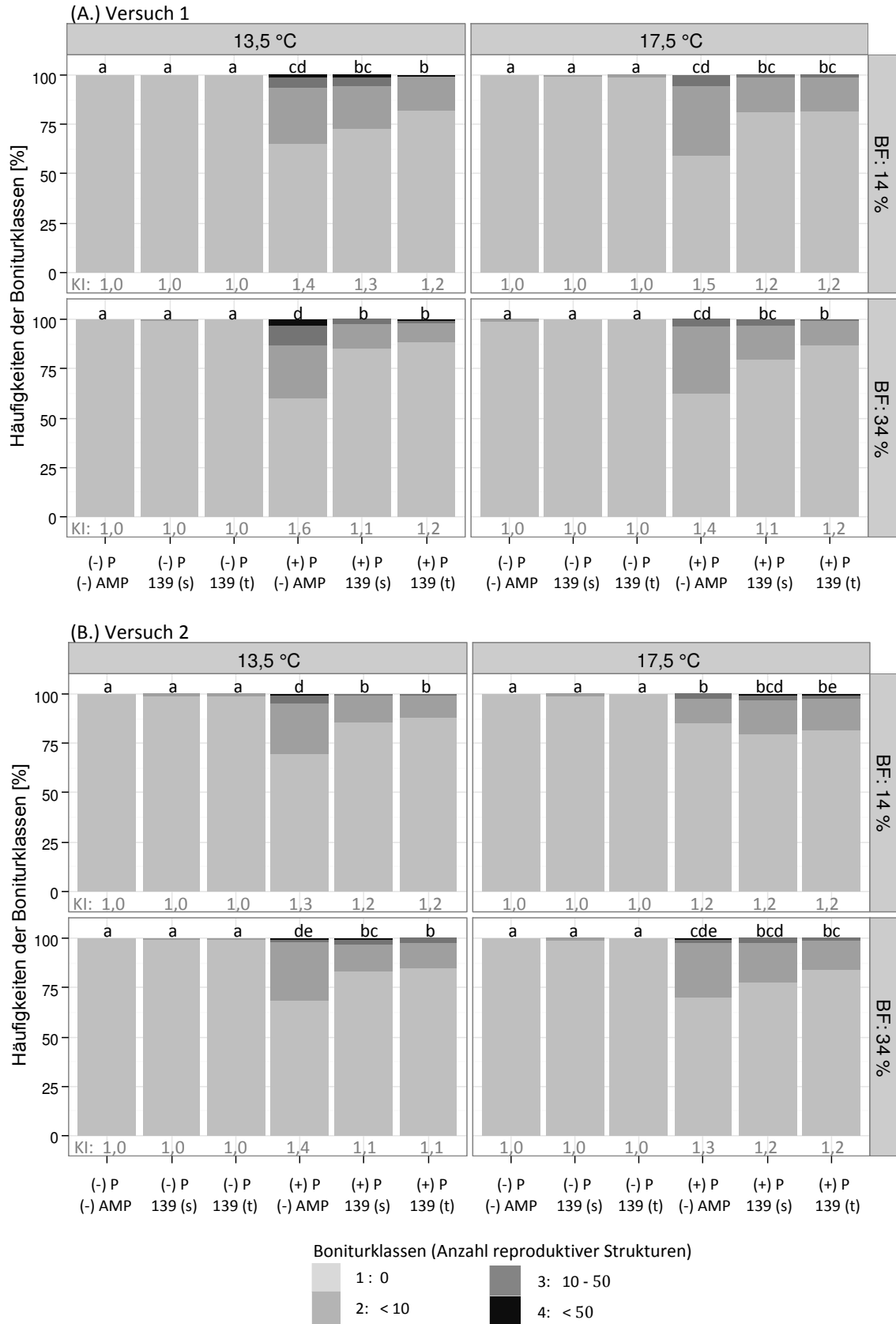


Abbildung 34: Befall in Häufigkeiten der Boniturklassen 1-4 [%] an Wurzeln von *Petunia x hybrida* 'Fantasy Blue' 21 Tage nach Inokulation mit *Pythium ultimum*. (+)/ (-) P mit bzw. ohne *Pythium*-Inokulation, AMP-Varianten: (-) AMP mykorrhizafreie Kontrolle und mit Isolat 139(s/t) mykorrhizierte Pflanzen, BF: Bodenfeuchte, (A.)/ (B.) Versuchswiederholung 1 und 2, KI: Index für die Befallsstärke (n=10; GLM, MCP, Buchstaben weisen auf signifikante Unterschiede zwischen Varianten hin, $\alpha = 5\%$)

Poinsettien

Die Ergebnisse der Quantifizierung des *Pythium*-Befalls an Poinsettien zeigten, dass die Befallsstärke bei 15,0 °C im Vergleich zu 17,5 °C leicht erhöht war (Abbildung 35). Insbesondere führte die Kombination aus reduzierter Temperatur und einer Bodenfeuchte von 34 % in den mykorrhizafreien Poinsettien zu dem stärksten Befall der Wurzeln (KI=2,6 bzw. 2,0). Die Unterschiede erwiesen sich jedoch wiederum nur im Vergleich zu dem *Pythium*-Befall bei 17,5 °C und einer reduzierten Bodenfeuchte von 14 % (KI = 1,8 bzw. 1,5) als signifikant erhöht. Ebenfalls führte das feuchtere Substrat bei 17,5 °C zu einem leichten, nicht signifikanten Anstieg im Befall (KI = 2,1 bzw. 1,9). Diese Ergebnisse verdeutlichen die Bedeutung der Feuchtigkeit für einen Befall mit *P. ultimum*.

Insgesamt führte die Besiedlung mit den AMP-Isolaten 139 (s/t) zu einer leichten bis deutlichen Reduktion des Befalls. Sie lieferte jedoch keinen vollkommenen Schutz (Abbildung 35). Die stärkste Verringerung im *Pythium*-Befall erzielte die AM unter Kühle.

Gleichzeitig zeigte die Überprüfung der AMP-Besiedlung 14 Tage nach Temperaturabsenkung und *Pythium*-Inokulation, dass bei der reduzierten Temperatur von 15 °C eine leicht geringere Besiedlung vorlag (Tabelle 30). Insgesamt erwies sich die Mykorrhizierungsfrequenz in Versuch 2 als deutlich höher. Ein Einfluss dieser Variationen auf die Befallsintensität mit *Pythium* war jedoch nicht zu beobachten.

Tabelle 30: AMP-Besiedlung in Häufigkeiten besiedelter Wurzeln [%] der *Euphorbia pulcherrima* 'Christmas Eve' 14 Tage nach Temperaturabsenkung und *Pythium*-Inokulation.

Varianten: Temperatur 15,0/ 17,5 °C; mykorrhiziert (139(s), 139(t)), mykorrhizafrei (-) AMP; mit (+) bzw. (-) ohne *Pythium*-Inokulation; Bodenfeuchte (BF) 14/ 34 %; Versuchswiederholung 1 (V1) und 2 (V2) (n=8)

Variante		15,0 °C						17,5 °C					
		(-) AMP	139 (s)	139 (t)	(-) AMP	139 (s)	139 (t)	(-) AMP	139 (s)	139 (t)	(-) AMP	139 (s)	139 (t)
Pythium		(-)	(-)	(-)	(+)	(+)	(+)	(-)	(-)	(-)	(+)	(+)	(+)
V1	BF 14	0	48,9	51,3	0	50,0	42,5	0	57,5	54,3	0	50,7	46,0
	BF 34	0	45,6	52,8	0	36,4	44,7	0	46,9	49,5	0	41,3	36,9
V2	BF 14	0	77,5	93,2	0	85,0	72,1	0	81,8	98,3	0	75,0	91,8
	BF 34	0	75,0	76,6	0	64,3	81,9	0	76,3	92,5	0	84,4	93,3

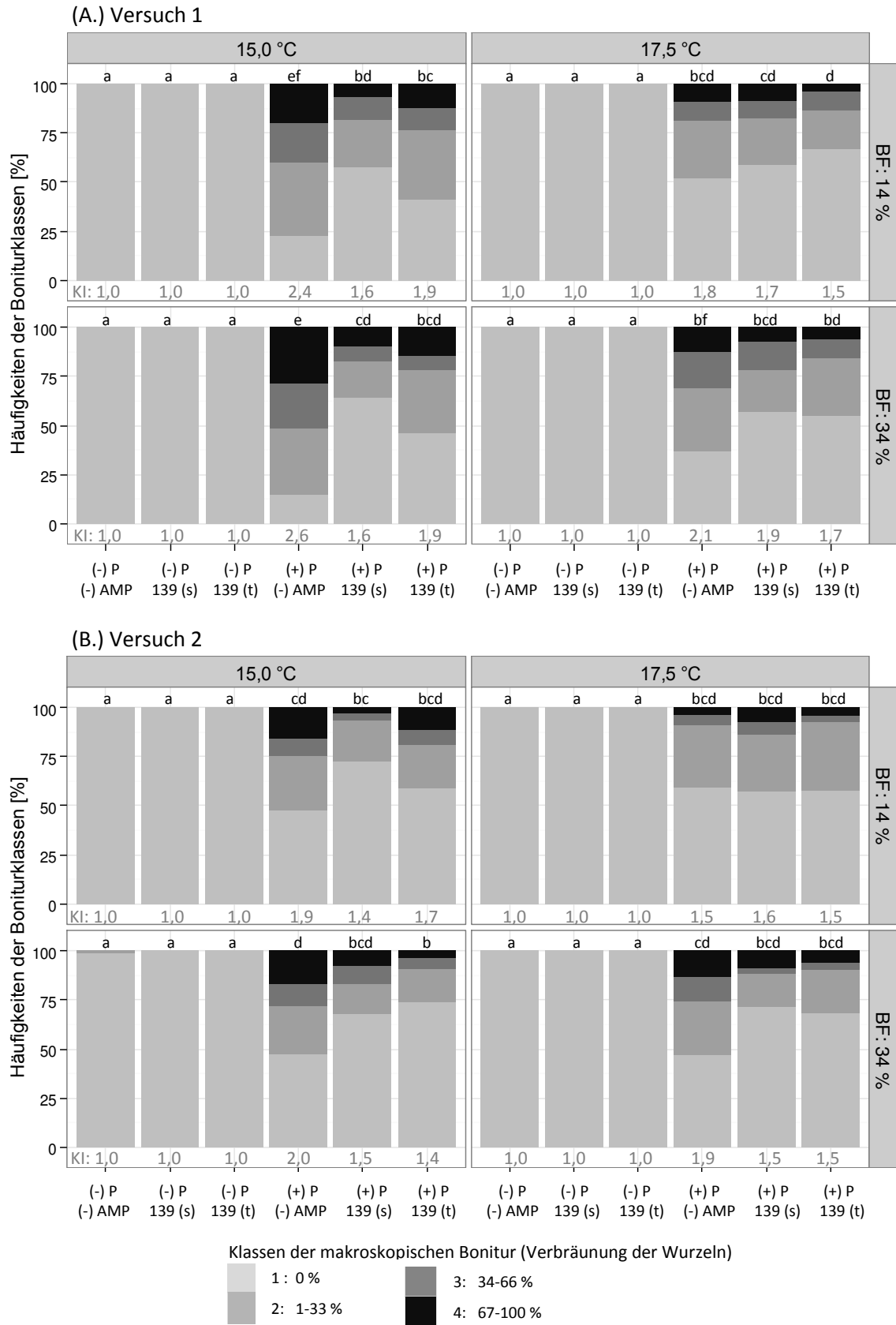


Abbildung 35: Befall in Häufigkeiten der Boniturklassen 1-4 [%] an Wurzeln von *Euphorbia pulcherrima* 'Christmas Eve' 14 Tage nach Inokulation mit *Pythium ultimum*. (+)/ (-) P mit bzw. ohne *Pythium*-Inokulation, AMP-Varianten: (-) AMP mykorrhizafreie Kontrolle und mit Isolat 139(s/t) mykorrhizierten Pflanzen, BF: Bodenfeuchte, (A.)/ (B.) Versuchswiederholung 1 und 2, KI: Index für die Befallsstärke (n=10; GLM, MCP, Buchstaben weisen auf signifikante Unterschiede zwischen Varianten hin, $\alpha = 5 \%$)

4.4 Diskussion

Die dargestellten Ergebnisse verdeutlichen Wechselwirkungen zwischen Umweltfaktoren, Pathogenen und Wirtspflanzen. In der vorliegenden Untersuchung führte die Kombination aus reduzierter Kulturtemperatur und erhöhter Luft- bzw. Bodentemperatur, lediglich mit einer Ausnahme, zu einer erhöhten Befallsintensität. Wird jedoch nur einer der genannten Faktoren im Rahmen der untersuchten Spannweiten verändert, ist lediglich von einem geringen bis keinem Anstieg des Pathogenbefalls auszugehen. Die Ergebnisse bestätigen die Bedeutung der Feuchtigkeit für den Befall mit *Pythium* und *Botrytis* aus anderen Untersuchungen (s. 4.1).

Grundsätzlich kann abiotischer Stress sowohl eine hemmende als auch eine fördernde Wirkung auf biotischen Stress besitzen (ATKINSON & URWIN 2012). Die Kombination aus biotischem und abiotischem Stress unterliegt darüber hinaus vielfältigen Einflüssen z. B. dem Zeitpunkt oder der Intensität des jeweiligen Stresses sowie den vielseitigen Wechselwirkungen auf biochemischer und molekularer Ebene (ATKINSON & URWIN 2012). Festzuhalten ist, dass abiotischer Stress, darunter Temperatur und Feuchte, nicht ausschließlich Wachstum und Entwicklung sondern auch die Abwehrreaktion der Pflanzen beeinflussen kann (HUA 2013). Dabei können sich Temperaturveränderungen der gleichen Höhe auf den Pathogenbefall verschiedener Pflanzen unterschiedlich auswirken (HUA 2013). Dieses wurde auch in der vorliegenden Untersuchung an Petunien und Poinsettien beobachtet. Darüber hinaus verdeutlichte die durchgeführte Transkriptomanalyse an der Petunie 'Mitchell' (Kapitel 3), dass die reduzierte Temperatur einige an der Abwehrreaktion der Pflanze beteiligte Gene, die hinsichtlich biotischem Stress bekannt sind, induzierte. ATKINSON & URWIN (2012) beschrieben bereits Einflüsse dieser Art auf einige Transkriptionsfaktoren, Signalkaskaden und Proteine sowie sekundäre Metabolite, z.B. Flavonoide. Folglich können gleichzeitig auftretende Stressoren einer Interaktion unterliegen.

Temperatur und Feuchtigkeit besitzen darüber hinaus einen wesentlichen, direkten Einfluss auf die Entwicklung der Pathogene. Dabei beeinflusst die Feuchtigkeit z. B. die Zoosporenbildung und -verbreitung bei Oomyceten, hierbei ermöglicht freies Wasser Neuinfektionen (MARTIN & LOPER 1999). Ebenfalls beeinflusst die Temperatur die Entwicklung der Sporen, sie kann sich auf die Sporenkeimung und die Keimschlauchbildung auswirken (MARTIN & LOPER 1999). Veränderungen der Bodeneigenschaften beeinflussen auch die Zusammensetzung der Bodenmikroflora (MARTIN & LOPER 1999). Mit steigender Bodenfeuchte nimmt z. B. die Sauerstoffkonzentration im Boden ab und die Kohlenstoffdioxidkonzentration zu (MARTIN & LOPER 1999). *Pythium* spp. erwies sich gegenüber erhöhten Kohlenstoffdioxidkonzentrationen im Boden toleranter als viele andere Mikroorganismen (GARDNER et al. 1973; MITCHELL & MITCHELL 1973; MARTIN & LOPER 1999). Der Erreger un-

terliegt dann einer geringeren Konkurrenz zu anderen Mikroorganismen. Hieraus kann sich ein erhöhtes Risiko für einen *Pythium*-Befall ergeben.

Das Blattpathogen *Botrytis cinerea* führte in der vorliegenden Untersuchung auf den anfälligeren Blüten der Petunien zu einem stärkeren Befall als auf den Blättern der Poinsettien. Die Befallsstärke erwies sich für die Poinsettien bei Normaltemperatur und erhöhter Luftfeuchte, an Petunien jedoch bei reduzierter Temperatur und erhöhter Luftfeuchte, am stärksten. Diese Ergebnisse verdeutlichen den bereits beschriebenen spezifischen Effekt der Pflanzenart. Nach JARVIS (1989) treten *Botrytis*-Infektionen in einem weiten Temperaturbereich (3-25 °C) auf, die optimale Temperatur für eine Infektion steht jedoch in Abhängigkeit von der Abwehrreaktion der Wirtspflanze.

Die Ergebnisse verdeutlichen die große Bedeutung der Luftfeuchte für eine Infektion mit *Botrytis*. Dieser Einfluss ist bereits von EDEN et al. (1996) für den *Botrytis*-Befall an Tomaten oder von WILLIAMSON et al. (1995) an Rosen beschrieben. Die Inokulation erfolgte wie auch in diesem Versuch über die Konidien. Diese besitzen nur eine relativ kurze Lebensdauer, welche durch die vorherrschende Temperatur, das verfügbare Wasser bzw. die Feuchte, die mikrobielle Aktivität und die Exposition zum Licht beeinflusst wird (HOLZ et al. 2004). Bei der vorliegenden Untersuchung ist zu beachten, dass sich direkt nach der Inokulation die Bedingungen hinsichtlich der Feuchte in den verschiedenen Varianten nicht unterschieden (s. 4.2.1). Vorversuche zeigten, dass für eine erfolgreiche Primärinfektion unter den gewählten Klimakammerbedingungen eine Erhöhung der relativen Luftfeuchte auf 95 % für 24 Stunden nach der Inokulation notwendig ist. Das stimmt mit der Beobachtung von WILLIAMSON et al. (1995) überein: In ihren Versuchen erwies sich eine relative Luftfeuchte über 93 % für eine *Botrytis*-Infektion als notwendig. Dieses muss in der Beurteilung der Ergebnisse berücksichtigt werden. Die vorliegenden Versuche beziehen sich vielmehr auf den Einfluss der gewählten Temperaturen und Luftfeuchten auf die Entwicklung des *Botrytis*-Befalls nach der Primärinfektion, folglich auf die Ausbreitung im Gewebe und die Symptombildung. Es ist davon auszugehen, dass Temperatur und insbesondere Feuchtigkeit auch nach der Primärinfektion die Pathogenese modulieren. Der Einfluss des Mikroklimas und insbesondere die Notwendigkeit der Feuchtigkeit für Sporulation, Keimung der Konidien, das Wachstum des Keimschlauchs und die Penetration des Wirts wurden bereits vielfach beschrieben (ELAD & SHTIENBERG 1995; DIK & WUBBEN 2004; WILLIAMSON et al. 2007).

Umweltfaktoren können auch einen erheblichen Einfluss auf die Mykorrhizasymbiose besitzen. So wird der große Unterschied in der AM-Besiedlung in den *Pythium*-Versuchen zwischen Versuchswiederholung 1 und 2 in einem jahreszeitlichen Einfluss, insbesondere hinsichtlich des Lichtes, gesehen. Die Ausbildung der Symbiose kann stark von der Lichtin-

tensität beeinflusst werden (JOHNSON et al. 1997; SMITH & READ 2008; SHUKLA et al. 2009). Dieser Einfluss ist auf die begrenzte Kohlenhydrat-Versorgung der AMP durch die Pflanze unter limitierter Photosyntheseleistung zurückzuführen (SMITH & READ 2008).

Die arbuskuläre Mykorrhiza führte zu einer Reduktion des *Pythium*-Befalls. Die Schutzfunktion war jedoch von unterschiedlicher Intensität. Die Temperatur und Bodenfeuchte beeinflusste diese Wirkung der AM nicht. In verschiedenen Untersuchungen konnte bereits eine Verminderung des Befalls mit bodenbürtigen Pathogenen durch AM beobachtet werden (s. 4.1), darunter auch gegenüber *P. ultimum* an *Cucumis sativus* L. (ROSENDAHL 1990), *Tagetes erecta* (CALVET et al. 1993) und Poinsettien (KAYE et al. 1984). Eine genaue Analyse der Ursachen konnte in dieser Untersuchung nicht erfolgen. Möglicherweise ist eine Kombination von den bereits aufgezeigten Mechanismen (direkte Konkurrenz, Kompensationseffekte, Aktivierung des Abwehrsystems der Pflanze und Veränderungen der Mikroorganismenpopulation in der Rhizosphäre) für die Reduktion des *Pythium*-Befalls verantwortlich (s. 4.1).

In der vorliegenden Untersuchung ist die AM-Schutzwirkung gegenüber *Pythium* unabhängig von der AMP-Besiedlungsintensität. Bereits HAYEK et al. (2012) konnten zeigen, dass die Besiedlungsintensität zum Zeitpunkt des Pathogenangriffs keinen Einfluss auf die Befallsstärke besaß. Diese Ergebnisse weisen auf eine Aktivierung des Abwehrsystems der Pflanze hin. Die Transkriptomanalyse an Petunie 'Mitchell' unterstützt diese These: Das AMP-Isolat BEG 144 induzierte insbesondere in den Wurzeln PR-Proteine. Offen bleibt jedoch, ob das hier eingesetzte AMP-Isolat 139 an der Petunie 'Fantasy Blue' ebenfalls zur Induktion von Genen führt, die an der Abwehrreaktion beteiligt sind.

Im Gegensatz zu der AM-Wirkung gegenüber *Pythium* stehen die Ergebnisse hinsichtlich des *Botrytis*-Befalls. Es konnte keine AM-Wirkung auf die Befallsintensität mit *Botrytis* beobachtet werden. In weiteren Studien zur Wirkung arbuskulärer Mykorrhizapilze gegenüber *Botrytis cinerea* wurden gegensätzliche Ergebnisse erzielt: FIORILLI et al. (2011) beschreiben eine Schutzwirkung durch *Glomus mosseae* gegenüber *Botrytis cinerea* an *Solanum lycopersicum*. Dagegen beobachteten SHAUL et al. (1999) eine höhere Befallsintensität mit *Botrytis* an mit *Glomus intraradices* mykorrhiziertem *Nicotiana tabacum*. Diese Ergebnisse verdeutlichen wiederum die komplexen Interaktionen zwischen Wirtspflanzenart und -sorte sowie AMP-Isolaten und den Umwelteinflüssen.

Das hier beobachtete Ergebnis steht im Gegensatz zu der häufig gezeigten Förderung des Auftretens von Blattpathogenen, insbesondere biotropher Schaderreger, durch die AM (s. 4.1). POZO & AZCÓN-AGUILAR (2007) beschreiben bereits sehr variierende Einflüsse der AM gegenüber Blattpathogenen. Die Ursachen können in den unterschiedlichen Abwehrme-

chanismen der Pflanze gegenüber biotrophen und nekrotrophen Organismen und der Wechselwirkung mit den obligat biotrophen AMP liegen (POZO & AZCÓN-AGUILAR 2007).

Die unter sehr spezifischen Bedingungen durchgeführten Untersuchungen dieses Kapitels verdeutlichen, dass das Risiko für einen Befall mit *Botrytis cinerea* und *Pythium ultimum* mit dem Absenken der Kulturtemperatur und den damit einhergehenden erhöhten Luft- sowie Bodenfeuchten steigt. Unter Praxisbedingungen ist folglich eine Anpassung der Kulturmaßnahmen von großer Bedeutung: Das Absenken der Kulturtemperaturen unter Gewächshausbedingungen muss mit Maßnahmen zur Reduktion der Feuchtigkeit verbunden sein, z. B. durch angepasste Bewässerung, Substratauswahl oder Entfeuchtungsstrategien. Darüber hinaus wird der Sortenauswahl eine hohe Bedeutung beigemessen. Tolerante Pflanzen gegenüber kühlen Temperaturen schließen jedoch eine Anfälligkeit gegenüber anderen Stressoren nicht aus und sollten berücksichtigt werden. Des Weiteren konnte ein Potential arbuskulärer Mykorrhizapilze gegenüber *Pythium ultimum* unter den untersuchten Bedingungen aufgezeigt werden.

5 Schlussfolgerung und Ausblick

Die aufgezeigten Ergebnisse der vorliegenden Untersuchung tragen zu einem verbesserten Verständnis über Auswirkungen von Kühle und arbuskulären Mykorrhizapilzen sowie deren Kombination auf Pflanzen bei. Die Screenings verdeutlichten einen umfangreichen Einfluss der AM auf das Wachstum und die Entwicklung der Petunien und Poinsettien. Jedoch führten lediglich einzelne Kombinationen aus Wirtspflanzensorte und AMP-Isolat zu Wachstumsförderungen unter reduzierter Kulturtemperatur. Die Parameter der Chlorophyll-Fluoreszenz als nicht destruktive Methode konnten einzelne Unterschiede in der Stressreaktion z. B. verschiedener Sorten aufzeigen. Die Methodik erwies sich jedoch für eine umfangreiche Charakterisierung der Kühle- und AM-Effekte als nicht ausreichend. Vielmehr konnten die anschließenden physiologischen und molekularbiologischen Untersuchungen zur Analyse der beteiligten Mechanismen beitragen: Die Untersuchung der Kohlenhydratgehalte verdeutlichte die Bedeutung der Akkumulation von löslichen Zuckern unter Kühle. Mögliche Funktionen dieser wurden aufgezeigt. Die Anreicherung von Zuckern, die an Petunie 'Mitchell' durch das AMP-Isolat BEG 144 frühzeitiger erfolgte als in den nicht mykorrhizierten Kontrollen, wird als Schutzmechanismus gegenüber Temperaturreduktionen angesehen. An Poinsettien konnte kein AM-Einfluss auf den Kohlenhydratmetabolismus beobachtet werden. Jedoch wiesen die untersuchten Sorten Unterschiede auf. In der kühesensitiveren Sorte 'Christmas Spirit' wurden geringere Kohlenhydratgehalte als in der toleranteren Sorte 'Christmas Eve' nachgewiesen.

Insbesondere die Untersuchungen an der Petunie ermöglichten anhand der Transkriptomanalyse umfangreiche Einblicke in die Reaktion der Pflanze gegenüber Kühle, AM sowie deren Kombination. Die Petunie eignet sich als Modellpflanze (GERATS & VANDENBUSSCHE 2005), für diese waren die methodischen Voraussetzungen für die Analysen vorhanden bzw. konnten entwickelt werden. Damit ist zu begründen, dass nicht alle Untersuchungen an beiden Pflanzenarten durchgeführt werden konnten. Für die Poinsettie sind die methodischen Voraussetzungen für eine Genexpressionsanalyse und die Phytohormonanalytik bisher nicht gegeben.

Bereits die Temperaturabsenkung um 4 °C führte zu umfangreichen transkriptionalen Veränderungen in der Petunie 'Mitchell'. Das AMP-Isolat BEG 144 besaß sowohl unter Normaltemperatur als auch unter reduzierter Temperatur einen umfangreichen Einfluss auf die Wirtspflanze. Die AM führte unter reduzierter Temperatur zu einem Kompensationseffekt hinsichtlich der Regulation von Nitrattransportern und verstärkte die Genexpression von Proteinen, die an der Stressperzeption, Signaltransduktion und in Zusammenhang mit der Adaptation an Kühlstress stehen.

Darüber hinaus wurden Wechselwirkungen zwischen biotischem und abiotischem Stress sowie AMP aufgezeigt: Die Ergebnisse verdeutlichten, dass die unter reduzierter Temperatur auftretenden höheren Luft- und Bodenfeuchten zu einem erhöhten Befallsrisiko mit *Botrytis cinerea* und *Pythium ultimum* führten. Eine vielfältig beschriebene, schützende Wirkung der AM konnte auch hier gegenüber dem Pathogen *Pythium ultimum* nachgewiesen werden.

Die Basis für die vorliegende Arbeit, die sich mit grundlegenden Mechanismen beschäftigt, bildet eine sehr praxisrelevante Fragestellung. Die Energieeinsparung während des Anbaus gartenbaulicher Kulturen ist von erheblicher Bedeutung. Das Absenken der Kulturtemperatur bietet in der Praxis die Möglichkeit der Energieeinsparung, ist jedoch nicht uneingeschränkt möglich. Die Voraussetzung für eine Kultur bei reduzierter Temperatur liegt in einem gleichbleibenden Wachstum, Entwicklung und Qualität der Pflanzen sowie mindestens in einem unveränderten Risiko für einen Pathogenbefall. Resultiert die Temperaturabsenkung in eine Kulturzeitverlängerung, ist dieses ausschlaggebend für die Energiebilanz eines Betriebes. In dieser Studie wurde eine mögliche Kulturzeitverlängerung, z. B. bis zum Erzielen einer Marktreife der Poinsettien, nicht untersucht. Insgesamt wird beim Anbau von gartenbaulichen Kulturen unter niedrigeren Temperaturen der Auswahl von Pflanzenarten und -sorten sowie der Anpassung von Kulturmaßnahmen, z. B. Bewässerung, Entfeuchtungsstrategien, eine besondere Bedeutung beigemessen. Dabei kann allein das Ausbringen von AMP nicht die ökonomische Lösung für eine erhöhte Stresstoleranz sein. Die aufgezeigten sehr spezifischen AM-Effekte – hinsichtlich Kühlstress und Pathogenbefall mit *Pythium ultimum* - verdeutlichen jedoch das Potential der Symbionten.

Insgesamt beruhen die hier aufgezeigten Ergebnisse auf sehr spezifischen Versuchsvarianten. Die Pflanzenarten und -sorten reagierten auf die Kühle, die verschiedenen AMP-Isolate und den Befall mit *Botrytis cinerea* und *Pythium ultimum* sehr unterschiedlich. Folglich unterliegt die Übertragbarkeit der Ergebnisse auf andere Pflanzenarten und -sorten sowie auf verschiedene Mykorrhizapilze großen Einschränkungen. Das Ziel zukünftiger Untersuchungen sollte darin bestehen, die Grundlagen für eine Übertragbarkeit der

Ergebnisse zu bilden. Anhand von Transkriptomuntersuchungen verschiedener Petunien-sorten und AMP-Isolate können die für Kühle bedeutsamsten Funktionsklassen und Mechanismen sowie Unterschiede in beteiligten Mechanismen verschieden kühesensitiver Pflanzen aufgefunden gemacht werden.

In der Folge ist eine Überprüfung der Ergebnisse auf Protein- und Metabolitebene zu empfehlen. Dieses betrifft insbesondere auch die Phytohormonanalytik. Die Ergebnisse der Genexpressionsanalyse weisen auf eine Bedeutung von ABA, GA und CK hin, die in der vorliegenden Untersuchung anhand der quantitativen Analytik jedoch nicht untersucht (GA, CK) bzw. bestätigt werden konnte. Schließlich kann die Auswahl entscheidender, an Kühlestress- und -toleranz beteiligter Mechanismen entscheidend für zukünftige Züchtungsarbeiten sein.

6 Literaturverzeichnis

- AGARWAL, M., HAO, Y., KAPOOR, A., DONG, C.-H., FUJII, H., ZHENG, X. & ZHU, J.-K. (2006): A R2R3 type MYB transcription factor is involved in the cold regulation of CBF genes and in acquired freezing tolerance. *The Journal of Biological Chemistry*, 281 (49): 37636–37645.
- AGRIOS, G. N. (2005): *Plant pathology*. Elsevier Academic Press, Amsterdam, Boston.
- AHKAMI, A., SCHOLZ, U., STEUERNAGEL, B., STRICKERT, M., HAENSCH, K.-T., DRUEGE, U., REINHARDT, D., NOURI, E., WIRÉN, N. V., FRANKEN, P. & HAJIREZAEI, M.-R. (2014): Comprehensive transcriptome analysis unravels the existence of crucial genes regulating primary metabolism during adventitious root formation in *Petunia hybrida*. *Plos One*, 9 (6): 1–14.
- AKOH, C. C., LEE, G.-C., LIAW, Y.-C., HUANG, T.-H. & SHAW, J.-F. (2004): GDSL family of serine esterases/lipases. *Progress in Lipid Research*, 43 (6): 534–552.
- ALLEN, D. J. & ORT, D. R. (2001): Impacts of chilling temperatures on photosynthesis in warm-climate plants. *Trends in Plant Science*, 6 (1): 36–42.
- AMIR, H., LAGRANGE, A., HASSAÏNE, N. & CAVALOC, Y. (2013): Arbuscular mycorrhizal fungi from New Caledonian ultramafic soils improve tolerance to nickel of endemic plant species. *Mycorrhiza*, 23 (7): 585–595.
- AROCA, R., VERNIERI, P., IRIGOYEN, J. J., SANCHEZ-DIAZ, M., TOGNONI, F. & PARDOSSI, A. (2003): Involvement of abscisic acid in leaf and root of maize (*Zea mays* L.) in avoiding chilling-induced water stress. *Plant Science*, 165 (3): 671–679.
- ATKINSON, N. J. & URWIN, P. E. (2012): The interaction of plant biotic and abiotic stresses: from genes to the field. *Journal of Experimental Botany*, 63 (10): 3523–3543.
- BACKHAUS, G. F. (1984): Untersuchungen zur Nutzung der endotrophen (VA) Mykorrhiza in der gärtnerischen Pflanzenproduktion. Dissertation, Universität Hannover.
- BARKER, S. J. & TAGU, D. (2000): The roles of auxins and cytokinins in mycorrhizal symbioses. *Journal of Plant Growth Regulation*, 19 (2): 144–154.
- BATEMAN, D. F. (1961): The effect of soil moisture upon development of poinsettia root rots. *Phytopathology*, 51: 445–451.
- BATEMAN, D. F. & DIMOCK, A. W. (1959): The influence of temperature on root rots of poinsettia caused by *Thielaviopsis basicola*, *Rhizoctonia solani* and *Pythium ultimum*. *Phytopathology*, 49: 641–647.
- BENJAMINI, Y. & HOCHBERG, Y. (1995): Controlling the false discovery rate: a practical and powerful approach to multiple testing. *Journal of the Royal Statistical Society. Series B (Methodological)*, 1 (57): 289–300.
- BEVER, J. D. & MORTON, J. (1999): Heritable variation and mechanisms of inheritance of spore shape within a population of *Scutellospora pellucida*, an arbuscular mycorrhizal fungus. *American Journal of Botany*, 86 (9): 1209–1216.
- BISHOP, G. & KONCZB, C. (2002): Brassinosteroids and plant steroid hormone signaling. *The Plant Cell*, 14 (1): S 97- S110.
- BLEECKER, A. B. & KENDE, H. (2000): Ethylene: a gaseous signal molecule in plants. *Annual Review of Cell and Developmental Biology*, 16: 1–18.
- BØDKER, L., KJØLLER, R. & ROSENDAHL, S. (1998): Effect of phosphate and the arbuscular mycorrhizal fungus *Glomus intraradices* on disease severity of root rot of peas (*Pisum sativum*) caused by *Aphanomyces euteiches*. *Mycorrhiza*, 8 (3): 169–174.

- BOHNERT, H. J. & JENSEN, R. G. (1996): Metabolic Engineering for Increased Salt Tolerance – the Next Step. *Australian Journal of Plant Physiology*, 23 (5): 661.
- BOLSTAD, B. M., IRIZARRY, R. A., ASTRAND, M. & SPEED, T. P. (2003): A comparison of normalization methods for high density oligonucleotide array data based on variance and bias. *Bioinformatics*, 19 (2): 185–193.
- BOUCHÉ, N. & FROMM, H. (2004): GABA in plants: just a metabolite? *Trends in Plant Science*, 9 (3): 110–115.
- BRADY, S. M., SONG, S., DHUGGA, K. S., RAFALSKI, J. A. & BENFEY, P. N. (2007): Combining expression and comparative evolutionary analysis. The COBRA gene family. *Plant Physiology*, 143 (1): 172–187.
- BREUILLIN, F., SCHRAMM, J., HAJIREZAEI, M., AHKAMI, A., FAVRE, P., DRUEGE, U., HAUSE, B., BUCHER, M., KRETZSCHMAR, T., BOSSOLINI, E., KUHLEMEIER, C., MARTINOIA, E., FRANKEN, P., SCHOLZ, U. & REINHARDT, D. (2010): Phosphate systemically inhibits development of arbuscular mycorrhiza in *Petunia hybrida* and represses genes involved in mycorrhizal functioning. *The Plant Journal*, 64 (6): 1002–1017.
- BUNDESMINISTERIUM FÜR ERNÄHRUNG UND LANDWIRTSCHAFT (2013): Zukunftsstrategie Gartenbau. Abschlussbericht zum Zukunftskongress Gartenbau am 11./12. September 2013 in Berlin.
- BUNDESMINISTERIUM FÜR ERNÄHRUNG UND LANDWIRTSCHAFT (2014): Der Gartenbau in Deutschland. Daten und Fakten.
- CALVET, C., PERA, J. & BAREA, J. M. (1993): Growth response of marigold (*Tagetes erecta* L.) to inoculation with *Glomus mosseae*, *Trichoderma aureoviride* and *Pythium ultimum* in a peat-perlite mixture. *Plant and Soil*, 148 (1): 1–6.
- CHABOUE, M.-E., CLÉMENTA, B., SEKINEB, M., PHILIPPSA, G. & CHAUBET-GIGOTA, N. (2000): Cell cycle regulation of the tobacco ribonucleotide reductase small subunit gene is mediated by E2F-like elements. *The Plant Cell*, 12 (10): 1987–2000.
- CHAREST, C., DALPE, Y. & BROWN, A. (1993): The effect of vesicular-arbuscular mycorrhizae and chilling on two hybrids of *Zea mays* L. *Mycorrhiza*, 4 (2): 89–92.
- CHAWADE, A., LINDLÖF, A., OLSSON, B. & OLSSON, O. (2013): Global expression profiling of low temperature induced genes in the chilling tolerant japonica rice Jumli Marshi. *Plos One*, 8 (12): e81729.
- CHIANG, Y. J., STUSHNOFF, C. & MCSAY, A. E. (2005): Overexpression of mannitol-1-phosphate dehydrogenase increases mannitol accumulation and adds protection against chilling injury in petunia. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 130 (4): 605–610.
- CHINNUSAMY, V., ZHU, J. & ZHU, J.-K. (2007): Cold stress regulation of gene expression in plants. *Trends in Plant Science*, 12 (10): 444–451.
- CHINNUSAMY, V., ZHU, J.-K. & SUNKAR, R. (2010): Gene regulation during cold stress acclimation in plants. In: SUNKAR, R. (Ed.): *Plant stress tolerance. Methods and protocols*. Humana Pr., New York: 39–55.
- CICATELLI, A., LINGUA, G., TODESCHINI, V., BIONDI, S., TORRIGIANI, P. & CASTIGLIONE, S. (2012): Arbuscular mycorrhizal fungi modulate the leaf transcriptome of a *Populus alba* L. clone grown on a zinc and copper-contaminated soil. *Environmental and Experimental Botany*, 75: 25–35.
- CORREA, A., STRASSER, R. J. & MARTINS-LOUCAO, M. A. (2006): Are mycorrhiza always beneficial? *Plant and Soil*, 279 (1-2): 65–73.

- CREELMAN, R. A. & MULLET, J. E. (1997): Biosynthesis and action of jasmonates in plants. *Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology*, 48: 355–381.
- CROLL, D., GIOVANNETTI, M., KOCH, A. M., SBRANA, C., EHINGER, M., LAMMERS, P. J. & SANDERS, I. R. (2009): Nonself vegetative fusion and genetic exchange in the arbuscular mycorrhizal fungus *Glomus intraradices*. *New Phytologist*, 181: 924–937.
- DEHNE, H.-W. & BACKHAUS, G. F. (1986): The use of vesicular-arbuscular mycorrhizal fungi in plant production. I. Inoculum production. *Journal of Plant Diseases and Protection*, 93: 415–424.
- DICKSON, S., SMITH, S. E. & SMITH, F. A. (1999): Characterization of two arbuscular mycorrhizal fungi in symbiosis with *Allium porrum*. Colonization, plant growth and phosphate uptake. *New Phytologist*, 144 (1): 163–172.
- DIK, A. J. & WUBBEN, J. P. (2004): Epidemiology of *Botrytis cinerea* diseases in greenhouses. In: ELAD, Y., WILLIAMSON, B., TUDZYNSKI, P. & DELEN, N. (Eds.): *Botrytis: biology, pathology and control*. Springer: 319–333.
- DING, X., CAO, Y., HUANG, L., ZHAO, J., XU, C., LI, X. & WANG, S. (2008): Activation of the indole-3-acetic acid-amido synthetase GH3-8 suppresses expansin expression and promotes salicylate- and jasmonate-independent basal immunity in rice. *The Plant Cell*, 20 (1): 228–240.
- DONG, M. A., FARRÉ, E. M. & THOMASHOW, M. F. (2011): Circadian clock-associated 1 and late elongated hypocotyl regulate expression of the C-repeat binding factor (CBF) pathway in *Arabidopsis*. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 108 (17): 7241–7246.
- DRÜGE, U. & SCHONBECK, F. (1993): Effect of vesicular-arbuscular mycorrhizal infection on transpiration, photosynthesis and growth of flax (*Linum usitatissimum* L.) in relation to cytokinin levels. *Journal of Plant Physiology*, 141 (1): 40–48.
- DUGASSA, G. D., ALTEN, H. & SCHÖNBECK, F. (1996): Effects of arbuscular mycorrhiza (AM) on health of *Linum usitatissimum* L. infected by fungal pathogens. *Plant and Soil*, 185 (2): 173–182.
- EDEN, M. A., HILL, R. A., BERESFORD, R. & STEWART, A. (1996): The influence of inoculum concentration, relative humidity, and temperature on infection of greenhouse tomatoes by *Botrytis cinerea*. *Plant Pathology*, 45 (4): 795–806.
- EDWARDS, S. & SEDDON, B. (2001): Selective media for the specific isolation and enumeration of *Botrytis cinerea* conidia. *Letters in Applied Microbiology*, 32 (2): 63–66.
- ELAD, Y. & SHTIENBERG, D. (1995): *Botrytis cinerea* in greenhouse vegetables: chemical, cultural, physiological and biological controls and their integration. *Integrated Pest Management Reviews*, 1 (1): 15–29.
- ELAD, Y., WILLIAMSON, B., TUDZYNSKI, P. & DELEN, N. (eds.) (2004): *Botrytis: biology, pathology and control*. Springer.
- ELINGS, A., KEMPKES, F., KAARSEMAKER, R. C., RUIJS, M., van de Braak, N.J. & DUECK, T. A. (2005): The energy balance and energy-saving measures in greenhouse tomato cultivation. *Acta Horticulturae (ISHS)* (691): 67–74.
- ELMHIRST, J. F., HASELHAN, C. & PUNJA, Z. K. (2011): Evaluation of biological control agents for control of botrytis blight of geranium and powdery mildew of rose. *Canadian Journal of Plant Pathology*, 33 (4): 499–505.
- ELSAIED, A. I., RAFUDEEN, M. S. & GOLLDACK, D. (2013): Physiological aspects of raffinose family oligosaccharides in plants: protection against abiotic stress. *Plant Biology*.

- EL-TOHAMY, W., SCHNITZLER, W. H., EL-BEHAIRY, U. & EL-BELTAGY, M. S. (1999): Effect of VA mycorrhiza on improving drought and chilling tolerance of bean plants (*Phaseolus vulgaris* L.). *Journal of Applied Botany*, 73 (5-6): 178–183.
- ENSMINGER, I., BUSCH, F. & HUNER, Norman P. A. (2006): Photostasis and cold acclimation: sensing low temperature through photosynthesis. *Physiologia Plantarum*, 126 (1): 28–44.
- FACELLI, E., SMITH, S. E., FACELLI, J. M., CHRISTOPHERSEN, H. M. & ANDREW SMITH, F. (2010): Underground friends or enemies: model plants help to unravel direct and indirect effects of arbuscular mycorrhizal fungi on plant competition. *The New Phytologist*, 185 (4): 1050–1061.
- FELDMANN, F. & GROTKASS, C. (2002): Directed inoculum production - shall we be able to design AMF populations to achieve predictable symbiotic effectiveness? In: GIANINAZZI, S., SCHÜEPP, H., BAREA, J. M. & Haselwandter K. (Eds.): *Mycorrhizal technology in agriculture. From genes to bioproducts*. Birkhäuser, Basel.
- FESTER, T., FETZER, I., BUCHERT, S., LUCAS, R., RILLIG, M. C. & HAERTIG, C. (2011): Towards a systemic metabolic signature of the arbuscular mycorrhizal interaction. *Oecologia*, 167: 913–924.
- FESTER, T., SCHMIDT, D., LOHSE, S., WALTER, M. H., GIULIANO, G., BRAMLEY, P. M., FRASER, P. D., HAUSE, B. & STRACK, D. (2002): Stimulation of carotenoid metabolism in arbuscular mycorrhizal roots. *Planta*, 216 (1): 148–154.
- FIORILLI, V., CATONI, M., FRANCA, D., CARDINALE, F. & LANFRANCO, L. (2011): The arbuscular mycorrhizal symbiosis reduces disease severity in tomato plants infected by *Botrytis cinerea*. *Journal of Plant Pathology*, 93 (1): 237–242.
- FIORILLI, V., CATONI, M., MIOZZI, L., NOVERO, M., ACCOTTO, G. P. & LANFRANCO, L. (2009): Global and cell-type gene expression profiles in tomato plants colonized by an arbuscular mycorrhizal fungus. *The New Phytologist*, 184 (4): 975–987.
- FITZE, D., WIEPNING, A., KALDORF, M. & LUDWIG-MÜLLER, J. (2005): Auxins in the development of an arbuscular mycorrhizal symbiosis in maize. *Journal of Plant Physiology*, 162 (11): 1210–1219.
- FLOSS, D. S., LEVY, J. G., LÉVESQUE-TREMBLAY, V., PUMPLIN, N. & HARRISON, M. J. (2013): DELLA proteins regulate arbuscule formation in arbuscular mycorrhizal symbiosis. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 110 (51): 1–11.
- FOWLER, S. & TOMASHOW, M. F. (2002): *Arabidopsis* Transcriptome profiling indicates that multiple regulatory pathways are activated during cold acclimation in addition to the CBF cold response pathway. *The Plant Cell*, 14 (8): 1675–1690.
- FRACHEBOUD, Y., HALDIMANN, P., LEIPNER, J. & STAMP, P. (1999): Chlorophyll fluorescence as a selection tool for cold tolerance of photosynthesis in maize (*Zea mays* L.). *Journal of Experimental Botany*, 50 (338): 1533–1540.
- FRACHEBOUD, Y., JOMPUK, C., RIBAUT, J. M., STAMP, P. & LEIPNER, J. (2004): Genetic analysis of cold-tolerance of photosynthesis in maize. *Plant Molecular Biology*, 56 (2): 241–253.
- FRITZ, M., JAKOBSEN, I., LYGKJAER, M. F., THORDAL-CHRISTENSEN, H. & PONS-KÜHNEMANN, J. (2006): Arbuscular mycorrhiza reduces susceptibility of tomato to *Alternaria solani*. *Mycorrhiza*, 16 (6): 413–419.
- GARDNER, D. E., HENDRIX, J. & FLOYD, F. (1973): Carbon dioxide and oxygen concentrations in relation to survival and saprophytic growth of *Pythium irregulare* and *Pythium vexans* in soil. *Canadian Journal of Botany*, 51 (9): 1593–1598.

- GE, Y.-X., ANGENENT, G. C., WITTICH, P. E., PETERS, J., FRANKEN, J., BUSSCHER, M., ZHANG, L.-M., DAHLHAUS, E., KATER, M. M., WULLEMS, G. J. & CREEMERS-MOLENAAR, T. (2000): NEC1, a novel gene, highly expressed in nectary tissue of *Petunia hybrida*. *The Plant Journal*, 24 (6): 725–734.
- GERATS, T. & VANDENBUSSCHE, M. (2005): A model system for comparative research: *Petunia*. *Trends in Plant Science*, 10 (5): 251–256.
- GERNNS, H. (2000): Mechanismen der induzierten Kompensationsfähigkeit von Pflanzen gegenüber Schäden durch den obligat biotrophen Pilz *Erysiphe graminis* DC. f. sp. *hordei* Ém. Marchal. Tenea Verlag für Medien, Berlin, Hannover.
- GERNNS, H., ALTEN, H. & POEHLING, H.-M. (2001): Arbuscular mycorrhiza increased the activity of a biotrophic leaf pathogen - is a compensation possible? *Mycorrhiza*, 11 (5): 237–243.
- GIANINAZZI, S., GOLLOTTE, A., BINET, M.-N., TUINEN, D., REDECKER, D. & WIPF, D. (2010): Agroecology: the key role of arbuscular mycorrhizas in ecosystem services. *Mycorrhiza*, 20 (8): 519–530.
- GIANINAZZI-PEARSON, V. (1996): Plant cell responses to arbuscular mycorrhizal fungi: getting to the roots of the symbiosis. *The Plant Cell*, 8 (10): 1871–1883.
- GILL, S. S. & TUTEJA, N. (2010): Reactive oxygen species and antioxidant machinery in abiotic stress tolerance in crop plants. *Plant Physiology and Biochemistry*, 48 (12): 909–930.
- GIOVANNETTI, M., AZZOLINI, D. & CITERNESI, A. S. (1999): Anastomosis formation and nuclear and protoplasmic exchange in arbuscular mycorrhizal fungi. *Applied and Environmental Microbiology*, 65 (12): 5571–5575.
- GRAHAM, J. H. & EISSENSTAT, D. M. (1994): Host genotype and the formation and function of VA mycorrhizae. *Plant and Soil*, 159 (1): 179–185.
- GRASSER, K. D. (1995): Plant chromosomal high mobility group (HMG) proteins. *The Plant Journal*, 7 (2): 185–192.
- GROVER, M., ALI, S. Z., SANDHYA, V., RASUL, A. & VENKATESWARLU, B. (2011): Role of microorganisms in adaptation of agriculture crops to abiotic stresses. *Word Journal of Microbiology & Biotechnology*, 27: 1231–1240.
- GUETHER, M., BALESTRINI, R., HANNAH, M., HE, J., UDVARDI, M. K. & BONFANTE, P. (2009): Genome-wide reprogramming of regulatory networks, transport, cell wall and membrane biogenesis during arbuscular mycorrhizal symbiosis in *Lotus japonicus*. *The New Phytologist*, 182 (1): 200–212.
- GUO, J.-C., DUAN, R.-J., HU, X.-W., LI, K.-M. & FU, S.-P. (2010): Isopentenyl transferase gene (*ipt*) downstream transcriptionally fused with gene expression improves the growth of transgenic plants. *Transgenic research*, 19 (2): 197–209.
- GUPTA, K., DEY, A. & GUPTA, B. (2013): Plant polyamines in abiotic stress responses. *Acta Physiologiae Plantarum*, 35 (7): 2015–2036.
- GUY, C., KAPLAN, F., KOPKA, J., SELBIG, J. & HINCHA, D. K. (2008): Metabolomics of temperature stress. *Physiologia Plantarum*, 132 (2): 220–235.
- GUY, C. L., Huber, J. L. A. & HUBER, S. C. (1992): Sucrose phosphate synthase and sucrose accumulation at low temperature. *Plant Physiology*, 100 (1): 502–508.
- HANFREY, C., SOMMER, S., MAYER, M. J., BURTIN, D. & MICHAEL, A. J. (2001): *Arabidopsis* polyamine biosynthesis: absence of ornithine decarboxylase and the mechanism of arginine decarboxylase activity. *The Plant Journal*, 27 (6): 551–560.

- HANNAH, M. A., HEYER, A. G. & HINCHA, D. K. (2005): A global survey of gene regulation during cold acclimation in *Arabidopsis thaliana*. *PLoS Genetics*, 1 (2): 179–196.
- HANNAH, M. A., WIESE, D., FREUND, S., FIEHN, O., HEYER, A. G. & HINCHA, D. K. (2006): Natural genetic variation of freezing tolerance in *Arabidopsis*. *Plant Physiology*, 142 (1): 98–112.
- HARRISON, M. J. (1999): Biotrophic interfaces and nutrient transport in plant/fungal symbioses. *Journal of Experimental Botany*, 50 (Special): 1013–1022.
- HARRISON, M. J. & DIXON, R. A. (1993): Isoflavonoid accumulation and expression of defense gene transcripts during the establishment of vesicular-arbuscular mycorrhizal associations in roots of *Medicago truncatula*. *Plant Microbe Interactions*, 6: 643–654.
- HAUSBECK, M. K. & MOORMANN, G. W. (1996): Managing *Botrytis* in greenhouse-grown flower crops. *Plant Disease*, 80 (11): 1212–1219.
- HAUSE, B., MROSK, C., ISAYENKOV, S. & STRACK, D. (2007): Jasmonates in arbuscular mycorrhizal interactions. *Phytochemistry*, 68 (1): 101–110.
- HAYEK, S., GROSCH, R., GIANINAZZI-PEARSON, V. & FRANKEN, P. (2012): Bioprotection and alternative fertilisation of petunia using mycorrhiza in a soilless production system. *Agronomy for Sustainable Development*, 32 (3): 765–771.
- HECKMAN, D. S., GEISER, D. M., EIDELL, B. R., STAUFFER, R. L., KARDOS, N. L. & HEDGES, S. B. (2001): Molecular evidence for the early colonization of land by fungi and plants. *Science*, 293: 1129–1133.
- HEDDEN, P. & PHILLIPS, A. L. (2000): Gibberellin metabolism: new insights revealed by the genes. *Trends in Plant Science*, 5 (12): 523–530.
- HOCHHOLDINGER, F., WEN, T.-J., ZIMMERMANN, R., CHIMOT-MAROLLE, P., da Costa e Silva, Oswaldo, BRUCE, W., LAMKEY, K. R., WIENAND, U. & SCHNABLE, P. S. (2008): The maize (*Zea mays* L.) roothairless 3 gene encodes a putative GPI-anchored, monocot-specific, COBRA-like protein that significantly affects grain yield. *The Plant Journal: for Cell and Molecular Biology*, 54 (5): 888–898.
- HOGEWONING, S. W. & HARBINSON, J. (2006): Insights on the development, kinetics, and variation of photoinhibition using chlorophyll fluorescence imaging of a chilled, variegated leaf. *Journal of Experimental Botany*, 58 (3): 453–463.
- HOHNJEC, N., VIEWEG, M. F., PÜHLER, A., BECKER, A. & KÜSTER, H. (2005): Overlaps in the transcriptional profiles of *Medicago truncatula* roots inoculated with two different *Glomus* fungi provide insights into the genetic program activated during arbuscular mycorrhiza. *Plant Physiology*, 137 (4): 1283–1301.
- HOLZ, G., COERTZE, S. & WILLIAMSON, B. (2004): The ecology of *Botrytis* on plant surfaces. In: ELAD, Y., WILLIAMSON, B., TUDZYNSKI, P. & DELEN, N. (Eds.): *Botrytis: biology, pathology and control*. Springer: 9–27.
- HOURTON-CABASSA, C., AMBARD-BRETTEVILLE, F., MOREAU, F., DAVY DE VIRVILLE, J., RÉMY, R. & Colas des Francs-Small, C. (1998): Stress induction of mitochondrial formate dehydrogenase in potato leaves. *Plant Physiology*, 116 (2): 627–635.
- HUA, J. (2013): Modulation of plant immunity by light, circadian rhythm, and temperature. *Current Opinion in Plant Biology*, 16 (4): 406–413.
- JANSKÁ, A., MARSÍK, P., ZELENKOVÁ, S. & OVESNÁ, J. (2010): Cold stress and acclimation - what is important for metabolic adjustment? *Plant Biology*, 12 (3): 395–405.
- JARVIS, W. R. (1989): Managing diseases in greenhouse crops. *Plant Disease*, 73 (3): 190.

- JENTSCH, K., THIEL, D., REHN, F. & LUDWIG-MÜLLER, J. (2007): Arbuscular mycorrhiza enhances auxin levels and alters auxin biosynthesis in *Tropaeolum majus* during early stages of colonization. *Physiologia Plantarum*, 129 (2): 320–333.
- JOHNSON, K. L., JONES, B. J., BACIC, A. & SCHULTZ, C. J. (2003): The fasciclin-like arabinogalactan proteins of *Arabidopsis*. A multigene family of putative cell adhesion molecules. *Plant Physiology*, 133 (4): 1911–1925.
- JOHNSON, N. C., GRAHAM, J. H. & SMITH, F. A. (1997): Functioning of mycorrhizal associations along the mutualism-parasitism continuum. *New Phytologist*, 135 (4): 575–585.
- JOUBÈS, J., CHEVALIER, C., DUDITS, D., HEBERLE-BORS, E., INZÉ, D., UMEDA, M. & RENAUDIN, J.-P. (2000): CDK-related protein kinases in plants. In: INZÉ, D. (Ed.): *The Plant Cell Cycle*. Springer Netherlands, Dordrecht: 63–76.
- JUNEAU, V., CARON, J., MARTINEZ, C., GRAVEL, V. & ALLAIRE, S. (2006): Growing media, greenhouse tomato yield and *Pythium* root rot. *Canadian Journal of Soil Science*, 86: 501–512.
- KALDORF, M. & LUDWIG-MULLER, J. (2000): AM fungi might affect the root morphology of maize by increasing indole-3-butyric acid biosynthesis. *Physiologia Plantarum*, 109 (1): 58–67.
- KANIUGA, Z. (2008): Chilling response of plants: importance of galactolipase, free fatty acids and free radicals. *Plant Biology*, 10 (2): 171–184.
- KANNANGARA, C. & HANSSON, M. (1998): Arrest of chlorophyll accumulation prior to anthocyanin formation in *Euphorbia pulcherrima*. *Plant Physiology and Biochemistry*, 36 (12): 843–848.
- KAPLAN, F., KOPKA, J., SUNG, D. Y., ZHAO, W., POPP, M., PORAT, R. & GUY, C. L. (2007): Transcript and metabolite profiling during cold acclimation of *Arabidopsis* reveals an intricate relationship of cold-regulated gene expression with modifications in metabolite content. *The Plant Journal*, 50 (6): 967–981.
- KAUTSKY, H. & HIRSCH, A. (1931): Neue Versuche zur Kohlenstoffassimilation. *Naturwissenschaften*, 19: 964.
- KAYE, J. W., PFLEGER, F. L. & STEWART, E. L. (1984): Interaction of *Glomus fasciculatum* and *Pythium ultimum* on greenhouse-grown poinsettia. *Canadian Journal of Botany*, 62 (8): 1575–1579.
- KEUNEN, E., PESHEV, D., VANGRONVELD, J., VAN DEN ENDE, W. & CUYPERS, A. (2013): Plant sugars are crucial players in the oxidative challenge during abiotic stress: extending the traditional concept. *Plant, Cell & Environment*.
- KHAOSAAD, T., GARCÍA-GARRIDO, J. M., STEINKELLNER, S. & VIERHEILIG, H. (2007): Take-all disease is systemically reduced in roots of mycorrhizal barley plants. *Soil Biology and Biochemistry*, 39 (3): 727–734.
- KLIRONOMOS, J. N. (2003): Variation in plant response to native and exotic arbuscular mycorrhizal fungi. *Ecology*, 84: 2292–2301.
- KOHLI, A., SREENIVASULU, N., LAKSHMANAN, P. & KUMAR, P. P. (2013): The phytohormone crosstalk paradigm takes center stage in understanding how plants respond to abiotic stresses. *Plant Cell Reports*, 32 (7): 945–957.
- KOIKE, M., TAKEZAWA, D., ARAKAWA, K. & YOSHIDA, S. (1997): Accumulation of 19-kDa plasma membrane polypeptide during induction of freezing tolerance in wheat suspension-cultured cells by abscisic acid. *Plant and Cell Physiology*, 38 (6): 707–716.
- KOSOVÁ, K., PRÁŠIL, I. T., VÍTÁMVÁS, P., DOBREV, P., MOTYKA, V., FLOKOVÁ, K., NOVÁK, O., TUREČKOVÁ, V., ROLČIK, J., PEŠEK, B., TRÁVNIČKOVÁ, A., GAUDINOVÁ, A., GALIBA, G., JANDA, T.,

- VLASÁKOVÁ, E., PRÁŠILOVÁ, P. & VANKOVÁ, R. (2012): Complex phytohormone responses during the cold acclimation of two wheat cultivars differing in cold tolerance, winter Samanta and spring Sandra. *Journal of Plant Physiology*, 169 (6): 567–576.
- KRAHL, K. & RANDLE, W. (1999): Resistance of petunia phenotypes to *Botrytis cinerea*. *Hortscience*, 34 (4): 690–692.
- KRASENSKY, J. & JONAK, C. (2012): Drought, salt, and temperature stress-induced metabolic rearrangements and regulatory networks. *Journal of Experimental Botany*, 63 (4): 1593–1608.
- KRATSCH, H. A. & WISE, R. R. (2000): The ultrastructure of chilling stress. *Plant, Cell and Environment*, 23 (4): 337–350.
- KRÖBER, H. (1985): Erfahrungen mit *Phytophthora* de Bary und *Phyrium* Pringsheim. Parey, Berlin.
- LARSEN, J., GRAHAM, J. H., CUBERO, J. & RAVNSKOV, S. (2012): Biocontrol traits of plant growth suppressive arbuscular mycorrhizal fungi against root rot in tomato caused by *Pythium aphanidermatum*. *European Journal of Plant Pathology*, 133 (2): 361–369.
- LATEF, A. A. H. A. & CHAOXING, H. (2011): Arbuscular mycorrhizal influence on growth, photosynthetic pigments, osmotic adjustment and oxidative stress in tomato plants subjected to low temperature stress. *Acta Physiologiae Plantarum*, 33: 1217–1225.
- LEE, T.-M., LUR, H.-S. & CHU, C. (1995): Abscisic acid and putrescine accumulation in chilling-tolerant rice cultivars. *Crop Science*, 35 (2): 502.
- LEE, T.-M., LUR, H.-S., LIN, Y.-H. & CHU, C. (1996): Physiological and biochemical changes related to methyl jasmonate-induced chilling tolerance of rice (*Oryza sativa* L.) seedlings. *Plant, Cell and Environment*, 19 (1): 65–74.
- LIOUSSANNE, L., JOLICOEUR, M. & ST-ARNAUD, M. (2009): Role of the modification in root exudation induced by arbuscular mycorrhizal colonization on the intraradical growth of *Phytophthora nicotianae* in tomato. *Mycorrhiza*, 19 (6): 443–448.
- LIU, J., GILARDI, G., GULLINO, M. & GARIBALDI, A. (2009): Effectiveness of *Trichoderma* spp. obtained from re-used soilless substrates against *Pythium ultimum* on cucumber seedlings. *Journal of Plant Diseases and Protection*, 116 (4): 156–163.
- LIU, J., MALDONADO-MENDOZA, I., LOPEZ-MEYER, M., CHEUNG, F., TOWN, C. D. & HARRISON, M. J. (2007): Arbuscular mycorrhizal symbiosis is accompanied by local and systemic alterations in gene expression and an increase in disease resistance in the shoots. *The Plant Journal*, 50 (3): 529–544.
- LIU, R.-J. (1995): Effect of vesicular-arbuscular mycorrhizal fungi on verticillium wilt of cotton. *Mycorrhiza*, 5 (4): 293–297.
- LUDWIG-MÜLLER, J. (2010): Hormonal responses in host plants triggered by arbuscular mycorrhizal fungi. In: KAPULNIK, Y. & KOLTAL, H. (Eds.): *Arbuscular Mycorrhizas: Physiology and Function*. Springer, Dordrecht: 169–190.
- MAFFEI, G., MIOZZI, L., FIORILLI, V., NOVERO, M., LANFRANCO, L. & ACCOTTO, G. P. (2014): The arbuscular mycorrhizal symbiosis attenuates symptom severity and reduces virus concentration in tomato infected by Tomato yellow leaf curl Sardinia virus (TYLCSV). *Mycorrhiza*, 24 (3): 179–186.
- MARTIN, F. N. & LOPER, J. E. (1999): Soilborne Plant Diseases Caused by *Pythium* spp.: Ecology, Epidemiology, and Prospects for Biological Control. *Critical Reviews in Plant Sciences*, 18 (2): 111–181.
- MAYA, M. A. & MATSUBARA, Y.-I. (2013): Influence of arbuscular mycorrhiza on the growth and antioxidative activity in cyclamen under heat stress. *Mycorrhiza*, 23 (5): 381–390.

- MCGARVEY, D. J. & CROTEAU, R. (1995): Terpenoid metabolism. *The Plant Cell*, 7 (7): 1015–1026.
- MERRITT, R. H., EVANS, R. Y., KOHL, H. C. & DODGE, L. L. (1992): Respiration of geranium and petunia in response to low night temperature. *Scientia Horticulturae*, 52 (4): 331–336.
- MIOZZI, L., CATONI, M., FIORILLI, V., MULLINEAUX, P. M., ACCOTTO, G. P. & LANFRANCO, L. (2011): Arbuscular mycorrhizal symbiosis limits foliar transcriptional responses to viral infection and favors long-term virus accumulation. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 24 (12): 1562–1572.
- MITCHELL, D. J. & MITCHELL, J. E. (1973): Oxygen and carbon dioxide concentration effects on the growth and reproduction of *Aphanomyces euteiches* and certain other soil-borne plant pathogens. *Phytopathology*, 63 (8): 1053–1059.
- MITTLER, R. (2002): Oxidative stress, antioxidants and stress tolerance. *Trends in Plant Science*, 7 (9): 405–410.
- MØLLER, K., KRISTENSEN, K., YOHALEM, D. & LARSEN, J. (2009): Biological management of gray mold in pot roses by co-inoculation of the biocontrol agent *Ulocladium atrum* and the mycorrhizal fungus *Glomus mosseae*. *Biological Control*, 49 (2): 120–125.
- MOORMAN, G. W., KANG, S., GEISER, D. M. & KIM, S. H. (2002): Identification and characterization of *Pythium* species associated with greenhouse floral crops in Pennsylvania. *Plant Disease*, 86 (11): 1227–1231.
- MORSY, M. R., JOUVE, L., HAUSMAN, J.-F., HOFFMANN, L. & STEWART, J. M. (2007): Alteration of oxidative and carbohydrate metabolism under abiotic stress in two rice (*Oryza sativa* L.) genotypes contrasting in chilling tolerance. *Journal of Plant Physiology*, 164 (2): 157–167.
- MÜLLER, A., DÜCHTING, P. & WEILER, E. (2002): A multiplex GC-MS/MS technique for the sensitive and quantitative single-run analysis of acidic phytohormones and related compounds, and its application to *Arabidopsis thaliana*. *Planta*, 216 (1): 44–56.
- MÜNDEL, H.-H., HUANG, H., KOZUB, G. & BARR, D. (1995): Effect of soil moisture and temperature emergence incidence of *Pythium* damping-off in safflower (*Carthamus tinctorius* L.). *Canadian Journal of Plant Science* (75): 505–509.
- NAGARAJAN, S. (2010): Abiotic tolerance and crop improvement. In: PAREEK, A., SOPORY, S. K. & BOHNERT, H. J. (Eds.): *Abiotic stress adaptation in plants. Physiological, Molecular and Genomic Foundation*. Springer, Netherlands: 1–11.
- NAGATA, N., TANAKA, R., SATOH, S. & TANAKA, A. (2005): Identification of a vinyl reductase gene for chlorophyll synthesis in *Arabidopsis thaliana* and implications for the evolution of Prochlorococcus species. *The Plant Cell*, 17 (1): 233–240.
- NARANJO, M. A., FORMENT, J., ROLDÁN, M., SERRANO, R. & VICENTE, O. (2006): Overexpression of *Arabidopsis thaliana* LTL1, a salt-induced gene encoding a GDSL-motif lipase, increases salt tolerance in yeast and transgenic plants. *Plant, Cell & Environment*, 29 (10): 1890–1900.
- NELSON, E. B. & CRAFT, C. M. (1991): Identification and comparative pathogenicity of *Pythium* spp. from roots and crowns of turfgrasses exhibiting symptoms of root rot. *Phytopathology*, 81 (12): 1529–1536.
- NGUYEN, H. T., LEIPNER, J., STAMP, P. & GUERRA-PERAZA, O. (2009): Low temperature stress in maize (*Zea mays* L.) induces genes involved in photosynthesis and signal transduction as studied by suppression subtractive hybridization. *Plant Physiology and Biochemistry*, 47 (2): 116–122.

- OLSSON, P. A., HANSSON, M. C. & BURLEIGH, S. H. (2006): Effect of P availability on temporal dynamics of carbon allocation and *Glomus intraradices* high-affinity P transporter gene induction in arbuscular mycorrhiza. *Applied and Environmental Microbiology*, 72 (6): 4115–4120.
- OUFIR, M., LEGAY, S., NICOT, N., VAN MOER, K., HOFFMANN, L., RENAUT, J., HAUSMAN, J.-F. & EVERS, D. (2008): Gene expression in potato during cold exposure: Changes in carbohydrate and polyamine metabolisms. *Plant Science*, 175 (6): 839–852.
- PAGTER, M., LIU, F., JENSEN, C. R. & PETERSEN, K. K. (2008): Effects of chilling temperatures and short photoperiod on PSII function, sugar concentrations and xylem sap ABA concentrations in two *Hydrangea* species. *Plant Science*, 175 (4): 547–555.
- PARADIS, R., DALPE, Y. & CHAREST, C. (1995): The combined effect of arbuscular mycorrhizas and short-term cold exposure on wheat. *New Phytologist*, 129 (4): 637–642.
- PASSARDI, F., COSIO, C., PENEL, C. & DUNAND, C. (2005): Peroxidases have more functions than a Swiss army knife. *Plant Cell Reports*, 24 (5): 255–265.
- PASTORCZYK, M., GIEŁWANOWSKA, I. & LAHUTA, L. B. (2014): Changes in soluble carbohydrates in polar Caryophyllaceae and Poaceae plants in response to chilling. *Acta Physiologiae Plantarum*, 36 (7): 1771–1780.
- PEARSON, J. N. & JAKOBSEN, I. (1993): The relative contribution of hyphae and roots to phosphorus uptake by arbuscular mycorrhizal plants, measured by dual labelling with ³²P and ³³P. *New Phytologist*, 124 (3): 489–494.
- PENNYCOOKE, J. C., COX, S. & STUSHNOFF, C. (2005): Relationship of cold acclimation, total phenolic content and antioxidant capacity with chilling tolerance in petunia (*Petunia x hybrida*). *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 53 (2): 225–232.
- PINIOR, A., GRUNEWALDT-STOCKER, G., ALTEN, H. V. & STRASSER, R. J. (2005): Mycorrhizal impact on drought stress tolerance of rose plants probed by chlorophyll a fluorescence, proline content and visual scoring. *Mycorrhiza*, 15 (8): 596–605.
- PIVONIA, S., COCK, A. W. A. M., LEVITA, R., ETIEL, E. & COHEN, R. (2012): Low temperatures enhance winter wilt of pepper plants caused by *Pythium* sp. *Phytoparasitica*, 40 (5): 525–531.
- POURCEL, L., ROUTABOUL, J.-M., CHEYNIER, V., LEPINIEC, L. & DEBEAUJON, I. (2007): Flavonoid oxidation in plants: from biochemical properties to physiological functions. *Trends in Plant Science*, 12 (1): 29–36.
- POZO, M. J. & AZCÓN-AGUILAR, C. (2007): Unraveling mycorrhiza-induced resistance. *Current Opinion in Plant Biology*, 10 (4): 393–398.
- PRITCHARD, P. M., HAUSBECK, M. K. & HEINS, R. D. (1996): The influence of diurnal temperatures on the postharvest susceptibility of poinsettia to *Botrytis cinerea*. *Plant Disease*, 80 (9): 1011–1014.
- R CORE TEAM (2013): R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.
- RAVNSKOV, S., WU, Y. & GRAHAM, J. H. (2003): Arbuscular mycorrhizal fungi differentially affect expression of genes coding for sucrose synthases in maize roots. *New Phytologist*, 157 (3): 539–545.
- REDECKER, D. (2000): Glomalean fungi from the Ordovician. *Science*, 289 (5486): 1920–1921.
- RICHTER, G. (1998): Stoffwechselfysiologie der Pflanzen. *Physiologie und Biochemie des Primär- und Sekundärstoffwechsels*. Thieme, Stuttgart.

- RIGOTTI, S., GINDRO, K., RICHTER, H. & VIRET, O. (2002): Characterization of molecular markers for specific and sensitive detection of *Botrytis cinerea* Pers.: Fr. in strawberry (*Fragaria x ananassa* Duch.) using PCR. *FEMS Microbiology Letters*, 209 (2): 169–174.
- ROSENDAHL, C. N. & R. S. (1990): The role of vesicular-arbuscular mycorrhiza in controlling damping-off and growth reduction in cucumber caused by *Pythium ultimum*. *Symbiosis*, 9: 363–366.
- RÚA, M. A., UMBANHOWAR, J., HU, S., BURKEY, K. O. & MITCHELL, C. E. (2013): Elevated CO₂ spurs reciprocal positive effects between a plant virus and an arbuscular mycorrhizal fungus. *The New Phytologist*, 199 (2): 541–549.
- RUELLAND, E. & COLLIN, S. (2012): Chilling Stress. In: SHABALA, S. (Ed.): *Plant stress physiology*. CABI, Wallingford.
- RUELLAND, E., VAULTIER, M.-N., ZACHOWSKI, A. & HURRY, V. (2009): Cold signalling and cold acclimation in plants. In: KADER, J.-C. & DELSENY, M. (Eds.): *Advances in Botanical Research*. Elsevier, Amsterdam: 35–150.
- RUELLAND, E. & ZACHOWSKI, A. (2010): How plants sense temperature. *Environmental and Experimental Botany*, 69 (3): 225–232.
- RUIZ-LOZANO, J. M. & AZCÓN, R. (2000): Symbiotic efficiency and infectivity of an autochthonous arbuscular mycorrhizal *Glomus* sp. from saline soils and *Glomus deserticola* under salinity. *Mycorrhiza*, 10 (3): 137–143.
- SALTVEIT, M. E., MORRIS, JR. & MORRIS, L. L. (1990): Overview on chilling injury of horticultural crops. In: WANG, C. Y. (Ed.): *Chilling injury of horticultural crops*. CRC Press, Boca Raton, Florida: 3–16.
- SALVIOLI, A., ZOUARI, I., CHALOT, M. & BONFANTE, P. (2012): The arbuscular mycorrhizal status has an impact on the transcriptome profile and amino acid composition of tomato fruit. *BMC Plant Biology*, 12 (1): 44.
- SCHIRCH, V. & SZEKENYI, D. M. (2005): Serine hydroxymethyltransferase revisited. *Current Opinion in Chemical Biology*, 9 (5): 482–487.
- SCHÖNBECK, F., GRUNEWALDT-STÖCKER, G. & ALTEN, H. v. (1994): Mycorrhizae. In: CAMPBELL, C. L. & BENSON, D. M. (Eds.): *Epidemiology and Management of Root Diseases*. Springer, Berlin, Heidelberg: 65–81.
- SCHOPFER, P., BRENNICKE, A. & MOHR, H. (2010): *Pflanzenphysiologie*. Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg.
- SCHROEDER, M. S. & JANOS, D. P. (2004): Phosphorus and intraspecific density alter plant responses to arbuscular mycorrhizas. *Plant and Soil*, 264 (1/2): 335–348.
- SCHULZE, E.-D., BECK, E. & MÜLLER-HOHENSTEIN, K. (2005): *Plant ecology*. Springer, Berlin.
- SCHÜSSLER, A., SCHWARZOTT, D. & WALKER, C. (2001): A new fungal phylum, the Glomeromycota: phylogeny and evolution. *Mycological Research*, 105 (12): 1413–1421.
- SCOTT, I. M., CLARKE, S. M., WOOD, J. E., MUR, L. A. J. (2004): Salicylate accumulation inhibits growth at chilling temperature in *Arabidopsis*. *Plant Physiology* 135 (2): 1040–1049.
- SEO, M. & KOSHIBA, T. (2002): Complex regulation of ABA biosynthesis in plants. *Trends in Plant Science*, 7 (1): 41–48.
- SETHI, V. P. & SHARMA, S. K. (2008): Survey and evaluation of heating technologies for worldwide agricultural greenhouse applications. *Solar Energy*, 82 (9): 832–859.
- SHAMSHIRI, M. H., MOZAFARI, V., SEDAGHATI, E. & BAGHERI, V. (2011): Response of petunia plants (*Petunia hybrida* cv. Mix) inoculated with *Glomus mosseae* and *Glomus*

- intraradices* to phosphorous and drought stress. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 13: 929–942.
- SHAUL, O., GALILI, S., VOLPIN, H., GINZBERG, I., ELAD, Y., CHET, I. & KAPULNIK, Y. (1999): Mycorrhiza-induced changes in disease severity and PR protein expression in tobacco leaves. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 12 (11): 1000–1007.
- SHIBASAKI, K., UEMURA, M., TSURUMI, S. & RAHMAN, A. (2009): Auxin response in *Arabidopsis* under cold stress: underlying molecular mechanisms. *The Plant Cell*, 21 (12): 3823–3838.
- SHOWALTER, A. M. (2001): Arabinogalactan-proteins: structure, expression and function. *Cellular and Molecular Life Sciences*, 58 (10): 1399–1417.
- SHUKLA, A., KUMAR, A., JHA, A., CHATURVEDI, O. P., PRASAD, R. & Ajit Gupta (2009): Effects of shade on arbuscular mycorrhizal colonization and growth of crops and tree seedlings in Central India. *Agroforestry Systems*, 76 (1): 95–109.
- SMART, C. C. & FLORES, S. (1997): Overexpression of D-myo-inositol-3-phosphate synthase leads to elevated levels of inositol in *Arabidopsis*. *Plant Molecular Biology*, 33 (5): 811–820.
- SMITH, F. A., GRACE, E. J. & SMITH, S. E. (2009): More than a carbon economy: nutrient trade and ecological sustainability in facultative arbuscular mycorrhizal symbioses. *The New Phytologist*, 182 (2): 347–358.
- SMITH, F. A. & SMITH, S. E. (2013): How useful is the mutualism-parasitism continuum of arbuscular mycorrhizal functioning? *Plant and Soil*, 363 (1-2): 7–18.
- SMITH, G. S. & RONCADORI, R. W. (1986): Responses of three vesicular - arbuscular mycorrhizal fungi at four soil temperatures and their effects on cotton growth. *New Phytologist*, 104 (1): 89–95.
- SMITH, S. E. & READ, D. J. (2008): *Mycorrhizal symbiosis*. Academic Press, Amsterdam, Boston.
- SMITH, S. E. & SMITH, F. A. (2012): Fresh perspectives on the roles of arbuscular mycorrhizal fungi in plant nutrition and growth. *Mycologia*, 104: 1–13.
- SMYTH, G. K. (2004): Linear models and empirical bayes methods for assessing differential expression in microarray experiments. *Statistical applications in genetics and molecular biology*, 3 (1, Article 3): 1–25.
- SOPHER, C. R. & SUTTON, J. C. (2009): Relationships of pre-inoculation high temperature to root browning caused by *Pythium aphanidermatum* in hydroponically-grown sweet pepper. *Tropical Plant Pathology*, 34 (6): 361–369.
- STAMP, P. (1996): Niedrige Temperaturen. In: BRUNOLD, C., RÜEGSEGG, A. & BRÄNDLE, R. (Eds.): *Stress bei Pflanzen. Ökologie, Physiologie, Biochemie, Molekularbiologie*. UTB, Bern: 71–88.
- STASOLLA, C., KATAHIRA, R., THORPE, T. A. & ASHIHARA, H. (2003): Purine and pyrimidine nucleotide metabolism in higher plants. *Journal of Plant Physiology*, 160 (11): 1271–1295.
- STEINKELLNER, S., HAGE-AHMED, K., GARCÍA-GARRIDO, J. M., ILLANA, A., OCAMPO, J. A. & VIERHEILIG, H. (2012): A comparison of wild-type, old and modern tomato cultivars in the interaction with the arbuscular mycorrhizal fungus *Glomus mosseae* and the tomato pathogen *Fusarium oxysporum* f. sp. lycopersici. *Mycorrhiza*, 22 (3): 189–194.
- STRACK, D., FESTER, T., HAUSE, B., SCHLIEMANN, W. & WALTER, M. H. (2003): Arbuscular Mycorrhiza: Biological, Chemical, and Molecular Aspects. *Journal of Chemical Ecology*, 29 (9): 1955–1979.

- STRAND, A., FOYER, C. H., GUSTAFSSON, P., GARDESTROM, P. & HURRY, V. (2003): Altering flux through the sucrose biosynthesis pathway in transgenic *Arabidopsis thaliana* modifies photosynthetic acclimation at low temperatures and the development of freezing tolerance. *Plant, Cell and Environment*, 26 (4): 523–535.
- STRASSER, B. J. & STRASSER, R. J. (1995): Measuring fast fluorescence transients to address environmental questions: the JIP-test. In: MATHIS, P. (Ed.): *Photosynthesis: from light to biosphere*. Proceedings of the Xth International Photosynthesis Congress, Montpellier, France, 20 - 25 August 1995. Kluwer Acad, Dordrecht: 977–980.
- STRASSER, R. J. & SRIVASTAVA, A. (1995): Polyphasic chlorophyll a fluorescence transient in plants and cyanobacteria. *Photochemistry and Photobiology*, 61 (1): 32–42.
- STRASSER, R. J., SRIVASTAVA, A. & TSIMILLI-MICHAEL, M. (2000): The fluorescence transient as a tool to characterize and screen photosynthetic samples. In: YUNUS, M., PATHRE, U. & MOHANTY, P. (Eds.): *Probing photosynthesis. Mechanisms, regulation, and adaptation*. Taylor & Francis, London: 443–480.
- STRASSER, R. J., TSIMILLI-MICHAEL, M. & SRIVASTAVA, A. (2004): Analysis of the chlorophyll a fluorescence transient. In: PAPAGEORGIOU, G. C. (Ed.): *Chlorophyll a fluorescence. A signature of photosynthesis*. Springer, Dordrecht: 321–362.
- STRAUSS, A. J., KRUGER, G. H. J., STRASSER, R. J. & VAN HEERDEN, P. D. R. (2006): Ranking of dark chilling tolerance in soybean genotypes probed by the chlorophyll a fluorescence transient O-J-I-P. *Environmental and Experimental Botany*, 56 (2): 147–157.
- SZABADOS, L. & SAVOURÉ, A. (2010): Proline: A multifunctional amino acid. *Trends in Plant Science*, 15 (2): 89–97.
- TAIZ, L. & ZEIGER, E. (2008): *Plant physiology*. Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg.
- TAKEDA, N., KISTNER, C., KOSUTA, S., WINZER, T., PITZSCHKE, A., GROTH, M., SATO, S., KANEKO, T., TABATA, S. & PARNISKE, M. (2007): Proteases in plant root symbiosis. *Phytochemistry*, 68 (1): 111–121.
- TAN, J., WANG, C., XIANG, B., HAN, R. & GUO, Z. (2013): Hydrogen peroxide and nitric oxide mediated cold- and dehydration-induced myo-inositol phosphate synthase that confers multiple resistances to abiotic stresses. *Plant, Cell & Environment*, 36 (2): 288–299.
- TANTAU, H. & DÖRFLING, K. (1991): Effects of chilling on physiological responses and changes in hormone levels in two *Euphorbia pulcherrima* varieties with different chilling tolerance. *Journal of Plant Physiology*, 138: 734–740.
- THOMSON, B. D., GROVE, T. S., MALAJCZUK, N. & HARDY, G.E. St J. (1994): The effectiveness of ectomycorrhizal fungi in increasing the growth of *Eucalyptus globulus* Labill. in relation to root colonization and hyphal development in soil. *New Phytologist*, 126 (3): 517–524.
- TIBBETT, M. & CAIRNEY, J. W. G. (2007): The cooler side of mycorrhizas: their occurrence and functioning at low temperatures. *Canadian Journal of Botany*, 85: 51–62.
- TRETHERWEY, R. N., GEIGENBERGER, P., RIEDEL, K., HAJIREZAEI, M.-R., SONNEWALD, U., STITT, M., RIESMEIER, J. W. & WILLMITZER, L. (1998): Combined expression of glucokinase and invertase in potato tubers leads to a dramatic reduction in starch accumulation and a stimulation of glycolysis. *The Plant Journal*, 15 (1): 109–118.
- TSIMILLI-MICHAEL, M., EGGENBERG, P., BIRO, B., KOVES-PECHY, K., VOROS, I. & STRASSER, R. J. (2000): Synergistic and antagonistic effects of arbuscular mycorrhizal fungi and *Azospirillum* and *Rhizobium* nitrogen-fixers on the photosynthetic activity of alfalfa, probed by the polyphasic chlorophyll a fluorescence transient O-J-I-P. *Applied Soil Ecology*, 15 (2): 169–182.

- TSUCHIYA, T., OHTA, H., OKAWA, K., IWAMATSU, A., SHIMADA, H., MASUDA, T. & TAKAMIYA, K.-i. (1999): Cloning of chlorophyllase, the key enzyme in chlorophyll degradation: Finding of a lipase motif and the induction by methyl jasmonate. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 96 (26): 15362–15367.
- VAN BUUREN, M., MALDONADO-MENDOZA, I. E., TRIEU, A. T., BLAYLOCK, L. A. & HARRISON, M. J. (1999): Novel genes induced during an arbuscular mycorrhizal (AM) symbiosis formed between *Medicago truncatula* and *Glomus versiforme*. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 12 (3): 171–181.
- VAN DEN BULCK, N., COOMANS, M., WITTEMANS, L., HANSENS, J. & STEPPE, K. (2013): Monitoring and energetic performance analysis of an innovative ventilation concept in a Belgian greenhouse. *Energy and Buildings*, 57: 51–57.
- VANKOVÁ, R., KOSOVÁ, K., DOBREV, P., VÍTÁMVÁS, P., TRÁVNÍČKOVÁ, A., CVIKROVÁ, M., PEŠEK, B., GAUDINOVÁ, A., PREROSTOVÁ, S., MUSILOVÁ, J., GALIBA, G. & PRAŠIL, I. T. (2014): Dynamics of cold acclimation and complex phytohormone responses in *Triticum monococcum* lines G3116 and DV92 differing in vernalization and frost tolerance level. *Environmental and Experimental Botany*, 101: 12–25.
- VARMA, A. & SCHÜEPP, H. (1994): Infectivity and effectiveness of *Glomus intraradices* on micropropagated plants. *Mycorrhiza*, 5 (1): 29–37.
- VERNIERI, P., LENZI, A., FIGARO, M., TOGNONI, F. & PARDOSSI, A. (2001): How the roots contribute to the ability of *Phaseolus vulgaris* L. to cope with chilling-induced water stress, 52 (364): 2199–2206.
- VIERHEILIG, H. (2004): Regulatory mechanisms during the plant - arbuscular mycorrhizal fungus interaction. *Canadian Journal of Botany*, 82 (8): 1166–1176.
- VIERHEILIG, H., COUGHLAN, A. P., WYSS, U. & PICHÉ, Y. (1998): Ink and vinegar, a simple staining technique for arbuscular-mycorrhizal fungi. *Applied and Environmental Microbiology*, 64 (12): 5004–5007.
- VOGT, T. (2010): Phenylpropanoid biosynthesis. *Molecular Plant*, 3 (1): 2–20.
- WALWORTH, A. E. & WARNER, R. M. (2009): Differential cold acclimation ability of *Petunia* spp. *Hortscience*, 44 (5): 1219–1222.
- WAN, S.-B., TIAN, L., TIAN, R.-R., PAN, Q.-H., ZHAN, J.-C., WEN, P.-F., CHEN, J.-Y., ZHANG, P., WANG, W. & HUANG, W.-D. (2009): Involvement of phospholipase D in the low temperature acclimation-induced thermotolerance in grape berry. *Plant Physiology and Biochemistry*, 47 (6): 504–510.
- WEBER, R. W. & WEBSTER, J. (2003): Teaching techniques for mycology: 21. *Sclerotinia*, *Botrytis* and *Monilia* (Ascomycota, Leotiales, Sclerotiniaceae). *Mycologist*, 17 (3): 111–115.
- WEBSTER, J. & WEBER, R. (2007): Introduction to fungi. Cambridge Univ. Press, Cambridge.
- WEILER, E. W. & NOVER, L. (2008): Allgemeine und molekulare Botanik. Thieme, Stuttgart.
- WHIPPS, J. M. (2004): Prospects and limitations for mycorrhizas in biocontrol of root pathogens. *Canadian Journal of Botany*, 82 (8): 1198–1227.
- WILLIAMSON, B., DUNCAN, G. H., HARRISON, J. G., HARDING, L. A., ELAD, Y. & ZIMAND, G. (1995): Effect of humidity on infection of rose petals by dry-inoculated conidia of *Botrytis cinerea*. *Mycological Research*, 99 (11): 1303–1310.
- WILLIAMSON, B., TUDZYNSKI, B., TUDZYNSKI, P. & VAN KAN, J. A. L. (2007): *Botrytis cinerea*: the cause of grey mould disease. *Molecular Plant Pathology*, 8 (5): 561–580.
- WINKEL-SHIRLEY, B. (2001): Flavonoid Biosynthesis. A Colorful Model for Genetics, Biochemistry, Cell Biology, and Biotechnology. *Plant Physiology*, 126 (2): 485–493.

- WOODROW, L. & GRODZINSKI, B. (1987): Ethylene evolution from bracts and leaves of poinsettia, *Euphorbia pulcherrima* Willd. *Journal of Experimental Botany*, 38 (12): 2024–2032.
- WULF, A., MANTHEY, K., DOLL, J., PERLICK, A. M., LINKE, B., BEKEL, T., MEYER, F., FRANKEN, P., KÜSTER, H. & KRAJINSKI, F. (2003): Transcriptional changes in response to arbuscular mycorrhiza development in the model plant *Medicago truncatula*. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 16 (4): 306–314.
- XIE, F., MURRAY, J. D., KIM, J., HECKMANN, A. B., EDWARDS, A., OLDROYD, G. E. & DOWNIE, J. A. (2012): Legume pectate lyase required for root infection by rhizobia. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 109 (2): 633–638.
- YAO, M. K., TWEDDELL, R. J. & DÉSILETS, H. (2002): Effect of two vesicular-arbuscular mycorrhizal fungi on the growth of micropropagated potato plantlets and on the extent of disease caused by *Rhizoctonia solani*. *Mycorrhiza*, 12 (5): 235–242.
- YAO, Q., ZHU, H. H. & CHEN, J. Z. (2005): Growth responses and endogenous IAA and iPAs changes of litchi (*Litchi chinensis* Sonn.) seedlings induced by arbuscular mycorrhizal fungal inoculation. *Scientia Horticulturae*, 105 (1): 145–151.
- ZENONI, S., ZAMBONI, A., PORCEDDU, A. & PEZZOTTI, M. (2009): The role of Expansins A in Petunia development. In: GERATS, T. & STROMMER, J. (Eds.): *Petunia. Evolutionary, Developmental and Physiological Genetics*. Springer New York, New York, NY: 247–267.
- ZHANG, H. & FRANKEN, P. (2014): Comparison of systemic and local interactions between the arbuscular mycorrhizal fungus *Funneliformis mosseae* and the root pathogen *Aphanomyces euteiches* in *Medicago truncatula*. *Mycorrhiza*.
- ZHU, X. C., SONG, F. B. & XU, H. W. (2010): Arbuscular mycorrhizae improves low temperature stress in maize via alterations in host water status and photosynthesis. *Plant and Soil*, 331 (1-2): 129–137.

7 Anhang

7.1 Signifikanzen zu den Untersuchungen isolatspezifischer Wirkungen arbuskulärer Mykorrhizapilze auf *Euphorbia pulcherrima* und *Petunia x hybrida* unter Kühlestress

Tabelle 31: Signifikanzen zu den Wachstumsparametern aus Poinsettien Screening I

Parameter	Vergleich	Christmas Eve	Christmas Spirit
Frischgewicht Brakteen	(-)AMP (warm) - INOQ 1 (kalt)	<1e-05 ***	< 1e-06 ***
	(-)AMP (warm) - INOQ 2 (kalt)	<1e-05 ***	< 1e-06 ***
	(-)AMP (warm) - INOQ 3 (kalt)	<1e-05 ***	< 1e-06 ***
	(-)AMP (warm) - 139(s) (kalt)	<1e-05 ***	< 1e-06 ***
	(-)AMP (warm) - 139(t) (kalt)	<1e-05 ***	< 1e-06 ***
	(-)AMP (warm) - 36(s) (kalt)	<1e-05 ***	1.26e-06 ***
	(-)AMP (warm) - 36(t) (kalt)	<1e-05 ***	< 1e-06 ***
	(-)AMP (warm) - (-)AMP (kalt)	<1e-05 ***	< 1e-06 ***
	(-)AMP (warm) - INOQ 1 (warm)	1.000	1.000
	(-)AMP (warm) - INOQ 2 (warm)	0.975	0.474
	(-)AMP (warm) - INOQ 3 (warm)	1.000	0.976
	(-)AMP (warm) - 139(s) (warm)	0.893	0.982
	(-)AMP (warm) - 139(t) (warm)	0.308	1.000
	(-)AMP (warm) - 36(s) (warm)	0.835	0.998
	(-)AMP (warm) - 36(t) (warm)	0.325	0.768
	(-)AMP (kalt) - INOQ 1 (kalt)	1.000	0.996
	(-)AMP (kalt) - INOQ 2 (kalt)	0.863	1.000
	(-)AMP (kalt) - INOQ 3 (kalt)	0.999	0.985
	(-)AMP (kalt) - 139(s) (kalt)	0.976	0.992
	(-)AMP (kalt) - 139(t) (kalt)	1.000	0.996
	(-)AMP (kalt) - 36(s) (kalt)	0.999	0.890
	(-)AMP (kalt) - 36(t) (kalt)	1.000	0.223
	INOQ 1 (warm) - INOQ 1 (kalt)	1.73e-07 ***	2.93e-10 ***
	INOQ 2 (warm) - INOQ 2 (kalt)	6.96e-06 ***	1.55e-13 ***
	INOQ 2 (warm) - INOQ 3 (kalt)	4.93e-08 ***	3.34e-09 ***
	139(s) (warm) - 139(s) (kalt)	3.47e-11 ***	6.32e-05 ***
	139(t) (warm) - 139(t) (kalt)	7.33e-11 ***	2.49e-07 ***
	36(s) (warm) - 36(s) (kalt)	1.12e-10 ***	1.44e-05 ***
	36(t) (warm) - 36(t) (kalt)	2.21e-10 ***	< 2e-16 ***
	(-)AMP (warm) - INOQ 1 (kalt)	0.00114 **	0.0118 *
(-)AMP (warm) - INOQ 2 (kalt)	< 0.001 ***	0.1837	
(-)AMP (warm) - INOQ 3 (kalt)	0.00150 **	0.4940	
(-)AMP (warm) - 139(s) (kalt)	0.00457 **	0.3615	
(-)AMP (warm) - 139(t) (kalt)	0.00158 **	0.7847	
(-)AMP (warm) - 36(s) (kalt)	< 0.001 ***	0.2524	
(-)AMP (warm) - 36(t) (kalt)	0.04861 *	<0.001 ***	
(-)AMP (warm) - (-)AMP (kalt)	< 0.001 ***	0.0383 *	
(-)AMP (warm) - INOQ 1 (warm)	0.9918	0.6727	
(-)AMP (warm) - INOQ 2 (warm)	0.9938	0.0439 *	
(-)AMP (warm) - INOQ 3 (warm)	1.0000	0.5783	
(-)AMP (warm) - 139(s) (warm)	0.8359	1.0000	
(-)AMP (warm) - 139(t) (warm)	0.0193 *	0.9862	
(-)AMP (warm) - 36(s) (warm)	0.9973	0.9550	
(-)AMP (warm) - 36(t) (warm)	0.2874	0.2142	
(-)AMP (kalt) - INOQ 1 (kalt)	0.991	1.000	
(-)AMP (kalt) - INOQ 2 (kalt)	0.999	0.961	
(-)AMP (kalt) - INOQ 3 (kalt)	0.980	0.666	
(-)AMP (kalt) - 139(s) (kalt)	0.885	0.875	
(-)AMP (kalt) - 139(t) (kalt)	0.980	0.398	
(-)AMP (kalt) - 36(s) (kalt)	0.997	0.906	
(-)AMP (kalt) - 36(t) (kalt)	0.362	0.644	
INOQ 1 (warm) - INOQ 1 (kalt)	9.75e-05 ***	0.000151 ***	
INOQ 2 (warm) - INOQ 2 (kalt)	0.00053 ***	1.37e-05 ***	
INOQ 3 (warm) - INOQ 3 (kalt)	0.00167 **	0.022751 *	
139(s) (warm) - 139(s) (kalt)	6.28e-05 ***	0.579057	
139(t) (warm) - 139(t) (kalt)	2.25e-10 ***	0.446078	
36(s) (warm) - 36(s) (kalt)	9.75e-05 ***	0.047296 *	
36(t) (warm) - 36(t) (kalt)	9.15e-05 ***	1.21e-08 ***	
Trockengewicht Brakteen	(-)AMP (warm) - INOQ 1 (kalt)	0.00114 **	0.0118 *
	(-)AMP (warm) - INOQ 2 (kalt)	< 0.001 ***	0.1837
	(-)AMP (warm) - INOQ 3 (kalt)	0.00150 **	0.4940
	(-)AMP (warm) - 139(s) (kalt)	0.00457 **	0.3615
	(-)AMP (warm) - 139(t) (kalt)	0.00158 **	0.7847
	(-)AMP (warm) - 36(s) (kalt)	< 0.001 ***	0.2524
	(-)AMP (warm) - 36(t) (kalt)	0.04861 *	<0.001 ***
	(-)AMP (warm) - (-)AMP (kalt)	< 0.001 ***	0.0383 *
	(-)AMP (warm) - INOQ 1 (warm)	0.9918	0.6727
	(-)AMP (warm) - INOQ 2 (warm)	0.9938	0.0439 *
	(-)AMP (warm) - INOQ 3 (warm)	1.0000	0.5783
	(-)AMP (warm) - 139(s) (warm)	0.8359	1.0000
	(-)AMP (warm) - 139(t) (warm)	0.0193 *	0.9862
	(-)AMP (warm) - 36(s) (warm)	0.9973	0.9550
	(-)AMP (warm) - 36(t) (warm)	0.2874	0.2142
	(-)AMP (kalt) - INOQ 1 (kalt)	0.991	1.000
	(-)AMP (kalt) - INOQ 2 (kalt)	0.999	0.961
	(-)AMP (kalt) - INOQ 3 (kalt)	0.980	0.666
	(-)AMP (kalt) - 139(s) (kalt)	0.885	0.875
	(-)AMP (kalt) - 139(t) (kalt)	0.980	0.398
	(-)AMP (kalt) - 36(s) (kalt)	0.997	0.906
	(-)AMP (kalt) - 36(t) (kalt)	0.362	0.644
	INOQ 1 (warm) - INOQ 1 (kalt)	9.75e-05 ***	0.000151 ***
	INOQ 2 (warm) - INOQ 2 (kalt)	0.00053 ***	1.37e-05 ***
	INOQ 3 (warm) - INOQ 3 (kalt)	0.00167 **	0.022751 *
	139(s) (warm) - 139(s) (kalt)	6.28e-05 ***	0.579057
	139(t) (warm) - 139(t) (kalt)	2.25e-10 ***	0.446078
	36(s) (warm) - 36(s) (kalt)	9.75e-05 ***	0.047296 *
	36(t) (warm) - 36(t) (kalt)	9.15e-05 ***	1.21e-08 ***

Parameter	Vergleich	Christmas Eve	Christmas Spirit
Optischer Durchmesser der Brakteen	(-)AMP (warm) - INOQ 1 (kalt)	<1e-10 ***	<1e-08 ***
	(-)AMP (warm) - INOQ 2 (kalt)	<1e-10 ***	<1e-08 ***
	(-)AMP (warm) - INOQ 3 (kalt)	<1e-10 ***	<1e-08 ***
	(-)AMP (warm) - 139(s) (kalt)	<1e-10 ***	<1e-08 ***
	(-)AMP (warm) - 139(t) (kalt)	<1e-10 ***	<1e-08 ***
	(-)AMP (warm) - 36(s) (kalt)	<1e-10 ***	<1e-08 ***
	(-)AMP (warm) - 36(t) (kalt)	<1e-10 ***	<1e-08 ***
	(-)AMP (warm) - (-)AMP (kalt)	<1e-10 ***	<1e-08 ***
	(-)AMP (warm) - INOQ 1 (warm)	0.904	0.029 *
	(-)AMP (warm) - INOQ 2 (warm)	0.256	0.416
	(-)AMP (warm) - INOQ 3 (warm)	0.595	0.891
	(-)AMP (warm) - 139(s) (warm)	0.651	0.712
	(-)AMP (warm) - 139(t) (warm)	0.601	0.999
	(-)AMP (warm) - 36(s) (warm)	1.000	0.989
	(-)AMP (warm) - 36(t) (warm)	0.179	0.359
	(-)AMP (kalt) - INOQ 1 (kalt)	0.860	0.228
	(-)AMP (kalt) - INOQ 2 (kalt)	0.588	0.553
	(-)AMP (kalt) - INOQ 3 (kalt)	0.960	0.999
	(-)AMP (kalt) - 139(s) (kalt)	0.403	1.000
	(-)AMP (kalt) - 139(t) (kalt)	0.959	0.967
	(-)AMP (kalt) - 36(s) (kalt)	0.524	0.979
	(-)AMP (kalt) - 36(t) (kalt)	0.992	0.252
	INOQ 1 (warm) - INOQ 1 (kalt)	1.15e-14 ***	7.50e-08 ***
	INOQ 2 (warm) - INOQ 2 (kalt)	1.49e-12 ***	1.01e-10 ***
	INOQ 2 (warm) - INOQ 3 (kalt)	8.88e-16 ***	2.10e-07 ***
	139(s) (warm) - 139(s) (kalt)	< 2e-16 ***	1.41e-06 ***
	139(t) (warm) - 139(t) (kalt)	1.60e-14 ***	3.41e-12 ***
	36(s) (warm) - 36(s) (kalt)	< 2e-16 ***	1.28e-07 ***
	36(t) (warm) - 36(t) (kalt)	1.08e-07 ***	4.07e-10 ***
	(-)AMP (warm) - INOQ 1 (kalt)	0.0164 *	0.0180 *
	(-)AMP (warm) - INOQ 2 (kalt)	<0.001 ***	0.0513 .
	(-)AMP (warm) - INOQ 3 (kalt)	0.0145 *	0.0290 *
	(-)AMP (warm) - 139(s) (kalt)	0.0018 **	0.0188 *
(-)AMP (warm) - 139(t) (kalt)	0.0329 *	0.3731	
(-)AMP (warm) - 36(s) (kalt)	0.0117 *	<0.001 ***	
(-)AMP (warm) - 36(t) (kalt)	0.6820	<0.001 ***	
(-)AMP (warm) - (-)AMP (kalt)	0.0398 *	<0.001 ***	
(-)AMP (warm) - INOQ 1 (warm)	0.958	0.12119	
(-)AMP (warm) - INOQ 2 (warm)	0.235	0.65956	
(-)AMP (warm) - INOQ 3 (warm)	1.000	0.69304	
(-)AMP (warm) - 139(s) (warm)	1.000	0.38498	
(-)AMP (warm) - 139(t) (warm)	0.523	0.69304	
(-)AMP (warm) - 36(s) (warm)	0.958	0.22547	
(-)AMP (warm) - 36(t) (warm)	0.464	0.00784 **	
(-)AMP (kalt) - INOQ 1 (kalt)	1.000	0.3043	
(-)AMP (kalt) - INOQ 2 (kalt)	0.765	0.1547	
(-)AMP (kalt) - INOQ 3 (kalt)	1.000	0.2299	
(-)AMP (kalt) - 139(s) (kalt)	0.896	0.4223	
(-)AMP (kalt) - 139(t) (kalt)	1.000	0.0164 *	
(-)AMP (kalt) - 36(s) (kalt)	0.999	0.9986	
(-)AMP (kalt) - 36(t) (kalt)	0.561	1.0000	
INOQ 1 (warm) - INOQ 1 (kalt)	0.001122 **	2.28e-06 ***	
INOQ 2 (warm) - INOQ 2 (kalt)	0.491246	0.000625 ***	
INOQ 2 (warm) - INOQ 3 (kalt)	0.018156 *	0.000320 ***	
139(s) (warm) - 139(s) (kalt)	0.000709 ***	0.851344	
139(t) (warm) - 139(t) (kalt)	0.000148 ***	0.021001 *	
36(s) (warm) - 36(s) (kalt)	0.000749 ***	0.102148	
36(t) (warm) - 36(t) (kalt)	0.038340 *	6.84e-14 ***	
(-)AMP (warm) - INOQ 1 (kalt)	0.0753 .	0.00303 **	
(-)AMP (warm) - INOQ 2 (kalt)	0.4461	< 0.001 ***	
(-)AMP (warm) - INOQ 3 (kalt)	0.1576	0.00475 **	
(-)AMP (warm) - 139(s) (kalt)	0.3993	0.04589 *	
(-)AMP (warm) - 139(t) (kalt)	0.1458	< 0.001 ***	
(-)AMP (warm) - 36(s) (kalt)	0.0821 .	0.97202	
(-)AMP (warm) - 36(t) (kalt)	<0.001 ***	0.03505 *	
(-)AMP (warm) - (-)AMP (kalt)	0.0433 *	0.99987	
(-)AMP (warm) - INOQ 1 (warm)	0.860	0.02871 *	
(-)AMP (warm) - INOQ 2 (warm)	0.653	0.57233	
(-)AMP (warm) - INOQ 3 (warm)	1.000	0.57223	
(-)AMP (warm) - 139(s) (warm)	1.000	0.99765	
(-)AMP (warm) - 139(t) (warm)	0.621	0.41042	
(-)AMP (warm) - 36(s) (warm)	0.986	0.79948	
(-)AMP (warm) - 36(t) (warm)	0.449	0.00677 **	
(-)AMP (kalt) - INOQ 1 (kalt)	1.000	0.01535*	
(-)AMP (kalt) - INOQ 2 (kalt)	0.813	0.01591*	
(-)AMP (kalt) - INOQ 3 (kalt)	0.995	0.02115*	
(-)AMP (kalt) - 139(s) (kalt)	0.855	0.12141	
(-)AMP (kalt) - 139(t) (kalt)	0.997	0.0111 **	
(-)AMP (kalt) - 36(s) (kalt)	1.000	0.99908	
(-)AMP (kalt) - 36(t) (kalt)	0.588	0.10392	
Trockengewicht Spross	(-)AMP (warm) - INOQ 1 (warm)	0.860	0.02871 *
	(-)AMP (warm) - INOQ 2 (warm)	0.653	0.57233
	(-)AMP (warm) - INOQ 3 (warm)	1.000	0.57223
	(-)AMP (warm) - 139(s) (warm)	1.000	0.99765
	(-)AMP (warm) - 139(t) (warm)	0.621	0.41042
	(-)AMP (warm) - 36(s) (warm)	0.986	0.79948
	(-)AMP (warm) - 36(t) (warm)	0.449	0.00677 **
	(-)AMP (kalt) - INOQ 1 (kalt)	1.000	0.01535*
	(-)AMP (kalt) - INOQ 2 (kalt)	0.813	0.01591*
	(-)AMP (kalt) - INOQ 3 (kalt)	0.995	0.02115*
	(-)AMP (kalt) - 139(s) (kalt)	0.855	0.12141
	(-)AMP (kalt) - 139(t) (kalt)	0.997	0.0111 **
	(-)AMP (kalt) - 36(s) (kalt)	1.000	0.99908
	(-)AMP (kalt) - 36(t) (kalt)	0.588	0.10392

Parameter	Vergleich	Christmas Eve	Christmas Spirit
Trockengewicht Spross	INOQ 1 (warm) - INOQ 1 (kalt)	0.6897	0.99917
	INOQ 2 (warm) - INOQ 2 (kalt)	0.6897	0.4221
	INOQ 2 (warm) - INOQ 3 (kalt)	0.2096	0.31840
	139(s) (warm) - 139(s) (kalt)	0.5819	0.02017 *
	139(t) (warm) - 139(t) (kalt)	0.9798	0.00247 **
	36(s) (warm) - 36(s) (kalt)	0.4218	0.39479
	36(t) (warm) - 36(t) (kalt)	0.1540	0.99789
Sprosslänge	(-)AMP (warm) - INOQ 1 (kalt)	0.400	1.000
	(-)AMP (warm) - INOQ 2 (kalt)	0.400	1.000
	(-)AMP (warm) - INOQ 3 (kalt)	0.877	0.999
	(-)AMP (warm) - 139(s) (kalt)	0.772	0.999
	(-)AMP (warm) - 139(t) (kalt)	0.298	0.304
	(-)AMP (warm) - 36(s) (kalt)	0.949	0.805
	(-)AMP (warm) - 36(t) (kalt)	1.000	0.390
	(-)AMP (warm) - (-)AMP (kalt)	0.998	0.482
	(-)AMP (warm) - INOQ 1 (warm)	0.490	0.00304 **
	(-)AMP (warm) - INOQ 2 (warm)	1.000	0.77366
	(-)AMP (warm) - INOQ 3 (warm)	0.996	0.77366
	(-)AMP (warm) - 139(s) (warm)	0.376	0.99993
	(-)AMP (warm) - 139(t) (warm)	0.199	0.00127 **
	(-)AMP (warm) - 36(s) (warm)	0.933	0.21362
	(-)AMP (warm) - 36(t) (warm)	0.406	0.02668 *
	(-)AMP (kalt) - INOQ 1 (kalt)	0.736	0.26802
	(-)AMP (kalt) - INOQ 2 (kalt)	0.736	0.62463
	(-)AMP (kalt) - INOQ 3 (kalt)	0.996	0.72627
	(-)AMP (kalt) - 139(s) (kalt)	0.371	0.78010
	(-)AMP (kalt) - 139(t) (kalt)	0.610	0.00481 **
	(-)AMP (kalt) - 36(s) (kalt)	1.000	0.99574
	(-)AMP (kalt) - 36(t) (kalt)	0.977	1.00000
	INOQ 1 (warm) - INOQ 1 (kalt)	0.010047 *	0.010 *
	INOQ 2 (warm) - INOQ 2 (kalt)	0.666432	0.732
	INOQ 2 (warm) - INOQ 3 (kalt)	0.661542	0.623
	139(s) (warm) - 139(s) (kalt)	0.999472	1.000
	139(t) (warm) - 139(t) (kalt)	0.000758 ***	0.403
36(s) (warm) - 36(s) (kalt)	0.528366	0.981	
36(t) (warm) - 36(t) (kalt)	0.691071	5.92e-05 ***	

Signifikanzcodes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05

Tabelle 32: Signifikanzen zu den Wachstumsparametern aus Poinsettien Screening II

Parameter	Vergleich	Christmas Eve	Christmas Spirit
Frischgewicht Brakteen	(-)AMP (warm) - BEG 29 (kalt)	<1e-10 ***	<2e-16 ***
	(-)AMP (warm) - BEG 31 (kalt)	<1e-10 ***	<2e-16 ***
	(-)AMP (warm) - BEG 48 (kalt)	<1e-10 ***	<2e-16 ***
	(-)AMP (warm) - BEG 104 (kalt)	<1e-10 ***	<2e-16 ***
	(-)AMP (warm) - V91 (kalt)	<1e-10 ***	<2e-16 ***
	(-)AMP (warm) - BEG 29 (warm)	0.81128	0.8235
	(-)AMP (warm) - BEG 31 (warm)	0.00835 **	0.5872
	(-)AMP (warm) - BEG 48 (warm)	0.99868	0.9914
	(-)AMP (warm) - BEG 104 (warm)	0.99434	<0.001 ***
	(-)AMP (warm) - V91 (warm)	0.22392	0.0021 **
	(-)AMP (warm) - BEG 29 (kalt)	1.000	0.610
	(-)AMP (warm) - BEG 31 (kalt)	0.760	0.456
	(-)AMP (warm) - BEG 48 (kalt)	1.000	1.000
	(-)AMP (warm) - BEG 104 (kalt)	0.795	0.632
	(-)AMP (warm) - V91 (kalt)	0.392	1.000
	BEG 29 (warm) - BEG 29 (kalt)	5.31e-09 ***	< 2e-16 ***
	BEG 31 (warm) - BEG 31 (kalt)	< 2e-16 ***	6.24e-13 ***
	BEG 48 (warm) - BEG 48 (kalt)	9.45e-13 ***	< 2e-16 ***
	BEG 104 (warm) - BEG 104 (kalt)	5.72e-14 ***	1.40e-06 ***
	V91 (warm) - V91 (kalt)	< 2e-16 ***	7.94e-10 ***
	(-)AMP (warm) - BEG 29 (kalt)	<1e-09 ***	<1e-08 ***
	(-)AMP (warm) - BEG 31 (kalt)	<1e-09 ***	<1e-08 ***
	(-)AMP (warm) - BEG 48 (kalt)	<1e-09 ***	<1e-08 ***
	(-)AMP (warm) - BEG 104 (kalt)	<1e-09 ***	<1e-08 ***
	(-)AMP (warm) - V91 (kalt)	<1e-09 ***	<1e-08 ***
	(-)AMP (warm) - BEG 29 (warm)	0.9884	1.000
	(-)AMP (warm) - BEG 31 (warm)	0.8247	0.936
(-)AMP (warm) - BEG 48 (warm)	0.5008	0.999	
(-)AMP (warm) - BEG 104 (warm)	0.0849	<0.001 ***	
(-)AMP (warm) - V91 (warm)	0.9603	0.053	
Trockengewicht Brakteen	(-)AMP (warm) - BEG 29 (kalt)	0.988	0.252
	(-)AMP (warm) - BEG 31 (kalt)	0.825	0.324
	(-)AMP (warm) - BEG 48 (kalt)	0.906	0.999
	(-)AMP (warm) - BEG 104 (kalt)	0.723	0.936
	(-)AMP (warm) - V91 (kalt)	0.398	1.000
	BEG 29 (warm) - BEG 29 (kalt)	2.50e-11 ***	1.39e-08 ***
	BEG 31 (warm) - BEG 31 (kalt)	< 2e-16 ***	1.61e-07 ***
	BEG 48 (warm) - BEG 48 (kalt)	1.57e-09 ***	< 2e-16 ***
	BEG 104 (warm) - BEG 104 (kalt)	6.82e-08 ***	0.177
	V91 (warm) - V91 (kalt)	< 2e-16 ***	7.49e-07 ***

Parameter	Vergleich	Christmas Eve	Christmas Spirit
Optischer Durchmesser der Brakteen	(-)AMP (warm) - BEG 29 (kalt)	<1e-08 ***	<1e-09 ***
	(-)AMP (warm) - BEG 31 (kalt)	<1e-08 ***	<1e-09 ***
	(-)AMP (warm) - BEG 48 (kalt)	<1e-08 ***	<1e-09 ***
	(-)AMP (warm) - BEG 104 (kalt)	<1e-08 ***	<1e-09 ***
	(-)AMP (warm) - V91 (kalt)	<1e-08 ***	<1e-09 ***
	(-)AMP (warm) - BEG 29 (warm)	0.360	0.998
	(-)AMP (warm) - BEG 31 (warm)	0.528	0.594
	(-)AMP (warm) - BEG 48 (warm)	0.929	1.000
	(-)AMP (warm) - BEG 104 (warm)	0.990	0.299
	(-)AMP (warm) - V91 (warm)	0.585	0.122
	(-)AMP (warm) - BEG 29 (kalt)	0.993	0.981
	(-)AMP (warm) - BEG 31 (kalt)	0.471	0.335
	(-)AMP (warm) - BEG 48 (kalt)	0.361	1.000
	(-)AMP (warm) - BEG 104 (kalt)	0.985	0.822
	(-)AMP (warm) - V91 (kalt)	0.996	0.993
	BEG 29 (warm) - BEG 29 (kalt)	5.04e-08 ***	2.22e-15 ***
	BEG 31 (warm) - BEG 31 (kalt)	9.88e-14 ***	2.88e-07 ***
	BEG 48 (warm) - BEG 48 (kalt)	2.28e-07 ***	5.55e-16 ***
	BEG 104 (warm) - BEG 104 (kalt)	4.33e-14 ***	5.55e-08 ***
	V91 (warm) - V91 (kalt)	< 2e-16 ***	2.99e-10 ***
Frischgewicht Spross	(-)AMP (warm) - BEG 29 (kalt)	<1e-05 ***	<1e-04 ***
	(-)AMP (warm) - BEG 31 (kalt)	<1e-05 ***	<1e-04 ***
	(-)AMP (warm) - BEG 48 (kalt)	<1e-05 ***	<1e-04 ***
	(-)AMP (warm) - BEG 104 (kalt)	<1e-05 ***	<1e-04 ***
	(-)AMP (warm) - V91 (kalt)	<1e-05 ***	<1e-04 ***
	(-)AMP (warm) - BEG 29 (warm)	0.588	0.9982
	(-)AMP (warm) - BEG 31 (warm)	0.999	0.9995
	(-)AMP (warm) - BEG 48 (warm)	0.996	0.4314
	(-)AMP (warm) - BEG 104 (warm)	1.000	0.4641
	(-)AMP (warm) - V91 (warm)	0.597	0.0016 **
	(-)AMP (warm) - BEG 29 (kalt)	0.96074	0.26229
	(-)AMP (warm) - BEG 31 (kalt)	0.01762 *	0.99904
	(-)AMP (warm) - BEG 48 (kalt)	0.84394	0.87414
	(-)AMP (warm) - BEG 104 (kalt)	0.00766 **	0.58647
	(-)AMP (warm) - V91 (kalt)	0.00351 **	0.00756 **
	BEG 29 (warm) - BEG 29 (kalt)	0.000746 ***	7.41e-10 ***
	BEG 31 (warm) - BEG 31 (kalt)	9.28e-12 ***	4.61e-05 ***
	BEG 48 (warm) - BEG 48 (kalt)	5.97e-08 ***	9.02e-05 ***
	BEG 104 (warm) - BEG 104 (kalt)	1.04e-13 ***	9.42e-06 ***
	V91 (warm) - V91 (kalt)	2.82e-10 ***	3.88e-05 ***
Trockengewicht Spross	(-)AMP (warm) - BEG 29 (kalt)	0.156	<0.001 ***
	(-)AMP (warm) - BEG 31 (kalt)	<0.001 ***	0.0255 *
	(-)AMP (warm) - BEG 48 (kalt)	<0.001 ***	<0.001 ***
	(-)AMP (warm) - BEG 104 (kalt)	<0.001 ***	<0.001 ***
	(-)AMP (warm) - V91 (kalt)	<0.001 ***	<0.001 ***
	(-)AMP (warm) - BEG 29 (warm)	1.000	0.412
	(-)AMP (warm) - BEG 31 (warm)	0.192	0.946
	(-)AMP (warm) - BEG 48 (warm)	0.782	0.344
	(-)AMP (warm) - BEG 104 (warm)	0.258	<0.001 ***
	(-)AMP (warm) - V91 (warm)	0.296	<0.001 ***
	(-)AMP (warm) - BEG 29 (kalt)	0.99514	0.84542
	(-)AMP (warm) - BEG 31 (kalt)	0.00220 **	0.99024
	(-)AMP (warm) - BEG 48 (kalt)	0.07456 .	0.94556
	(-)AMP (warm) - BEG 104 (kalt)	0.00172 **	0.21417
	(-)AMP (warm) - V91 (kalt)	0.00492 **	0.00327 **
	BEG 29 (warm) - BEG 29 (kalt)	0.13526	0.0501
	BEG 31 (warm) - BEG 31 (kalt)	0.00653 **	0.1708
	BEG 48 (warm) - BEG 48 (kalt)	0.01241 *	0.1205
	BEG 104 (warm) - BEG 104 (kalt)	0.00288 **	0.9484
	V91 (warm) - V91 (kalt)	0.00653 **	0.0406 *
Sprosslänge	(-)AMP (warm) - BEG 29 (kalt)	0.23061	<1e-04 ***
	(-)AMP (warm) - BEG 31 (kalt)	< 0.001 ***	<1e-04 ***
	(-)AMP (warm) - BEG 48 (kalt)	< 0.001 ***	<1e-04 ***
	(-)AMP (warm) - BEG 104 (kalt)	0.00372 **	<1e-04 ***
	(-)AMP (warm) - V91 (kalt)	0.00371 **	<1e-04 ***
	(-)AMP (warm) - BEG 29 (warm)	1.000	0.01321 *
	(-)AMP (warm) - BEG 31 (warm)	1.000	0.03210 *
	(-)AMP (warm) - BEG 48 (warm)	0.529	0.19362
	(-)AMP (warm) - BEG 104 (warm)	1.000	< 0.001 ***
	(-)AMP (warm) - V91 (warm)	0.872	0.00163 **
	(-)AMP (warm) - BEG 29 (kalt)	1.000	0.141
	(-)AMP (warm) - BEG 31 (kalt)	0.113	0.916
	(-)AMP (warm) - BEG 48 (kalt)	0.114	0.998
	(-)AMP (warm) - BEG 104 (kalt)	0.415	0.258
	(-)AMP (warm) - V91 (kalt)	0.415	0.048 *
	BEG 29 (warm) - BEG 29 (kalt)	0.286328	0.00897 **
	BEG 31 (warm) - BEG 31 (kalt)	0.000288 ***	0.17373
	BEG 48 (warm) - BEG 48 (kalt)	0.036102 *	0.08403
	BEG 104 (warm) - BEG 104 (kalt)	0.002159 **	0.73700
	V91 (warm) - V91 (kalt)	0.058276	0.01468 *

Signifikanzcodes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05

Tabelle 33: Signifikanzen zu den Wachstumsparametern aus Poinsettien Screening III

Parameter	Vergleich	Christmas Eve	Christmas Spirit
Frischgewicht Brakteen	(-)AMP (warm) - 139(s) (kalt)	<2e-16 ***	<2e-16 ***
	(-)AMP (warm) - 139(t) (kalt)	<2e-16 ***	<2e-16 ***
	(-)AMP (warm) - 36(s) (kalt)	<2e-16 ***	<2e-16 ***
	(-)AMP (warm) - 36(t) (kalt)	<2e-16 ***	<2e-16 ***
	(-)AMP (warm) - BEG 144 (kalt)	<2e-16 ***	<2e-16 ***
	(-)AMP (warm) - BEG 53 (kalt)	<2e-16 ***	<2e-16 ***
	(-)AMP (warm) - 49 (kalt)	<2e-16 ***	<2e-16 ***
	(-)AMP (warm) - 510 (kalt)	<2e-16 ***	<2e-16 ***
	(-)AMP (warm) - (-)AMP (kalt)	<2e-16 ***	<2e-16 ***
	(-)AMP (warm) - 139(s) (warm)	0.7855	0.755
	(-)AMP (warm) - 139(t) (warm)	0.8116	0.989
	(-)AMP (warm) - 36(s) (warm)	1.0000	0.319
	(-)AMP (warm) - 36(t) (warm)	0.0995	0.950
	(-)AMP (warm) - BEG 144 (warm)	0.4597	<0.001 ***
	(-)AMP (warm) - BEG 53 (warm)	0.4595	0.489
	(-)AMP (warm) - 49 (warm)	0.9959	0.983
	(-)AMP (warm) - 510 (warm)	0.8513	0.992
	(-)AMP (kalt) - 139(s) (kalt)	1.000	0.925
	(-)AMP (kalt) - 139(t) (kalt)	1.000	0.996
	(-)AMP (kalt) - 36(s) (kalt)	0.953	0.995
	(-)AMP (kalt) - 36(t) (kalt)	0.962	0.967
	(-)AMP (kalt) - BEG 144 (kalt)	0.787	0.999
	(-)AMP (kalt) - BEG 53 (kalt)	0.993	1.000
	(-)AMP (kalt) - 49 (kalt)	1.000	1.000
	(-)AMP (kalt) - 510 (kalt)	1.000	1.000
	139(s) (warm) - 139 (s) (kalt)	< 2e-16 ***	< 2e-16 ***
	139(t) (warm) - 139(t) (kalt)	< 2e-16 ***	< 2e-16 ***
	36(s) (warm) - 36(s) (kalt)	< 2e-16 ***	< 2e-16 ***
	36(t) (warm) - 36(t) (kalt)	< 2e-16 ***	< 2e-16 ***
	BEG 144 (warm) - BEG 144 (kalt)	< 2e-16 ***	8.97e-10 ***
	BEG 53 (warm) - BEG 53 (kalt)	3.00e-15 ***	< 2e-16 ***
	49 (warm) - 49 (kalt)	< 2e-16 ***	< 2e-16 ***
	510 (warm) - 510 (kalt)	9.99e-16 ***	< 2e-16 ***
	(-)AMP (warm) - 139(s) (kalt)	< 1e-07 ***	< 1e-06 ***
	(-)AMP (warm) - 139(t) (kalt)	< 1e-07 ***	1.57e-06 ***
	(-)AMP (warm) - 36(s) (kalt)	< 1e-07 ***	< 1e-06 ***
(-)AMP (warm) - 36(t) (kalt)	< 1e-07 ***	< 1e-06 ***	
(-)AMP (warm) - BEG 144 (kalt)	< 1e-07 ***	< 1e-06 ***	
(-)AMP (warm) - BEG 53 (kalt)	< 1e-07 ***	< 1e-06 ***	
(-)AMP (warm) - 49 (kalt)	2.69e-07 ***	< 1e-06 ***	
(-)AMP (warm) - 510 (kalt)	< 1e-07 ***	< 1e-06 ***	
(-)AMP (warm) - (-)AMP (kalt)	< 1e-07 ***	< 1e-06 ***	
(-)AMP (warm) - 139(s) (warm)	1.000	0.9932	
(-)AMP (warm) - 139(t) (warm)	1.000	0.9670	
(-)AMP (warm) - 36(s) (warm)	1.000	0.5056	
(-)AMP (warm) - 36(t) (warm)	0.523	0.8911	
(-)AMP (warm) - BEG 144 (warm)	0.368	0.0163 *	
(-)AMP (warm) - BEG 53 (warm)	0.874	0.6497	
(-)AMP (warm) - 49 (warm)	0.994	0.8903	
(-)AMP (warm) - 510 (warm)	0.615	1.0000	
(-)AMP (kalt) - 139(s) (kalt)	0.999	0.9423	
(-)AMP (kalt) - 139(t) (kalt)	1.000	0.0568	
(-)AMP (kalt) - 36(s) (kalt)	0.882	0.9597	
(-)AMP (kalt) - 36(t) (kalt)	1.000	0.9568	
(-)AMP (kalt) - BEG 144 (kalt)	0.832	0.9677	
(-)AMP (kalt) - BEG 53 (kalt)	1.000	1.0000	
(-)AMP (kalt) - 49 (kalt)	0.919	1.0000	
(-)AMP (kalt) - 510 (kalt)	1.000	1.0000	
139(s) (warm) - 139 (s) (kalt)	1.10e-09 ***	1.51e-13 ***	
139(t) (warm) - 139(t) (kalt)	5.30e-10 ***	0.000431 ***	
36(s) (warm) - 36(s) (kalt)	< 2e-16 ***	1.44e-11 ***	
36(t) (warm) - 36(t) (kalt)	4.05e-08 ***	2.06e-13 ***	
BEG 144 (warm) - BEG 144 (kalt)	1.81e-06 ***	0.083553	
BEG 53 (warm) - BEG 53 (kalt)	5.19e-06 ***	9.95e-06 ***	
49 (warm) - 49 (kalt)	0.000113 ***	2.01e-07 ***	
510 (warm) - 510 (kalt)	7.91e-05 ***	1.43e-08 ***	
(-)AMP (warm) - 139(s) (kalt)	<2e-16 ***	<2e-16 ***	
(-)AMP (warm) - 139(t) (kalt)	<2e-16 ***	<2e-16 ***	
(-)AMP (warm) - 36(s) (kalt)	<2e-16 ***	<2e-16 ***	
(-)AMP (warm) - 36(t) (kalt)	<2e-16 ***	<2e-16 ***	
(-)AMP (warm) - BEG 144 (kalt)	<2e-16 ***	<2e-16 ***	
(-)AMP (warm) - BEG 53 (kalt)	<2e-16 ***	<2e-16 ***	
(-)AMP (warm) - 49 (kalt)	<2e-16 ***	<2e-16 ***	
(-)AMP (warm) - 510 (kalt)	<2e-16 ***	<2e-16 ***	
(-)AMP (warm) - (-)AMP (kalt)	<2e-16 ***	<2e-16 ***	
(-)AMP (warm) - 139(s) (warm)	0.9596	0.129	
(-)AMP (warm) - 139(t) (warm)	0.9677	1.000	
(-)AMP (warm) - 36(s) (warm)	0.8973	0.966	
(-)AMP (warm) - 36(t) (warm)	0.5002	0.869	
(-)AMP (warm) - BEG 144 (warm)	0.9970	0.613	
Optischer Durchmesser der Brakteen	(-)AMP (warm) - 139(s) (kalt)	<2e-16 ***	<2e-16 ***
	(-)AMP (warm) - 139(t) (kalt)	<2e-16 ***	<2e-16 ***
	(-)AMP (warm) - 36(s) (kalt)	<2e-16 ***	<2e-16 ***
	(-)AMP (warm) - 36(t) (kalt)	<2e-16 ***	<2e-16 ***
	(-)AMP (warm) - BEG 144 (kalt)	<2e-16 ***	<2e-16 ***
	(-)AMP (warm) - BEG 53 (kalt)	<2e-16 ***	<2e-16 ***
	(-)AMP (warm) - 49 (kalt)	<2e-16 ***	<2e-16 ***
	(-)AMP (warm) - 510 (kalt)	<2e-16 ***	<2e-16 ***
	(-)AMP (warm) - (-)AMP (kalt)	<2e-16 ***	<2e-16 ***
	(-)AMP (warm) - 139(s) (warm)	0.9596	0.129
	(-)AMP (warm) - 139(t) (warm)	0.9677	1.000
	(-)AMP (warm) - 36(s) (warm)	0.8973	0.966

Parameter	Vergleich	Christmas Eve	Christmas Spirit
Optischer Durchmesser der Brakteen	(-)AMP (warm) - BEG 53 (warm)	1.0000	1.000
	(-)AMP (warm) - 49 (warm)	0.0080 **	0.999
	(-)AMP (warm) - 510 (warm)	0.0943	1.000
	(-)AMP (kalt) - 139(s) (kalt)	0.809	< 0.001 ***
	(-)AMP (kalt) - 139(t) (kalt)	0.737	0.10313
	(-)AMP (kalt) - 36(s) (kalt)	0.687	0.00393 **
	(-)AMP (kalt) - 36(t) (kalt)	0.596	< 0.001 ***
	(-)AMP (kalt) - BEG 144 (kalt)	0.999	0.99887
	(-)AMP (kalt) - BEG 53 (kalt)	0.906	0.11723
	(-)AMP (kalt) - 49 (kalt)	1.000	0.35502
	(-)AMP(kalt) - 510 (kalt)	1.000	0.97008
	139(s) (warm) - 139 (s) (kalt)	<2e-16 ***	<2e-16 ***
	139(t) (warm) - 139(t) (kalt)	<2e-16 ***	<2e-16 ***
	36(s) (warm) - 36(s) (kalt)	<2e-16 ***	<2e-16 ***
	36(t) (warm) - 36(t) (kalt)	<2e-16 ***	<2e-16 ***
	BEG 144 (warm) - BEG 144 (kalt)	<2e-16 ***	<2e-16 ***
	BEG 53 (warm) - BEG 53 (kalt)	<2e-16 ***	<2e-16 ***
	49 (warm) - 49 (kalt)	<2e-16 ***	<2e-16 ***
	510 (warm) - 510 (kalt)	<2e-16 ***	<2e-16 ***
	(-)AMP (warm) - 139(s) (kalt)	< 1e-08 ***	< 1e-04 ***
	(-)AMP (warm) - 139(t) (kalt)	< 1e-08 ***	< 1e-04 ***
	(-)AMP (warm) - 36(s) (kalt)	< 1e-08 ***	< 1e-04 ***
	(-)AMP (warm) - 36(t) (kalt)	< 1e-08 ***	< 1e-04 ***
	(-)AMP (warm) - BEG 144 (kalt)	< 1e-08 ***	< 1e-04 ***
	(-)AMP (warm) - BEG 53 (kalt)	< 1e-08 ***	< 1e-04 ***
	(-)AMP (warm) - 49 (kalt)	1.32e-08 ***	< 1e-04 ***
	(-)AMP (warm) - 510 (kalt)	< 1e-08 ***	0.000134 ***
(-)AMP (warm) - (-)AMP (kalt)	< 1e-08 ***	< 1e-04 ***	
(-)AMP (warm) - 139(s) (warm)	0.9999	0.56023	
(-)AMP (warm) - 139(t) (warm)	1.0000	1.00000	
(-)AMP (warm) - 36(s) (warm)	0.1405	0.04425 *	
(-)AMP (warm) - 36(t) (warm)	0.6958	1.00000	
(-)AMP (warm) - BEG 144 (warm)	0.7133	0.00243 **	
(-)AMP (warm) - BEG 53 (warm)	0.0703	0.60485	
(-)AMP (warm) - 49 (warm)	0.9927	0.99989	
(-)AMP (warm) - 510 (warm)	0.2296	0.96129	
(-)AMP (kalt) - 139(s) (kalt)	0.990	0.574	
(-)AMP (kalt) - 139(t) (kalt)	1.000	0.196	
(-)AMP (kalt) - 36(s) (kalt)	0.565	0.788	
(-)AMP (kalt) - 36(t) (kalt)	1.000	1.000	
(-)AMP (kalt) - BEG 144 (kalt)	0.756	1.000	
(-)AMP (kalt) - BEG 53 (kalt)	0.205	0.800	
(-)AMP (kalt) - 49 (kalt)	1.000	0.941	
(-)AMP(kalt) - 510 (kalt)	0.459	0.657	
139(s) (warm) - 139 (s) (kalt)	1.35e-12 ***	4.05e-09 ***	
139(t) (warm) - 139(t) (kalt)	1.18e-08 ***	0.000503 ***	
36(s) (warm) - 36(s) (kalt)	5.48e-08 ***	3.40e-06 ***	
36(t) (warm) - 36(t) (kalt)	3.57e-06 ***	1.24e-10 ***	
BEG 144 (warm) - BEG 144 (kalt)	4.08e-06 ***	0.203793	
BEG 53 (warm) - BEG 53 (kalt)	2.62e-05 ***	1.02e-05 ***	
49 (warm) - 49 (kalt)	1.10e-05 ***	1.59e-08 ***	
510 (warm) - 510 (kalt)	1.86e-05 ***	0.016546 *	
(-)AMP (warm) - 139(s) (kalt)	0.00454 **	1.00000	
(-)AMP (warm) - 139(t) (kalt)	< 0.001 ***	< 0.001 ***	
(-)AMP (warm) - 36(s) (kalt)	0.14052	0.95595	
(-)AMP (warm) - 36(t) (kalt)	< 0.001 ***	0.04100 *	
(-)AMP (warm) - BEG 144 (kalt)	0.24142	0.39643	
(-)AMP (warm) - BEG 53 (kalt)	0.63680	0.44540	
(-)AMP (warm) - 49 (kalt)	0.00233 **	0.76086	
(-)AMP (warm) - 510 (kalt)	0.93930	0.00592 **	
(-)AMP (warm) - (-)AMP (kalt)	0.00135 **	0.02164 *	
(-)AMP (warm) - 139(s) (warm)	0.916	0.864	
(-)AMP (warm) - 139(t) (warm)	0.751	0.999	
(-)AMP (warm) - 36(s) (warm)	0.511	0.378	
(-)AMP (warm) - 36(t) (warm)	1.000	1.000	
(-)AMP (warm) - BEG 144 (warm)	1.000	0.463	
(-)AMP (warm) - BEG 53 (warm)	0.996	0.996	
(-)AMP (warm) - 49 (warm)	0.996	0.986	
(-)AMP (warm) - 510 (warm)	0.961	0.993	
(-)AMP (kalt) - 139(s) (kalt)	0.265	1.000	
(-)AMP (kalt) - 139(t) (kalt)	0.046 *	0.697	
(-)AMP (kalt) - 36(s) (kalt)	0.210	0.631	
(-)AMP (kalt) - 36(t) (kalt)	1.000	0.989	
(-)AMP (kalt) - BEG 144 (kalt)	0.969	0.816	
(-)AMP (kalt) - BEG 53 (kalt)	0.951	0.379	
(-)AMP (kalt) - 49 (kalt)	0.722	0.999	
(-)AMP(kalt) - 510 (kalt)	0.971	0.137	

Parameter	Vergleich	Christmas Eve	Christmas Spirit
Sprosstrockengewicht	139(s) (warm) - 139 (s) (kalt)	0.141770	0.87992
	139(t) (warm) - 139(t) (kalt)	0.196111	0.00230 **
	36(s) (warm) - 36(s) (kalt)	0.093501	0.06480
	36(t) (warm) - 36(t) (kalt)	0.32192	0.01492 *
	BEG 144 (warm) - BEG 144 (kalt)	0.323214	0.01950 *
	BEG 53 (warm) - BEG 53 (kalt)	0.474177	0.30531
	49 (warm) - 49 (kalt)	0.001439 **	0.44792
	510 (warm) - 510 (kalt)	0.637966	0.00298 **
	(-)AMP (warm) - 139(s) (kalt)	0.00495 **	<0.001 ***
	(-)AMP (warm) - 139(t) (kalt)	0.16136	0.0028 **
	(-)AMP (warm) - 36(s) (kalt)	0.03858 *	<0.001 ***
	(-)AMP (warm) - 36(t) (kalt)	0.00528 **	<0.001 ***
	(-)AMP (warm) - BEG 144 (kalt)	0.68391	<0.001 ***
	(-)AMP (warm) - BEG 53 (kalt)	0.04541 *	0.0011 **
	(-)AMP (warm) - 49 (kalt)	0.23305	<0.001 ***
	(-)AMP (warm) - 510 (kalt)	0.00529 **	0.4640
	(-)AMP (warm) - (-)AMP (kalt)	0.01337 *	<0.001 ***
Sprosslänge	(-)AMP (warm) - 139(s) (warm)	0.474	0.904
	(-)AMP (warm) - 139(t) (warm)	0.999	0.999
	(-)AMP (warm) - 36(s) (warm)	0.649	1.000
	(-)AMP (warm) - 36(t) (warm)	0.264	0.688
	(-)AMP (warm) - BEG 144 (warm)	0.867	0.756
	(-)AMP (warm) - BEG 53 (warm)	0.552	0.888
	(-)AMP (warm) - 49 (warm)	1.000	0.837
	(-)AMP (warm) - 510 (warm)	0.985	1.000
	(-)AMP (kalt) - 139(s) (kalt)	1.000	0.0216 *
	(-)AMP (kalt) - 139(t) (kalt)	0.979	0.8830
	(-)AMP (kalt) - 36(s) (kalt)	1.000	0.5749
	(-)AMP (kalt) - 36(t) (kalt)	1.000	0.9803
	(-)AMP (kalt) - BEG 144 (kalt)	0.742	0.9420
	(-)AMP (kalt) - BEG 53 (kalt)	1.000	1.0000
	(-)AMP (kalt) - 49 (kalt)	0.995	0.2552
	(-)AMP (kalt) - 510 (kalt)	0.979	0.1205
	139(s) (warm) - 139 (s) (kalt)	6.20e-06 ***	2.62e-09 ***
	139(t) (warm) - 139(t) (kalt)	0.062033	0.001103 **
	36(s) (warm) - 36(s) (kalt)	0.000239 ***	4.98e-08 ***
	36(t) (warm) - 36(t) (kalt)	1.38e-06 ***	0.000488 ***
	BEG 144 (warm) - BEG 144 (kalt)	0.219219	0.009272 **
	BEG 53 (warm) - BEG 53 (kalt)	0.001216 **	0.103839
	49 (warm) - 49 (kalt)	0.482639	1.87e-05 ***
	510 (warm) - 510 (kalt)	0.134516	0.922044

Signifikanzcodes: 0 **** 0.001 *** 0.01 ** 0.05 *

Tabelle 34: Signifikanzen zu den Wachstumsparametern aus Petunien Screening I

Parameter	Vergleich	Famous Dark Blue	Mitchell
Frishgewicht Spross	(-)AMP (warm) - 139(s) (kalt)	0.07608	0.62620
	(-)AMP (warm) - 139(t) (kalt)	0.25413	0.54688
	(-)AMP (warm) - 36(s) (kalt)	0.00357 **	0.02606 *
	(-)AMP (warm) - 36(t) (kalt)	0.72172	0.94597
	(-)AMP (warm) - BEG 144 (kalt)	0.86405	0.62622
	(-)AMP (warm) - BEG 53 (kalt)	0.13616	0.98512
	(-)AMP (warm) - INOQ 1 (kalt)	0.28051	0.00126 **
	(-)AMP (warm) - INOQ 2 (kalt)	0.29193	0.00149 **
	(-)AMP (warm) - INOQ 3 (kalt)	0.01935 *	1.00000
	(-)AMP (warm) - (-)AMP (kalt)	0.92345	0.01446 *
	(-)AMP (warm) - 139(s) (warm)	0.9948	0.95457
	(-)AMP (warm) - 139(t) (warm)	0.9999	0.81300
	(-)AMP (warm) - 36(s) (warm)	0.1793	0.48211
	(-)AMP (warm) - 36(t) (warm)	1.0000	0.99748
	(-)AMP (warm) - BEG 144 (warm)	0.6997	1.00000
	(-)AMP (warm) - BEG 53 (warm)	0.0411 *	1.00000
	(-)AMP (warm) - INOQ 1 (warm)	0.2632	0.00111 **
	(-)AMP (warm) - INOQ 2 (warm)	0.6499	0.89304
	(-)AMP (warm) - INOQ 3 (warm)	0.6503	0.50736
	(-)AMP (kalt) - 139(s) (kalt)	0.461	0.4455
	(-)AMP (kalt) - 139(t) (kalt)	0.886	0.5198
	(-)AMP (kalt) - 36(s) (kalt)	0.049 *	1.0000
	(-)AMP (kalt) - 36(t) (kalt)	1.000	0.1698
	(-)AMP (kalt) - BEG 144 (kalt)	1.000	0.4456
	(-)AMP (kalt) - BEG 53 (kalt)	0.651	0.1151
	(-)AMP (kalt) - INOQ 1 (kalt)	0.893	0.9901
	(-)AMP (kalt) - INOQ 2 (kalt)	0.904	0.9942
	(-)AMP (kalt) - INOQ 3 (kalt)	0.180	0.0133*
	139(s) (warm) - 139 (s) (kalt)	0.341	0.1763
	139(t) (warm) - 139(t) (kalt)	0.674	0.0602
	36(s) (warm) - 36(s) (kalt)	0.727	0.8706
	36(t) (warm) - 36(t) (kalt)	0.930	0.7508
	BEG 144 (warm) - BEG 144 (kalt)	1.000	0.6449
	BEG 53 (warm) - BEG 53 (kalt)	1.000	0.9956
	INOQ 1 (warm) - INOQ 1 (kalt)	0.618	0.8209
	INOQ 2 (warm) - INOQ 2 (kalt)	1.000	1.56e-05 ***
	INOQ 3 (warm) - INOQ 3 (kalt)	1.000	0.6992

Parameter	Vergleich	Famous Dark Blue	Mitchell
Trockengewicht Spross	(-)AMP (warm) - 139(s) (kalt)	0.912	0.938
	(-)AMP (warm) - 139(t) (kalt)	0.649	0.685
	(-)AMP (warm) - 36(s) (kalt)	0.137	0.297
	(-)AMP (warm) - 36(t) (kalt)	1.000	1.000
	(-)AMP (warm) - BEG 144 (kalt)	0.760	0.578
	(-)AMP (warm) - BEG 53 (kalt)	0.332	0.976
	(-)AMP (warm) - INOQ 1 (kalt)	0.817	0.578
	(-)AMP (warm) - INOQ 2 (kalt)	0.912	0.976
	(-)AMP (warm) - INOQ 3 (kalt)	0.170	0.578
	(-)AMP (warm) - (-)AMP (kalt)	0.898	0.938
	(-)AMP (warm) - 139(s) (warm)	0.8352	1.0000
	(-)AMP (warm) - 139(t) (warm)	0.9961	0.9998
	(-)AMP (warm) - 36(s) (warm)	0.0416 *	0.9214
	(-)AMP (warm) - 36(t) (warm)	0.9995	0.6564
	(-)AMP (warm) - BEG 144 (warm)	0.9983	0.0821
	(-)AMP (warm) - BEG 53 (warm)	0.9597	0.3579
	(-)AMP (warm) - INOQ 1 (warm)	0.7926	0.9979
	(-)AMP (warm) - INOQ 2 (warm)	0.9901	1.0000
	(-)AMP (warm) - INOQ 3 (warm)	0.7322	0.9979
	(-)AMP (kalt) - 139(s) (kalt)	1.000	0.9979
	(-)AMP (kalt) - 139(t) (kalt)	1.000	0.9215
	(-)AMP (kalt) - 36(s) (kalt)	0.725	0.7598
	(-)AMP (kalt) - 36(t) (kalt)	0.914	0.9668
	(-)AMP (kalt) - BEG 144 (kalt)	1.000	0.4493
	(-)AMP (kalt) - BEG 53 (kalt)	0.953	0.6562
	(-)AMP (kalt) - INOQ 1 (kalt)	1.000	0.5503
	(-)AMP (kalt) - INOQ 2 (kalt)	1.000	0.0263 *
	(-)AMP (kalt) - INOQ 3 (kalt)	0.769	0.9998
	139(s) (warm) - 139 (s) (kalt)	1.000	0.7429
	139(t) (warm) - 139(t) (kalt)	0.996	0.1691
	36(s) (warm) - 36(s) (kalt)	1.000	0.9988
	36(t) (warm) - 36(t) (kalt)	1.000	1.0000
	BEG 144 (warm) - BEG 144 (kalt)	0.997	1.0000
	BEG 53 (warm) - BEG 53 (kalt)	0.975	0.9998
	INOQ 1 (warm) - INOQ 1 (kalt)	0.997	0.9988
	INOQ 2 (warm) - INOQ 2 (kalt)	1.000	0.0018 **
	INOQ 3 (warm) - INOQ 3 (kalt)	0.987	0.4144
	(-)AMP (warm) - 139(s) (kalt)	0.10393	0.67863
	(-)AMP (warm) - 139(t) (kalt)	0.01027 *	0.00528 **
	(-)AMP (warm) - 36(s) (kalt)	0.00397 **	0.81488
	(-)AMP (warm) - 36(t) (kalt)	0.22089	0.56223
	(-)AMP (warm) - BEG 144 (kalt)	0.14313	0.90146
	(-)AMP (warm) - BEG 53 (kalt)	0.01876 *	0.02615 *
	(-)AMP (warm) - INOQ 1 (kalt)	0.17713	1.00000
	(-)AMP (warm) - INOQ 2 (kalt)	0.14939	1.00000
(-)AMP (warm) - INOQ 3 (kalt)	0.00119 **	0.08231.	
(-)AMP (warm) - (-)AMP (kalt)	0.14313	0.15404	
(-)AMP (warm) - 139(s) (warm)	0.879	0.999	
(-)AMP (warm) - 139(t) (warm)	0.166	0.860	
(-)AMP (warm) - 36(s) (warm)	0.492	<0.001 ***	
(-)AMP (warm) - 36(t) (warm)	0.160	0.331	
(-)AMP (warm) - BEG 144 (warm)	0.593	<0.001 ***	
(-)AMP (warm) - BEG 53 (warm)	0.987	0.232	
(-)AMP (warm) - INOQ 1 (warm)	0.166	1.000	
(-)AMP (warm) - INOQ 2 (warm)	0.267	<0.001 ***	
(-)AMP (warm) - INOQ 3 (warm)	0.895	0.453	
(-)AMP (kalt) - 139(s) (kalt)	1.000	0.95761	
(-)AMP (kalt) - 139(t) (kalt)	0.917	0.81396	
(-)AMP (kalt) - 36(s) (kalt)	0.748	0.88109	
(-)AMP (kalt) - 36(t) (kalt)	1.000	0.98706	
(-)AMP (kalt) - BEG 144 (kalt)	1.000	0.00712 **	
(-)AMP (kalt) - BEG 53 (kalt)	0.953	0.99101	
(-)AMP (kalt) - INOQ 1 (kalt)	1.000	0.13169	
(-)AMP (kalt) - INOQ 2 (kalt)	1.000	0.24969	
(-)AMP (kalt) - INOQ 3 (kalt)	0.428	1.00000	
139(s) (warm) - 139 (s) (kalt)	9.02e-07 ***	0.457373	
139(t) (warm) - 139(t) (kalt)	3.43e-07 ***	6.00e-05 ***	
36(s) (warm) - 36(s) (kalt)	0.003503 **	3.18e-08 ***	
36(t) (warm) - 36(t) (kalt)	7.11e-05 ***	0.006849 **	
BEG 144 (warm) - BEG 144 (kalt)	0.000885 ***	0.000748 ***	
BEG 53 (warm) - BEG 53 (kalt)	0.001784 **	0.989396	
INOQ 1 (warm) - INOQ 1 (kalt)	0.007844 **	0.004508 **	
INOQ 2 (warm) - INOQ 2 (kalt)	0.000249 ***	0.000334 ***	
INOQ 3 (warm) - INOQ 3 (kalt)	1.29e-05 ***	0.000283 ***	

Signifikanzcodes: 0 **** 0.001 *** 0.01 ** 0.05 *

Tabelle 35: Signifikanzen zu den Wachstumsparametern aus Petunien Screening II

Parameter	Vergleich	Famous Dark Blue	Mitchell
Frischgewicht Spross	(-)AMP (warm) - BEG 29 (kalt)	0.00412 **	< 1e-04 ***
	(-)AMP (warm) - BEG 31 (kalt)	0.00466 **	< 1e-04 ***
	(-)AMP (warm) - BEG 48 (kalt)	0.05832	< 1e-04 ***
	(-)AMP (warm) - BEG 104 (kalt)	< 0.001 ***	< 1e-04 ***
	(-)AMP (warm) - V91 (kalt)	0.02058 *	< 1e-04 ***
	(-)AMP (warm) - 49 (kalt)	< 0.001 ***	< 1e-04 ***
	(-)AMP (warm) - 510 (kalt)	< 0.001 ***	< 1e-04 ***
	(-)AMP (warm) - (-)AMP (kalt)	0.01943 *	0.00488 ***
	(-)AMP (warm) - BEG 29 (warm)	0.35096	0.02819 *
	(-)AMP (warm) - BEG 31 (warm)	0.43954	0.00229 **
	(-)AMP (warm) - BEG 48 (warm)	0.79980	0.28189
	(-)AMP (warm) - BEG 104 (warm)	0.00142 **	< 0.001 ***
	(-)AMP (warm) - V91 (warm)	0.86666	0.72417
	(-)AMP (warm) - 49 (warm)	0.62094	0.12158
	(-)AMP (warm) - 510 (warm)	0.07236	0.03381 *
	(-)AMP (kalt) - BEG 29 (kalt)	0.991	0.3815
	(-)AMP (kalt) - BEG 31 (kalt)	0.979	0.9737
	(-)AMP (kalt) - BEG 48 (kalt)	1.000	0.6102
	(-)AMP (kalt) - BEG 104 (kalt)	0.364	<0.001 ***
	(-)AMP (kalt) - V91 (kalt)	1.000	0.9934
	(-)AMP (kalt) - 49 (kalt)	0.302	0.9640
	(-)AMP (kalt) - 510 (kalt)	0.230	0.0149 *
	BEG 29 (warm) - BEG 29 (kalt)	0.5650	0.037215 *
	BEG 31 (warm) - BEG 31 (kalt)	0.4343	0.930392
	BEG 48 (warm) - BEG 48 (kalt)	0.7305	0.004346 **
	BEG 104 (warm) - BEG 104 (kalt)	0.8845	8.25e-05 ***
	V91 (warm) - V91 (kalt)	0.3840	0.011044 *
	49 (warm) - 49 (kalt)	0.0573	0.129769
	510 (warm) - 510 (kalt)	0.1653	4.73e-05 ***
	(-)AMP (warm) - BEG 29 (kalt)	0.38075	0.998
	(-)AMP (warm) - BEG 31 (kalt)	0.02497 *	0.211
	(-)AMP (warm) - BEG 48 (kalt)	0.08017	0.378
	(-)AMP (warm) - BEG 104 (kalt)	0.01432 *	0.140
(-)AMP (warm) - V91 (kalt)	0.21092	0.669	
(-)AMP (warm) - 49 (kalt)	0.00201 **	0.999	
(-)AMP (warm) - 510 (kalt)	< 0.001 ***	1.000	
(-)AMP (warm) - (-)AMP (kalt)	0.05679	0.450	
(-)AMP (warm) - BEG 29 (warm)	0.5736	0.9824	
(-)AMP (warm) - BEG 31 (warm)	0.4961	0.2183	
(-)AMP (warm) - BEG 48 (warm)	0.8646	1.0000	
(-)AMP (warm) - BEG 104 (warm)	0.0163 *	0.0951	
(-)AMP (warm) - V91 (warm)	0.8646	0.9824	
(-)AMP (warm) - 49 (warm)	0.9986	1.0000	
(-)AMP (warm) - 510 (warm)	0.0226 *	0.9965	
(-)AMP (kalt) - BEG 29 (kalt)	0.964	0.749	
(-)AMP (kalt) - BEG 31 (kalt)	0.999	0.999	
(-)AMP (kalt) - BEG 48 (kalt)	1.000	1.000	
(-)AMP (kalt) - BEG 104 (kalt)	0.998	<0.001 ***	
(-)AMP (kalt) - V91 (kalt)	0.998	1.000	
(-)AMP (kalt) - 49 (kalt)	0.588	0.199	
(-)AMP (kalt) - 510 (kalt)	0.571	0.661	
BEG 29 (warm) - BEG 29 (kalt)	1.0000	1.00000	
BEG 31 (warm) - BEG 31 (kalt)	0.8129	0.000738 ***	
BEG 48 (warm) - BEG 48 (kalt)	0.7454	0.621350	
BEG 104 (warm) - BEG 104 (kalt)	1.0000	1.00000	
V91 (warm) - BEG 144 (kalt)	0.9500	0.995245	
49 (warm) - 49 (kalt)	0.0348 *	0.996107	
510 (warm) - 510 (kalt)	0.9500	0.978786	
(-)AMP (warm) - BEG 29 (kalt)	0.9932	0.00138 **	
(-)AMP (warm) - BEG 31 (kalt)	0.0165 *	< 0.001 ***	
(-)AMP (warm) - BEG 48 (kalt)	1.0000	< 0.001 ***	
(-)AMP (warm) - BEG 104 (kalt)	1.0000	< 0.001 ***	
(-)AMP (warm) - V91 (kalt)	0.9995	< 0.001 ***	
(-)AMP (warm) - 49 (kalt)	0.9927	< 0.001 ***	
(-)AMP (warm) - 510 (kalt)	0.9134	< 0.001 ***	
(-)AMP (warm) - (-)AMP (kalt)	0.9948	< 0.001 ***	
(-)AMP (warm) - BEG 29 (warm)	0.0777	0.853	
(-)AMP (warm) - BEG 31 (warm)	0.9962	0.171	
(-)AMP (warm) - BEG 48 (warm)	0.0776	0.769	
(-)AMP (warm) - BEG 104 (warm)	0.9877	0.182	
(-)AMP (warm) - V91 (warm)	0.5901	0.973	
(-)AMP (warm) - 49 (warm)	0.6512	0.656	
(-)AMP (warm) - 510 (warm)	0.7205	0.799	
(-)AMP (kalt) - BEG 29 (kalt)	0.7491	0.2446	
(-)AMP (kalt) - BEG 31 (kalt)	0.0975	0.8188	
(-)AMP (kalt) - BEG 48 (kalt)	0.9615	0.9979	
(-)AMP (kalt) - BEG 104 (kalt)	0.9793	0.0931	
(-)AMP (kalt) - V91 (kalt)	1.0000	0.9998	
(-)AMP (kalt) - 49 (kalt)	0.7830	0.9977	
(-)AMP (kalt) - 510 (kalt)	0.4997	0.0931	
Länge Hauptspross	(-)AMP (warm) - BEG 29 (warm)	0.0777	0.853
	(-)AMP (warm) - BEG 31 (warm)	0.9962	0.171
	(-)AMP (warm) - BEG 48 (warm)	0.0776	0.769
	(-)AMP (warm) - BEG 104 (warm)	0.9877	0.182
	(-)AMP (warm) - V91 (warm)	0.5901	0.973
	(-)AMP (warm) - 49 (warm)	0.6512	0.656
	(-)AMP (warm) - 510 (warm)	0.7205	0.799
	(-)AMP (kalt) - BEG 29 (kalt)	0.7491	0.2446
	(-)AMP (kalt) - BEG 31 (kalt)	0.0975	0.8188
	(-)AMP (kalt) - BEG 48 (kalt)	0.9615	0.9979
	(-)AMP (kalt) - BEG 104 (kalt)	0.9793	0.0931
	(-)AMP (kalt) - V91 (kalt)	1.0000	0.9998
	(-)AMP (kalt) - 49 (kalt)	0.7830	0.9977
	(-)AMP (kalt) - 510 (kalt)	0.4997	0.0931

Parameter	Vergleich	Famous Dark Blue	Mitchell
Länge Hauptspross	BEG 29 (warm) - BEG 29 (kalt)	0.474	2.88e-05 ***
	BEG 31 (warm) - BEG 31 (kalt)	0.111	2.22e-09 ***
	BEG 48 (warm) - BEG 48 (kalt)	0.207	0.000707 ***
	BEG 104 (warm) - BEG 104 (kalt)	1.000	7.45e-09 ***
	V91 (warm) - BEG 144 (kalt)	0.474	2.22e-09 ***
	49 (warm) - 49 (kalt)	0.998	5.25e-05 ***
	510 (warm) - 510 (kalt)	1.000	1.04e-11 ***

Signifikanzcodes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05

Tabelle 36: Signifikanzen zu den Wachstumsparametern aus Petunien Screening III

Parameter	Vergleich	Fantasy Blue	Mitchell	Sweet Sunshine Williams
Sprossfrischgewicht	(-)AMP (warm) - BEG104 (kalt)	< 1e-09 ***	<1e-06 ***	<1e-04 ***
	(-)AMP (warm) - BEG29 (kalt)	< 1e-09 ***	<1e-06 ***	<1e-04 ***
	(-)AMP (warm) - BEG31 (kalt)	< 1e-09 ***	<1e-06 ***	<1e-04 ***
	(-)AMP (warm) - BEG 48 (kalt)	< 1e-09 ***	<1e-06 ***	<1e-04 ***
	(-)AMP (warm) - BEG 53 (kalt)	< 1e-09 ***	<1e-06 ***	<1e-04 ***
	(-)AMP (warm) - 49 (kalt)	1.2e-09 ***	<1e-06 ***	<1e-04 ***
	(-)AMP (warm) - 510 (kalt)	< 1e-09 ***	<1e-06 ***	<1e-04 ***
	(-)AMP (warm) - V91 (kalt)	< 1e-09 ***	<1e-06 ***	<1e-04 ***
	(-)AMP (warm) - (-)AMP (kalt)	< 1e-09 ***	<1e-06 ***	<1e-04 ***
	(-)AMP (kalt) - BEG104 (kalt)	0.0192 *	0.01505 *	0.595
	(-)AMP (kalt) - BEG29 (kalt)	1.0000	0.00128 **	1.000
	(-)AMP (kalt) - BEG31 (kalt)	1.0000	< 0.001 ***	0.755
	(-)AMP (kalt) - BEG 48 (kalt)	0.9994	0.46239	0.973
	(-)AMP (kalt) - BEG 53 (kalt)	1.0000	< 0.001 ***	0.985
	(-)AMP (kalt) - 49 (kalt)	0.1983	0.11133	0.986
	(-)AMP (kalt) - 510 (kalt)	0.2477	0.06297	0.934
	(-)AMP (kalt) - V91 (kalt)	0.9080	0.02696 *	1.000
Sprosstrockengewicht	(-)AMP (warm) - BEG104 (warm)	1.000	0.999	1.000
	(-)AMP (warm) - BEG29 (warm)	0.432	0.984	0.942
	(-)AMP (warm) - BEG31 (warm)	0.952	0.131	1.000
	(-)AMP (warm) - BEG 48 (warm)	1.000	0.963	1.000
	(-)AMP (warm) - BEG 53 (warm)	1.000	0.108	1.000
	(-)AMP (warm) - 49 (warm)	1.000	0.996	0.958
	(-)AMP (warm) - 510 (warm)	0.928	1.000	0.488
	(-)AMP (warm) - V91 (warm)	0.876	1.000	0.146
	BEG104 (warm) - BEG104 (kalt)	< 2e-16 ***	5.55e-15 ***	3.08e-10 ***
	BEG29 (warm) - BEG29 (kalt)	< 2e-16 ***	< 2e-16 ***	4.67e-09 ***
	BEG31 (warm) - BEG31 (kalt)	< 2e-16 ***	6.51e-13 ***	1.49e-10 ***
	BEG48 (warm) - BEG 48 (kalt)	1.11e-15 ***	2.42e-09 ***	8.50e-11 ***
	BEG53 (warm) - BEG 53 (kalt)	< 2e-16 ***	1.64e-11 ***	1.34e-08 ***
	49 (warm) - 49 (kalt)	5.43e-09 ***	3.03e-12 ***	1.02e-07 ***
	510 (warm) - 510 (kalt)	1.12e-12 ***	< 2e-16 ***	4.12e-09 ***
	V91 (warm) - V91 (kalt)	< 2e-16 ***	2.22e-15 ***	2.25e-13 ***
	(-)AMP (warm) - BEG104 (kalt)	<2e-16 ***	< 1e-04 ***	< 0.001 ***
(-)AMP (warm) - BEG29 (kalt)	<2e-16 ***	< 1e-04 ***	0.02529 *	
(-)AMP (warm) - BEG31 (kalt)	<2e-16 ***	< 1e-04 ***	< 0.001 ***	
(-)AMP (warm) - BEG 48 (kalt)	<2e-16 ***	< 1e-04 ***	< 0.001 ***	
(-)AMP (warm) - BEG 53 (kalt)	<2e-16 ***	< 1e-04 ***	< 0.001 ***	
(-)AMP (warm) - 49 (kalt)	<2e-16 ***	< 1e-04 ***	0.00937 **	
(-)AMP (warm) - 510 (kalt)	<2e-16 ***	< 1e-04 ***	0.00279 **	
(-)AMP (warm) - V91 (kalt)	<2e-16 ***	< 1e-04 ***	< 0.001 ***	
(-)AMP (warm) - (-)AMP (kalt)	<2e-16 ***	< 1e-04 ***	0.27749	
(-)AMP (kalt) - BEG104 (kalt)	0.0979	0.00145 **	0.3757	
(-)AMP (kalt) - BEG29 (kalt)	1.0000	0.00290 **	0.9581	
(-)AMP (kalt) - BEG31 (kalt)	1.0000	< 0.001 ***	0.0552	
(-)AMP (kalt) - BEG 48 (kalt)	0.9548	0.01993 *	0.0907	
(-)AMP (kalt) - BEG 53 (kalt)	0.9548	< 0.001 ***	0.2183	
(-)AMP (kalt) - 49 (kalt)	0.3558	0.25497	0.8149	
(-)AMP (kalt) - 510 (kalt)	0.1579	0.17068	0.5715	
(-)AMP (kalt) - V91 (kalt)	0.00172 **	0.06001	0.3652	
(-)AMP (warm) - BEG104 (warm)	1.00000	0.21464	0.959	
(-)AMP (warm) - BEG29 (warm)	1.00000	0.03999 *	1.000	
(-)AMP (warm) - BEG31 (warm)	0.98633	0.00353 **	1.000	
(-)AMP (warm) - BEG 48 (warm)	1.00000	0.20100	1.000	
(-)AMP (warm) - BEG 53 (warm)	0.99979	0.01525 *	1.000	
(-)AMP (warm) - 49 (warm)	1.00000	0.32044	1.000	
(-)AMP (warm) - 510 (warm)	1.00000	0.18162	0.995	
(-)AMP (warm) - V91 (warm)	1.00000	0.14716	0.976	
BEG104 (warm) - BEG104 (kalt)	<2e-16 ***	5.97e-07 ***	0.042836 *	
BEG29 (warm) - BEG29 (kalt)	<2e-16 ***	5.33e-05 ***	0.061528	
BEG31 (warm) - BEG31 (kalt)	<2e-16 ***	7.79e-05 ***	4.43e-05 ***	
BEG48 (warm) - BEG 48 (kalt)	<2e-16 ***	3.36e-05 ***	2.60e-05 ***	
BEG53 (warm) - BEG 53 (kalt)	<2e-16 ***	5.00e-06 ***	0.000144 ***	
49 (warm) - 49 (kalt)	<2e-16 ***	0.001062 **	0.027378 *	
510 (warm) - 510 (kalt)	<2e-16 ***	0.002089 **	0.000213 ***	
V91 (warm) - V91 (kalt)	<2e-16 ***	0.000384 ***	2.39e-05 ***	

Parameter	Vergleich	Fantasy Blue	Mitchell	Sweet Sunshine Williams
Länge Haupttrieb	(-)AMP (warm) - BEG104 (kalt)	<1e-10 ***	0.3844	0.1022
	(-)AMP (warm) - BEG29 (kalt)	<1e-10 ***	<0.001 ***	0.3277
	(-)AMP (warm) - BEG31 (kalt)	<1e-10 ***	0.1103	0.0225 *
	(-)AMP (warm) - BEG 48 (kalt)	<1e-10 ***	0.0107 *	0.2433
	(-)AMP (warm) - BEG 53 (kalt)	<1e-10 ***	0.2741	0.2435
	(-)AMP (warm) - 49 (kalt)	<1e-10 ***	0.0108 *	0.2075
	(-)AMP (warm) - 510 (kalt)	<1e-10 ***	0.0253 *	0.2834
	(-)AMP (warm) - V91 (kalt)	<1e-10 ***	0.0380 *	0.0557
	(-)AMP (warm) - (-)AMP (kalt)	<1e-10 ***	0.7353	0.2049
	(-)AMP (kalt) - BEG104 (kalt)	< 0.001 ***	0.999	1.000
	(-)AMP (kalt) - BEG29 (kalt)	< 0.001 ***	0.051	1.000
	(-)AMP (kalt) - BEG31 (kalt)	< 0.001 ***	0.867	0.983
	(-)AMP (kalt) - BEG 48 (kalt)	0.39661	0.303	1.000
	(-)AMP (kalt) - BEG 53 (kalt)	< 0.001 ***	0.986	1.000
	(-)AMP (kalt) - 49 (kalt)	0.00139 **	0.303	1.000
	(-)AMP (kalt) - 510 (kalt)	0.02691 *	0.477	1.000
	(-)AMP (kalt) - V91 (kalt)	< 0.001 ***	0.578	1.000
	(-)AMP (warm) - BEG104 (warm)	0.81906	0.802	1.000
	(-)AMP (warm) - BEG29 (warm)	0.01064 *	1.000	0.960
	(-)AMP (warm) - BEG31 (warm)	0.00398 **	0.474	0.139
	(-)AMP (warm) - BEG 48 (warm)	0.60688	0.824	0.999
	(-)AMP (warm) - BEG 53 (warm)	0.06096	1.000	0.995
	(-)AMP (warm) - 49 (warm)	0.81909	0.916	0.960
	(-)AMP (warm) - 510 (warm)	1.00000	0.963	1.000
	(-)AMP (warm) - V91 (warm)	0.23350	0.404	0.960
	BEG104 (warm) - BEG104 (kalt)	<2e-16 ***	0.99959	0.21016
	BEG29 (warm) - BEG29 (kalt)	<2e-16 ***	0.00216 **	0.05682
	BEG31 (warm) - BEG31 (kalt)	<2e-16 ***	0.99668	2.79e-06 ***
	BEG48 (warm) - BEG 48 (kalt)	<2e-16 ***	0.32405	0.11113
	BEG53 (warm) - BEG 53 (kalt)	<2e-16 ***	0.55759	0.81707
	49 (warm) - 49 (kalt)	<2e-16 ***	0.22429	0.02725 *
	510 (warm) - 510 (kalt)	<2e-16 ***	0.30218	0.16711
	V91 (warm) - V91 (kalt)	<2e-16 ***	0.96119	0.00392 **

Signifikanzcodes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05

Tabelle 37: Signifikanzen zu den Wachstumsparametern aus Petunien Screening IV

Parameter	Vergleich	Fantasy Blue	Mitchell	Sweet Sunshine Williams
Sprossfrischgewicht	(-)AMP (warm) - 36(s) (kalt)	< 1e-04 ***	<1e-05 ***	< 0.001 ***
	(-)AMP (warm) - 36(t) (kalt)	< 1e-04 ***	<1e-05 ***	0.00710 **
	(-)AMP (warm) - 139(s) (kalt)	0.000620 ***	<1e-05 ***	< 0.001 ***
	(-)AMP (warm) - 139(t) (kalt)	< 1e-04 ***	<1e-05 ***	< 0.001 ***
	(-)AMP (warm) - BEG 144 (kalt)	0.000493 ***	<1e-05 ***	0.00300 **
	(-)AMP (warm) - INOQ 1 (kalt)	< 1e-04 ***	<1e-05 ***	< 0.001 ***
	(-)AMP (warm) - INOQ 2 (kalt)	< 1e-04 ***	<1e-05 ***	< 0.001 ***
	(-)AMP (warm) - INOQ 3 (kalt)	< 1e-04 ***	<1e-05 ***	0.00202 **
	(-)AMP (warm) - (-)AMP (kalt)	< 1e-04 ***	<1e-05 ***	< 0.001 ***
	(-)AMP (kalt) - 36(s) (kalt)	0.0162 *	1.000	0.941
	(-)AMP (kalt) - 36(t) (kalt)	0.3151	1.000	0.572
	(-)AMP (kalt) - 139(s) (kalt)	<0.001 ***	1.000	1.000
	(-)AMP (kalt) - 139(t) (kalt)	0.0103 *	0.986	0.992
	(-)AMP (kalt) - BEG 144 (kalt)	<0.001 ***	0.817	0.761
	(-)AMP (kalt) - INOQ 1 (kalt)	0.3696	0.976	1.000
	(-)AMP (kalt) - INOQ 2 (kalt)	0.0177 *	0.955	0.997
	(-)AMP (kalt) - INOQ 3 (kalt)	0.9210	0.949	0.828
	(-)AMP (warm) - 36(s) (warm)	0.03156 *	0.999	0.658
	(-)AMP (warm) - 36(t) (warm)	0.00885 **	1.000	0.301
	(-)AMP (warm) - 139 (s) (warm)	0.00328 **	1.000	0.942
	(-)AMP (warm) - 139 (t) (warm)	0.84035	0.948	0.243
	(-)AMP (warm) - BEG 144 (warm)	0.00184 **	0.995	0.324
	(-)AMP (warm) - INOQ 1 (warm)	0.38607	1.000	0.993
	(-)AMP (warm) - INOQ 2 (warm)	0.54290	1.000	0.205
	(-)AMP (warm) - INOQ 3 (warm)	0.05375	0.881	0.020 *
	36(s) (warm) - 36(s) (kalt)	1.27e-13 ***	8.41e-12 ***	6.11e-07 ***
	36(t) (warm) - 36(t) (kalt)	< 2e-16 ***	3.40e-07 ***	1.95e-06 ***
	139(s) (warm) - 139(s) (kalt)	7.02e-13 ***	2.04e-08 ***	2.70e-07 ***
	139(t) (warm) - 139(t) (kalt)	1.88e-07 ***	4.31e-05 ***	7.79e-09 ***
	BEG144 (warm) - BEG 144 (kalt)	1.46e-13 ***	2.41e-07 ***	6.16e-07 ***
	INOQ 1 (warm) - INOQ 1 (kalt)	2.50e-13 ***	2.52e-09 ***	1.88e-05 ***
	INOQ 2 (warm) - INOQ 2 (kalt)	1.37e-09 ***	4.91e-11 ***	2.52e-09 ***
	INOQ 3 (warm) - INOQ 3 (kalt)	< 2e-16 ***	5.07e-09 ***	8.70e-10 ***

Parameter	Vergleich	Fantasy Blue	Mitchell	Sweet Sunshine Williams
	(-)AMP (warm) - 36(s) (kalt)	0.001618 **	< 1e-05 ***	0.0403 *
	(-)AMP (warm) - 36(t) (kalt)	< 1e-04 ***	< 1e-05 ***	0.2601
	(-)AMP (warm) - 139(s) (kalt)	0.000103 ***	< 1e-05 ***	0.0461 *
	(-)AMP (warm) - 139(t) (kalt)	< 1e-04 ***	< 1e-05 ***	0.1160
	(-)AMP (warm) - BEG 144 (kalt)	< 1e-04 ***	1.45e-05 ***	0.0714
	(-)AMP (warm) - INOQ 1 (kalt)	< 1e-04 ***	< 1e-05 ***	0.2367
	(-)AMP (warm) - INOQ 2 (kalt)	< 1e-04 ***	< 1e-05 ***	0.0915
	(-)AMP (warm) - INOQ 3 (kalt)	< 1e-04 ***	< 1e-05 ***	0.1404
	(-)AMP (warm) - (-)AMP (kalt)	< 1e-04 ***	< 1e-05 ***	0.0365 *
	(-)AMP (kalt) - 36(s) (kalt)	0.058	1.000	1.000
	(-)AMP (kalt) - 36(t) (kalt)	0.988	0.676	0.959
	(-)AMP (kalt) - 139(s) (kalt)	0.249	1.000	1.000
	(-)AMP (kalt) - 139(t) (kalt)	0.496	0.689	0.999
	(-)AMP (kalt) - BEG 144 (kalt)	0.309	0.534	1.000
	(-)AMP (kalt) - INOQ 1 (kalt)	0.999	0.998	0.990
	(-)AMP (kalt) - INOQ 2 (kalt)	0.604	1.000	1.000
Sprosstrockengewicht	(-)AMP (kalt) - INOQ 3(kalt)	1.000	0.934	0.997
	(-)AMP (warm) - 36(s) (warm)	0.2520	0.998	1.000
	(-)AMP (warm) - 36(t) (warm)	0.9934	1.000	1.000
	(-)AMP (warm) - 139 (s) (warm)	0.0218 *	0.997	1.000
	(-)AMP (warm) - 139 (t) (warm)	0.9999	1.000	0.621
	(-)AMP (warm) - BEG 144 (warm)	0.6536	1.000	0.842
	(-)AMP (warm) - INOQ 1(warm)	0.9999	1.000	1.000
	(-)AMP (warm) - INOQ 2 (warm)	0.9934	1.000	0.822
	(-)AMP (warm) - INOQ 3 (warm)	0.8850	0.998	0.331
	36(s) (warm) - 36(s) (kalt)	1.17e-07 ***	3.60e-12 ***	0.282087
	36(t) (warm) - 36(t) (kalt)	3.39e-09 ***	4.54e-06 ***	0.282087
	139(s) (warm) - 139(s) (kalt)	2.54e-12 ***	3.11e-07 ***	0.096201
	139(t) (warm) - 139(t) (kalt)	8.93e-06 ***	1.16e-06 ***	0.001600 **
	BEG144 (warm) - BEG 144 (kalt)	4.98e-08 ***	2.66e-06 ***	0.002510 **
	INOQ 1 (warm) - INOQ 1(kalt)	1.40e-06 ***	4.77e-08 ***	0.567446
	INOQ 2 (warm) - INOQ 2 (kalt)	0.000153 ***	8.45e-10 ***	0.003228 **
	INOQ 3 (warm) - INOQ 3 (kalt)	7.14e-07 ***	3.96e-11 ***	0.000621 ***
	(-)AMP (warm) - 36(s) (kalt)	< 1e-07 ***	0.06955	0.00109 **
	(-)AMP (warm) - 36(t) (kalt)	< 1e-07 ***	0.12301	0.29632
	(-)AMP (warm) - 139(s) (kalt)	< 1e-07 ***	0.00347 **	0.02435 *
	(-)AMP (warm) - 139(t) (kalt)	< 1e-07 ***	0.34056	0.01604 *
	(-)AMP (warm) - BEG 144 (kalt)	< 1e-07 ***	0.00611 **	0.42237
	(-)AMP (warm) - INOQ 1 (kalt)	< 1e-07 ***	0.03682 *	0.06916
	(-)AMP (warm) - INOQ 2 (kalt)	< 1e-07 ***	0.00603 **	0.03670 *
	(-)AMP (warm) - INOQ 3 (kalt)	< 1e-07 ***	0.03045 *	0.19773
	(-)AMP (warm) - (-)AMP (kalt)	1.18e-07 ***	0.00470 **	0.17091
	(-)AMP (kalt) - 36(s) (kalt)	1.0000	0.943	0.442
	(-)AMP (kalt) - 36(t) (kalt)	0.6086	0.829	1.000
	(-)AMP (kalt) - 139(s) (kalt)	0.8562	1.000	0.975
	(-)AMP (kalt) - 139(t) (kalt)	0.9387	0.467	0.937
	(-)AMP (kalt) - BEG 144 (kalt)	0.8563	1.000	0.999
	(-)AMP (kalt) - INOQ 1 (kalt)	0.8563	0.972	0.999
	(-)AMP (kalt) - INOQ 2 (kalt)	0.0818	1.000	0.993
Länge Haupttrieb	(-)AMP (kalt) - INOQ 3(kalt)	0.1247	0.995	1.000
	(-)AMP (warm) - 36(s) (warm)	0.3651	1.000	1.000
	(-)AMP (warm) - 36(t) (warm)	0.3649	1.000	1.000
	(-)AMP (warm) - 139 (s) (warm)	0.6147	0.992	1.000
	(-)AMP (warm) - 139 (t) (warm)	0.8869	0.972	0.439
	(-)AMP (warm) - BEG 144 (warm)	0.9973	0.921	0.874
	(-)AMP (warm) - INOQ 1(warm)	0.9996	1.000	1.000
	(-)AMP (warm) - INOQ 2 (warm)	0.0525	1.000	1.000
	(-)AMP (warm) - INOQ 3 (warm)	0.0189 *	0.943	0.287
	36(s) (warm) - 36(s) (kalt)	0.000467 ***	0.05544	0.000405 ***
	36(t) (warm) - 36(t) (kalt)	1.17e-06 ***	0.20530	0.269194
	139(s) (warm) - 139(s) (kalt)	1.17e-06 ***	0.05513	0.098912
	139(t) (warm) - 139(t) (kalt)	1.79e-06 ***	0.08233	2.2e-05 ***
	BEG144 (warm) - BEG 144 (kalt)	6.61e-09 ***	0.12889	0.055277
	INOQ 1 (warm) - INOQ 1(kalt)	1.10e-10 ***	0.09105	0.074115
	INOQ 2 (warm) - INOQ 2 (kalt)	4.42e-07 ***	0.01774 *	0.011887 *
	INOQ 3 (warm) - INOQ 3 (kalt)	7.53e-06 ***	0.28224	0.000841 ***

Signifikanzcodes: 0 **** 0.001 *** 0.01 ** 0.05 *

7.2 Anhang Einstellungen am GC-MS/MS

Tabelle 38: Einstellungen am GC

Injection:	1 μ l splittlose Injektion with 1 min pressure pulse at 24 psi, splitter opening 1:100 after 1min
Carrier gas:	He, 1ml min ⁻¹ , constant flow
Temperature program:	60 °C (1min) > 40 °C min ⁻¹ > 150 °C (6 min) > 20 °C min ⁻¹ > 250 °C (10min)
Transferline:	230°C
Column:	Phe-Sil Retention gap 10 m x 0,32 mm ID ZB-50 50 % Phenyl-50 % Dimethylpolysiloxane 30 m x 0,25 mm ID x 0,25 μ m film thickness

Tabelle 39: Einstellungen am MS

Technique:	CI-MRM, positive ion detection
Reactant gas:	methanol
Manifold:	60°C
Ion trap:	200°C
Axial modulation:	4 V
Scan Time:	0,4 s scan ⁻¹
Multiplier offset:	300 V
Emission current:	50 μ A
Maximum ionisation time:	2 ms
Maximum reaction time:	128 ms
Waveform:	resonant
<p>The analyts are indicated by following secondary ions (CI-MRM-MS/MS):</p> <p>JA m/z= 207 (²H)₆-JA m/z= 210+211+212+213 (M+H)⁺ Excitation amplitude: 0,3 V</p> <p>IAA m/z= 130 (²H)₂-IAA m/z= 132 (M+H)⁺ Excitation amplitude: 0,5 V</p> <p>ABA m/z= 229 (²H)₆-ABA m/z= 233+234 (M-H₂O+H)⁺ Excitation amplitude: 0,6 V</p>	

7.3 Wachstumsparameter der Petunien und Poinsettien für die Versuche mit physiologischen und molekularbiologischen Untersuchungen

Tabelle 40: AMP-Besiedlung (A.) der Petunie 'Mitchell' und (B.) der Poinsettien 'Christmas Eve' und 'Christmas Spirit' vor Temperaturabsenkung in der Untersuchung des Kohlenhydratmetabolismus

(A.)		AMP-Isolate		
Sorte	AMP-Besiedlung	(-) AMP	BEG 53	BEG 144
Petunie 'Mitchell'	M_F	0	64,0	21,1
		± 0	$\pm 13,4$	$\pm 6,0$
	M_I	1,0	1,73	1,2
		± 0	$\pm 1,22$	$\pm 0,1$
(B.)		AMP-Isolate		
Sorte	AMP-Besiedlung	(-) AMP	139(k)	
'Christmas Eve'	M_F	0	59,2	
		± 0	$\pm 18,0$	
	M_I	1,0	1,7	
		± 0	$\pm 0,3$	
'Christmas Spirit'	M_F	0	70,0	
		± 0	$\pm 14,6$	
	M_I	1,0	1,8	
		± 0	$\pm 0,2$	

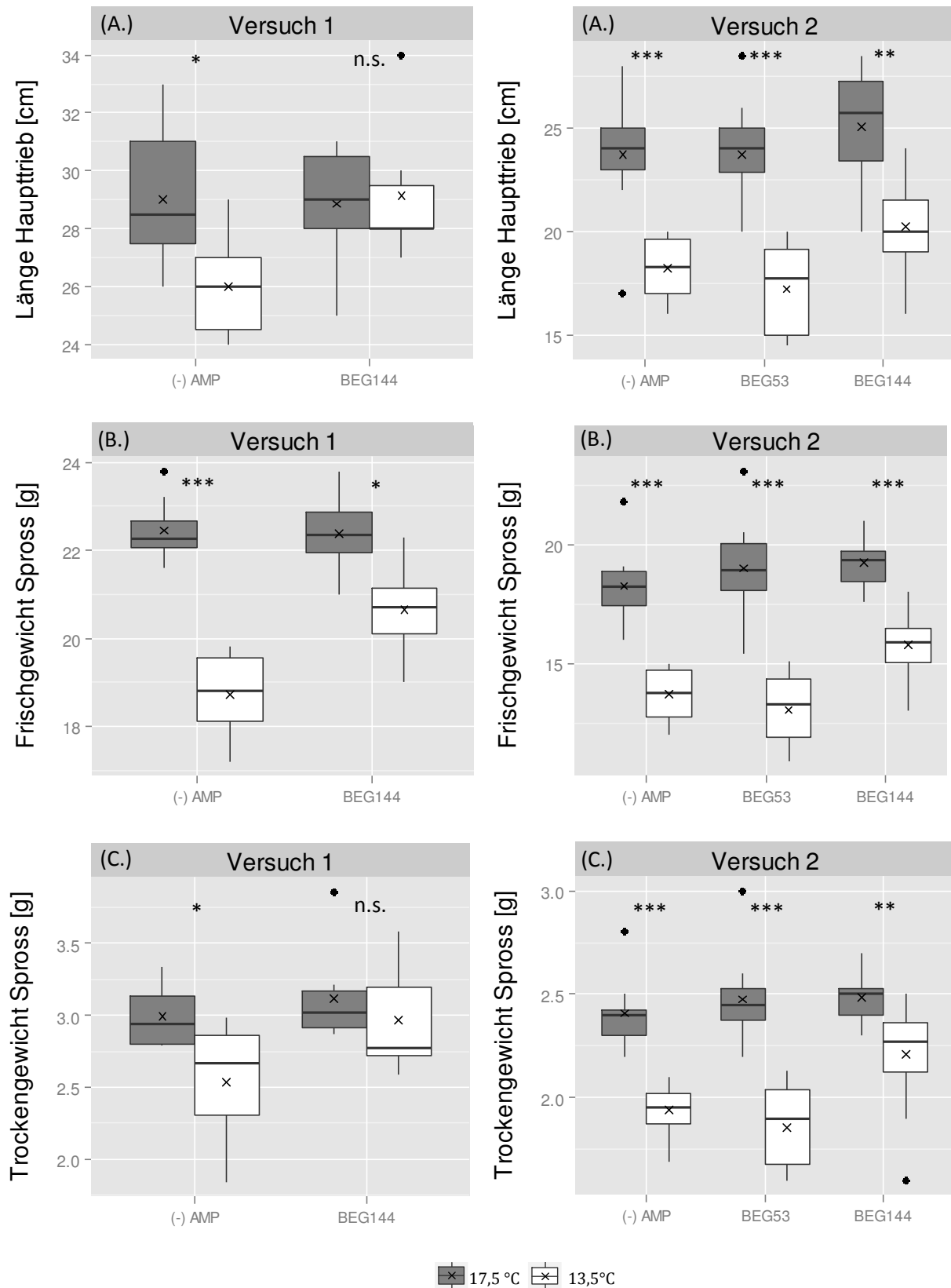


Abbildung 36: Einfluss der reduzierten Temperatur auf das Wachstum der Petunie 'Mitchell' in dem Versuch zur Hormonanalytik und Transkriptomanalyse (Versuch 1) sowie zum Kohlenhydratmetabolismus (Versuch 2). (A.) Länge des Hauptsprosses (B.) Frischgewicht, (C.) Trockengewicht pro Petunie nach 4 Wochen unter Klimakammerbedingungen bei 17,5 bzw. 13,5 °C. AMP-Varianten: (-) AMP mykorrhizafreie Kontrolle und mit Isolat BEG 53 bzw. 144 mykorrhizierter Petunien (n=10; GLM, MCP, Signifikanzcodes: '****' < 0,001 '***' < 0,01 '*' < 0,05; n.s. = nicht signifikant; x = arithmetisches Mittel)

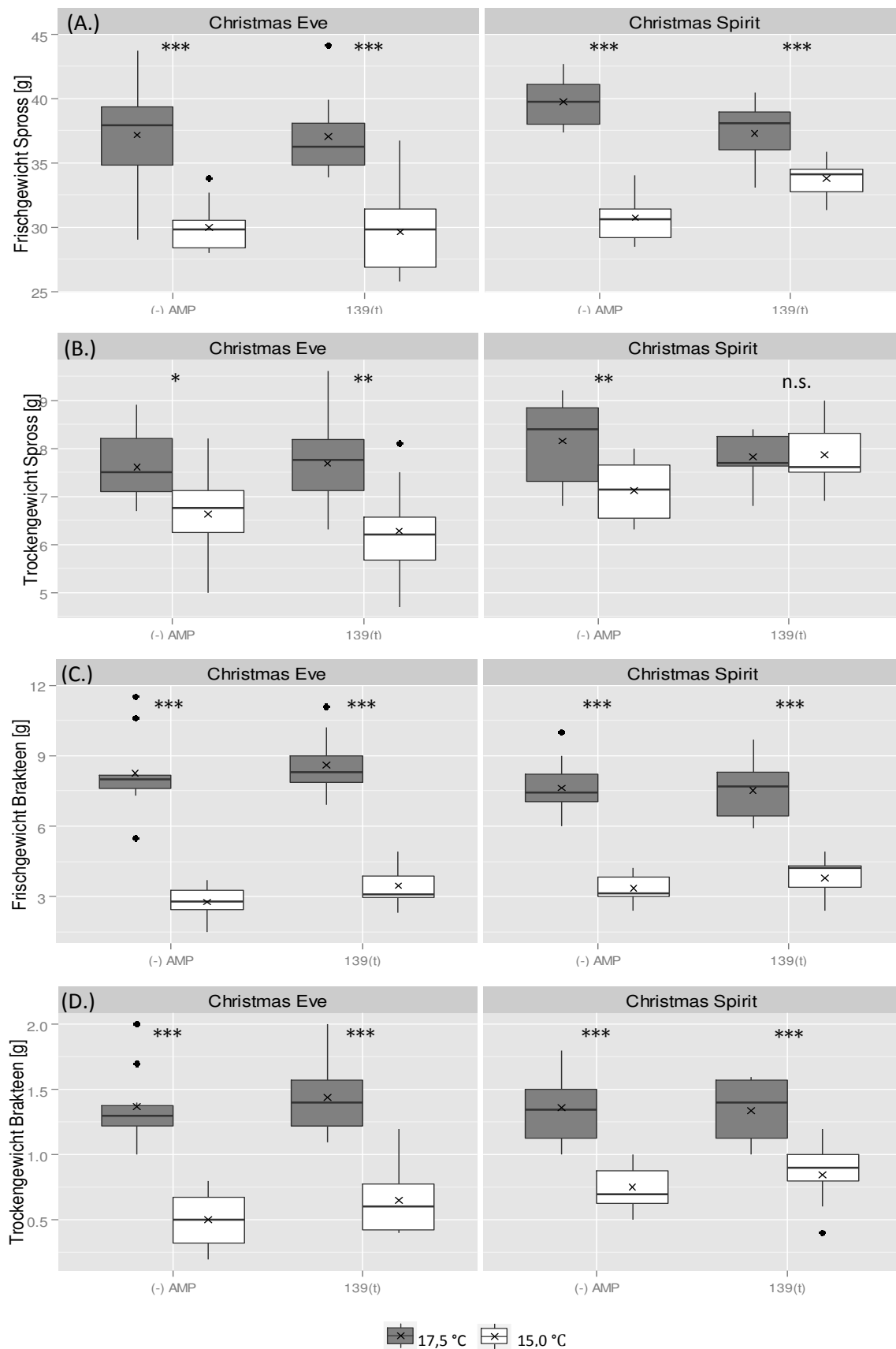


Abbildung 37: Einfluss der reduzierten Temperatur auf das Wachstum der Poinsettie 'Christmas Eve' und 'Christmas Spirit' in der Untersuchung zum Kohlenhydratmetabolismus. Sprossfrisch- (A.), Sprosstrocken- (B.) und Brakteenfrischgewicht (C.) 56 Tage nach Temperaturdifferenzierung (15,0 bzw. 17,5 °C). AMP-Varianten: (-) AMP mykorrhizafreie Kontrolle und mit Isolat 139(t) mykorrhizierte Poinsettien (n=6; GLM, MCP, Signifikanzcodes: *** $< 0,001$ ** $< 0,01$ * $< 0,05$; n.s. = nicht signifikant; x = arithmetisches Mittel)

7.4 Microarray-Analyse: Anzahl der Gene des Petunien Multi-Plex Microarray und ihre Zuordnung zu verschiedenen Funktionsklassen

Tabelle 41: Anzahl an Genen der verschiedenen Funktionsklassen des Petunien Multi-Plex Microarray nach AHKAMI et al. 2014

Functional Class	Number of genes
Ia. Cell wall	627
Ib. Storage	114
II. Cytoskeleton	330
IIIa. Membrane transport	667
IIIb. Mineral nutrient responsive and aquisition	221
IVa. Membrane constituents (phospholipids, sterols etc.)	237
IVb. Vesicular trafficking secretion and protein sorting	647
Va. C1-C12 metabolism	582
Vb. Mitochondrial electron transport	138
Vc. Lipid metabolism	337
Vd. Amino acid and N metabolism	414
Ve. Chloroplast, Photosynthesis, Calvin cycle	243
Vf. Nucleotide metabolism	152
Vg. Antioxidative metabolism and Redox state	396
VIa. Secondary metabolism	851
VIb1. Auxin metabolism and perception	166
VIb2. Cytokinin metabolism and perception	15
VIb3. Abscisic acid metabolism and perception	52
VIb4. Gibberellin metabolism and perception	47
VIb5. Ethylene metabolism and perception	119
VIb6. Jasmonate metabolism and perception	36
VIb7. Salicylic acid metabolism and perception	11
VIb8. Brassinosteroid metabolism and perception	43
VII. Chromatin and DNA metabolism	463
VIII. Gene expression and RNA metabolism	1683
IX. Protein synthesis, processing and degradation	2229
X. Signalling	1728
XI. Cell cycle	174
XIIa. Biotic stimuli	312
XIIb. Abiotic stimuli	293
XIIc. Development and tissue specific	185
XIId. Miscellaneous	1257
XIIe. Unknown	2513
XIII. No homology	7534
Sum	24816

7.5 Übersicht signifikant regulierter Gene aus der Microarray-Analyse

Tabelle 42: Expressionsraten für die signifikant regulierten Gene durch die AM-Symbiose mit BEG 144 im Blatt von *Petunia x hybrida* 'Mitchell'. Probetermin: Tag 7 bzw. 21 nach Temperaturdifferenzierung; Homologie: Übereinstimmung zu Sequenzen in öffentlichen Datenbanken mit pflanzlicher und unbekannter Herkunft. Zugrunde liegt der Vergleich zwischen BEG 144 mykorrhizierten (17,5 °C) und mykorrhizafreien Kontrollen (17,5°C).

Sequenz-ID und Funktionsklasse	Funktion	Homologie	Tag	BEG144 13,5 °C	BEG144 17,5 °C	(-) AMP 13,5 °C	(-) AMP 17,5 °C
Ia. Cell wall							
cn3477	hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	plant	7	18.2	14.8	12.2	119.9
SG_SGN-U209721	pectinesterase	plant	7	36.6	28.8	10.3	11.7
Ib. Storage							
cn8800	alpha-1,4-glucan-protein synthase	plant	21	49.9	18.0	46.0	57.0
IIIb. Mineral nutrient responsive and acquisition							
cn8619	high affinity nitrate transporter	plant	21	6.4	56.8	4.6	5.5
Vc. Lipid metabolism							
IP_PHBS010M12u	GDLS-motif lipase	plant	7	215.0	55.1	180.5	27.8
Ve. Chloroplast, Photosynthesis, Calvin cycle							
cn518	plastocyanin	plant	21	42.4	13.1	36.9	6.0
cn5788	plastocyanin-like domain-containing protein	Plant	21	37.7	7.0	35.8	20.0
Vf. Nucleotide metabolism							
SG_SGN-U209022	inosine-uridine preferring nucleoside hydrolase	plant	21	10.5	12.8	19.2	6.0
Vg. Antioxidative metabolism and Redox state							
cn6021	peroxidase	plant	7	42.4	19.8	55.5	8.6
cn7194	hemoglobin non-symbiotic	plant	7	19.3	13.2	17.5	5.8
Via. Secondary metabolism							
cn8213	Reticuline oxidase	plant	21	99.8	161.9	146.0	82.8
GO_drpoolB-CL4036Contig1	leucoanthocyanidin dioxygenase	plant	21	5.9	62.5	2.7	9.6
cn3115	CER1 protein	plant	7	39.1	22.2	67.1	64.4
cn7166	O-methyltransferase family 2 protein	plant	7	2.8	8.2	2.9	2.8
GO_drpoolB-CL7517Contig1	laccase	plant	7	2.5	13.6	2.5	2.5
Vib1. Auxin metabolism and perception							
IP_PHBS010D15u	SAUR family protein	plant	21	3.0	2.5	2.5	38.8
VII. Chromatin and DNA metabolism							
cn7810	high mobility group (HMG1/2) family protein	plant	21	21.4	4.7	5.7	9.2
cn7850	endonuclease/exonuclease/phosphatase	plant	21	32.3	19.9	14.1	9.0
VIII. Gene expression and RNA metabolism							
cn5718	LOB domain-containing protein	plant	21	59.0	109.4	26.4	45.4
cn8116	NAC domain protein	plant	21	51.2	39.3	42.4	10.2
cn3313	nam-like protein 17	plant	7	28.1	17.8	26.8	81.5
GI_NP1240038	zinc finger (C2H2 type) family transcription factor	plant	7	7.5	24.4	6.8	9.6
IX. Protein synthesis, processing and degradation							
cn1923	aspartic protease	plant	21	46.3	19.6	51.9	41.9
cn4253	kelch repeat-containing F-box family protein	plant	21	512.6	177.7	671.1	356.2
cn6661	ubiquitin-protein ligase	plant	21	21.1	108.0	23.7	21.0
cn9178	aspartyl protease	plant	21	12.8	65.6	12.6	33.6
GO_dr004P0016N17_F_ab1	chloroplast / 60 kDa chaperonin alpha subunit	plant	21	36.6	22.4	21.8	58.4
X. Signalling							
cn8870	calmodulin	plant	21	48.3	52.2	47.3	219.1
DC243397_1	phosphoinositide 3-phosphatase	plant	21	2.4	2.4	2.4	9.6
GO_dr001P0002G04_F_ab1	two-component system sensor histidine kinase/response regulator	plant	21	29.1	3.5	37.7	23.8
SG_SGN-U210584	calcium-binding EF hand family protein	plant	21	16.7	5.8	22.8	24.1
cn2135	CBL-interacting serine/threonine-protein kinase	plant	7	55.9	33.8	66.6	91.2
XI. Cell cycle							
SG_SGN-U211239	cyclin-related	plant	7	23.4	5.9	25.6	13.4

Fortsetzung Tabelle 42							
Sequenz-ID und Funktionsklasse	Funktion	Homologie	Tag	BEG144 13,5 °C	BEG144 17,5 °C	(-) AMP 13,5 °C	(-) AMP 17,5 °C
XIIa. Biotic stimuli							
cn2005	thaumatin	plant	21	28.5	76.1	24.5	33.8
GO_drpoolB-CL4736Contig1	disease resistance protein	plant	7	32.2	18.5	28.0	47.4
XIIb. Abiotic stimuli							
cn450	NEC1	plant	21	2.6	25.2	10.9	2.7
XIIc. Development and tissue specific							
cn5692	petunia germinating pollen S/D3	plant	21	42.2	55.6	48.3	23.1
cn6483	unfertilized embryo sac	plant	7	4.7	45.2	6.1	12.8
XIId. Miscellaneous							
cn7256	kinase interacting family prot.	plant	21	19.2	14.2	23.6	7.2
GO_drs13P0001F07_F_ab1	cytochrome P450 hydroxylase	plant	21	2.6	10.1	2.7	2.7
XIIE. Unknown							
IP_PHBS013A14u	predicted protein	plant	7	19.2	19.2	20.4	7.8
cn7928	predicted protein	plant	21	27.5	6.5	30.1	15.9
GO_drpoolB-CL1499Contig1	predicted protein	plant	21	54.5	5.7	64.6	17.5
IP_PHBS010K19u	predicted protein	plant	21	377.4	114.1	409.8	263.7
XIII. No homology							
cn7328	unknown	unknown	7	3.0	2.7	3.3	39.9
cn7555	unknown	unknown	7	5.4	10.1	4.5	4.3
DC240968_1	unknown	unknown	7	3.8	59.2	2.8	2.7
DC242190_1	unknown	unknown	7	8.1	3.7	8.9	14.5
DY396178_1	unknown	unknown	7	7.0	22.6	7.5	7.7
IP_PHBS009022u	unknown	unknown	7	16.1	14.9	23.3	3.5
IP_PHBS010D08u	unknown	unknown	7	53.6	18.9	73.0	85.1
IP_PHBS013H01u	unknown	unknown	7	63.7	153.3	62.3	73.3
SG_SGN-U210491	unknown	unknown	7	2.7	2.7	2.8	12.1
SG_SGN-U210933	unknown	unknown	7	10.5	49.3	3.6	17.1
cn1907	unknown	unknown	7	61.1	35.5	70.7	74.7
cn3462	unknown	unknown	7	177.9	535.0	105.3	245.7
cn3611	unknown	unknown	7	2.6	102.0	3.1	2.6
cn7678	unknown	unknown	21	3.0	2.7	2.7	41.7
cn8064	unknown	unknown	21	20.2	4.0	27.9	22.0
cn8713	unknown	unknown	21	61.1	79.7	50.5	32.5
CV295307_1	unknown	unknown	21	19.7	5.0	34.6	30.9
DC240181_1	unknown	unknown	21	17.2	67.2	8.6	8.4
EB174944_1	unknown	unknown	21	24.7	36.9	27.2	6.9
GO_drpoolB-CL1519Contig1	unknown	unknown	21	22.6	13.8	29.3	78.6
GO_drpoolB-CL1997Contig1	unknown	unknown	21	45.6	120.6	70.4	57.7
GO_drpoolB-CL3349Contig1	unknown	unknown	21	19.9	4.1	20.9	16.8
GO_drpoolB-CL6075Contig1	unknown	unknown	21	43.6	9.6	76.8	18.9
GO_drpoolB-CL6716Contig1	unknown	unknown	21	41.7	11.6	45.6	50.5
GO_drpoolB-CL679Contig1	unknown	unknown	21	2.6	4.7	4.4	28.1
IP_PHBS002N19u	unknown	unknown	21	8.8	3.6	3.4	213.3
IP_PHBS004N11u	unknown	unknown	21	3.5	122.7	4.0	3.2
IP_PHBS011H21u	unknown	unknown	21	5.9	42.1	3.7	2.9
IP_PHBS012O18u	unknown	unknown	21	5.2	8.4	9.3	3.4
cn1783	unknown	unknown	21	225.7	35.7	162.2	79.9
cn3090	unknown	unknown	21	5.3	2.7	3.5	10.5
cn3755	unknown	unknown	21	27.8	6.5	22.8	27.3
cn5302	unknown	unknown	21	55.1	15.0	76.0	41.8
cn5592	unknown	unknown	21	58.4	12.5	68.2	24.2
cn6067	unknown	unknown	21	12.2	12.4	14.4	37.7
cn7102	unknown	unknown	21	16.7	4.8	16.6	15.3

Tabelle 43: Expressionsraten für die signifikant regulierten Gene durch die AM-Symbiose mit BEG 144 in der Wurzel von *Petunia x hybrida* 'Mitchell'. Probetermin: Tag 7 bzw. 21 nach Temperaturdifferenzierung; Ü: Übereinstimmung zu AM-regulierten Genen in *Petunie* (P) aus BREULLIN et al. 2010. Homologie: Übereinstimmung zu Sequenzen in öffentlichen Datenbanken mit pflanzlicher und unbekannter Herkunft. Zugrunde liegt der Vergleich zwischen BEG 144 mykorrhizierten (17,5 °C) und mykorrhizafreien Kontrollen (17,5 °C).

Sequenz-ID und Funktionsklasse	Funktion	Ü	Homologie	Tag	BEG144 13,5 °C	BEG144 17,5 °C	(-) AMP 13,5 °C	(-) AMP 17,5 °C
Ia. Cell wall								
cn10409	Pectate lyase family protein		plant	21	4.2	17.8	4.6	4.1
cn1085	Fasciclin-like arabinogalactan protein		plant	7	63.4	90.5	19.9	4.0
			plant	21	15.3	44.2	3.8	3.2
cn1840	Pectinesterase	P	plant	7	1862.2	3321.8	658.6	59.1
			plant	21	855.4	1399.7	11.0	7.8
cn4989	α -N-acetylglucosaminidase family		plant	7	203.1	184.7	115.0	53.8
Ib. Storage								
cn2073	11S globulin		plant	21	12.2	32.3	5.1	11.0
IIIa. Membrane transport								
cn3263	PDR-like ABC transporter		plant	7	41.0	58.5	23.3	13.2
GO_drpoolB-CL7288Contig1	PDR-type ABC transporter		plant	7	67.3	82.8	41.3	4.8
			plant	21	39.4	86.4	2.7	3.2
GO_drpoolB-CL9410Contig1	NOD26-like intrinsic protein		plant	7	672.6	983.8	372.8	179.2
			plant	21	501.6	653.7	185.2	93.6
IIIb. Mineral nutrient responsive and aquisition								
cn3085	Phosphate-responsive protein		plant	7	260.3	215.2	329.5	469.0
			plant	21	277.1	222.6	206.0	459.7
cn3087	Phosphate-responsive protein		plant	21	819.7	632.7	566.0	1334.0
Iva. Membrane constituents (phospholipids, sterols etc.)								
GO_drpoolB-CL5223Contig1	N-(long-chain-acyl) ethanolamine deacylase		plant	7	113.8	141.9	146.3	57.0
Ivb. Vesicular trafficking secretion and protein sorting								
GO_dr001P0003j03_F_ab1	Plant basic secretory protein (BSP) family protein		plant	7	144.1	231.4	71.0	48.1
Va. C1-C12 metabolism								
cn6309	Fructokinase		plant	7	17.1	27.2	6.6	2.8
			plant	21	9.2	14.3	3.3	3.3
cn9420	Invertase inhibitor		plant	7	519.0	538.0	255.7	302.9
GO_dr004P0013M19_F_ab1	Aldo/keto reductase		plant	21	8.2	19.8	4.1	4.5
GO_drpoolB-CL1456Contig1	Short-chain dehydrogease/reductase (SDR) family protein		plant	7	558.7	505.7	312.7	129.9
Vc. Lipid metabolism								
cn4070	Acyl carrier protein	P	plant	7	604.0	970.4	279.7	62.4
		P	plant	21	327.1	422.2	68.2	35.0
cn4071	Acyl carrier protein	P	plant	7	105.6	171.1	86.6	11.9
		P	plant	21	62.2	73.1	15.1	11.1
cn5471	Glycerol-3-phosphate dehydrogenase	P	plant	7	85.2	95.1	61.2	31.4
		P	plant	21	50.4	66.8	20.9	27.5
cn8693	GDSL-motif lipase/hydrolase family protein	P	plant	7	126.3	225.8	42.9	7.9
		P	plant	21	54.6	66.2	6.5	8.4
DC241366_1			plant	21	3.1	31.3	2.7	3.4
GO_dr004P0004L18_F_ab1	Glycerol-3-phosphate dehydrogenase		plant	7	228.7	326.1	182.2	80.2
			plant	21	146.2	164.5	64.4	49.3
GO_drpoolB-CL2127Contig1	Triacylglycerol lipase		plant	7	58.1	122.9	29.6	6.9
			plant	21	34.0	126.9	3.1	7.2
GO_drpoolB-CL7060Contig1	Acyl carrier protein		plant	7	249.7	465.8	94.4	23.7
Vd. Amino acid and N metabolism								
cn5684	Glutamate decarboxylase		plant	7	2.7	3.7	4.0	9.9
GO_dr004P0015D19_F_ab1	Gamma-glutamyl-gamma-aminobutyrate hydrolase		plant	7	26.1	20.2	5.9	4.1
			plant	21	24.5	75.7	4.5	4.8
Ve. Chloroplast, Photosynthesis, Calvin cycle								
GO_drpoolB-CL749Contig1	RuBisCO small subunit		plant	7	224.9	388.3	128.0	73.7
Vg. Antioxidative metabolism and Redox state								
cn8393	Glutathione-S-transferase	P	plant	7	14.6	22.3	7.3	3.4
GO_drpoolB-CL1481Contig1	Peroxidase		plant	7	213.7	280.6	63.4	6.3
			plant	21	39.5	74.5	7.0	6.4
GO_drpoolB-CL5846Contig1	Haem peroxidase		plant	7	64.6	89.8	23.4	5.6
			plant	21	15.5	22.9	2.4	2.5
Via. Secondary metabolism								
EB175059_1	Isoflavonoid glucosyltransferase		plant	7	147.6	191.1	94.4	84.1

Fortsetzung Tabelle 43								
Sequenz-ID und Funktionsklasse	Funktion	Ü	Homologie	Tag	BEG144 13,5 °C	BEG144 17,5 °C	(-) AMP 13,5 °C	(-) AMP 17,5 °C
EB175059_1	Isoflavonoid glucosyltransferase		plant	21	169.3	183.9	109.7	78.7
GO_dr001P0002D01_F_ab1	Triterpene carboxylic acid glucosyltransferase		plant	7	252.2	366.0	144.8	97.2
			plant	21	152.0	145.6	121.9	48.6
GO_dr001P0019P22_F_ab1	Phenylacetaldehyde synthase		plant	7	71.2	76.4	101.8	29.4
GO_drpoolB-CL1028Contig1	Geranylgeranyl pyrophosphate synthase (GGPP synthetase)		plant	7	547.8	519.1	337.3	222.5
GO_drpoolB-CL1919Contig1			plant	7	2863.0	2399.0	1865.2	1034.5
GO_drpoolB-CL6062Contig1	Anthranilate N-benzoyltransferase		plant	7	31.5	52.9	15.8	2.5
			plant	21	18.0	50.9	2.7	2.9
GO_drpoolB-CL8604Contig1	Terpenoid cyclase		plant	21	29.8	37.0	32.2	6.5
GO_drpoolB-CL8749Contig1	Phytoene synthase		plant	21	314.8	152.3	261.3	35.2
IP_PHBS009B23u	UDP-glycosyltransferase		plant	7	107.0	139.3	48.4	63.8
Vib1. Auxin metabolism and perception								
cn5291	Indole-3-acetic acid-amido synthetase GH3	P	plant	7	87.3	157.9	30.3	66.5
GO_drpoolB-CL42Contig2			plant	7	700.7	1427.4	193.4	518.9
Vib4. Gibberellin metabolism and perception								
GO_dr001P0012B11_F_ab1	DELLA protein		plant	21	24.7	55.8	22.9	17.6
Vib5. Ethylene metabolism and perception								
GO_dr004P0024N21_F_ab1	Ethylene-responsive trans. factor		plant	7	315.4	147.2	246.6	343.5
VII. Chromatin and DNA metabolism								
GO_dr001P0014D10_F_ab1	GCN5-related N-acetyltransferase		plant	7	22.7	22.9	14.4	7.3
VIII. Gene expression and RNA metabolism								
cn3056	YABBY-like transcription factor		plant	21	2.8	58.3	3.0	3.4
DC239792_1	Tuber-specific and sucrose-responsive Myb transcription factor		plant	21	321.2	300.9	433.5	657.2
DC242984_1	GRAS family transcription factor		plant	7	15.3	26.2	4.9	2.9
GI_NP1240277	S3L-RNase		plant	21	2.8	6.1	2.8	2.9
GO_dr001P0020D11_F_ab1	NAC domain containing protein transcription factor		plant	7	31.2	50.1	16.9	20.7
GO_dr004P0016M21_F_ab1	GATA transcription factor		plant	21	352.1	622.7	276.5	280.5
SG_SGN-U209955	Transcription factor E2F		plant	7	5.2	3.3	6.1	8.3
VE_cinninnata	TCP family transcription factor		plant	7	47.6	92.4	7.6	9.7
X. Signalling								
cn6781	Phospholipase C	P	plant	7	33.6	56.9	20.0	11.1
cn7273	Serine-threonine protein kinase		plant	7	818.4	1108.2	449.5	482.0
cn8547	Rhcadhesin receptor	P	plant	7	614.1	845.6	186.3	11.0
		P	plant	21	77.7	191.2	3.7	4.3
cn8870	Calmodulin		plant	7	368.4	368.9	654.5	851.3
cn8971	Vacuolar cation/proton exchanger		plant	7	812.0	871.3	1643.7	2414.2
GO_drpoolB-CL2042Contig1	Rhcadhesin receptor		plant	7	9.9	67.0	5.3	3.7
			plant	21	4.8	52.9	3.8	2.9
GO_drpoolB-CL5021Contig1	Serine/threonine-protein kinase		plant	7	33.1	59.0	17.3	2.8
			plant	21	13.3	30.9	2.5	2.8
GO_drpoolB-CL8242Contig1	Vacuolar cation/proton exchanger		plant	7	1903.7	2209.7	3359.6	4994.0
VIII. Gene expression and RNA metabolism								
GO_dr004P0016M21_F_ab1	GATA transcription factor		plant	21	352.1	622.7	276.5	280.5
SG_SGN-U209955	Transcription factor E2F		plant	7	5.2	3.3	6.1	8.3
VE_cinninnata	TCP family transcription factor		plant	7	47.6	92.4	7.6	9.7
IX. Protein synthesis, processing and degradation								
cn1621	Cysteine protease	P	plant	7	358.3	855.5	105.2	6.8
		P	plant	21	192.3	751.2	9.3	7.8
cn1622	Cysteine protease		plant	7	825.3	1930.4	365.9	208.4
			plant	21	562.9	1546.3	238.4	198.4
cn1836	Cysteine protease	P	plant	7	515.7	1263.6	191.1	15.2
		P	plant	21	292.6	1355.0	15.5	15.5
cn3534	Beta-mannosidase		plant	7	702.6	462.5	545.8	175.4
cn384	Cysteine protease (Vacuolar processing enzyme gamma)	P	plant	7	1760.7	3252.5	714.1	169.4
		P	plant	21	831.9	1778.0	201.2	144.8
cn4501	Beta-hexosaminidase	P	plant	7	926.1	1085.7	580.4	410.4
GO_drpoolB-CL17Contig4	Cysteine protease		plant	7	1176.0	3128.4	480.5	174.7
			plant	21	656.1	2349.1	268.0	175.7
GO_drpoolB-CL206Contig1	Xylem serine proteinase 1 precursor		plant	7	541.9	954.6	171.6	19.8
			plant	21	220.9	461.6	5.0	5.2
GO_drpoolB-CL3279Contig1	Serine carboxypeptidase		plant	7	852.1	1333.2	388.6	66.9
GO_drpoolB-CL3279Contig1	Serine carboxypeptidase		plant	21	338.8	574.8	126.2	39.9
GO_drpoolB-CL349Contig1	Cyclophilin		plant	21	166.9	281.2	7.1	2.8

Fortsetzung Tabelle 43								
Sequenz-ID und Funktionsklasse	Funktion	Ü	Homologie	Tag	BEG144 13,5 °C	BEG144 17,5 °C	(-) AMP 13,5 °C	(-) AMP 17,5 °C
GO_drpoolB-CL4672Contig1	Serine carboxypeptidase		plant	7	36.2	38.4	27.7	11.6
GO_drpoolB-CL6249Contig1	Cysteine protease		plant	7	13.0	29.1	29.5	3.2
			plant	21	6.4	31.3	3.4	3.4
GO_drpoolB-CL7249Contig1	Cysteine protease		plant	7	146.6	365.8	49.3	5.2
			plant	21	70.1	369.2	2.9	3.9
GO_drpoolB-CL8378Contig1	Cysteine protease		plant	7	1716.7	4201.2	541.9	33.9
			plant	21	846.2	3504.5	44.3	50.7
X. Signalling								
cn6781	Phospholipase C	P	plant	7	33.6	56.9	20.0	11.1
cn7273	Serine-threonine protein kinase		plant	7	818.4	1108.2	449.5	482.0
cn8547	Rhcadhesin receptor	P	plant	7	614.1	845.6	186.3	11.0
		P	plant	21	77.7	191.2	3.7	4.3
cn8870	Calmodulin		plant	7	368.4	368.9	654.5	851.3
cn8971	Vacuolar cation/proton exchanger		plant	7	812.0	871.3	1643.7	2414.2
GO_drpoolB-CL2042Contig1	Rhcadhesin receptor		plant	7	9.9	67.0	5.3	3.7
			plant	21	4.8	52.9	3.8	2.9
GO_drpoolB-CL5021Contig1	Serine/threonine-protein kinase		plant	7	33.1	59.0	17.3	2.8
			plant	21	13.3	30.9	2.5	2.8
GO_drpoolB-CL8242Contig1	Vacuolar cation/proton exchanger		plant	7	1903.7	2209.7	3359.6	4994.0
XIIa. Biotic stimuli								
cn8494	Osmotin-like protein		plant	7	25.6	32.8	9.9	2.6
			plant	21	16.5	74.7	2.6	2.7
cn8660	Acidic endochitinase	P	plant	7	136.6	307.2	132.2	5.8
		P	plant	21	86.6	289.2	28.6	4.9
GO_drpoolB-CL542Contig1	Chitinase 1 precursor		plant	7	173.8	368.7	90.4	9.5
			plant	21	118.5	387.6	17.3	11.0
XIIb. Abiotic stimuli								
cn1731	Heat shock protein 70		plant	7	11.8	15.1	8.8	56.3
GO_drpoolB-CL1202Contig2	Heat shock protein 70		plant	7	29.3	38.7	8.4	3.1
XIIc. Miscellaneous								
cn2309	Cytochrome P450		plant	7	56.8	50.8	75.0	150.7
cn338	Non-specific lipid transfer protein		plant	7	2.7	10.7	3.0	2.6
cn4201	Cytochrome P450		plant	7	48.0	44.8	63.3	134.9
cn8478	Copper ion binding / electron carrier	P	plant	7	1256.4	2181.5	405.6	29.7
		P	plant	21	416.7	870.8	4.5	6.5
EB174577_1	Cytochrome P450		plant	7	63.9	106.8	25.2	7.0
			plant	21	31.2	53.5	6.6	7.3
GO_dr004P0010P15_F_ab1	Cytochrome P450		plant	21	23.3	67.5	25.4	10.1
GO_dr004P0015J18_F_ab1	F-box family protein		plant	7	36.1	49.2	31.5	23.3
GO_dr004P0016N24_F_ab1	Flavin-containing monooxygenase		plant	21	73.8	254.0	49.2	43.3
GO_drpoolB-CL2432Contig1	Zinc finger protein		plant	7	5.3	6.0	2.5	2.5
GO_drpoolB-CL4119Contig1	AAA-type ATPase		plant	7	14.3	14.7	24.3	34.3
IP_PHBS011C21u	Oxidoreductase		plant	7	1670.4	1983.3	780.4	244.4
			plant	21	557.8	700.2	190.9	60.5
XIIe. Unknown								
cn10012	Predicted protein	P	plant	7	2567.9	3671.3	983.6	508.7
		P	plant	21	1161.6	1345.1	579.9	351.1
cn6487	Predicted protein		plant	7	23.6	74.8	16.8	10.5
cn7357	Predicted protein	P	plant	7	93.2	128.8	31.7	3.2
		P	plant	21	25.5	61.0	3.2	3.3
cn7560	Metal ion binding		plant	7	55.9	32.9	77.9	70.2
cn10012	Predicted protein	P	plant	7	2567.9	3671.3	983.6	508.7
		P	plant	21	1161.6	1345.1	579.9	351.1
cn6487	Predicted protein		plant	7	23.6	74.8	16.8	10.5
cn7357	Predicted protein	P	plant	7	93.2	128.8	31.7	3.2
		P	plant	21	25.5	61.0	3.2	3.3
cn7560	Metal ion binding		plant	7	55.9	32.9	77.9	70.2
DC239934_1	Predicted protein		plant	21	34.9	29.2	50.2	59.1
GO_dr001P0005J09_F_ab1	Predicted protein		plant	7	269.9	378.9	154.9	19.7
			plant	21	145.3	490.8	14.9	20.5
GO_dr001P0012J06_F_ab1	predicted protein		plant	7	64.4	53.8	47.3	10.7
			plant	21	33.5	24.7	19.0	7.6
GO_drpoolB-CL1144Contig1	predicted protein		plant	7	50.9	81.0	22.1	10.5
GO_drpoolB-CL1888Contig1	predicted protein		plant	7	67.3	38.5	32.2	9.8
GO_drpoolB-CL3572Contig1	predicted protein		plant	7	314.5	323.5	135.8	13.2
			plant	21	131.8	329.7	2.7	6.7

Fortsetzung Tabelle 43								
Sequenz-ID und Funktionsklasse	Funktion	Ü	Homologie	Tag	BEG144 13,5 °C	BEG144 17,5 °C	(-) AMP 13,5 °C	(-) AMP 17,5 °C
GO_drpoolB-CL4318Contig1	predicted protein		plant	7	619.2	760.4	249.7	61.6
			plant	21	173.2	264.6	50.5	24.5
GO_drpoolB-CL510Contig1	predicted protein		plant	7	161.8	310.4	58.1	6.4
			plant	21	61.2	143.0	2.8	3.0
GO_drpoolB-CL5444Contig1	predicted protein		plant	7	506.7	1205.7	203.6	13.7
			plant	21	319.1	950.0	13.3	15.2
XIII. No homology								
cn3050	unknown		unknown	7	8.2	6.7	11.6	26.4
cn4337	unknown		unknown	21	2.5	6.9	2.9	2.5
cn6869	unknown		unknown	7	36.3	58.0	10.9	10.4
			unknown	21	42.6	41.0	18.3	11.1
cn7298	unknown		unknown	7	190.6	324.3	80.6	25.0
			unknown	21	68.7	127.6	13.4	4.3
cn7338	unknown		unknown	7	366.3	398.9	624.6	999.7
cn7639	unknown		unknown	21	4.2	16.0	9.0	2.8
cn8178	unknown	P	unknown	7	308.0	261.3	498.1	581.4
		P	unknown	21	208.9	136.6	203.6	390.4
cn8280	unknown	P	unknown	7	270.4	324.2	76.3	18.0
		P	unknown	21	124.9	442.6	26.2	35.9
cn8290	unknown	P	unknown	7	601.0	961.5	188.7	6.2
		P	unknown	21	291.4	829.7	5.9	4.2
cn84	unknown		unknown	7	3.8	4.0	4.3	8.5
cn8403	unknown		unknown	21	6.0	15.3	3.7	4.0
cn8451	unknown	P	unknown	7	8.4	10.8	4.2	2.9
cn8482	unknown	P	unknown	7	989.1	680.0	591.6	248.6
cn8526	unknown	P	unknown	7	44.9	77.6	11.5	2.8
		P	unknown	21	26.0	70.4	2.9	2.6
cn8768	unknown	P	unknown	7	103.7	164.1	50.2	18.3
		P	unknown	21	97.7	262.2	16.1	27.7
cn9295	unknown	P	unknown	21	355.2	122.2	297.4	48.3
cn9633	unknown		unknown	21	5.0	2.9	6.7	6.8
DC242006_1	unknown		unknown	7	24.0	63.8	11.6	3.3
			unknown	21	16.3	57.8	3.7	4.1
DC242544_1	unknown		unknown	21	4.3	3.3	6.1	7.3
GO_dr004P0002F07_F_ab1	unknown		unknown	21	61.9	24.8	83.4	52.8
GO_drpoolB-CL1549Contig1	unknown		unknown	7	445.4	481.6	528.7	231.2
GO_drpoolB-CL192Contig1	unknown		unknown	7	114.2	195.6	32.5	3.1
			unknown	21	58.9	146.6	6.3	16.0
GO_drpoolB-CL1944Contig1	unknown		unknown	7	6068.2	6646.6	8254.7	3041.1
GO_drpoolB-CL2368Contig1	unknown		unknown	7	1314.0	1931.4	439.0	42.4
			unknown	21	224.4	705.5	47.0	63.7
GO_drpoolB-CL275Contig1	unknown		unknown	7	57.3	88.6	10.1	2.7
			unknown	21	35.9	109.6	2.6	2.7
GO_drpoolB-CL4267Contig1	unknown		unknown	21	1689.0	1437.3	2216.3	2999.8
GO_drpoolB-CL43Contig1	unknown		unknown	7	598.3	899.1	174.6	2.3
			unknown	21	283.3	900.2	3.1	2.3
GO_drpoolB-CL4531Contig1	unknown		unknown	7	3572.9	4195.6	6992.6	9859.8
GO_drpoolB-CL483Contig1	unknown		unknown	7	20.0	34.7	14.4	5.0
			unknown	21	13.5	27.0	3.7	6.0
GO_drpoolB-CL489Contig1	unknown		unknown	7	27.4	10.9	63.4	40.3
GO_drpoolB-CL5425Contig1	unknown		unknown	7	157.3	205.6	43.4	2.8
			unknown	21	112.8	342.9	2.8	17.6
GO_drpoolB-CL5438Contig1	unknown		unknown	7	25.0	35.8	5.7	4.5
			unknown	21	13.3	54.9	3.0	3.1
GO_drpoolB-CL5468Contig1	unknown		unknown	7	156.7	167.1	98.5	73.0
GO_drpoolB-CL5764Contig1	unknown		unknown	7	23.0	29.6	9.9	2.5
			unknown	21	13.8	42.0	2.5	2.5
GO_drpoolB-CL588Contig1	unknown		unknown	7	128.9	173.8	58.4	9.5
			unknown	21	63.7	129.4	5.9	9.3
GO_drpoolB-CL5947Contig1	unknown		unknown	7	29.2	60.9	10.3	13.2
			unknown	21	20.1	43.2	11.3	13.7
GO_drpoolB-CL6256Contig1	unknown		unknown	7	38.5	52.5	2.5	2.5
			unknown	21	9.7	18.5	2.6	2.5
GO_drpoolB-CL6303Contig1	unknown		unknown	7	618.3	817.3	319.4	128.7
GO_drpoolB-CL6303Contig1	unknown		unknown	21	193.8	286.2	110.5	84.3

Fortsetzung Tabelle 43								
Sequenz-ID und Funktionsklasse	Funktion	Ü	Homologie	Tag	BEG144 13,5 °C	BEG144 17,5 °C	(-) AMP 13,5 °C	(-) AMP 17,5 °C
GO_drpoolB-CL6523Contig1	unknown		unknown	7	457.8	1139.7	173.5	11.4
			unknown	21	274.5	957.3	15.9	19.4
GO_drpoolB-CL6576Contig1	unknown		unknown	7	76.2	99.8	41.9	16.3
			unknown	21	35.2	55.6	24.2	16.5
GO_drpoolB-CL679Contig1	unknown		unknown	7	1147.3	1886.2	369.1	33.5
			unknown	21	418.8	838.1	6.3	8.5
GO_drpoolB-CL6808Contig1	unknown		unknown	7	181.3	256.1	66.4	12.3
			unknown	21	73.8	201.6	12.9	24.3
GO_drpoolB-CL9513Contig1	unknown		unknown	7	12.9	17.3	4.2	5.1
			unknown	21	9.3	32.1	2.9	3.0
GO_drpoolB-CL9715Contig1	unknown		unknown	7	53.2	55.6	12.5	3.1
			unknown	21	22.8	67.3	3.5	3.1
GO_drpoolB-CL9751Contig1	unknown		unknown	21	8.4	2.9	7.9	6.4
GO_drpoolB-CL9782Contig1	unknown		unknown	7	20.2	28.2	10.4	2.7
			unknown	21	12.4	33.4	2.7	3.0
GO_drs12P0009C18_F_ab1	unknown		unknown	21	89.1	64.6	111.5	136.7
GO_drs13P0003B21_F_ab1	unknown		unknown	7	1851.8	1551.3	1212.4	731.9
GO_drs21P0001M02_F_ab1	unknown		unknown	7	11.1	19.5	7.1	2.7
GO_drs21P0002K20_F_ab1	unknown		unknown	7	41.2	60.5	104.3	2.7
			unknown	21	25.6	114.7	2.7	2.9
GO_drs21P0003H21_F_ab1	unknown		unknown	7	3664.9	6391.3	1453.4	87.5
			unknown	21	1553.5	3241.6	17.4	18.0
GO_drs21P0003K10_R_ab1	unknown		unknown	7	55.7	71.4	16.3	2.7
			unknown	21	76.0	116.4	3.9	2.7
GO_drs21P0005B11_F_ab1	unknown		unknown	7	52.0	57.4	19.4	8.6
			unknown	21	27.5	72.7	6.9	9.9
GO_drs21P0005D15_F_ab1	unknown		unknown	7	686.6	1086.7	257.9	17.8
			unknown	21	330.0	720.1	9.8	16.3
GO_drs21P0005F16_R_ab1	unknown		unknown	7	35.9	51.7	12.9	3.2
			unknown	21	12.5	38.1	3.2	3.2
GO_drs21P0007B13_R_ab1	unknown		unknown	7	2351.1	3420.0	1145.8	192.8
			unknown	21	981.4	1608.9	386.8	135.7
GO_drs21P0007L08_R_ab1	unknown		unknown	7	36.7	46.3	18.2	4.9
GO_drs21P0008K21_F_ab1	unknown		unknown	7	87.9	135.4	23.4	4.8
			unknown	21	44.0	99.8	2.8	3.0
GO_drs21P0008O13_R_ab1	unknown		unknown	7	578.3	1037.2	168.3	22.5
			unknown	21	219.9	362.9	7.6	3.8
GO_drs21P0009E05_F_ab1	unknown		unknown	7	13.0	21.0	7.4	6.3
GO_drs21P0009G19_R_ab1	unknown		unknown	7	35.2	41.2	14.6	3.5
			unknown	21	23.8	92.4	2.5	2.6
GO_drs21P0009L17_F_ab1	unknown		unknown	7	31.1	61.8	14.1	2.9
			unknown	21	10.1	30.5	3.1	3.3
IP_PHBS003H13u	unknown		unknown	7	57.5	109.2	37.7	36.0
			unknown	21	47.9	106.8	26.7	45.9
IP_PHBS006J02u	unknown		unknown	21	511.4	498.4	698.2	1057.2
IP_PHBS008E08u	unknown		unknown	7	216.3	220.5	102.3	51.8
IP_PHBS008N01u	unknown		unknown	21	16.8	6.6	18.3	14.2
IP_PHBS010P18u	unknown		unknown	7	77.4	61.3	96.4	150.2
			unknown	21	84.8	51.2	109.6	110.6
SG_SGN-U210142	unknown		unknown	7	110.2	126.5	68.5	31.4
			unknown	21	51.8	64.6	49.2	18.9
GO_drpoolB-CL679Contig1	unknown		unknown	7	1147.3	1886.2	369.1	33.5
			unknown	21	418.8	838.1	6.3	8.5
GO_drpoolB-CL6808Contig1	unknown		unknown	7	181.3	256.1	66.4	12.3
			unknown	21	73.8	201.6	12.9	24.3
GO_drpoolB-CL9513Contig1	unknown		unknown	7	12.9	17.3	4.2	5.1
			unknown	21	9.3	32.1	2.9	3.0
GO_drpoolB-CL9715Contig1	unknown		unknown	7	53.2	55.6	12.5	3.1
			unknown	21	22.8	67.3	3.5	3.1
GO_drpoolB-CL9751Contig1	unknown		unknown	21	8.4	2.9	7.9	6.4
GO_drpoolB-CL9782Contig1	unknown		unknown	7	20.2	28.2	10.4	2.7
			unknown	21	12.4	33.4	2.7	3.0
GO_drs12P0009C18_F_ab1	unknown		unknown	21	89.1	64.6	111.5	136.7
GO_drs13P0003B21_F_ab1	unknown		unknown	7	1851.8	1551.3	1212.4	731.9
GO_drs21P0001M02_F_ab1	unknown		unknown	7	11.1	19.5	7.1	2.7

Tabelle 44: Expressionsraten für die signifikant regulierten Gene durch die reduzierte Kulturtemperatur im Blatt von *Petunia x hybrida* 'Mitchell'. 7 bzw. 21 Tage nach Temperaturdifferenzierung; Homologie: Sequenzhomologie zu Genen pflanzlicher und unbekannter Herkunft. Zugrunde liegt der Vergleich zwischen mykorrhizafreien Petunien unter 13,5 °C zu 17,5 °C.

Sequenz-ID und Funktionsklasse	Funktion	Homologie	Tag	BEG144 13,5 °C	BEG144 17,5 °C	(-) AMP 13,5 °C	(-) AMP 17,5 °C
Ia. Cell wall							
cn1122	Proline-rich protein	plant	7	876.2	326.4	905.6	230.6
			21	91.1	34.0	87.2	30.5
cn1217	Polygalacturonase	plant	21	1763.3	5934.8	2121.0	5005.6
cn1635	Fasciclin-like arabinogalactan protein	plant	7	50.1	27.0	60.6	23.3
			21	22.7	4.3	23.4	4.0
cn1720	Fasciclin-like arabinogalactan p.	plant	21	19.2	3.9	75.1	7.2
cn1760	Xyloglucan endotransglucosylase-hydrolase	plant	7	907.6	2218.3	923.0	2170.2
cn1842	Pectinesterase	plant	7	188.4	82.0	169.9	78.1
cn2060	Alpha-expansin	plant	7	67.1	29.2	65.7	32.2
cn2704	Fasciclin-like arabinogalactan p.	plant	7	145.8	92.2	216.7	88.7
cn2709	Fasciclin-like arabinogalactan protein	plant	7	36.8	9.8	35.2	6.7
			21	9.8	2.9	6.8	2.9
cn2712	Fasciclin-like arabinogalactan p.	plant	21	35.3	18.1	32.3	12.1
cn2720	Fasciclin-like arabinogalactan protein	plant	7	56.8	43.4	59.9	23.1
			21	23.4	3.0	18.7	9.3
cn2723	Fasciclin-like arabinogalactan protein	plant	7	62.4	24.7	69.5	28.4
			21	38.3	5.2	31.5	4.7
cn2724	Fasciclin-like arabinogalactan protein	plant	7	53.4	26.7	53.8	14.9
			21	22.3	3.1	17.9	4.3
cn3467	Endo-xyloglucan transferase	plant	7	1037.4	650.5	1098.8	450.9
cn3477	Hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	plant	7	18.2	14.8	12.2	119.9
cn3615	Polygalacturonase	plant	7	108.4	51.5	117.8	47.1
cn381	Pectinesterase	plant	7	501.3	224.9	475.5	209.9
cn386	Pectinesterase	plant	7	1225.5	662.4	1157.1	517.0
cn388	Pectinesterase	plant	7	886.7	443.6	859.3	372.1
cn3944	Extensin-like	plant	7	27546.1	11176.5	26646.7	9720.2
			21	1793.4	445.8	1532.4	486.6
cn4415	Xyloglucan:xyloglucosyl transferase	plant	7	436.0	201.1	401.6	198.8
cn513	Xyloglucan endotransglucosylase-hydrolase	plant	21	6153.5	3335.1	6626.9	3251.5
cn5398	Endo-1,4-beta-glucanase	plant	7	2.8	2.4	8.1	2.4
cn5917	Cellulose synthase	plant	21	6.0	9.4	3.6	16.0
cn6199	Cellulose synthase-like	plant	7	100.1	61.3	104.8	50.3
cn6421	Arabinogalactan protein	plant	7	115.1	41.3	128.7	36.1
			21	14.1	8.7	15.3	6.2
cn6526	Beta-1,4-xylosidase	plant	21	265.8	127.5	286.3	127.9
cn6785	Pectate lyase	plant	7	411.2	133.5	324.7	114.2
			21	39.4	26.8	56.4	21.6
cn7965	Pectinesterase	plant	21	75.5	248.6	109.1	227.4
cn826	Xyloglucan endotransglucosylase-hydrolase	plant	7	281.4	164.4	287.1	130.3
			21	170.0	55.3	194.9	72.2
cn8553	Cell wall protein glycoprotein 1-like	plant	7	216.1	58.6	222.8	46.0
			21	6.1	6.1	12.7	4.8
cn8678	Proline-rich protein	plant	21	20.9	13.8	69.0	15.7
DC240987_1	Xyloglucan endotransglucosylase-hydrolase	plant	21	1286.0	718.4	1394.3	545.1
DW177098_1	Pectinesterase	plant	21	23.4	11.3	22.7	9.7
EB175241_1	Pectate lyase	plant	21	13.5	5.1	19.9	2.7
GO_dr001P0001J21_F_ab1	Invertase/pectin methylesterase inhibitor family protein	plant	21	2146.0	530.8	1868.6	802.3
GO_dr001P0019B01_F_ab1	Fasciclin-like arabinogalactan protein	plant	7	354.9	145.6	415.4	140.7
			21	128.8	23.3	117.6	24.3
GO_dr004P0004N03_F_ab1	Pectinesterase	plant	7	5.8	3.1	11.4	3.0
GO_dr004P0010F07_F_ab1	Expansin	plant	21	6.3	7.2	29.5	8.4
GO_dr004P0014A22_F_ab1	Alpha-expansin	plant	7	269.5	83.7	245.3	90.0
GO_dr004P0015B16_F_ab1	Polygalacturonase	plant	7	43.4	14.6	37.3	13.7
GO_dr004P0019G24_F_ab1	Pectate lyase family protein	plant	7	260.2	153.4	237.0	111.0
GO_dr004P0031D03_F_ab1	COBRA-like protein precursor	plant	21	187.8	67.2	177.5	80.8
GO_drpoolB-CL2307Contig1	Cellulose synthase	plant	21	29.4	52.0	30.8	77.9

Fortsetzung Tabelle 44								
Sequenz-ID und Funktionsklasse	Funktion	Homologie	Tag	BEG144 13,5 °C	BEG144 17,5 °C	(-) AMP 13,5 °C	(-) AMP 17,5 °C	
GO_drpoolB-CL2501Contig1	Arabinogalactan protein	plant	7	154.0	76.5	166.0	64.4	
GO_drpoolB-CL4229Contig1	Extensin	plant	21	3.6	24.0	6.0	18.7	
GO_drpoolB-CL4433Contig1	Invertase/pectin methylesterase inhibitor family protein	plant	21	33.3	148.1	39.6	162.5	
GO_drpoolB-CL5504Contig1	Cellulose synthase	plant	7	769.3	154.4	774.4	163.4	
			21	846.1	305.3	984.8	286.1	
GO_drpoolB-CL6220Contig1	Xyloglucan endotrans-glycosylase hydrolase	plant	7	80.7	41.7	71.4	32.8	
GO_drpoolB-CL6900Contig1	Cellulose synthase	plant	7	206.0	50.4	213.2	56.5	
			21	223.2	124.1	250.8	109.8	
GO_drpoolB-CL7681Contig1	Structural constituent of cell wall	plant	21	28.2	25.1	30.7	10.9	
GO_drpoolB-CL8367Contig1	Expansin	plant	7	104.7	47.3	96.8	34.6	
			21	34.4	26.4	60.9	26.5	
GO_drpoolB-CL870Contig1	Proline-rich cell wall protein	plant	21	1137.0	3307.2	1227.2	2569.4	
GO_drpoolB-CL893Contig1	Endo-1,4-beta-glucanase	plant	7	340.7	136.5	309.6	120.7	
GO_drpoolB-CL9353Contig1	Endo-1,4-beta-glucanase	unknown	7	185.5	79.4	165.3	60.2	
IP_PHBS001J09u	Extensin	unknown	7	6591.2	14909.7	6550.5	15956.8	
			21	11826.2	2678.1	10221.4	4663.5	
Ib. Storage								
cn6406	1,4-alpha-glucan-maltohydrolase	plant	21	185.2	99.0	220.9	106.1	
II. Cytoskeleton								
cn10071	Microtubule-associated protein MAP65-1a	plant	7	78.1	28.6	81.1	32.0	
			21	24.8	14.2	26.7	9.9	
GO_dr001P0014D18_F_ab1	Myosin XI	plant	7	115.8	70.7	144.5	67.7	
GO_dr004P0012B17_F_ab1	Myosin XI	plant	7	55.2	31.5	67.3	33.2	
GO_dr004P0032P04_F_ab1	Microtubule binding	plant	7	33.8	13.4	37.6	4.4	
cn4578	Actin-binding	plant	7	221.7	85.2	222.0	64.0	
cn4579	Profilin	plant	7	121.3	44.8	122.8	52.4	
cn4580	Profilin	plant	7	164.3	45.7	162.8	44.6	
			21	132.3	30.6	81.2	37.7	
cn8351	Annexin	plant	7	181.5	50.4	175.1	73.1	
			21	117.5	35.1	114.3	30.6	
GO_dr004P0010M08_F_ab1	Kinesin	plant	7	41.2	25.8	51.1	16.2	
			21	9.3	7.2	16.7	6.8	
GO_dr004P0022A12_F_ab1	Dynein	plant	7	6.4	45.0	6.6	43.4	
IP_PHBS008C12u	Microtubule binding microtubule-associated protein	plant	21	271.8	567.3	302.7	621.6	
IIIa. Membrane transport								
cn1099	Plasma membrane intrinsic protein TIP	plant	7	231.4	101.4	205.8	70.6	
cn1374	sugar transporter	plant	7	11.4	25.8	18.3	79.9	
cn1559	Plasma membrane intrinsic p. PIP	plant	7	3480.5	1544.4	3476.7	1407.0	
cn1616	Phosphatidylinositol transporter	plant	7	233.2	525.7	239.5	509.5	
cn1858	Plasma membrane intrinsic p. PIP	plant	21	140.3	69.2	111.7	53.9	
cn2082	Plasma membrane intrinsic p. PIP	plant	7	2705.1	1426.7	2875.2	1357.9	
cn255	Sugar transporter	plant	21	153.3	432.4	164.8	339.2	
cn6541	Plasma membrane intrinsic p. TIP	plant	7	436.7	150.4	413.1	150.7	
cn6547	ABC transporter	plant	21	8849.1	3958.6	8534.2	4027.5	
cn7164	Aquaporin TIP	plant	7	146.8	575.6	155.2	663.6	
			21	251.7	915.6	298.0	863.0	
cn842	Peptide transporter	plant	21	774.6	380.1	914.6	397.5	
cn8862	Peptide transporter	plant	21	201.0	108.5	243.1	93.9	
cn9400	Purine permease	plant	7	66.9	182.3	69.1	163.4	
cn9975	Purine permease family protein	plant	21	1274.4	2574.0	1171.4	2469.0	
DC242252_1	Oligopeptide transporter	plant	21	729.8	243.0	725.8	279.7	
DC242589_1	Inositol transporter	plant	7	20.4	10.1	50.1	6.0	
DC244161_1	Na ⁺ /myo-inositol symporter	plant	21	18.6	3.3	34.3	3.9	
GO_drpoolB-CL2260Contig1	Proton-dependent oligopeptide transport	plant	21	208.8	113.5	248.0	105.4	
GO_drpoolB-CL2327Contig1	Oligopeptide transporter	plant	21	2115.9	615.1	2050.8	746.4	
GO_drpoolB-CL3299Contig1	Malate transmembrane transporter	plant	21	95.5	53.6	105.6	45.4	
GO_drpoolB-CL6300Contig1	Sodium/proline symporter or sodium solute symporter	plant	7	129.7	498.2	163.3	486.5	
GO_drpoolB-CL762Contig1	Sodium-dicarboxylate cotransp.	plant	21	116.1	38.8	156.9	57.0	
GO_drpoolB-CL8880Contig1	Peptide transporter	plant	21	99.2	56.0	111.3	47.5	

Fortsetzung Tabelle 44								
Sequenz-ID und Funktionsklasse	Funktion	Homologie	Tag	BEG144 13,5 °C	BEG144 17,5 °C	(-) AMP 13,5 °C	(-) AMP 17,5 °C	
GO_drpoolB-CL9659Contig1	Vacuolar citrate/H+ symporter	plant	7	4370.0	2128.8	5595.3	2619.6	
			21	2028.6	550.8	2596.3	951.4	
GO_drs12P0005C10_F_ab1	Peptide transporter	plant	21	291.9	136.1	306.8	139.4	
IIIb. Mineral nutrient responsive and acquisition								
cn1356	Nitrate transporter	plant	21	756.6	487.2	969.8	487.6	
cn5272	Nitrate transporter	plant	21	1190.3	536.0	1226.5	511.1	
cn7095	Nitrate transporter	plant	21	4471.7	2079.9	4567.4	2249.7	
cn7864	High-affinity nitrate transporter	plant	7	101.7	323.6	117.2	327.4	
			21	5.2	25.4	6.8	30.9	
cn8235	Phosphate transporter 1	plant	7	5.4	9.5	3.1	8.4	
cn8317	Nitrate transporter	plant	7	85.0	23.6	97.0	22.2	
cn8348	Nitrate transporter	plant	7	39.8	113.3	39.5	130.7	
cn9288	Sulfate transporter	plant	7	1305.2	735.6	1503.3	720.3	
GO_dr001P0004G24_F_ab1	Zinc ion transmembrane transporter	plant	21	4.8	27.4	5.2	21.9	
GO_drpoolB-CL2121Contig1	High affinity ammonium transporter	plant	21	204.7	99.5	247.2	99.5	
GO_drpoolB-CL4971Contig1	Ammonium transporter	plant	21	862.2	356.6	950.5	420.1	
GO_drpoolB-CL5358Contig1	Ammonium transporter	plant	21	315.1	141.3	364.8	152.8	
GO_drpoolB-CL8788Contig1	Potassium transporter	plant	7	440.6	264.9	454.8	214.2	
GO_drpoolB-CL8921Contig1	Nitrite transporter	plant	21	1740.0	918.2	1837.7	870.8	
IVa. Membrane constituents (phospholipids, sterols etc.)								
GO_dr001P0001A05_F_ab1	Plasma membrane protein	plant	21	26.8	11.2	38.6	4.7	
GO_dr001P0014D08_F_ab1	Phosphatidylethanolamine binding	plant	7	1820.4	490.0	1532.7	470.1	
GO_dr004P0012K11_F_ab1	Phosphatidylethanolamine binding	plant	21	16.5	4.3	26.6	5.6	
GO_drpoolB-CL5112Contig1	ER glycerol-phosphate acyltransferase	plant	7	234.7	108.2	239.3	100.5	
GO_drpoolB-CL6203Contig1	Cyclopropane fatty acid synth.	plant	7	489.8	269.1	497.6	242.8	
IVb. Vesicular trafficking secretion and protein sorting								
cn809	Patellin	plant	7	616.3	288.1	594.4	280.4	
GO_dr004P0017004_F_ab1	Nuclear transport factor 2B; Ran GTPase binding / protein transporter	plant	21	24.1	13.1	36.6	5.9	
GO_drpoolB-CL8350Contig1	P-P-bond-hydrolysis-driven protein transmembrane transporter	plant	21	67.3	118.2	58.2	123.4	
GO_drpoolB-CL9651Contig1	translocase of the outer mitochondrial membrane 22-1	plant	21	438.7	910.4	424.3	923.1	
Va. C1-C12 metabolism								
cn10388	Inositol-3-phosphate synthase	plant	21	2377.7	1163.7	2469.0	1141.2	
cn2986	2-hydroxyphytanoyl-CoA lyase	plant	7	1537.7	877.7	1649.5	772.5	
			21	1210.4	492.5	1107.1	452.7	
cn4546	fructokinase	plant	21	1029.6	454.2	1137.8	491.2	
cn790	alcohol dehydrogenase	plant	7	98.8	213.4	75.9	231.2	
cn8803	Inositol-3-phosphate synthase	plant	21	6030.5	2560.2	6001.8	2507.4	
DC242271_1	Inositol-3-phosphate synthase	plant	21	15901.6	7544.1	16807.5	7751.1	
DY395678_1	phosphoglycerate mutase	plant	21	422.2	87.3	386.7	57.5	
GI_TC1179	alcohol dehydrogenase	plant	7	2.8	8.7	2.9	13.4	
GO_dr001P0012G11_F_ab1	Sucrose synthase	plant	7	516.7	285.8	541.1	261.5	
GO_dr004P0002015_F_ab1	Inositol-3-phosphate synthase	plant	21	55144.7	27656.7	60214.0	27321.5	
GO_dr004P0024F02_F_ab1	dihydrofolate reductase-thymidylate synthase	plant	7	224.3	112.8	225.8	102.8	
GO_drpoolB-CL4857Contig1	ATP binding / galactokinase	plant	7	49.4	92.0	51.4	111.7	
GO_drpoolB-CL5102Contig1	phosphofructokinase	plant	21	662.7	1924.9	867.8	2127.4	
GO_drpoolB-CL5360Contig1	Sucrose synthase	plant	7	319.3	191.1	352.7	172.2	
GO_drpoolB-CL6671Contig1	vacuolar invertase	plant	7	134.0	47.5	122.2	52.3	
GO_drpoolB-CL8339Contig1	acid invertase	plant	21	761.7	498.3	930.6	445.5	
Vb. Mitochondrial electron transport								
cn3020	NADH dehydrogenase	plant	7	665.5	291.9	758.8	293.0	
Vc. Lipid metabolism								
cn6510	omega-3 fatty acid desaturase	plant	7	917.8	239.3	957.1	206.6	
cn6596	glycerol-3-phosphate dehydrogenase	plant	7	94.7	48.6	119.7	53.9	
			21	69.2	32.6	93.8	47.6	
cn6774	Omega-3 fatty acid desaturase	plant	7	157.7	34.2	138.4	52.4	
cn7576	GDSL-motif lipase	plant	7	3778.9	1098.7	3475.5	897.6	
cn8636	allyl alcohol dehydrogenase	plant	7	118.9	231.2	108.6	224.1	
cn9317	microsomal omega-6-desaturase	plant	21	280.6	100.8	305.5	106.2	

Fortsetzung Tabelle 44							
Sequenz-ID und Funktionsklasse	Funktion	Homologie	Tag	BEG144 13,5 °C	BEG144 17,5 °C	(-) AMP 13,5 °C	(-) AMP 17,5 °C
cn9395	microsomal omega-6-desaturase	plant	21	500.4	173.0	549.3	191.0
cn9396	delta 12 oleic acid desaturase	plant	21	266.7	85.0	292.3	99.4
EB175248_1	long-chain acyl-CoA synthetase	plant	7	340.6	152.2	360.7	127.3
			21	73.5	45.6	71.4	21.9
GO_dr004P0029K03_F_ab1	GDSL-motif lipase	plant	21	157.0	98.3	179.4	77.8
GO_drpoolB-CL2580Contig1	microsomal omega-6-desaturase	plant	21	400.0	135.6	377.5	145.9
GO_drpoolB-CL2616Contig1	microsomal omega-6-desaturase	plant	21	776.0	235.9	845.1	272.4
GO_drpoolB-CL9644Contig1	Omega-3 fatty acid desaturase	plant	21	649.7	206.6	557.4	235.5
GO_drpoolB-CL9708Contig1	GDSL-motif lipase	plant	21	166.9	30.9	244.0	56.2
IP_PHBS010M12u	GDSL-motif lipase	plant	7	215.0	55.1	180.5	27.8
			21	5.3	2.5	9.4	3.8
SG_SGN-U209460	quinone reductase family protein	plant	7	48.0	29.1	109.0	27.4
Vd. Amino acid and N metabolism							
cn2037	glutamine synthetase	plant	7	315.2	125.4	304.5	117.9
cn3459	arginine decarboxylase 1	plant	7	17886.7	7422.2	19079.9	7216.3
			21	8557.8	3710.8	11123.7	4955.2
cn4338	proline oxidase/dehydrogenase 2	plant	7	3.7	5.0	2.4	5.6
cn5603	S-adenosyl-L-methionine synthase	plant	7	2011.0	738.3	1758.0	857.6
cn6459	proline oxidase/dehydrogenase 2	plant	7	6.0	21.9	3.7	24.2
cn6794	hydroxy-methylglutaryl-coenzyme A reductase	plant	21	1999.3	625.4	1788.2	612.7
cn819	glutamate decarboxylase,	plant	21	366.0	1462.7	502.5	1687.0
cn8718	arginine decarboxylase	plant	7	9299.5	3424.7	9537.9	3735.0
			21	3813.4	1622.0	5147.4	2202.8
cn8719	arginine decarboxylase	plant	7	6950.1	2567.8	7468.3	2651.1
			21	2645.3	1155.8	3523.7	1538.3
DC241223_1	alanine-glyoxylate transaminase	plant	7	3227.8	1915.4	3060.6	1389.0
GO_drpoolB-CL3391Contig1	Delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthetase	plant	7	376.8	153.6	370.8	161.9
GO_drs12P0002G04_R_ab1	fumarylacetoacetase	plant	7	2.8	9.3	6.2	19.0
SG_SGN-U210133	serine hydroxymethyltransferase	plant	21	4.0	2.5	177.4	2.6
Ve. Chloroplast, Photosynthesis, Calvin cycle							
cn4165	dicyanin	plant	21	615.6	234.7	574.6	240.4
cn518	plastocyanin	plant	7	124.6	46.9	136.9	41.1
			21	42.4	13.1	36.9	6.0
cn9277	plastocyanin	plant	7	180.3	92.8	171.3	73.7
GO_dr001P0015M04_F_ab1	cytochrome b6/f complex (plastocyanin reductase)	plant	21	762.1	1148.4	647.7	1335.3
GO_dr004P0008J15_F_ab1	Stellacyanin	plant	7	99.1	55.6	119.8	51.0
GO_drs31P0002K07_F_ab1	Blue copper protein	plant	21	70.6	19.1	79.3	19.4
Vf. Nucleotide metabolism							
cn1589	deoxyribonucleoside kinase	plant	7	1358.0	340.2	1226.6	227.2
cn3067	adenine phosphoribosyltransferase	plant	7	1130.2	340.8	1095.2	349.4
cn8018	apyrase	plant	7	64.3	180.5	66.6	215.7
cn8874	Ribonucleotide reductase	plant	7	750.1	187.6	616.1	146.6
cn8946	ribonucleoside-diphosphate reductase small chain	plant	7	100.8	31.7	88.3	24.2
			21	13.6	31.5	9.4	22.0
cn9936	cytidine/deoxycytidylate deaminase family protein	plant	7	623.7	180.7	554.8	151.2
cn9937		plant	7	99.4	28.8	84.5	29.1
DC242553_1	apyrase	plant	7	28.2	53.5	20.8	51.2
GO_dr001P0018K12_F_ab1	adenine phosphoribosyltransferase	plant	7	93.1	22.4	84.5	24.7
GO_dr004P0020C14_F_ab1	apyrase	plant	7	23.9	70.6	27.3	93.6
			21	47.1	50.9	29.3	90.1
GO_drpoolB-CL5407Contig1	ribonucleotide reductase	plant	7	2003.7	809.5	1822.9	629.3
GO_drs21P0004A11_R_ab1	ribonucleotide reductase	plant	7	1804.2	566.3	1706.6	408.4
GO_drs21P0004A11_F_ab1	ribonucleoside-diphosphate reductase small chain	plant	7	620.9	270.0	558.2	202.1
IP_PHBS009E22u	Ribonucleoside-diphosphate reductase	plant	7	2104.1	617.7	1899.1	461.2
SG_SGN-U209022	inosine-uridine preferring nucleoside hydrolase	plant	21	10.5	12.8	19.2	6.0
Vg. Antioxidative metabolism and Redox state							
cn1209	lactoylglutathione lyase	plant	7	483.6	249.7	540.7	200.4
cn1436	glutathione S-transferase	plant	21	586.5	252.0	672.8	279.1

Fortsetzung Tabelle 44								
Sequenz-ID und Funktionsklasse	Funktion	Homologie	Tag	BEG144 13,5 °C	BEG144 17,5 °C	(-) AMP 13,5 °C	(-) AMP 17,5 °C	
cn2162	Cu-Zn superoxide dismutase	plant	21	25185.9	11352.3	24501.8	9864.2	
cn2165	Cu-Zn superoxide dismutase	plant	21	26335.4	11068.2	25930.9	10435.1	
cn3166	peroxidase	plant	7	292.4	514.4	380.7	897.7	
cn392	nucleoredoxin	plant	21	8566.7	4493.3	8396.9	4137.4	
cn4819	Superoxide dismutase	plant	7	34.9	52.3	30.1	59.8	
cn5110	Respiratory burst oxidase	plant	7	204.5	89.8	234.9	79.9	
			21	497.3	197.2	616.4	238.4	
cn6021	peroxidase	plant	7	42.4	19.8	55.5	8.6	
cn7194	hemoglobin non-symbiotic	plant	7	19.3	13.2	17.5	5.8	
cn7425	glutaredoxin	plant	7	48.1	3.0	45.6	5.5	
			21	3.0	2.9	11.8	3.2	
cn8269	peroxidase	plant	21	53.5	11.2	42.0	8.7	
cn8352	glutathione-S-transferase	plant	21	1394.3	700.3	1424.0	674.6	
cn8378	glutathione S-transferase	plant	21	173.0	45.4	152.8	49.8	
cn8623	glutathione S-transferase	plant	21	949.9	335.7	958.4	277.3	
cn9508	thioredoxin	plant	7	333.6	96.0	299.3	129.0	
cn9625	rubredoxin family protein	plant	7	8121.0	3930.6	8006.5	3679.6	
GO_dr004P0010M20_F_ab1	Ferredoxin	plant	7	251.5	98.7	241.9	93.1	
			21	56.9	47.6	71.6	34.0	
GO_dr004P0029B04_F_ab1	ascorbate peroxidase	plant	21	32.1	6.1	35.6	8.2	
GO_drpoolB-CL4261Contig1	anionic peroxidase	plant	7	281.5	170.6	257.3	121.7	
GO_drpoolB-CL4280Contig1	iron superoxide dismutase	plant	21	2736.4	6187.8	2892.9	6147.7	
GO_drpoolB-CL8026Contig1	glutathione peroxidase	plant	7	78.9	47.9	73.0	32.0	
GO_drpoolB-CL977Contig1	glutathione S-transferase	plant	7	4.9	23.3	4.5	19.9	
Vla. Secondary metabolism								
cn125	caffeoyl-CoA methyltransferase3	plant	21	1005.2	277.0	850.6	340.3	
cn1274	4-coumarate--CoA ligase	plant	21	1291.6	496.8	1239.8	566.8	
cn1275	coumarate-CoA ligase 1	plant	21	317.6	139.3	301.6	141.5	
cn2035	S-adenosylmethionine decarboxylase	plant	21	5606.8	3748.2	7377.2	3557.1	
cn2367	phenylalanine ammonia-lyase	plant	21	6923.5	1612.1	5507.4	2852.3	
cn2838	Chlorophyllase 2	plant	7	304.7	588.0	453.2	1055.8	
			21	1888.8	431.8	1369.1	501.2	
cn2961	flavanone 3beta-hydroxylase	plant	7	2285.4	1145.1	2360.9	1139.2	
cn3362	Flavonoid 3'-monooxygenase	plant	7	414.2	230.1	384.9	171.1	
			21	768.4	309.1	741.0	309.5	
cn3494	3,8-divinyl protochlorophyllide a 8-vinyl reductase	plant	7	4.1	20.3	3.0	25.8	
cn4289	Anthranilate N-benzoyltransferase	plant	7	394.5	145.1	429.2	145.7	
			21	70.3	36.1	94.0	27.1	
cn4299	4-coumarate: CoA ligase	plant	21	230.8	115.8	222.5	105.1	
cn437	dimethylaniline monooxygenase	plant	7	11.1	13.6	3.3	15.1	
			21	3.9	10.1	3.0	15.0	
cn5354	Flavonol synthase	plant	7	8.2	19.9	8.0	29.1	
cn5750	progesterone 5-beta-reductase	plant	21	177.1	88.5	188.9	89.6	
cn591	Anthranilate N-benzoyltransferase	plant	7	372.6	129.5	429.6	110.4	
cn5942	4-coumarate--CoA ligase	plant	21	732.0	373.2	736.9	341.1	
cn6634	cinnamic acid 4-hydroxylase	plant	21	1784.0	514.4	1451.7	695.6	
cn69	phenylalanine ammonia-lyase	plant	21	86.6	29.4	75.3	37.7	
cn7211	monoterpene synthase	plant	7	86.0	546.3	101.4	706.5	
			21	477.2	1519.1	346.0	1372.1	
cn7653	polyphenol oxidase	plant	7	2053.4	9884.6	2041.5	8373.7	
			21	9991.9	2004.6	7142.6	2975.4	
cn7964	phenylcoumaran benzylic ether reductase	plant	21	22.4	13.7	39.1	12.3	
cn8795	CXE carboxylesterase	plant	21	546.2	299.9	571.4	250.1	
cn8861	polyphenol oxidase	plant	7	310.6	1842.8	318.1	1473.5	
			21	1569.5	290.5	1009.8	489.2	
DC241469_1	3-hydroxy-3-methylglutaryl-coenzyme A reductase 1	plant	21	73.6	25.6	65.4	24.0	
GI_TC1174	Chalcone synthase J	plant	7	777.5	298.8	672.0	299.0	
			21	981.9	360.4	945.4	402.3	
GO_dr001P0011P13_F_ab1	cinnamoyl-CoA reductase	plant	21	3326.8	1948.0	3230.8	1597.7	
GO_dr004P0007L20_F_ab1	2-oxoglutarate-dependent dioxygenase	plant	21	843.6	213.2	557.0	274.0	

Fortsetzung Tabelle 44							
Sequenz-ID und Funktionsklasse	Funktion	Homologie	Tag	BEG144 13,5 °C	BEG144 17,5 °C	(-) AMP 13,5 °C	(-) AMP 17,5 °C
GO_dr004P0017F02_F_ab1	littorine mutase/monooxygenase	plant	21	16.1	36.6	16.5	37.0
GO_dr004P0018J03_F_ab1	polyphenol oxidase	plant	7	1126.3	5537.9	1158.2	4909.3
			21	5476.4	1065.0	3705.6	1524.0
GO_drpoolB-CL1629Contig1	multicopper oxidase	plant	7	71.0	23.8	88.3	16.0
GO_drpoolB-CL4036Contig1	leucoanthocyanidin dioxygenase	plant	21	5.9	62.5	2.7	9.6
GO_drpoolB-CL4542Contig1	multicopper oxidase	plant	7	306.6	151.9	300.9	118.6
GO_drpoolB-CL4591Contig1	UDP-glucosyltransferase	plant	21	2.6	2.7	15.7	2.8
GO_drpoolB-CL6596Contig1	terpene synthase	plant	7	340.4	913.1	369.9	943.7
			21	650.7	1388.7	530.7	1489.9
GO_drpoolB-CL7218Contig1	Reticuline oxidase	plant	21	227.9	101.7	227.6	95.6
GO_drpoolB-CL7999Contig1	metallo-beta-lactamase family protein	plant	21	10.2	17.1	3.8	19.5
GO_drs13P0028M19_R_ab1	3-phosphoshikimate 1-carboxyvinyltransferase	plant	21	138.6	284.0	157.7	428.3
IP_PHBS005M07u	progesterone 5-beta-reductase	plant	21	271.3	110.7	301.5	123.9
IP_PHBS008C04u	UDP-glucuronosyl/UDP-glucosyl transferase	plant	21	74.8	184.1	64.7	151.7
IP_PHBS008I23u	DOPA decarboxylase	plant	7	43.5	21.9	47.3	22.4
			21	46.1	23.8	76.7	26.0
SG_SGN-U208603	multicopper oxidase	plant	21	30.8	13.5	42.2	15.8
SG_SGN-U211455	3-hydroxy-3-methylglutaryl-CoA reductase	plant	21	1043.3	428.4	1055.7	370.6
Vib1. Auxin metabolism and perception							
cn10123	indoleacetic acid-induced transcription factor	plant	21	4.6	3.7	26.4	2.5
cn1442	auxin-repressed protein	plant	7	1954.2	4896.3	1833.6	4755.9
cn1443	auxin-repressed protein	plant	7	1807.7	4506.4	1709.8	4284.2
IP_PHBS010D15u	SAUR family protein	plant	21	3.0	2.5	2.5	38.8
Vib2. Cytokinin metabolism and perception							
DC243198_1	cytokinin oxidase	plant	7	113.4	74.8	139.4	62.4
GO_drpoolB-CL2906Contig1	cytokinin receptor	plant	7	411.1	113.0	436.9	115.8
			21	122.8	73.9	141.9	63.6
Vib3. Abscisic acid metabolism and perception							
cn7849	abscisic acid-induced protein	plant	21	48.6	6.7	37.2	9.6
GO_drpoolB-CL7461Contig1	AWPM-19-like membrane family protein (ABA-responsive)	plant	21	79.5	59.8	83.7	37.3
Vib4. Gibberellin metabolism and perception							
cn1090	gibberellin 2-beta-dioxygenase	plant	21	208.9	133.8	213.7	104.4
cn3295	gibberellin-responsive Gip1-like protein	plant	7	946.3	375.6	874.4	296.0
cn3301		plant	7	1808.9	674.2	1651.4	624.5
cn7375	gibberellin induced protein 3	plant	7	174.2	101.9	159.0	78.6
cn832	gibberellin-induced protein	plant	7	2892.7	1459.5	2888.2	1251.7
GO_dr001P0002014_F_ab1	Gibberellin receptor GID1	plant	7	43.2	76.1	35.7	85.2
GO_drpoolB-CL4258Contig1	gibberellin-regulated GASA/GAST/Snakin family protein	plant	21	11652.1	7773.1	12092.3	5959.8
Vib5. Ethylene metabolism and perception							
cn9129	ethylene responsive element binding factor	plant	7	583.0	227.5	656.9	211.7
			21	2145.0	809.3	1994.6	725.4
GO_dr001P0016F20_F_ab1	ethylene-responsive element binding factor	plant	21	296.5	125.5	318.0	94.9
GO_dr004P0022I22_F_ab1	ethylene-responsive transcription factor	plant	21	178.6	268.7	177.7	402.1
Vib6. Jasmonate metabolism and perception							
cn1171	lipoxygenase	plant	7	771.2	3856.8	1251.0	4666.3
cn729	lipoxygenase	plant	7	145.7	350.5	185.4	459.8
EB174935_1	lipoxygenase	plant	7	460.8	2505.0	805.5	3280.0
GO_dr004P0014N06_F_ab1	methyl jasmonate induced MYB-related transcription factor	plant	21	69.4	35.1	78.6	29.2
SG_SGN-U211560	lipoxygenase	plant	7	383.1	1398.1	581.6	1856.2
VII. Chromatin and DNA metabolism							
cn1197	histone H1	plant	7	176.4	76.7	157.4	63.1
cn1361	histone H4	plant	7	1622.8	422.8	1334.9	261.7
			21	61.5	33.8	66.0	23.8
cn1405	Histone H2A	plant	7	6774.5	3058.6	6022.2	2677.7
cn3286	histone H4	plant	7	1314.7	602.3	1196.3	500.6
			21	1452.4	596.3	1691.7	746.0
cn4604	histone H3	plant	7	3114.9	720.1	2670.0	441.8

Fortsetzung Tabelle 44							
Sequenz-ID und Funktionsklasse	Funktion	Homologie	Tag	BEG144 13,5 °C	BEG144 17,5 °C	(-) AMP 13,5 °C	(-) AMP 17,5 °C
cn4626	histone H2B.3	plant	7	1731.7	697.2	1480.3	596.9
cn4638	DNA replication licensing factor	plant	7	1934.5	646.4	1868.5	590.2
cn4904	nucleosome/chromatin assembly factor	plant	21	672.5	1364.1	613.5	1280.7
cn5095	histone H2A	plant	7	655.1	169.6	545.7	105.0
cn5315	histone H3	plant	7	5778.6	1540.4	5144.3	1100.9
cn5413	histone H4	plant	7	4070.1	1802.8	3771.1	1417.7
cn5414	histone H4	plant	7	2863.9	1229.9	2500.7	1084.8
cn5953	histone H2B	plant	7	1278.3	236.7	1054.2	147.4
cn5954	histone H2B	plant	7	5486.8	2366.2	5039.4	2103.9
cn751	replication protein-related	plant	7	607.6	118.1	482.5	117.5
cn7810	high mobility group (HMG1/2) family protein	plant	7	29.7	19.4	37.4	15.1
cn7953	mini-chromosome maintenance protein	plant	7	2609.6	818.1	2485.1	725.4
cn8097	Gag-pol polyprotein	plant	21	14.5	41.0	12.5	46.4
cn8099	histone H2B	plant	7	4038.8	1513.3	3471.5	1182.1
cn9045	histone H2A	plant	7	2157.0	365.4	1917.6	221.6
cn9108	chromomethylase	plant	7	553.5	102.4	537.7	58.1
cn9421	histone H4	plant	7	2447.4	476.2	2051.8	287.8
EB174394_1	Histone H2	plant	7	848.2	191.0	678.5	125.7
EB174810_1	GCN5-related N-acetyltransferase	plant	7	295.8	147.6	303.4	132.9
			21	110.9	42.6	137.4	32.9
GI_NP1239928	DNA mismatch repair protein	plant	7	163.5	97.5	168.7	79.5
GO_dr001P0009K10_F_ab1	polyprotein	plant	21	78.4	28.9	77.1	22.9
GO_dr004P0014J15_F_ab1	cysteine-rich polycomb-like protein	plant	7	90.4	33.5	92.5	34.7
GO_dr004P0015D21_F_ab1	ATP-dependent DNA helicase	plant	7	58.7	22.1	77.1	19.2
GO_dr004P0022M16_F_ab1	DNA polymerase alpha subunit	plant	7	75.8	19.5	60.7	19.8
GO_dr004P0024N08_F_ab1	replication protein	plant	7	480.1	109.8	441.8	83.5
GO_dr004P0029F02_F_ab1	histone H3	plant	7	595.5	185.2	506.6	136.6
			21	174.7	290.8	120.3	324.5
GO_drpoolB-CL3318Contig1	DNA replication licensing factor MCM	plant	7	441.2	136.0	408.1	125.4
GO_drpoolB-CL4264Contig1	GCN5-related N-acetyltransferase	plant	7	122.7	293.2	131.3	278.0
GO_drpoolB-CL5773Contig1	polyprotein	plant	7	62.6	35.4	70.6	33.7
GO_drpoolB-CL6991Contig1	DNA repair protein	plant	7	229.4	99.2	229.0	92.5
GO_drpoolB-CL7852Contig1	minichromosome maintenance factor	plant	7	1797.9	590.3	1730.4	564.4
GO_drpoolB-CL8127Contig1	retrotransposon	plant	21	145.0	39.4	116.1	52.1
GO_drpoolB-CL9474Contig1	DNA binding / chromatin binding / histone binding	plant	21	95.5	182.8	89.2	178.5
GO_drs12P0025N23_F_ab1	chromomethylase	plant	7	180.6	33.9	158.9	27.2
IP_PHBS010L05u	DNA repair protein RAD50	plant	21	77.8	44.0	91.5	34.8
IP_PHBS011H13u	DNA replication origin binding / protein binding	plant	7	118.1	45.5	111.7	41.5
VIII. Gene expression and RNA metabolism							
cn10056	GATA transcription factor	plant	21	72.2	418.0	94.4	255.5
cn1053	Dof-type zinc finger domain-containing protein	plant	7	9.2	14.8	8.3	21.5
cn1861	zinc finger (C2H2 type) family protein	plant	7	24.9	11.9	25.8	13.3
cn2064	Myb-related protein	plant	21	13.3	23.8	13.3	31.7
cn2827	transcription factor LHY	plant	7	674.2	344.6	772.5	286.9
			21	956.2	236.4	904.1	382.6
cn2828	transcription factor LHY	plant	7	612.3	274.7	655.9	254.2
			21	820.2	210.3	804.1	312.1
cn2953	zinc finger (C2H2 type) family transcription factor	plant	21	69.5	36.9	87.5	39.9
cn3038	basic helix-loop-helix (bHLH) transcription factor	plant	21	36.7	59.9	21.9	45.6
cn3313	nam-like protein 17	plant	21	31.9	11.4	37.6	9.2
cn3943	transcription factor LHY	plant	7	5779.9	2831.9	6504.1	2882.7
			21	9860.1	2807.5	11145.6	3715.7
cn4147	transcription factor LIM	plant	21	558.6	1876.6	519.4	1640.7
cn5672	mitochondrial rna helicase 2	plant	21	283.1	598.2	265.9	580.9
cn5718	LOB domain-containing protein	plant	7	143.5	310.3	79.0	244.6
cn7169	AP2 domain-containing transcription factor	plant	7	83.2	54.1	95.2	45.8

Fortsetzung Tabelle 44								
Sequenz-ID und Funktionsklasse	Funktion	Homologie	Tag	BEG144 13,5 °C	BEG144 17,5 °C	(-) AMP 13,5 °C	(-) AMP 17,5 °C	
cn8116	NAC domain protein	plant	21	51.2	39.3	42.4	10.2	
cn9078	zinc finger protein LSD1	plant	21	43.6	104.3	41.2	83.1	
cn9627	myb family transcription factor	plant	7	1604.6	807.0	1698.9	821.1	
			21	1064.9	323.0	1309.0	422.1	
cn9781	homeobox transcription factor	plant	7	6.4	26.4	3.9	26.3	
cn9782	homeobox transcription factor	plant	7	8.8	26.7	6.0	27.1	
GI_NP1239982	nam-like protein 14	plant	7	20.4	33.9	17.3	40.2	
GI_NP1240214	zinc finger (C2H2 type) family transcription factor	plant	21	621.9	281.2	696.9	267.7	
GO_dr001P0011106_F_ab1	transcription factor E2F	plant	7	205.6	120.1	207.4	102.7	
GO_dr004P0015110_F_ab1	pentatricopeptide (PPR) repeat-containing protein	plant	21	26.5	47.7	22.3	44.6	
GO_dr004P0018P10_F_ab1	PCNA Proliferating cell nuclear antigen DNA binding / DNA polymerase processivity factor	plant	7	738.7	187.8	610.0	170.3	
GO_dr004P0022L09_F_ab1	RNA recognition motif (RRM)-containing protein	plant	21	78.3	136.0	81.3	170.0	
GO_drpoolB-CL2109Contig1	transcription factor	plant	21	4.4	7.9	6.6	68.0	
GO_drpoolB-CL4516Contig1	RNA polymerase I largest subunit	plant	21	116.4	275.2	110.5	261.7	
GO_drpoolB-CL5091Contig1	SAR DNA-binding protein	plant	21	586.7	1166.1	540.5	1086.5	
GO_drpoolB-CL6690Contig1	transcription factor	plant	7	839.5	361.5	894.3	379.5	
			21	1035.6	334.1	1147.6	425.7	
GO_drs21P0008M03_F_ab1	DNA-directed RNA polymerase	plant	21	104.9	305.9	107.4	258.6	
IP_PHBS002E19u	WRKY transcription factor	plant	21	582.7	215.4	607.0	215.7	
IP_PHBS002L21u	r2r3-myb transcription factor	plant	7	2.7	3.7	31.5	2.8	
IP_PHBS012D08u	scarecrow transcription factor	plant	21	6.1	28.0	6.8	26.1	
SG_SGN-U212247	zinc finger (B-box type) family protein	plant	7	1182.2	580.1	1172.3	587.6	
			21	983.1	381.9	1070.9	473.1	
IX. Protein synthesis, processing and degradation								
cn2322	cysteine protease (Vacuolar processing enzyme gamma)	plant	7	4403.4	8855.1	4627.1	10001.9	
cn301	zinc finger (C3HC4-type ring finger) family protein	plant	21	426.3	1528.9	525.2	1814.9	
cn4732	Cysteine protease	plant	21	697.0	283.8	865.0	281.0	
cn4852	preprolegumain	plant	7	70.2	151.5	72.4	153.9	
cn5295	cysteine protease	plant	7	797.1	395.2	701.8	343.7	
			21	197.9	172.9	322.6	105.2	
cn5296	cysteine protease	plant	21	3.3	3.1	15.9	3.1	
cn5330	Cysteine protease	plant	7	290.7	130.2	284.5	113.5	
cn5479	DNAJ protein	plant	7	2653.3	5261.4	2592.4	5960.9	
cn5935	ubiquitin conjugating enzyme	plant	7	307.2	144.9	335.2	113.9	
cn7249	ubiquitin interaction motif-containing protein	plant	21	203.3	62.8	199.4	73.0	
cn7608	copper chaperone	plant	7	37.2	21.3	58.1	19.0	
cn7829	Hsp20/alpha crystallin family protein	plant	21	24.0	8.3	34.7	10.1	
cn9178	aspartyl protease	plant	21	12.8	65.6	12.6	33.6	
cn9984	serine carboxypeptidase	plant	7	104.6	286.2	109.4	326.3	
cn9985	serine carboxypeptidase	plant	7	48.3	174.5	53.9	197.3	
DC240649_1	ubiquitin-protein ligase	plant	7	52.4	115.8	49.5	106.7	
DC242503_1	vacuolar processing enzyme 2	plant	7	978.3	1717.1	886.4	2172.5	
DC244271_1	Lytic transglycosylase-like	plant	7	75.1	51.9	95.1	41.5	
DY395888_1	serine carboxypeptidase	plant	21	22.6	6.0	14.3	3.0	
GO_dr001P0006J07_F_ab1	cysteine protease inhibitor/ serine-type endopeptidase inhibitor	plant	21	5.3	15.8	4.7	16.1	
GO_dr004P0001A18_F_ab1	zinc finger (C3HC4-type RING finger) family protein	plant	21	29.8	8.6	37.8	14.4	
GO_drpoolB-CL8237Contig1		plant	7	118.3	278.3	94.2	205.9	
GO_dr004P0002N23_F_ab1	Aspartic proteinase nepenthesin-1 precursor	plant	21	49.3	192.0	57.8	142.7	
GO_dr004P0015F22_F_ab1	Hsp20/alpha crystallin family protein	plant	21	21.5	6.1	27.6	9.4	
GO_dr004P0015P14_F_ab1	chaperonin-60kD	plant	21	123.1	264.5	107.6	225.6	
GO_dr004P0016N17_F_ab1	chloroplast / 60 kDa chaperonin alpha subunit	plant	21	36.6	22.4	21.8	58.4	
GO_dr004P0029P14_F_ab1	DnaJ-like protein	plant	7	751.9	402.8	734.0	355.0	
GO_drpoolB-CL2159Contig1	tRNA-splicing endonuclease positive effector	plant	21	58.0	117.8	43.2	120.5	
GO_drpoolB-CL2390Contig1	aspartyl protease	plant	7	89.9	76.8	144.7	63.5	
GO_drpoolB-CL4618Contig1	chaperonin-60kD	plant	21	1019.0	2087.1	969.1	1949.7	

Fortsetzung Tabelle 44							
Sequenz-ID und Funktionsklasse	Funktion	Homologie	Tag	BEG144 13,5 °C	BEG144 17,5 °C	(-) AMP 13,5 °C	(-) AMP 17,5 °C
GO_drs12P0011K17_F_ab1	gamma glutamyl transpeptidasesIX. Protein	plant	7	491.9	971.2	520.0	1040.9
IP_PHBS002J24u	zinc finger (C3HC4 type RING finger) family protein	plant	21	179.7	44.1	194.0	44.7
IP_PHBS012I09u	aspartyl protease	plant	21	180.1	61.9	160.0	16.3
IP_PHBS013K15u	galactomannan galactosyl transferase	plant	7	281.8	108.8	287.1	107.1
IP_PHBS013O09u	cytochrome c biogenesis protein	plant	7	8330.7	2610.2	6967.0	2937.8
X. Signalling							
cn2078	serine-threonine protein kinase	plant	7	354.7	176.8	399.3	161.3
cn2555	leucine-rich repeat receptor-like protein kinase	plant	7	890.6	438.5	834.6	377.6
cn2576	serine-threonine protein kinase	plant	7	176.7	86.3	162.4	67.6
cn2567	serine-threonine protein kinase	plant	7	775.8	376.3	722.4	339.0
cn2577	serine-threonine protein kinase	plant	7	816.9	372.5	740.8	356.1
cn2587	serine-threonine protein kinase	plant	7	639.3	297.6	574.9	260.3
cn2588	leucine-rich repeat receptor-like protein kinase	plant	7	576.0	280.2	537.1	243.8
cn4077	Rho-GTPase-activating protein	plant	7	136.1	253.3	130.9	295.6
cn4078	Rho-GTPase-activating protein	plant	7	5.7	34.4	6.9	28.4
cn4206	MAP kinase	plant	21	7.0	7.9	14.5	3.8
cn5730	GTP binding / GTPase	plant	7	202.3	76.8	215.9	70.8
cn644	phosphoinositide-specific phospholipase C	plant	21	702.4	1870.5	776.5	2170.9
cn6500	AMP-activated protein kinase	plant	7	58.6	151.8	49.5	156.6
cn6529	NBS-LRR type resistance protein	plant	7	12.3	14.5	67.2	13.9
cn7008	PEP carboxylase kinase	plant	21	48.1	35.6	68.2	31.3
cn7049	AMP-activated protein kinase	plant	7	336.0	908.5	320.6	912.4
cn7097	phytochrome B	plant	7	207.1	110.4	234.5	110.0
cn7233	serine-threonine protein kinase	plant	21	34.0	31.0	49.9	18.8
cn7372	protein phosphatase 2c	plant	21	155.1	47.1	192.5	55.4
cn7771	Histidine-containing phosphotransfer protein	plant	7	570.9	1272.6	502.3	1226.9
cn7771	Histidine-containing phosphotransfer protein	plant	21	1031.9	1467.4	940.0	2067.6
cn7985	Nodulation receptor kinase	plant	7	213.3	128.5	226.8	108.7
cn8142	calmodulin-dependent protein kinase	plant	21	291.1	92.9	268.8	49.6
cn8234	symbiosis receptor-like kinase	plant	7	80.6	202.1	92.9	178.0
cn8870	Calmodulin	plant	21	48.3	52.2	47.3	219.1
DC242369_1	Rho guanyl-nucleotide exchange factor	plant	7	3.8	5.4	26.6	7.3
DC243397_1	phosphoinositide 3-phosphatase	plant	21	2.4	2.4	2.4	9.6
DC244040_1	phosphatidylinositol 3- and 4-kinase family protein	plant	21	17.5	19.6	14.0	36.1
DC244223_1	CBL-interacting serine/threonine-protein kinase	unknown	7	35.8	113.2	34.0	75.1
DC244237_1	calmodulin-dependent protein kinase	plant	21	5.5	13.8	4.8	13.3
DC244593_1	phagocytosis and cell motility protein	plant	7	6.0	30.5	9.2	21.1
GO_dr001P0002G04_F_ab1	two-component system sensor histidine kinase/response regulator	plant	7	52.0	18.3	42.1	9.0
GO_dr001P0002G04_F_ab1	two-component system sensor histidine kinase/response regulator	plant	21	29.1	3.5	37.7	23.8
GO_dr001P0004J23_F_ab1	serine/threonine protein kinase	plant	7	683.0	1207.1	676.9	1436.3
GO_dr001P0013F18_F_ab1	MAP KINASE SUBSTRATE 1	plant	21	16.9	42.8	15.9	41.8
GO_dr001P0019B10_F_ab1	protein kinase family protein / U-box domain-containing protein	plant	7	6.1	25.3	10.3	32.1
GO_dr004P0011C14_F_ab1	two-component system sensor histidine kinase/response regulator	plant	21	27.3	36.9	19.8	42.5
GO_dr004P0012B05_F_ab1	inositol 1,3,4-trisphosphate 5/6-kinase	plant	21	838.9	308.4	817.3	396.9
GO_dr004P0029H20_F_ab1	calmodulin binding	plant	21	55.5	104.1	45.5	158.2
GO_dr004P0032J19_F_ab1	receptor interactor	plant	7	203.3	75.9	189.6	57.0
GO_drpoolB-CL2470Contig1	protein kinase	plant	21	64.6	41.5	93.5	40.9
GO_drpoolB-CL3325Contig1	TRAF homology domain-containing protein	plant	21	10.1	3.4	15.0	2.9
GO_drpoolB-CL372Contig1	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	plant	21	43.0	107.7	29.5	79.2

Fortsetzung Tabelle 44							
Sequenz-ID und Funktionsklasse	Funktion	Homologie	Tag	BEG144 13,5 °C	BEG144 17,5 °C	(-) AMP 13,5 °C	(-) AMP 17,5 °C
GO_drpoolB-CL4856Contig1	extracellular Ca ²⁺ sensing receptor	plant	7	8696.8	4127.3	9096.6	4428.4
GO_drpoolB-CL5066Contig1	endoplasmic reticulum-type Ca ²⁺ -ATPase	plant	7	25.4	19.0	24.4	11.3
GO_drpoolB-CL5369Contig1	serine/threonine-protein kinase	plant	7	527.6	266.7	549.1	254.3
GO_drpoolB-CL6060Contig1	Phospholipase C	plant	7	33.6	10.4	33.5	14.9
GO_drpoolB-CL6941Contig1	Serine/threonine-protein kinase	plant	21	29.1	53.0	25.6	51.0
GO_drpoolB-CL700Contig1	diphosphonucleotide phosphatase 1	plant	7	119.8	207.7	115.6	240.8
GO_drpoolB-CL8210Contig1	NRC1	plant	21	6.9	3.8	10.6	4.4
GO_drpoolB-CL8527Contig1	calmodulin binding	plant	7	90.6	123.8	55.2	122.9
GO_drpoolB-CL8734Contig1	leucine-rich repeat transmembrane protein kinase	plant	7	52.1	29.2	62.1	23.0
GO_drpoolB-CL9450Contig1	Ca ²⁺ antiporter/cation exchanger	plant	21	128.6	55.8	147.7	58.0
GO_drs12P0010E10_F_ab1	Ras-related protein Rab11A	plant	21	969.1	1596.7	874.0	1893.1
GO_drs13P0026B07_F_ab1	cyclic nucleotide gated channel	plant	7	845.1	212.5	820.3	239.6
GO_drs13P0026B07_R_ab1	calcium channel/ calmodulin binding / cation channel/ cyclic nucleotide binding / inward rectifier potassium channel	plant	7	2084.1	598.1	2178.6	608.8
SG_SGN-U209454	calcium-binding EF hand family protein	plant	7	42.7	8.6	51.8	6.2
SG_SGN-U210584	calcium-binding EF hand family protein	plant	7	17.9	7.4	18.7	6.9
SG_SGN-U210717	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	plant	21	57.6	152.0	61.0	129.9
SG_SGN-U211801	ARF GTPase activator	plant	7	221.2	569.5	227.1	474.1
XI. Cell cycle							
cn7160	Cyclin proliferating cell nuclear antigen	plant	7	1463.3	399.8	1306.8	381.1
cn7944	mitotic spindle checkpoint protein	plant	7	66.2	34.3	67.5	17.3
cn8121	cyclin-dependent protein kinase	plant	7	378.6	123.6	355.3	106.8
GO_dr004P0014A13_F_ab1	spindle checkpoint protein-related	plant	7	23.4	8.3	22.9	9.6
SG_SGN-U211239	cyclin-related	plant	7	23.4	5.9	25.6	13.4
			21	36.2	9.0	34.2	16.1
XIIa. Biotic stimuli							
cn1070	pathogenesis-related protein 2	plant	7	139.1	67.6	158.2	66.2
cn1072	pathogenesis-related protein 4	plant	7	369.9	181.2	446.2	182.3
cn1425	osmotin	plant	7	196.9	48.3	152.2	48.6
cn1426	Osmotin-like protein	plant	7	256.8	64.9	230.1	57.0
cn3167	Pathogenesis-related protein 1C	plant	21	183.5	71.6	242.9	50.3
cn3176	pathogenesis-related protein	plant	7	261.9	91.2	240.9	111.4
			21	198.6	50.9	223.8	38.4
cn3802	Acidic endochitinase	plant	21	5744.8	1189.9	4569.3	1016.1
cn3803	Acidic endochitinase	plant	21	582.1	93.5	370.2	97.0
cn5122	Pathogenesis-related lipid transferase	plant	7	442.9	278.2	577.8	255.4
cn7220	nodulin	plant	7	551.8	326.5	509.2	218.7
cn8670	Basic 30 kDa endochitinase	plant	21	14.3	43.8	17.8	55.0
GI_NP1240146	Acidic endochitinase	plant	21	4494.0	739.3	4228.9	621.6
GO_dr001P0015G13_F_ab1	harpin-induced protein-related	plant	21	167.4	71.7	288.8	73.4
GO_dr001P0020I18_F_ab1	NIMIN2b protein	plant	7	189.8	48.7	122.4	41.8
GO_dr004P0005E08_F_ab1	class III chitinase	plant	7	50.7	127.7	50.1	128.8
GO_drpoolB-CL2055Contig1	chitinase	plant	21	552.8	120.6	657.9	93.4
GO_drpoolB-CL6209Contig1	pathogenesis-related thaumatin-like protein	plant	21	80.7	24.3	96.5	20.7
GO_drpoolB-CL6692Contig1	disease resistance-responsive protein	plant	21	2881.0	1237.6	2904.7	1419.3
GO_drpoolB-CL8536Contig1	defensin	plant	7	9.1	3.1	15.0	2.5
GO_drpoolB-CL9080Contig1	Glucan endo-1,3-beta-glucosidase	plant	21	1893.6	268.3	2283.3	248.4
XIIb. Abiotic stimuli							
cn145	Photoassimilate-responsive protein	plant	21	131.1	58.0	140.8	40.5
cn172	Early light inducible protein	plant	7	3892.4	1397.8	3439.0	1481.6
cn172	Early light inducible protein	plant	21	4065.4	1339.7	4680.6	1612.8
cn173	Early light inducible protein	plant	7	11195.4	4247.9	10638.3	4191.4
cn173	Early light inducible protein	plant	21	15343.9	5032.5	17318.7	5665.3
cn1765	Class II small heat shock protein	plant	21	25.7	6.9	27.9	5.6

Fortsetzung Tabelle 44							
Sequenz-ID und Funktionsklasse	Funktion	Homologie	Tag	BEG144 13,5 °C	BEG144 17,5 °C	(-) AMP 13,5 °C	(-) AMP 17,5 °C
cn2441	RD22 (responsive to dessication 22; BURP domain-cont.protein)	plant	21	617.1	2126.7	744.6	1787.7
cn2906	Early light inducible protein	plant	7	3168.7	854.2	3497.4	944.7
cn2906	Early light inducible protein	plant	21	2053.7	685.3	3084.0	816.6
cn4143	Photoassimilate-responsive protein	plant	21	3672.0	716.4	3690.9	521.9
cn443	Low temperature and salt responsive protein	plant	21	613.3	147.5	489.7	206.9
cn6227	Drought-responsive family protein	plant	7	1415.4	2335.2	1304.0	2814.5
cn6229	Dehydration-induced	plant	7	605.1	939.2	538.9	1273.1
cn6229	Dehydration-induced	plant	21	1346.2	2537.9	1204.7	2449.5
cn6321	Aluminum-induced protein-like protein	plant	7	468.8	721.0	381.6	831.0
cn6636	Photoassimilate-responsive protein	plant	21	108.5	22.7	102.2	17.7
cn9390	NaCl-inducible Ca ²⁺ -binding protein	plant	7	637.7	230.7	600.2	201.0
DY396022_1	Heat shock protein 70 (HSP70)-interacting protein	plant	21	108.1	43.9	117.2	39.8
GO_dr001P0012014_F_ab1	Heat shock protein	plant	21	9.6	5.8	9.4	5.0
GO_dr001P0014004_F_ab1	Light-dependent short hypocotyl	plant	7	6.1	6.0	3.1	21.5
IP_PHBS008P03u	Dehydration-responsive element binding protein	plant	7	14.4	42.5	4.4	20.6
IP_PHBS008P03u	Dehydration-responsive element binding protein	plant	21	2.9	10.6	2.9	14.0
IP_PHBS010L04u	Wound-responsive protein	plant	7	46.2	108.0	41.7	100.2
IP_PHBS010L04u	Wound-responsive protein	plant	21	37.0	41.6	31.6	126.0
XIIIc. Development and tissue specific							
cn5593	Late embryogenesis abundant protein	plant	21	16688.4	5624.1	16622.2	8191.8
cn5692	Petunia Germinating Pollen S/D3	plant	21	42.2	55.6	48.3	23.1
cn6546	Late embryogenesis abundant protein	plant	21	2747.2	974.0	2783.6	1075.8
cn6901	Thylakoid lumenal 29.8 kDa protein	plant	21	4581.5	2185.4	5129.2	2561.9
GO_dr001P0013G20_F_ab1	EMBRYO DEFECTIVE	plant	21	72.3	129.0	71.2	144.2
XIIId. Miscellaneous							
cn1689	Acid phosphatase	plant	21	95.8	273.6	112.5	318.4
cn3770	Purple acid phosphatase	plant	7	1393.2	2409.0	1309.4	2897.9
cn3907	Leucine-rich repeat family protein	plant	21	15.4	12.6	3.4	25.1
cn4044	Lipid-transfer protein	plant	7	501.5	231.3	449.0	194.3
cn4208	Cytochrome P450	plant	7	368.3	379.5	396.0	763.1
			21	1094.2	568.4	1171.2	404.1
cn5228	N-acylneuraminate-9-phosphatase	plant	21	2271.7	1019.2	2553.5	1114.1
cn5299	Galactose-binding like	plant	7	6747.3	3187.4	6408.7	3087.8
cn6849	Hydrolase, alpha/beta fold family protein	plant	7	33.0	78.1	31.1	68.6
cn7256	Kinase interacting family protein	plant	7	66.9	38.0	79.7	27.4
			21	19.2	14.2	23.6	7.2
cn7499	Cytochrome P450	plant	21	2127.5	723.0	2319.0	958.5
cn7626	Oxidoreductase	plant	21	17.3	4.6	23.5	3.6
cn7980	Oxidoreductase, acting on NADH or NADPH	plant	21	51.0	13.6	49.2	14.8
cn8100	Tartrate-resistant acid phosphatase	plant	21	83.5	37.3	125.8	36.9
cn8651	Transferase family protein	plant	21	1482.5	775.7	1653.3	672.2
cn8910	FAD NAD binding oxidoreductases	plant	21	5901.1	1566.4	5879.3	1761.9
cn9275	Mitochondrial glycoprotein	plant	21	528.5	1149.5	513.2	1056.4
GO_dr001P0006D13_F_ab1	Hydrolase, alpha/beta fold family protein	plant	7	59.8	148.6	49.6	132.2
GO_dr001P0012C07_F_ab1	binding	plant	7	628.9	364.4	809.9	336.1
GO_dr001P0012O21_F_ab1	acyltransferase	plant	21	218.9	69.9	205.1	57.0
GO_dr001P0015N14_F_ab1	protease inhibitor/seed storage/lipid transfer protein family p.	plant	21	1340.0	253.0	1271.0	200.2
GO_dr004P0003O16_F_ab1	UDP-glucose pyrophosphorylase	plant	7	209.8	101.0	217.7	85.6
GO_dr004P0019D02_F_ab1	single-stranded DNA-binding p.	plant	21	162.9	379.9	158.3	338.8
GO_dr004P0023D13_F_ab1	hydrolase, alpha/beta fold family protein	plant	7	543.5	112.1	478.1	85.6
		plant	21	31.9	12.1	34.2	17.4

Fortsetzung Tabelle 44							
Sequenz-ID und Funktionsklasse	Funktion	Homologie	Tag	BEG144 13,5 °C	BEG144 17,5 °C	(-) AMP 13,5 °C	(-) AMP 17,5 °C
GO_drpoolB-CL2388Contig1	cytochrome P450	plant	21	99.7	30.2	106.0	43.3
GO_drpoolB-CL3755Contig1	WD40 repeat	plant	7	606.7	195.5	566.9	188.3
GO_drpoolB-CL3770Contig1	F-box family protein	plant	7	369.6	145.4	340.5	151.1
GO_drpoolB-CL3910Contig1	phosphomannose isomerase	plant	21	44.7	16.6	30.4	14.3
GO_drpoolB-CL4403Contig1	intramolecular oxidoreductase	plant	7	2613.8	1378.3	2712.9	1195.5
GO_drpoolB-CL4463Contig1	cytochrome P450	plant	21	188.5	56.1	220.0	73.7
GO_drpoolB-CL4817Contig1	AAA-type ATPase	plant	21	299.1	115.4	280.4	112.0
GO_drpoolB-CL4830Contig1	cytochrome P450	plant	7	11.8	49.5	26.1	59.5
GO_drpoolB-CL4968Contig1	cytochrome P450	plant	21	147.6	36.2	139.6	58.9
GO_drpoolB-CL5290Contig1	purple acid phosphatase	plant	21	1083.8	427.8	941.4	425.2
GO_drpoolB-CL5615Contig1	Nucleic acid-binding	plant	7	693.7	210.7	628.4	179.2
GO_drpoolB-CL6532Contig1	cytochrome P450	plant	21	70.3	26.7	70.0	24.2
GO_drpoolB-CL8844Contig1	esterase/lipase/thioesterase family protein	plant	21	3247.5	5648.5	2754.8	5525.8
GO_drpoolB-CL9439Contig1	WD40 repeat	plant	7	171.4	51.9	164.0	46.9
GO_drpoolB-CL9439Contig1	WD40 repeat	plant	21	33.2	29.1	87.0	28.7
GO_drs31P0004A03_R_ab1	FAD-binding domain-containing protein	plant	21	35.8	9.0	28.0	9.7
IP_PHBS002A21u	carbohydrate binding	plant	7	43.3	148.9	35.9	121.2
IP_PHBS013L22u	F-box family protein	plant	7	24.7	14.1	25.4	8.7
SG_SGN-U208501	hydrolase, alpha/beta fold family protein	plant	21	437.0	200.2	495.3	227.4
SG_SGN-U211980	esterase	plant	7	72.4	192.8	89.8	239.2
XIIe. Unknown							
cn1751	BURP domain-containing protein	plant	21	274.5	868.6	304.1	698.3
cn1752	BURP domain-containing protein	plant	21	83.8	161.0	73.6	170.7
cn1753	BURP domain-containing protein	plant	21	460.7	1573.9	521.2	1301.8
cn2442	BURP domain-containing protein	plant	21	456.0	1582.7	531.1	1264.9
cn2444	BURP domain-containing protein	plant	21	221.3	714.0	235.4	576.7
cn3842	farnesylated protein 3	plant	7	250.7	159.4	258.2	107.2
cn4611	predicted protein	plant	7	121.6	36.3	102.3	34.8
cn4756	predicted protein	plant	7	70.3	220.7	64.5	156.6
cn4853	ACI112	plant	21	559.5	207.6	707.2	278.9
cn5081	predicted protein	plant	7	139.7	242.6	132.8	265.6
cn5531	PGPS/D7	plant	21	268.7	135.6	354.6	154.8
cn5564	predicted protein	plant	7	4079.9	1066.0	4208.5	1317.5
cn5998	predicted protein	plant	21	78.1	28.2	73.9	26.6
cn6425	predicted protein	plant	21	17.1	40.5	17.0	93.9
cn6932	predicted protein	plant	21	162.6	68.5	159.7	70.8
cn7474	predicted protein	plant	21	160.9	33.5	152.8	45.7
cn7728	predicted protein	plant	21	858.4	351.9	800.5	315.6
cn7748	predicted protein	plant	7	25.6	11.7	28.9	10.0
cn7928	predicted protein	plant	7	1305.6	211.3	1132.3	224.9
cn7954	predicted protein	plant	21	261.1	783.6	280.6	761.4
cn8021	predicted protein	plant	7	185.1	591.3	228.0	517.7
cn8021	predicted protein	plant	21	825.8	1615.1	735.4	1688.9
cn8063	predicted protein	plant	21	860.1	315.1	1170.1	373.1
cn8465	predicted protein	plant	21	8.9	2.8	7.9	3.7
cn8496	predicted protein	plant	7	721.3	348.7	703.5	339.0
cn9427	predicted protein	plant	21	277.8	136.1	271.3	107.7
DC239934_1	predicted protein	plant	21	14.6	57.1	10.0	30.6
DC242396_1	predicted protein	plant	7	27.2	9.0	25.8	8.0
DW177141_1	predicted protein	plant	7	822.4	403.4	911.2	334.6
EB174679_1	predicted protein	unknown	7	152.4	48.1	144.3	30.6
EB174679_1	predicted protein	unknown	21	13.3	5.4	17.4	8.5
GO_dr001P0013B01_F_ab1	predicted protein	plant	7	176.3	87.8	178.2	80.8
GO_dr001P0015I04_F_ab1	predicted protein	plant	21	16.3	6.5	20.9	3.6
GO_dr001P0017N08_F_ab1	predicted protein	plant	21	11.7	19.6	30.5	9.4
GO_dr001P0018O04_F_ab1	predicted protein	plant	7	29.7	6.1	22.4	4.6
GO_dr004P0002A06_F_ab1	predicted protein	unknown	7	8.0	5.8	2.7	12.6
GO_dr004P0003N07_F_ab1	predicted protein	plant	7	1470.9	3756.4	1552.2	4155.1
GO_dr004P0018C18_F_ab1	predicted protein	plant	21	49.5	34.4	67.4	23.9
GO_dr004P0019M19_F_ab1	predicted protein	plant	7	608.5	1219.5	933.1	2047.7
GO_dr004P0019M19_F_ab1	predicted protein	plant	21	3892.6	845.8	2818.6	1033.1
GO_dr004P0020C13_F_ab1	predicted protein	plant	7	237.0	47.4	215.7	22.5
GO_dr004P0020D08_F_ab1	predicted protein	plant	21	513.2	232.9	748.9	369.5

Fortsetzung Tabelle 44							
Sequenz-ID und Funktionsklasse	Funktion	Homologie	Tag	BEG144 13,5 °C	BEG144 17,5 °C	(-) AMP 13,5 °C	(-) AMP 17,5 °C
GO_dr004P0022E01_F_ab1	predicted protein	unknown	21	64.0	22.9	57.2	23.3
GO_drpoolB-CL1335Contig1	unnamed protein	plant	21	1004.9	537.8	1024.6	439.1
GO_drpoolB-CL1499Contig1	predicted protein	plant	21	54.5	5.7	64.6	17.5
GO_drpoolB-CL1763Contig1	predicted protein	plant	21	1232.9	421.8	1338.6	400.3
GO_drpoolB-CL1888Contig1	predicted protein	plant	7	2059.3	1049.9	2005.1	961.8
GO_drpoolB-CL1888Contig1	predicted protein	plant	21	261.2	167.2	287.5	135.2
GO_drpoolB-CL2867Contig1	unknown protein	plant	21	921.1	385.0	992.0	445.3
GO_drpoolB-CL3103Contig1	predicted protein	plant	21	87.6	33.4	97.1	33.4
GO_drpoolB-CL3395Contig1	glycine-rich protein	plant	7	1115.2	505.9	1159.5	516.3
GO_drpoolB-CL3534Contig1	predicted protein	plant	21	144.2	91.8	165.4	80.7
GO_drpoolB-CL3891Contig1	predicted protein	plant	21	61.5	271.4	78.9	245.0
GO_drpoolB-CL4126Contig1	predicted protein	plant	7	50.9	30.1	60.1	21.0
GO_drpoolB-CL4821Contig1	predicted protein	plant	7	21.7	16.0	23.9	8.8
GO_drpoolB-CL4879Contig1	predicted protein	plant	7	143.1	52.6	141.5	52.7
GO_drpoolB-CL4879Contig1	predicted protein	plant	21	39.1	7.6	50.2	10.1
GO_drpoolB-CL6019Contig1	predicted protein	plant	21	120.5	40.6	113.9	36.3
GO_drpoolB-CL6383Contig1	predicted protein	plant	7	351.2	706.0	332.6	670.3
GO_drpoolB-CL7095Contig1	glycine-rich protein	plant	7	191.5	329.9	182.3	377.9
GO_drpoolB-CL7095Contig1	glycine-rich protein	plant	21	442.9	1349.6	401.9	1320.1
GO_drpoolB-CL7878Contig1	predicted protein	plant	7	67.9	31.6	74.2	34.3
GO_drpoolB-CL7878Contig1	predicted protein	plant	21	30.1	18.6	32.4	15.2
GO_drpoolB-CL8125Contig1	predicted protein	plant	21	435.1	183.7	524.3	235.6
GO_drpoolB-CL8513Contig1	predicted protein	plant	7	547.2	1034.2	510.6	1067.9
GO_drpoolB-CL9361Contig1	predicted protein	plant	21	55.8	120.1	54.0	119.5
IP_PHBS013A14u	predicted protein	plant	7	19.2	19.2	20.4	7.8
IP_PHBS013C04u	predicted protein	plant	21	63.6	23.2	59.6	18.2
IP_PHBS013M03u	predicted protein	plant	7	95.8	40.3	107.1	37.4
SG_SGN-U210763	predicted protein	plant	7	257.7	164.5	282.4	135.2
SG_SGN-U210936	predicted protein	plant	7	1889.5	888.1	1709.3	841.0
SG_SGN-U212085	predicted protein	plant	7	77.6	165.4	72.6	161.8
XIII. No homology							
cn10077	unknown	unknown	21	14.6	41.1	15.5	36.3
cn10088	unknown	unknown	7	398.5	728.2	391.2	805.5
cn10178	unknown	unknown	7	42.0	83.8	40.3	106.1
cn103	unknown	unknown	7	1038.4	464.0	981.2	346.0
cn10407	unknown	unknown	7	1354.3	361.9	1231.2	224.0
cn10407	unknown	unknown	21	56.4	24.5	78.9	25.2
cn10480	unknown	unknown	7	24.7	24.4	83.0	19.0
cn1121	unknown	unknown	7	7641.4	2338.9	6503.0	2240.5
cn1121	unknown	unknown	21	223.5	116.2	235.8	77.7
cn1208	unknown	unknown	7	8964.7	2620.3	8263.6	2908.2
cn1208	unknown	unknown	21	8593.6	2444.5	10273.8	3139.0
cn1417	unknown	unknown	21	7124.4	17614.4	8763.1	20890.7
cn1574	unknown	unknown	21	88.1	293.3	98.4	215.9
cn1576	unknown	unknown	21	20.0	16.2	27.3	9.8
cn1664	unknown	unknown	7	128.5	585.6	119.0	546.5
cn1664	unknown	unknown	21	506.2	114.4	338.7	163.8
cn1776	unknown	unknown	21	9.9	50.8	16.4	38.9
cn1783	unknown	unknown	21	225.7	35.7	162.2	79.9
cn1815	unknown	unknown	7	21424.0	12452.2	21684.3	10457.2
cn1815	unknown	unknown	21	1720.0	564.2	1865.0	569.4
cn1857	unknown	unknown	21	118.3	61.4	129.6	29.2
cn1907	unknown	unknown	21	881.6	21734.4	4279.3	13971.6
cn2054	unknown	unknown	21	2488.7	1256.0	3224.7	1543.8
cn2452	unknown	unknown	21	115.0	413.6	128.9	330.8
cn2483	unknown	unknown	7	22408.5	12213.0	22034.0	10785.9
cn2483	unknown	unknown	21	1801.2	588.5	1983.5	562.3
cn2485	unknown	unknown	7	25263.8	13727.0	25494.4	12216.8
cn2485	unknown	unknown	21	1975.4	641.9	2155.7	601.7
cn2490	unknown	unknown	7	24036.6	12829.9	23819.9	11333.1
cn2490	unknown	unknown	21	1780.7	548.6	1947.6	516.1
cn2541	unknown	unknown	7	5.6	6.6	18.3	4.4
cn2541	unknown	unknown	21	6.9	5.5	18.6	8.1
cn3036	unknown	unknown	7	11.4	24.3	8.8	22.6
cn3090	unknown	unknown	21	5.3	2.7	3.5	10.5
cn3164	unknown	unknown	7	7.9	11.2	3.3	23.7

Fortsetzung Tabelle 44								
Sequenz-ID und Funktionsklasse	Funktion	Homologie	Tag	BEG144 13,5 °C	BEG144 17,5 °C	(-) AMP 13,5 °C	(-) AMP 17,5 °C	
cn3164	unknown	unknown	21	10.3	112.4	32.2	142.3	
cn3298	unknown	unknown	7	2884.2	1119.7	2599.2	1025.2	
cn3444	unknown	unknown	7	156.2	409.5	139.7	408.0	
cn3557	unknown	unknown	7	3435.3	1012.5	3247.2	663.7	
cn3557	unknown	unknown	21	166.4	54.4	214.6	48.5	
cn3614	unknown	unknown	7	250.3	118.0	264.0	96.2	
cn3767	unknown	unknown	21	377.9	144.9	437.4	203.5	
cn3929	unknown	unknown	7	563.4	275.7	551.4	238.0	
cn4079	unknown	unknown	7	311.7	128.2	331.9	109.7	
cn4674	unknown	unknown	7	3435.0	1786.2	3188.6	1548.6	
cn5026	unknown	unknown	7	258.3	592.4	143.7	437.2	
cn5138	unknown	unknown	7	56.5	437.5	74.0	629.6	
cn5218	unknown	unknown	21	144.3	305.4	151.2	350.5	
cn5434	unknown	unknown	7	16.4	71.0	15.4	127.5	
cn5441	unknown	unknown	7	2626.5	757.7	2131.4	626.8	
cn5592	unknown	unknown	7	39.6	14.9	44.4	17.7	
cn5592	unknown	unknown	21	58.4	12.5	68.2	24.2	
cn5707	unknown	unknown	21	18.8	69.6	21.8	44.1	
cn5937	unknown	unknown	7	4553.4	1339.8	4030.1	1329.5	
cn6049	unknown	unknown	7	71.9	97.2	57.2	119.0	
cn6238	unknown	unknown	21	26.2	14.3	38.9	17.8	
cn6244	unknown	unknown	7	309.2	134.7	345.5	143.6	
cn630	unknown	unknown	21	76.3	155.5	86.4	174.5	
cn6818	unknown	unknown	21	251.2	90.6	329.2	129.4	
cn6823	unknown	unknown	7	100.4	183.4	92.1	196.0	
cn6835	unknown	unknown	7	100.0	205.8	99.3	220.6	
cn6939	unknown	unknown	21	5.3	4.4	13.9	5.7	
cn6972	unknown	unknown	7	21.7	74.5	21.6	69.3	
cn6972	unknown	unknown	21	17.8	64.4	24.6	74.2	
cn7012	unknown	unknown	7	78.9	153.4	54.6	116.6	
cn7018	unknown	unknown	7	55.5	34.4	76.4	26.5	
cn7067	unknown	unknown	21	314.6	159.7	435.8	192.3	
cn7116	unknown	unknown	7	16.5	26.4	14.9	32.1	
cn7125	unknown	unknown	7	154.6	65.2	146.9	45.7	
cn7189	unknown	unknown	7	35.1	17.2	39.4	17.4	
cn7201	unknown	unknown	7	3.7	3.5	6.1	2.5	
cn7229	unknown	unknown	7	171.9	43.6	160.2	30.9	
cn7242	unknown	unknown	21	1598.4	2940.6	1359.1	2898.8	
cn7272	unknown	unknown	21	5.9	16.1	6.0	27.5	
cn7296	unknown	unknown	7	55.9	29.0	56.6	22.9	
cn7296	unknown	unknown	21	25.8	16.4	33.7	11.0	
cn7348	unknown	unknown	7	41.6	65.5	29.4	67.6	
cn7509	unknown	unknown	21	574.5	92.0	569.6	58.8	
cn7661	unknown	unknown	21	342.8	814.9	345.9	729.4	
cn7678	unknown	unknown	21	3.0	2.7	2.7	41.7	
cn7772	unknown	unknown	7	46.7	35.3	42.8	14.8	
cn7854	unknown	unknown	7	935.8	554.4	996.4	497.6	
cn7922	unknown	unknown	21	416.8	185.0	394.9	126.9	
cn7978	unknown	unknown	7	128.5	54.2	88.8	35.3	
cn7978	unknown	unknown	21	53.6	84.9	29.8	69.1	
cn8003	unknown	unknown	7	173.5	108.6	211.4	100.7	
cn8048	unknown	unknown	7	203.9	535.8	236.8	486.2	
cn8078	unknown	unknown	7	259.7	131.1	225.9	106.1	
cn8078	unknown	unknown	21	82.8	26.4	109.4	39.1	
cn8143	unknown	unknown	7	522.0	182.0	459.5	132.2	
cn8860	unknown	unknown	7	494.3	86.2	433.8	42.8	
cn8962	unknown	unknown	7	235.5	127.9	249.5	80.8	
cn9297	unknown	unknown	7	219.2	436.7	200.8	415.4	
cn9331	unknown	unknown	7	59.3	108.5	57.8	118.7	
cn9391	unknown	unknown	7	598.8	213.5	547.0	183.0	
cn9976	unknown	unknown	21	317.3	628.7	285.8	597.8	
CV292661_1	unknown	unknown	7	213.1	66.9	241.1	59.5	
CV293054_1	unknown	unknown	7	18.4	37.7	4.0	19.0	
CV293221_1	unknown	unknown	7	1208.3	2137.5	1115.5	2591.4	
CV295307_1	unknown	unknown	7	116.2	57.1	113.1	47.9	
DC239858_1	unknown	unknown	7	44.8	17.3	6.5	31.6	

Fortsetzung Tabelle 44								
Sequenz-ID und Funktionsklasse	Funktion	Homologie	Tag	BEG144 13,5 °C	BEG144 17,5 °C	(-) AMP 13,5 °C	(-) AMP 17,5 °C	
DC240761_1	unknown	unknown	7	11922.9	4694.4	11169.8	3883.4	
DC240761_1	unknown	unknown	21	654.2	176.3	546.0	188.4	
DC241870_1	unknown	unknown	21	2723.8	780.6	2429.8	855.3	
DC242883_1	unknown	unknown	7	19.2	29.3	13.5	39.0	
DY395803_1	unknown	unknown	21	3.8	5.6	9.0	2.9	
DY396078_1	unknown	unknown	21	1635.5	247.3	1709.2	182.9	
EB174627_1	unknown	unknown	21	12716.7	5941.8	13042.1	5918.0	
EB174713_1	unknown	unknown	7	198.0	76.0	204.0	87.9	
EB174713_1	unknown	unknown	21	410.8	158.6	382.7	155.9	
EB174739_1	unknown	unknown	21	1194.6	419.6	1130.6	569.8	
EB174873_1	unknown	unknown	7	698.3	150.5	664.3	149.0	
EB174873_1	unknown	unknown	21	314.9	97.5	339.3	99.1	
EB174915_1	unknown	unknown	7	12.4	4.8	20.9	3.4	
EB174944_1	unknown	unknown	7	815.9	242.0	759.8	216.7	
EB174944_1	unknown	unknown	21	24.7	36.9	27.2	6.9	
EB174949_1	unknown	unknown	21	917.6	253.0	837.3	410.1	
GO_dr001P0003D16_F_ab1	unknown	unknown	7	115.4	335.0	127.2	294.4	
GO_dr001P0005G11_F_ab1	unknown	unknown	21	40.3	18.1	39.5	16.5	
GO_dr001P0007G17_F_ab1	unknown	unknown	7	47.9	152.4	55.1	121.1	
GO_dr001P0013K09_F_ab1	unknown	unknown	7	48.4	28.5	87.3	21.5	
GO_dr001P0013K09_F_ab1	unknown	unknown	21	21.8	15.1	22.2	11.0	
GO_dr001P0013O12_F_ab1	unknown	unknown	7	81.7	194.9	87.1	199.9	
GO_dr001P0014E20_F_ab1	unknown	unknown	21	5.0	5.5	11.5	4.3	
GO_dr001P0019A12_F_ab1	unknown	unknown	21	440.7	1920.1	551.7	2195.3	
GO_dr004P0003H17_F_ab1	unknown	unknown	7	71.3	26.9	71.1	21.6	
GO_dr004P0004A23_F_ab1	unknown	unknown	21	105.8	280.8	138.0	330.1	
GO_dr004P0005I17_F_ab1	unknown	unknown	7	19.2	13.1	24.7	5.8	
GO_dr004P0010J21_F_ab1	unknown	unknown	7	76.0	24.4	60.2	16.5	
GO_dr004P0012B14_F_ab1	unknown	unknown	7	272.9	75.1	223.7	35.1	
GO_drpoolB-CL1519Contig1	unknown	unknown	21	22.6	13.8	29.3	78.6	
GO_drpoolB-CL1930Contig1	unknown	unknown	7	4.2	41.9	4.3	50.4	
GO_drpoolB-CL2467Contig1	unknown	unknown	21	1252.7	425.7	1244.7	379.7	
GO_drpoolB-CL2670Contig1	unknown	unknown	7	1069.5	3862.8	1296.1	3884.9	
GO_drpoolB-CL2773Contig1	unknown	unknown	7	477.3	258.6	492.1	239.5	
GO_drpoolB-CL3113Contig1	unknown	unknown	7	566.8	1383.0	574.3	1481.8	
GO_drpoolB-CL4372Contig1	unknown	unknown	7	81.5	245.5	94.9	205.9	
GO_drpoolB-CL4477Contig1	unknown	unknown	21	1736.1	3992.2	1638.0	3608.5	
GO_drpoolB-CL4600Contig1	unknown	unknown	7	1738.4	1026.8	1724.8	827.5	
GO_drpoolB-CL4771Contig1	unknown	unknown	7	887.2	482.0	902.5	444.8	
GO_drpoolB-CL4833Contig1	unknown	unknown	7	34.8	49.2	23.3	51.9	
GO_drpoolB-CL4833Contig1	unknown	unknown	21	20.1	70.2	27.6	66.6	
GO_drpoolB-CL5123Contig1	unknown	unknown	7	6.3	5.7	17.4	5.8	
GO_drpoolB-CL5164Contig1	unknown	unknown	7	272.4	833.8	301.8	785.2	
GO_drpoolB-CL5166Contig1	unknown	unknown	21	558.5	2038.8	729.8	2333.6	
GO_drpoolB-CL5293Contig1	unknown	unknown	21	3328.6	48055.9	10092.6	37175.1	
GO_drpoolB-CL5457Contig1	unknown	unknown	7	45.7	123.9	22.2	81.2	
GO_drpoolB-CL5501Contig1	unknown	unknown	21	213.8	72.2	252.1	77.9	
GO_drpoolB-CL5511Contig1	unknown	unknown	21	15.5	10.9	23.2	5.7	
GO_drpoolB-CL5560Contig1	unknown	unknown	21	164.6	42.3	107.3	42.4	
GO_drpoolB-CL5743Contig1	unknown	unknown	7	30.0	84.9	31.2	72.6	
GO_drpoolB-CL5995Contig1	unknown	unknown	7	49.9	135.4	35.8	84.5	
GO_drpoolB-CL5995Contig1	unknown	unknown	21	9.1	52.0	10.8	42.7	
GO_drpoolB-CL6075Contig1	unknown	unknown	21	43.6	9.6	76.8	18.9	
GO_drpoolB-CL6517Contig1	unknown	unknown	7	116.1	248.6	111.5	244.8	
GO_drpoolB-CL671Contig1	unknown	unknown	7	4.6	3.0	21.1	3.0	
GO_drpoolB-CL679Contig1	unknown	unknown	21	2.6	4.7	4.4	28.1	
GO_drpoolB-CL8269Contig1	unknown	unknown	7	3931.5	1812.2	3975.2	1895.6	
GO_drpoolB-CL8357Contig1	unknown	unknown	21	103.1	172.2	91.7	185.6	
GO_drpoolB-CL8441Contig1	unknown	unknown	21	390.6	182.5	400.1	193.6	
GO_drpoolB-CL8945Contig1	unknown	unknown	7	63.4	137.8	35.4	101.3	
GO_drpoolB-CL9523Contig1	unknown	unknown	7	76.7	43.3	84.6	35.3	
GO_drs12P0001F05_R_ab1	unknown	unknown	7	2839.7	1271.6	3466.8	1595.3	
GO_drs12P0001F05_R_ab1	unknown	unknown	21	1221.8	352.0	1784.7	611.0	
GO_drs12P0009I15_R_ab1	unknown	unknown	7	154.1	56.1	138.1	48.8	
GO_drs13P0001D05_F_ab1	unknown	unknown	21	707.9	1872.1	747.2	1657.4	
GO_drs13P0005B21_F_ab1	unknown	unknown	7	342.3	160.1	340.2	149.6	

Fortsetzung Tabelle 44								
Sequenz-ID und Funktionsklasse	Funktion	Homologie	Tag	BEG144 13,5 °C	BEG144 17,5 °C	(-) AMP 13,5 °C	(-) AMP 17,5 °C	
GO_drs21P0001D15_R_ab1	unknown	unknown	7	23.5	7.2	27.4	3.4	
GO_drs21P0004I23_R_ab1	unknown	unknown	7	316.5	178.9	363.4	163.8	
GO_drs21P0005E15_R_ab1	unknown	unknown	7	3521.0	6865.7	3586.9	7443.0	
GO_drs21P0009O05_R_ab1	unknown	unknown	7	52.3	126.6	58.8	124.9	
GO_drs31P0005E08_F_ab1	unknown	unknown	21	770.7	290.5	839.8	289.8	
IP_PHBS001N09u	unknown	unknown	7	142.7	61.1	115.7	49.7	
IP_PHBS002A09u	unknown	unknown	7	20.9	9.0	19.8	6.5	
IP_PHBS002N19u	unknown	unknown	21	8.8	3.6	3.4	213.3	
IP_PHBS002P12u	unknown	unknown	7	34.3	22.6	32.3	14.4	
IP_PHBS003C03u	unknown	unknown	21	84.8	139.5	77.2	163.3	
IP_PHBS003D21u	unknown	unknown	7	72.9	45.5	80.0	38.3	
IP_PHBS003I06u	unknown	unknown	21	370.7	141.3	482.2	232.9	
IP_PHBS003L03u	unknown	unknown	21	251.4	114.6	371.3	173.3	
IP_PHBS003O12u	unknown	unknown	7	54.9	17.5	52.1	4.5	
IP_PHBS004B21u	unknown	unknown	21	755.1	326.7	898.0	343.9	
IP_PHBS004F05u	unknown	unknown	7	144.1	90.1	152.1	70.2	
IP_PHBS004H16u	unknown	unknown	7	55.5	246.4	42.7	103.8	
IP_PHBS004K18u	unknown	unknown	7	58.1	20.9	76.5	20.7	
IP_PHBS004K18u	unknown	unknown	21	57.1	61.1	68.6	27.8	
IP_PHBS005B03u	unknown	unknown	7	105.1	50.5	103.6	40.6	
IP_PHBS005E12u	unknown	unknown	21	1650.6	724.6	1896.3	781.3	
IP_PHBS005G11u	unknown	unknown	21	68.0	182.6	73.6	155.8	
IP_PHBS005G23u	unknown	unknown	21	6.4	34.6	8.5	52.6	
IP_PHBS006A18u	unknown	unknown	7	96.2	25.0	114.1	17.8	
IP_PHBS006A18u	unknown	unknown	21	183.0	77.9	222.1	67.5	
IP_PHBS006C18u	unknown	unknown	7	309.6	793.5	327.4	830.8	
IP_PHBS006E21u	unknown	unknown	21	79.9	27.3	102.9	25.2	
IP_PHBS006J14u	unknown	unknown	21	3.2	18.3	2.5	21.5	
IP_PHBS007N07u	unknown	unknown	21	1614.4	668.0	1676.2	816.7	
IP_PHBS008B03u	unknown	unknown	7	554.4	155.4	512.3	119.8	
IP_PHBS008E08u	unknown	unknown	21	83.4	36.9	85.3	34.9	
IP_PHBS008H01u	unknown	unknown	21	4.3	3.6	29.0	4.9	
IP_PHBS008I02u	unknown	unknown	21	98.1	54.1	105.5	39.4	
IP_PHBS008I11u	unknown	unknown	7	39.6	10.0	47.7	11.7	
IP_PHBS008I11u	unknown	unknown	21	22.2	17.3	26.7	6.4	
IP_PHBS008K10u	unknown	unknown	7	23.1	64.5	26.6	83.0	
IP_PHBS008L08u	unknown	unknown	7	86.3	51.1	112.7	50.4	
IP_PHBS008M04u	unknown	unknown	21	11.8	38.1	16.7	50.4	
IP_PHBS009B12u	unknown	unknown	7	298.5	205.0	392.4	172.7	
IP_PHBS009E23u	unknown	unknown	21	5232.6	1623.4	4926.8	1881.4	
IP_PHBS009F11u	unknown	unknown	21	81.5	36.7	100.0	35.0	
IP_PHBS009L22u	unknown	unknown	7	45.3	18.7	47.0	20.2	
IP_PHBS009O22u	unknown	unknown	7	16.1	14.9	23.3	3.5	
IP_PHBS010I02u	unknown	unknown	21	207.6	84.0	200.9	87.7	
IP_PHBS011A17u	unknown	unknown	7	96.5	60.2	114.2	54.9	
IP_PHBS011N12u	unknown	unknown	21	2.9	2.7	82.3	2.7	
IP_PHBS011N14u	unknown	unknown	7	13.7	20.6	14.3	28.1	
IP_PHBS011N18u	unknown	unknown	7	187.9	95.8	200.2	99.3	
IP_PHBS011N18u	unknown	unknown	21	245.2	100.7	308.2	110.0	
IP_PHBS012M15u	unknown	unknown	21	3.6	23.8	3.7	17.9	
IP_PHBS012O18u	unknown	unknown	7	13.7	4.3	20.9	8.2	
IP_PHBS013H05u	unknown	unknown	21	574.3	241.5	540.2	182.8	
IP_PHBS013I02u	unknown	unknown	7	16.9	3.3	91.5	3.7	
SG_SGN-U208916	unknown	unknown	21	141.0	69.7	169.4	64.2	
SG_SGN-U209336	unknown	unknown	21	19.8	85.4	19.7	94.5	
SG_SGN-U209942	unknown	unknown	7	352.8	308.8	442.3	200.8	
SG_SGN-U210491	unknown	unknown	7	2.7	2.7	2.8	12.1	
SG_SGN-U210933	unknown	unknown	7	10.5	49.3	3.6	17.1	
SG_SGN-U211397	unknown	unknown	21	814.3	302.1	763.2	377.3	
SG_SGN-U211877	unknown	unknown	21	90.0	45.7	96.5	35.5	
SG_SGN-U212119	unknown	unknown	7	260.8	28.9	124.7	46.5	
SG_SGN-U212429	unknown	unknown	21	49.1	26.8	47.7	21.1	

Tabelle 45: Expressionsraten für die signifikant regulierten Gene durch die reduzierte Kulturtemperatur in der Wurzel von *Petunia x hybrida* 'Mitchell'. 7 bzw. 21 Tage nach Temperaturdifferenzierung; Homologie: Sequenzhomologie zu Genen pflanzlicher und unbekannter Herkunft. Zugrunde liegt der Vergleich zwischen mykorrhizafreien Petunien unter 13,5 °C zu 17,5 °C.

Sequenz-ID und Funktionsklasse	Funktion	Homologie	Tag	BEG144 13,5 °C	BEG144 17,5 °C	(-) AMP 13,5 °C	(-) AMP 17,5 °C
Ia. Cell wall							
cn1217	polygalacturonase	plant	21	7609.9	14791.1	8030.5	17782.7
cn342	xyloglucan endotransglucosylase-hydrolase	plant	7	379.4	609.1	411.5	998.4
cn344	xyloglucan endotransglucosylase-hydrolase	plant	7	187.1	330.6	196.3	514.9
			21	299.6	375.2	240.4	630.6
cn4186	alkaline alpha galactosidase	plant	21	84.8	187.8	87.0	201.9
cn4989	alpha-N-acetylglucosaminidase family	plant	7	203.1	184.7	115.0	53.8
			21	75.8	61.5	72.9	31.0
cn8367	expansin-like	plant	21	349.7	2154.8	453.2	2422.2
cn8368	expansin-like	plant	21	155.7	960.7	200.7	1132.1
DC240865_1	alpha galactosidase	plant	21	105.5	292.3	111.0	248.3
GO_dr001P0011K23_F_ab1	Alpha-L-fucosidase	plant	21	134.3	94.6	132.0	54.8
GO_drpoolB-CL1588Contig1	polygalacturonase / pectinase	plant	21	16.0	88.2	19.7	102.0
GO_drpoolB-CL2066Contig1	Alpha-L-fucosidase	plant	21	1161.2	607.6	1108.5	435.6
GO_drpoolB-CL2098Contig1	expansin-like	plant	21	453.7	1843.8	391.7	1545.3
GO_drpoolB-CL2186Contig1	expansin-like	plant	21	83.2	455.7	189.1	656.8
GO_drpoolB-CL2615Contig1	Pectinesterase	plant	21	21.5	3.3	22.5	5.5
GO_drpoolB-CL3893Contig1	expansin-like B2	plant	21	251.3	981.4	225.1	889.4
GO_drpoolB-CL71Contig1	expansin-like protein	plant	21	615.4	2464.2	531.3	1934.3
GO_drpoolB-CL722Contig1	alkaline alpha galactosidase	plant	21	1876.4	4173.8	1759.3	4132.5
GO_drs21P0002D06_F_ab1	alkaline alpha galactosidase	plant	21	386.6	852.7	358.1	962.7
IP_PHBS010K16u	polygalacturonase inhibitor protein	plant	7	331.0	180.6	299.3	148.0
SG_SGN-U211051	proline-rich family protein	plant	21	101.5	37.8	105.4	31.4
II. Cytoskeleton							
cn6946	ankyrin repeat family protein	plant	7	1205.8	1100.2	1443.3	658.0
DY396035_1	annexin	plant	7	6.6	8.2	4.6	10.3
			21	16.1	65.3	32.2	65.7
GO_dr001P0016M17_F_ab1	beta-tubulin	plant	21	48.2	65.6	120.8	44.8
GO_dr001P0018I13_F_ab1	annexin	plant	21	11.3	107.7	22.0	118.4
GO_dr004P0022A12_F_ab1	dynein	plant	21	32.7	63.5	23.2	53.4
IIIa. Membrane transport							
cn10258	xanthine/uracil permease	plant	7	232.0	198.3	242.6	96.8
cn1858	plasma membrane intrinsic p. PIP	plant	21	1537.6	791.2	1505.7	662.4
cn5947	glucose-6-phosphate/phosphate-translocator	plant	7	212.6	440.4	98.4	608.5
GO_dr001P0016P18_F_ab1	proton-dependent oligopeptide transport POT	plant	21	75.1	130.2	53.3	150.7
GO_dr001P0017F14_F_ab1	amino acid transporter	plant	21	218.4	413.9	127.0	504.7
GO_dr004P0023J05_F_ab1	Peptide transporter	plant	21	11.8	3.7	16.5	4.4
GO_drpoolB-CL3178Contig1	amino acid transporter	plant	7	66.9	112.6	54.3	152.1
GO_drpoolB-CL3299Contig1	malate transmembrane transporter	plant	7	39.5	96.9	30.3	108.3
			21	233.5	536.6	211.4	483.8
GO_drpoolB-CL5996Contig1	oligopeptide transporter	plant	21	102.4	157.6	97.2	274.8
GO_drpoolB-CL762Contig1	sodium-dicarboxylate cotransporter	plant	21	51.1	122.0	63.9	130.6
GO_drpoolB-CL7969Contig1	oligopeptide transporter	plant	21	288.1	434.6	260.6	701.3
GO_drpoolB-CL8355Contig1	oligopeptide transporter	plant	21	240.6	467.6	209.1	647.8
GO_drpoolB-CL8699Contig1	sugar transporter	plant	21	127.3	64.8	125.4	46.0
GO_drs13P0004P03_F_ab1	PDR-type ABC transporter	plant	7	74.6	50.3	107.9	50.8
			21	37.6	17.1	39.2	12.8
IIIb. Mineral nutrient responsive and acquisition							
cn3085	phosphate-responsive protein	plant	21	277.1	222.6	206.0	459.7
cn3086	phosphate-responsive protein	plant	21	527.6	422.4	395.0	796.1
cn3087	phosphate-responsive protein	plant	21	819.7	632.7	566.0	1334.0
cn4214	sulfate/bicarbonate/oxalate exchanger and transporter	plant	7	43.9	72.4	46.5	118.1
cn4227	phosphate transporter 2	plant	21	123.8	180.7	111.9	236.1
cn8239	phosphate transporter 2	plant	7	692.6	554.9	642.6	320.1
			21	188.6	97.3	174.5	55.4
cn9288	sulfate transporter	plant	7	753.8	1350.7	820.4	1694.5
cn9289	sulfate transporter	plant	7	135.4	218.7	119.6	276.4
GO_drpoolB-CL1869Contig1	pho1-like protein	plant	21	801.6	496.1	933.1	413.5

Fortsetzung: Tabelle 45							
Sequenz-ID und Funktionsklasse	Funktion	Homologie	Tag	BEG144 13,5 °C	BEG144 17,5 °C	(-) AMP 13,5 °C	(-) AMP 17,5 °C
GO_drpoolB-CL2532Contig1	nitrate transporter	plant	21	245.7	297.6	207.7	440.0
GO_drpoolB-CL2602Contig1	nitrate transporter	plant	21	26.8	4.9	32.0	4.1
GO_drpoolB-CL2658Contig1	nitrate transporter	plant	21	2063.7	193.6	2247.2	176.7
GO_drpoolB-CL2736Contig1	high affinity nitrate transporter	plant	21	1480.9	2720.5	646.8	1609.4
GO_drpoolB-CL7158Contig1	metal ion transporter	plant	7	358.0	281.6	400.1	155.4
GO_drpoolB-CL8152Contig1	nitrate transporter	plant	7	35.7	54.2	24.8	59.4
			21	58.2	115.6	72.3	151.5
GO_drpoolB-CL8270Contig1	sulfate/bicarbonate/oxalate exchanger and transporter	plant	7	215.9	382.7	207.4	461.5
GO_drs31P0006M14_R_ab1	high affinity nitrate transporter	plant	21	108.1	245.4	51.5	154.3
Iva. Membrane constituents (phospholipids, sterols etc.)							
cn6356	plasma membrane protein	plant	21	239.7	106.0	178.3	49.8
cn8390	integral membrane family protein	plant	21	288.0	610.9	244.4	584.7
GO_dr004P0012013_F_ab1	membrane protein	plant	21	45.7	90.4	51.0	160.9
GO_drpoolB-CL5223Contig1	N-(long-chain-acyl)ethanolamine deacylase	plant	7	113.8	141.9	146.3	57.0
GO_drpoolB-CL7491Contig1	myoinositol oxygenase	plant	21	687.0	266.7	742.1	286.5
SG_SGN-U210975	myoinositol oxygenase	plant	21	184.0	71.6	208.8	80.0
Ivb. Vesicular trafficking secretion and protein sorting							
cn2800	P-P-bond-hydrolysis-driven protein transmembrane transporter	plant	21	24.7	142.9	21.7	92.4
GO_dr001P0003J03_F_ab1	plant basic secretory protein (BSP) family protein	plant	21	94.3	103.1	83.6	27.8
GO_dr001P0003P19_F_ab1	secretory carrier-associated membrane protein	plant	21	177.9	293.8	186.2	382.3
Va. C1-C12 metabolism							
cn10117	hexokinase 7	plant	21	2.8	2.8	11.3	3.5
cn4546	fructokinase	plant	21	687.4	365.1	592.5	293.6
cn8606	2-deoxyglucose-6-phosphate phosphatase	plant	7	516.6	297.1	620.7	268.2
cn9420	invertase inhibitor	plant	21	191.1	43.2	150.8	48.5
GO_drpoolB-CL2232Contig1	Stachyose synthase precursor	plant	7	8.0	9.2	3.4	21.4
			21	11.4	27.0	6.2	36.1
GO_drpoolB-CL2583Contig1	Quinonprotein alcohol dehydrogenase	plant	21	289.1	108.2	280.7	65.3
GO_drpoolB-CL3289Contig1	phosphoenolpyruvate carboxylase kinase	plant	21	92.2	33.8	82.4	37.1
GO_drpoolB-CL384Contig1	2-deoxyglucose-6-phosphate phosphatase	plant	7	1388.1	764.6	1674.9	698.7
GO_drpoolB-CL4393Contig1	short chain alcohol dehydrogenase	plant	7	28.1	20.7	43.9	17.3
			21	12.2	5.1	11.2	4.0
GO_drpoolB-CL8239Contig1	Stachyose synthase	plant	21	156.5	354.7	123.2	377.8
GO_drpoolB-CL902Contig2	alcohol dehydrogenase	plant	21	89.5	52.5	98.5	48.6
Vb. Mitochondrial electron transport							
cn6809	cytochrome c oxidoreductase	plant	21	809.2	2201.2	745.4	2476.1
GO_dr001P0008I09_F_ab1	cytochrome c oxidase	plant	7	22.1	30.4	17.6	47.7
			21	32.0	75.4	42.9	110.5
Vc. Lipid metabolism							
cn4070	acyl carrier protein	plant	7	604.0	970.4	279.7	62.4
cn4071	acyl carrier protein	plant	7	105.6	171.1	86.6	11.9
cn6013	GDSL-motif lipase	plant	21	139.7	79.7	135.0	57.8
GO_dr001P0006J04_F_ab1	GDSL-motif lipase	plant	21	508.9	206.9	613.8	194.7
GO_dr001P0009I12_F_ab1	GDSL-motif lipase	plant	21	125.3	58.5	157.7	64.4
GO_dr004P0004L18_F_ab1	glycerol-3-phosphate dehydrogenase	plant	7	228.7	326.1	182.2	80.2
GO_drpoolB-CL5325Contig1	GDSL-motif lipase 3	unknown	21	509.8	253.3	448.4	196.8
GO_drpoolB-CL9708Contig1	GDSL-motif lipase	plant	7	653.2	675.9	893.1	296.0
Vd. Amino acid and N metabolism							
cn3074	beta-cyanoalanine synthase	plant	21	447.7	240.1	384.4	178.6
cn5684	glutamate decarboxylase	plant	7	2.7	3.7	4.0	9.9
			21	5.0	18.2	4.6	19.1
cn6358	Cystathionine beta-synthase	plant	21	280.1	428.3	236.3	581.1
cn6359	Cystathionine beta-synthase	plant	21	1194.6	1852.1	997.7	2102.4
GO_dr001P0012L13_F_ab1	3-hydroxyisobutyryl-coenzyme A hydrolase	plant	21	29.9	17.0	41.4	11.8
GO_dr004P0008J20_F_ab1	asparaginase	plant	21	146.7	65.6	152.0	66.2
GO_drpoolB-CL5074Contig1	methionine s-methyltransferase	plant	21	2086.0	999.9	1962.8	875.3
GO_drpoolB-CL8678Contig1	ornithine decarboxylase	plant	21	3440.6	5357.6	2356.5	5396.6
Ve. Chloroplast, Photosynthesis, Calvin cycle							

Fortsetzung: Tabelle 45								
Sequenz-ID und Funktionsklasse	Funktion	Homologie	Tag	BEG144 13,5 °C	BEG144 17,5 °C	(-) AMP 13,5 °C	(-) AMP 17,5 °C	
cn6136	oxygen-evolving complex-related	plant	21	234.5	107.4	244.2	90.5	
Vg. Antioxidative metabolism and Redox state								
cn5139	Glutathione S-transferase (class tau) 16	plant	7	17472.7	13174.3	16833.8	8221.4	
			21	9504.0	3817.2	9364.5	3726.6	
cn7781	peroxidase	plant	21	1080.3	360.1	1179.5	301.2	
cn840	cytochrome b5	plant	7	84.1	59.2	91.6	40.9	
cn8623	glutathione S-transferase	plant	21	9553.4	5690.6	8774.2	4153.9	
cn8688	peroxidase	plant	7	164.9	498.7	104.4	321.9	
			21	774.5	1864.4	411.0	1955.8	
cn9225	peroxidase	plant	21	298.6	154.9	361.5	104.9	
GO_dr001P0001P19_F_ab1	peroxidase	plant	21	276.9	70.5	311.0	49.3	
GO_dr001P0008M19_F_ab1	lactoylglutathione lyase	plant	21	366.8	159.2	373.2	178.9	
GO_dr001P0018L19_F_ab1	lactoylglutathione lyase	plant	21	6.1	20.7	3.2	15.3	
GO_drpoolB-CL257Contig1	glutathione-s-transferase omega	plant	7	1148.3	2330.2	1096.9	2660.4	
			21	4864.8	12706.8	5064.2	15218.8	
GO_drpoolB-CL9252Contig1	cytochrome b561; carbon-monoxide oxygenase	plant	21	1357.4	3833.1	1548.7	3615.7	
GO_drs21P0002D17_F_ab1	peroxidase	unknown	7	14.6	6.0	18.2	4.5	
Via. Secondary metabolism								
cn3441	Flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase	plant	7	346.7	714.3	326.1	822.9	
cn9284		plant	21	7288.8	1199.1	7511.1	2060.2	
GO_drpoolB-CL3949Contig1		plant	7	171.9	335.4	169.0	436.1	
cn522	phenylacetaldehyde synthase	plant	7	566.8	559.3	914.6	225.6	
cn5536	sinapyl alcohol dehydrogenase	plant	21	5787.0	3845.7	6138.7	3050.1	
cn5750	progesterone 5-beta-reductase	plant	21	136.4	58.3	142.0	66.0	
cn7211	monoterpene synthase	plant	21	204.3	115.4	207.8	101.7	
cn8263	2-oxoglutarate-dependent dioxygenase	plant	21	27609.8	9574.8	31206.6	10617.6	
cn8429		plant	21	4594.7	2090.1	4771.6	2489.5	
cn8456	multicopper oxidase	plant	21	5218.4	2558.7	4933.1	2223.8	
GO_dr001P0002D01_F_ab1	triterpene carboxylic acid glucosyltransferase	plant	21	152.0	145.6	121.9	48.6	
GO_dr001P0002G09_F_ab1	terpenoid cyclase	plant	21	102.7	59.7	132.1	63.8	
GO_dr001P0009B16_F_ab1	UDP-glucuronosyltransferase	plant	21	300.6	192.1	340.8	142.0	
GO_dr001P0019P22_F_ab1	phenylacetaldehyde synthase	plant	7	71.2	76.4	101.8	29.4	
GO_drpoolB-CL1028Contig1	geranylgeranyl pyrophosphate synthase	plant	21	146.6	56.4	145.5	48.4	
GO_drpoolB-CL1275Contig1	steroid hydroxylase	plant	21	680.6	294.9	925.3	317.7	
GO_drpoolB-CL1662Contig1	steroid dehydrogenase	plant	21	488.2	1192.1	455.3	1264.5	
GO_drpoolB-CL1919Contig1	geranylgeranyl pyrophosphate synthase (GGPP synthetase)	plant	21	790.2	267.3	788.1	186.7	
GO_drpoolB-CL2707Contig1	P450 steroid hydroxylase	plant	21	1648.8	555.6	1892.3	899.5	
GO_drpoolB-CL4036Contig1	leucoanthocyanidin dioxygenase	plant	7	83.0	64.8	101.5	50.4	
GO_drpoolB-CL5834Contig1	cinnamyl alcohol dehydrogenase	plant	21	1669.8	655.8	1570.7	659.1	
GO_drpoolB-CL657Contig1	Isoflavone reductase	plant	21	1319.8	2842.2	706.6	3496.1	
GO_drpoolB-CL7829Contig1	cycloartenol synthase	plant	21	1262.2	273.6	1261.1	375.6	
GO_drpoolB-CL8604Contig1	terpenoid cyclase	plant	21	29.8	37.0	32.2	6.5	
GO_drpoolB-CL8749Contig1	Phytoene synthase	plant	21	314.8	152.3	261.3	35.2	
GO_drs12P0009B07_R_ab1	N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase	plant	7	419.9	270.9	572.0	266.1	
IP_PHBS005M07u	progesterone 5-beta-reductase	plant	21	193.0	69.4	192.8	71.6	
IP_PHBS008C04u	UDP-glucuronosyl/UDP-glucosyl transferase	plant	21	225.7	111.9	214.5	95.6	
Vib1. Auxin metabolism and perception								
cn1442	auxin-repressed protein	plant	21	6453.5	11667.4	6010.3	14854.6	
cn1443	auxin-repressed protein	plant	21	5908.4	10441.3	5272.8	13926.7	
cn5291	Indole-3-acetic acid-amido synthetase GH3	plant	7	87.3	157.9	30.3	66.5	
			21	82.3	224.1	78.3	157.7	
GO_dr004P0021L02_F_ab1	Auxin-binding protein	plant	7	160.0	69.8	133.5	49.7	
GO_dr004P0031A01_F_ab1	Auxin-induced protein PCNT116	plant	21	846.3	452.9	857.3	415.1	
GO_drpoolB-CL42Contig2	Indole-3-acetic acid-amido synthetase GH3	plant	7	700.7	1427.4	193.4	518.9	
			21	603.4	1697.7	585.6	1226.9	
GO_drpoolB-CL7732Contig1	Auxin-induced protein	plant	7	223.7	107.0	212.6	97.9	
			21	102.0	38.9	83.8	26.9	
GO_drpoolB-CL958Contig1	auxin-responsive family protein	plant	21	5435.4	2367.9	5350.1	2547.4	
Vib3. Abscisic acid metabolism and perception								
cn3529	ABA-inducible protein	plant	21	87.9	29.2	55.3	10.7	
cn6	abscisic stress ripening protein	plant	21	1210.1	4813.9	793.8	6147.0	

Fortsetzung: Tabelle 45								
Sequenz-ID und Funktionsklasse	Funktion	Homologie	Tag	BEG144 13,5 °C	BEG144 17,5 °C	(-) AMP 13,5 °C	(-) AMP 17,5 °C	
cn8	abscisic stress ripening protein	plant	7	53.2	215.6	33.3	109.2	
			21	289.0	1089.0	190.5	1494.4	
cn8363	9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase	plant	21	203.9	41.5	249.2	44.6	
GO_drpoolB-CL6861Contig1	9-cis-epoxy-carotenoid dioxyg. 2	plant	21	169.6	81.5	189.6	46.7	
Vib4. Gibberellin metabolism and perception								
cn2849	Gibberellin 20 oxidase	plant	21	1117.1	655.8	1315.7	506.2	
cn8430	Gibberellin 20 oxidase	plant	21	4327.6	2013.3	4507.3	2282.3	
cn8481	copalyl diphosphate synthase	plant	21	433.7	75.8	408.8	63.1	
GO_drpoolB-CL4258Contig1	gibberellin-regulated GASA/GAST/Snakin family protein	plant	21	1455.6	3794.5	1343.8	4730.0	
GO_drpoolB-CL590Contig1	Gibberellin 20 oxidase	plant	7	39.8	272.1	50.6	421.3	
			21	803.0	9303.0	2158.2	8548.9	
GO_drpoolB-CL9449Contig1	gibberellin 20-oxidase	plant	21	499.7	248.8	546.5	212.9	
Vib5. Ethylene metabolism and perception								
cn3690	1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase	plant	21	416.8	590.6	391.2	810.0	
cn885	ethylene-responsive protein	plant	21	274.5	539.9	200.7	655.6	
GO_dr001P0018F20_F_ab1	ACC synthase	plant	21	141.8	223.5	147.5	304.4	
GO_drpoolB-CL2213Contig1	ethylene-responsive transcrip. f.	plant	21	5297.1	2869.8	5659.6	2598.7	
GO_drpoolB-CL8955Contig1	N-acetyltransferase	plant	21	129.2	275.6	125.1	321.9	
Vib6. Jasmonate metabolism and perception								
GO_dr001P0008A09_F_ab1	12-oxophytodienoate reductase	plant	21	24.6	13.5	29.1	5.5	
GO_drpoolB-CL7989Contig1	12-oxophytodienoate reductase	plant	21	467.5	225.9	470.6	230.1	
Vib8. Brassinosteroid metabolism and perception								
GO_dr001P0001P09_F_ab1	3-oxo-5-alpha-steroid 4-dehydrogenase family protein	plant	21	39.2	10.9	37.4	7.5	
VII. Chromatin and DNA metabolism								
cn4814	gag-pol polyprotein	plant	21	17.4	3.1	15.1	3.2	
cn6061	endonuclease/exonuclease/ phosphatase family protein	plant	21	36.4	10.8	41.1	12.2	
GO_dr001P0014D10_F_ab1	GCN5-related N-acetyltransferase	plant	7	22.7	22.9	14.4	7.3	
GO_dr004P0018H08_F_ab1	3-5 exonuclease	plant	7	109.1	174.6	91.6	233.0	
IP_PHBS010L05u	DNA repair protein RAD50	plant	7	305.9	345.2	367.0	181.7	
VIII. Gene expression and RNA metabolism								
cn10056	GATA transcription factor	plant	21	211.8	423.6	168.6	349.7	
cn10057	GATA transcription factor	plant	21	34.8	66.6	27.0	56.7	
cn2808	zinc finger (B-box type) family protein	plant	21	65.5	26.6	51.3	18.0	
cn2827	transcription factor LHY	plant	21	116.2	60.2	110.1	49.8	
cn2836	arginine/serine-rich splicing factor	plant	7	279.7	522.1	279.6	749.6	
			21	888.4	2144.2	942.5	2155.1	
cn3335	AP2 domain-containing transcription factor	plant	21	188.4	107.7	202.3	100.3	
cn5168	poly(A)-binding protein	plant	7	6537.1	5013.3	7718.7	3330.4	
cn7986	GRAS family transcription factor	plant	21	153.2	46.3	179.4	16.9	
cn9781	homeobox transcription factor	plant	7	38.1	120.5	38.6	158.2	
			21	208.3	1509.2	372.3	1365.3	
cn9782	homeobox transcription factor	plant	7	41.7	143.3	42.4	186.3	
			21	230.0	1736.9	410.7	1572.9	
GI_NP1239984	nam-like protein 12	plant	21	49.6	26.2	70.2	18.1	
GO_dr001P0008D23_F_ab1	r2r3-myb transcription factor	plant	21	11.5	49.4	8.6	49.2	
GO_dr001P0010H21_F_ab1	Growth-regulating factor 1	plant	21	360.7	713.4	366.7	778.7	
GO_dr001P0012N09_F_ab1	basic helix-loop-helix (bHLH) transcription factor	plant	21	699.2	228.5	701.2	228.0	
GO_dr001P0020D11_F_ab1	NAC domain containing protein transcription factor	plant	21	28.1	68.1	19.4	48.4	
GO_dr004P0029M08_F_ab1	transcription factor ERF029	plant	7	26.3	42.8	28.6	61.5	
			21	35.8	61.6	40.0	84.7	
GO_drpoolB-CL4562Contig1	MYB transcription factor	plant	21	515.7	1030.7	647.1	1579.0	
GO_drpoolB-CL7033Contig1	Growth-regulating factor	plant	21	94.1	192.3	96.0	217.6	
GO_drpoolB-CL7745Contig1	TCP transcription factor	plant	21	381.2	175.2	387.1	183.2	
GO_drpoolB-CL9130Contig1	homeobox transcription factor	plant	7	712.9	1453.8	631.2	1302.3	
GO_drs21P0010E24_R_ab1	r2r3-myb transcription factor	plant	21	65.0	223.2	43.9	193.3	
IP_PHBS012L06u	basic helix-loop-helix (bHLH) transcription factor	plant	21	880.5	2401.5	1073.0	2212.3	
SG_SGN-U209955	transcription factor E2F	plant	21	4.0	22.5	9.7	28.2	
SG_SGN-U211561	NAC domain-containing	plant	7	6.5	3.0	9.8	4.1	

Fortsetzung: Tabelle 45							
Sequenz-ID und Funktionsklasse	Funktion	Homologie	Tag	BEG144 13,5 °C	BEG144 17,5 °C	(-) AMP 13,5 °C	(-) AMP 17,5 °C
SG_SGN-U212247	zinc finger (B-box type) family protein	plant	21	754.5	378.7	679.4	300.1
IX. Protein synthesis, processing and degradation							
cn10075	translation initiation factor eif-2b beta subunit	plant	7	10.3	4.8	17.4	6.4
cn1621	Cysteine protease	plant	7	358.3	855.5	105.2	6.8
cn1836	Cysteine protease	plant	7	515.7	1263.6	191.1	15.2
cn3204	fringe-related protein	plant	21	65.4	153.2	48.1	145.3
cn3282	aspartic protease	plant	7	1360.3	749.8	2156.3	869.1
cn3428	armadillo/beta-catenin repeat family protein / U-box domain-containing protein	plant	7	38.0	109.8	42.5	115.8
cn3534	beta-mannosidase	plant	7	702.6	462.5	545.8	175.4
			21	419.9	139.1	315.4	96.4
cn54	chaperone Hsp90	plant	7	1077.3	1618.6	923.6	1887.7
cn5629	beta-mannosidase	plant	7	218.8	158.8	169.7	63.9
cn7608	copper chaperone	plant	7	63.3	193.7	92.2	313.0
			21	592.0	4250.5	699.6	4820.2
cn8812	copper chaperone (CCH)-related	plant	21	3630.7	1288.0	3440.6	1173.3
DC243413_1	zinc finger (C3HC4-type RING finger) family protein	plant	7	88.2	52.8	105.2	51.5
GO_dr001P0012K02_F_ab1	serine carboxypeptidase	plant	7	206.7	92.2	223.4	96.2
GO_dr001P0015A10_F_ab1	aspartyl protease	plant	21	781.0	1751.3	670.3	1577.2
GO_drpoolB-CL3195Contig1	copper chaperone (CCH)-related	plant	7	725.6	1575.2	719.3	2415.6
			21	3434.9	7977.0	4260.7	11980.1
GO_drpoolB-CL3279Contig1	serine carboxypeptidase	plant	7	852.1	1333.2	388.6	66.9
GO_drpoolB-CL3507Contig1	structural constituent of ribosome	plant	21	871.5	2700.7	913.9	2634.4
GO_drpoolB-CL3721Contig1	subtilisin-like protease	plant	21	1037.2	395.6	1047.2	354.4
GO_drpoolB-CL6249Contig1	Cysteine protease	plant	7	13.0	29.1	29.5	3.2
GO_drpoolB-CL7752Contig1	fringe-related protein	plant	21	14.2	5.0	13.5	3.8
GO_drpoolB-CL8378Contig1	Cysteine protease	plant	7	1716.7	4201.2	541.9	33.9
GO_drs21P0007H11_F_ab1	serine carboxypeptidase	plant	7	1118.1	561.2	1278.2	489.1
X. Signalling							
cn2382	inositol polyphosphate 5-phosphatase	plant	21	111.4	334.0	127.8	401.5
cn3024	RAB1Y	plant	7	49.0	83.8	39.6	156.5
			21	121.9	152.3	92.1	235.5
cn5244	Phospholipase C	plant	21	465.5	973.2	445.2	905.4
cn5571	inositol-1,4,5-triphosphate-5-phosphatase	plant	21	828.8	406.9	808.8	395.0
cn6781	Phospholipase C	plant	21	21.5	55.3	10.1	27.1
cn7008	PEP carboxylase kinase	plant	21	38.8	174.1	52.4	154.3
cn7372	protein phosphatase 2c	plant	21	457.9	880.3	366.7	1035.5
cn8307	Ser/Thr protein kinase-like	plant	21	16.5	4.7	28.5	5.2
cn8547	Rhcadhesin receptor	plant	7	614.1	845.6	186.3	11.0
cn8971	Vacuolar cation/proton exchanger	plant	21	1937.1	2508.6	1886.9	4110.9
DC239894_1	AMP-activated protein kinase	plant	21	63.0	131.4	46.8	126.1
DC241738_1	octicosapeptide/Phox/Bem1p (PB1) domain-containing protein	plant	21	169.0	103.7	168.6	81.1
GO_dr001P0001A01_F_ab1	remorin family protein	plant	21	93.2	298.5	101.9	380.4
GO_dr001P0008K02_F_ab1	SNF1-related kinase	plant	21	536.8	332.6	586.3	282.1
GO_dr001P0015D14_F_ab1	serine-threonine protein kinase	plant	21	265.7	94.1	282.9	48.1
GO_dr004P0005H18_F_ab1	AMP-activated protein kinase	plant	21	99.5	257.3	90.6	242.9
GO_dr004P0017N06_F_ab1	calmodulin-binding heat-shock protein	plant	21	12.7	6.9	14.5	6.1
GO_drpoolB-CL145Contig1	calmodulin binding	plant	21	11.5	52.9	18.2	49.0
GO_drpoolB-CL2298Contig1	inositol-1,4,5-triphosphate-5-phosphatase	plant	21	181.6	219.6	177.4	370.0
GO_drpoolB-CL3325Contig1	TRAF homology domain-containing protein	plant	7	199.7	149.1	275.4	126.5
GO_drpoolB-CL3501Contig1	LIM domain-containing protein / disease resistance protein-related	plant	7	337.7	212.1	359.9	156.8
			21	104.0	29.6	97.6	26.9
GO_drpoolB-CL3875Contig1	protein phosphatase 2C	plant	7	24.1	56.4	24.8	68.9
GO_drpoolB-CL4104Contig1	octicosapeptide/Phox/Bem1p (PB1) domain-containing protein	plant	21	805.8	1730.9	873.9	1782.8
GO_drpoolB-CL4252Contig1	phosphatidylinositol-4-phosphate 5-kinase	plant	7	286.9	489.6	286.8	659.4
GO_drpoolB-CL5022Contig1	leucine-rich repeat receptor-like protein kinase	plant	21	370.7	591.5	262.7	639.4

Fortsetzung: Tabelle 45							
Sequenz-ID und Funktionsklasse	Funktion	Homologie	Tag	BEG144 13,5 °C	BEG144 17,5 °C	(-) AMP 13,5 °C	(-) AMP 17,5 °C
GO_drpoolB-CL5478Contig1	inositol-1,4,5-triphosphate-5-phosphatase	plant	7	147.7	198.3	130.8	287.4
GO_drpoolB-CL5941Contig1	peripheral-type benzodiazepine receptor	plant	21	225.6	478.7	123.6	555.2
GO_drpoolB-CL7259Contig1	PEP carboxylase kinase	plant	21	10.4	55.3	13.9	57.2
GO_drpoolB-CL8242Contig1	Vacuolar cation/proton exchanger	plant	21	4263.2	5286.2	4252.8	9796.5
GO_drs21P0006B13_F_ab1	serine/threonine protein kinase	plant	7	43.4	124.6	23.4	107.0
			21	249.6	966.2	258.4	1001.4
GO_drs31P0008F04_R_ab1	protein phosphatase 2c	plant	21	15.2	5.1	10.0	3.2
IP_PHBS011B04u	serine-threonine protein kinase	plant	21	64.9	34.6	83.8	39.0
SG_SGN-U209475	protein phosphatase 2C	plant	21	14.9	8.0	22.7	6.5
XI. Cell cycle							
cn9978	cyclin-dependent protein kinase	plant	21	131.7	61.5	144.0	61.5
XIIa. Biotic stimuli							
cn1930	Meloidogyne-induced giant cell p.	plant	21	1416.7	2637.2	1183.8	2549.0
cn2219	defensin	plant	21	16146.4	58137.3	13917.1	62490.5
cn759	nodulin MtN3 family protein	plant	21	487.4	233.2	477.9	224.5
cn7913	MLP-LIKE PROTEIN	plant	7	904.4	511.3	884.1	375.1
			21	298.6	45.1	241.5	55.5
cn828	nodulin MtN3-like protein	plant	21	99.9	166.4	104.6	268.8
cn8333	glucan endo-1,3-beta-glucosidase	plant	7	12838.3	5637.1	10303.4	4068.8
cn8660	acidic endochitinase	plant	7	136.6	307.2	132.2	5.8
GO_dr001P0004I02_F_ab1	Bet v I allergen family protein	plant	21	71.2	26.2	69.3	27.2
GO_dr001P0014C22_F_ab1	Bet v I allergen (PR10)	plant	21	335.9	45.0	289.8	84.5
GO_drpoolB-CL1333Contig1	pathogenesis-related protein 1	plant	7	9160.6	2406.0	6840.1	1756.4
GO_drpoolB-CL1413Contig1	pathogen- and wound-inducible antifungal protein CBP20	plant	7	17808.4	5916.8	14487.7	3595.5
GO_drpoolB-CL514Contig1	basic PR-1 protein	plant	7	14991.7	6445.1	11392.8	3934.3
GO_drpoolB-CL5202Contig1	osmotin (PRP5)	plant	7	1484.0	586.1	1067.7	371.1
GO_drpoolB-CL543Contig1	nodulin	plant	7	255.3	160.1	453.6	179.2
GO_drpoolB-CL5702Contig1	MLP-like protein	plant	21	729.6	327.1	699.1	334.3
GO_drpoolB-CL7455Contig1	chitinase, class V	plant	7	18.9	23.2	14.5	34.6
GO_drpoolB-CL8536Contig1	defensin	plant	7	471.0	1168.7	258.9	1578.4
			21	2024.4	8771.7	794.3	9802.0
GO_drpoolB-CL9435Contig1	pathogenesis-related protein PR-1	plant	7	4938.4	2104.3	3751.6	1272.0
GO_drs21P0009C01_F_ab1	PR1 protein	plant	7	18459.3	7012.7	13895.3	4381.9
XIIb. Abiotic stimuli							
cn10275	heat shock protein 70	plant	7	408.9	662.5	358.7	799.4
			21	776.4	2022.0	914.9	2060.3
cn10419	heat shock protein 70	fungi	7	16.0	31.3	13.1	46.5
cn1718	Heat shock cognate 70 kDa protein	plant	7	10.1	16.7	9.2	24.5
cn1731	heat shock protein 70	plant	7	11.8	15.1	8.8	56.3
cn2441	RD22 (respons. to desiccation 22; BURP domain-containing protein)	plant	21	2195.8	4475.1	2220.7	5371.0
cn55	Heat shock 81 kDa protein	plant	7	9140.2	13666.8	7585.1	15096.9
GO_drpoolB-CL2485Contig1	heat shock protein 90	plant	7	3100.8	4271.6	2538.5	4840.7
GO_drpoolB-CL9340Contig1	101 kDa heat shock protein	plant	7	20.1	29.7	18.9	39.3
XIIc. Development and tissue specific							
cn7802	major latex-like protein	plant	21	4283.2	6329.6	3211.2	6725.9
GO_dr001P0008A15_F_ab1	maternal effect embryo arrest	plant	21	17.8	7.0	13.4	3.3
GO_drpoolB-CL5144Contig1	decreased apical dominance protein	plant	7	259.0	163.6	216.6	93.2
XIIId. Miscellaneous							
cn10207	cytochrome P450	plant	21	1495.6	637.9	1629.5	391.2
cn10399	CBS domain-containing protein	plant	21	131.6	187.8	116.6	281.7
cn2309	cytochrome P450	plant	21	56.6	125.4	65.8	191.5
cn337	non-specific lipid transfer protein	plant	21	5336.8	10352.9	2215.5	9435.8
cn339	non-specific lipid transfer protein	plant	21	1319.6	2401.0	532.1	2121.3
cn340	non-specific lipid transfer protein	plant	21	563.3	988.4	255.7	929.9
cn4201	cytochrome P450	plant	21	52.3	128.3	60.2	160.3
cn4515	lipid transfer protein	plant	21	390.2	817.6	267.7	684.4
cn6273	oxidoreductase, 2OG-Fe(II) oxygenase family protein	plant	21	2219.2	711.5	2070.1	812.9
cn7281	DNA binding protein	plant	21	262.0	118.5	332.4	151.2
cn7426	ATP binding protein	plant	21	280.2	76.5	225.4	75.2
cn8320	germin-like protein	plant	21	5560.2	2379.6	4195.4	1459.3

Fortsetzung: Tabelle 45								
Sequenz-ID und Funktionsklasse	Funktion	Homologie	Tag	BEG144 13,5 °C	BEG144 17,5 °C	(-) AMP 13,5 °C	(-) AMP 17,5 °C	
cn8379	epoxide hydrolase	plant	21	6544.6	2866.1	7555.8	3158.9	
cn8457	lipid transfer protein	plant	7	3778.3	9080.8	1555.7	8404.0	
			21	10335.0	44512.1	7404.3	51733.2	
cn9492	oxidoreductase	plant	21	182.5	404.4	138.2	495.9	
cn9493	oxidoreductase	plant	21	414.9	981.0	312.1	1032.7	
DY395737_1	esterase/lipase/thioesterase family protein	plant	7	78.8	63.5	131.4	42.8	
GO_dr001P0012C07_F_ab1	binding	plant	7	862.9	1223.3	534.6	2107.6	
GO_dr001P0017A05_F_ab1	cytochrome P450	plant	7	58.0	23.8	96.4	6.9	
GO_dr004P0015J18_F_ab1	F-box family protein	plant	21	42.5	104.1	35.4	87.6	
GO_drpoolB-CL183Contig1	cytochrome P450	plant	21	3991.4	1025.7	4733.2	448.9	
GO_drpoolB-CL4769Contig1	cytochrome P450	plant	7	6.6	20.0	5.9	38.4	
			21	84.3	1817.3	364.9	1761.0	
GO_drpoolB-CL479Contig1	cytochrome P450	plant	21	22582.0	4470.1	17940.9	4154.8	
GO_drpoolB-CL8244Contig1	F-box family protein	plant	7	36.6	28.1	74.7	34.6	
GO_drpoolB-CL847Contig1	cytochrome P450	plant	21	1094.8	303.6	1057.7	286.0	
GO_drpoolB-CL92Contig1	cytochrome P450	plant	21	718.8	193.2	906.6	85.2	
GO_drs12P0007E23_R_ab1	AAA-type ATPase	plant	21	1207.9	542.2	1372.7	606.1	
IP_PHBS004K20u	cytochrome P450	plant	7	88.5	109.1	97.6	191.3	
IP_PHBS008L07u	F-box family protein	plant	7	28.7	10.0	24.8	7.3	
			21	5.5	2.9	11.5	2.7	
SG_SGN-U210605	AAA-type ATPase	plant	21	633.0	1190.7	554.4	1398.7	
XIIe. Unknown								
cn10424	predicted protein	plant	21	93.8	33.1	103.2	36.6	
cn1751	BURP domain-containing protein	plant	21	568.1	1201.8	627.0	1642.5	
cn1752	BURP domain-containing protein	plant	21	108.9	234.1	133.5	300.6	
cn1753	BURP domain-containing protein	plant	21	1242.5	2908.8	1437.4	3395.6	
cn2442	BURP domain-containing protein	plant	21	1365.8	2925.9	1434.9	3530.4	
cn2444	BURP domain-containing protein	plant	21	486.3	1130.9	570.4	1471.2	
cn2446	BURP domain-containing protein	plant	21	232.5	471.8	258.0	582.2	
cn5069	predicted protein	plant	21	1368.0	2886.8	1029.0	3084.5	
cn5076	predicted protein	plant	21	672.8	344.8	722.4	325.4	
cn6260	predicted protein	plant	7	151.6	81.3	121.0	30.5	
			21	50.5	15.1	65.3	11.2	
cn6272	predicted protein	plant	21	191.3	64.7	205.3	84.3	
cn6323	predicted protein	unknown	7	2521.9	1141.8	2440.3	749.3	
cn6428	predicted protein	plant	7	9.8	3.0	5.7	2.3	
cn7357	predicted protein	plant	7	93.2	128.8	31.7	3.2	
cn7359	plastid-targeted protein 4	plant	21	70.0	27.3	52.6	19.3	
cn7463	predicted protein	plant	21	167.6	82.0	138.6	49.0	
cn7560	metal ion binding	plant	21	66.4	29.2	126.1	47.2	
cn807	ECT3 evolutionary conserved C-terminal 4	plant	21	1025.8	4198.6	838.3	3068.7	
cn8241	predicted protein	plant	21	280.9	143.1	272.7	130.1	
cn8759	predicted protein	plant	21	1844.1	878.5	2211.3	977.2	
cn8942	predicted protein	plant	21	544.8	213.4	476.8	195.7	
cn9574	predicted protein	plant	21	23.8	13.8	22.0	8.8	
cn9905	predicted protein	plant	21	32.0	76.9	33.4	88.5	
DY395921_1	predicted protein	plant	21	2.9	2.6	24.1	5.3	
GO_dr001P0004K06_F_ab1	predicted protein	plant	7	184.6	153.9	241.3	73.9	
GO_dr001P0008M16_F_ab1	band 7 family protein	plant	7	2.8	2.7	7.1	2.7	
GO_dr001P0010E06_F_ab1	predicted protein	plant	21	222.1	70.0	258.9	90.2	
GO_dr001P0010H14_F_ab1	predicted protein	plant	21	168.0	91.5	185.0	87.7	
GO_dr001P0012J06_F_ab1	predicted protein	plant	7	64.4	53.8	47.3	10.7	
			21	33.5	24.7	19.0	7.6	
GO_dr001P0015I14_F_ab1	predicted protein	plant	21	2078.6	4320.7	2517.4	5308.7	
GO_dr001P0019I12_F_ab1	RPM1-interacting protein	plant	21	316.0	194.3	348.8	160.1	
GO_dr004P0011C17_F_ab1	predicted protein	plant	21	43.5	17.6	47.5	14.5	
GO_dr004P0013I23_F_ab1	predicted protein	plant	7	49.6	41.6	56.4	24.7	
GO_dr004P0029A01_F_ab1	predicted protein	plant	21	13.7	6.4	13.2	5.1	
GO_drpoolB-CL1308Contig1	predicted protein	plant	21	101.9	21.7	115.0	16.9	
GO_drpoolB-CL1888Contig1	predicted protein	plant	7	67.3	38.5	32.2	9.8	
GO_drpoolB-CL240Contig1	predicted protein	plant	7	14870.2	7607.6	12688.2	5973.2	
			21	5151.7	1569.1	3017.6	1276.5	
GO_drpoolB-CL4116Contig1	predicted protein	plant	21	240.6	1023.6	207.2	670.8	
GO_drpoolB-CL4165Contig1	predicted protein	plant	21	360.9	210.7	372.0	172.9	

Fortsetzung: Tabelle 45							
Sequenz-ID und Funktionsklasse	Funktion	Homologie	Tag	BEG144 13,5 °C	BEG144 17,5 °C	(-) AMP 13,5 °C	(-) AMP 17,5 °C
GO_drpoolB-CL7623Contig1	predicted protein	plant	21	65.8	32.0	72.5	26.9
GO_drs13P0005116_R_ab1	predicted protein	plant	21	437.4	33.5	482.1	24.8
GO_drs13P0013B20_F_ab1	predicted protein	plant	21	42.7	13.2	50.7	12.7
SG_SGN-U210847	predicted protein	plant	21	18.7	5.3	15.3	3.6
XIII. No homology							
cn10	unknown	unknown	21	16.4	52.3	12.2	71.3
cn10178	unknown	unknown	21	39.9	77.7	42.5	84.4
cn10197	unknown	unknown	21	4910.6	2302.1	5042.7	2326.3
cn10295	unknown	unknown	7	848.2	1540.8	924.5	2175.6
cn1574	unknown	unknown	21	184.8	404.6	210.1	521.4
cn1857	unknown	unknown	21	1563.9	758.3	1628.5	691.6
cn2220	unknown	unknown	21	13224.0	45457.7	11226.3	49015.1
cn2448	unknown	unknown	21	399.2	805.4	449.8	1133.9
cn2452	unknown	unknown	21	239.3	548.0	276.3	737.9
cn2551	unknown	unknown	21	21.5	4.5	20.5	4.6
cn3250	unknown	unknown	21	88.3	188.5	74.2	188.3
cn3444	unknown	unknown	21	271.6	501.2	262.4	663.3
cn3502	unknown	unknown	7	2044.4	1771.6	2119.7	1019.9
cn3503	unknown	unknown	21	25.5	65.1	26.8	84.3
cn3515	unknown	unknown	7	577.6	243.2	695.7	222.7
			21	295.5	121.9	267.2	122.5
cn364	unknown	unknown	21	91.5	41.7	80.3	32.1
cn3674	unknown	unknown	21	8.4	2.9	15.5	2.9
cn3936	unknown	unknown	21	403.3	776.2	319.7	1029.5
cn4508	unknown	unknown	21	74425.5	42794.7	60697.2	27961.0
cn465	unknown	unknown	21	1018.2	714.6	1076.9	512.5
cn4677	unknown	unknown	7	3.4	10.0	3.5	10.5
			21	11.8	37.2	9.6	48.5
cn4779	unknown	unknown	21	2.8	2.5	13.0	2.6
cn5052	unknown	unknown	7	23782.2	10796.2	18140.4	7317.0
cn5072	unknown	unknown	21	3207.3	8091.5	3375.0	8062.5
cn5257	unknown	unknown	21	9039.4	21328.9	7090.8	20542.2
cn5815	unknown	unknown	7	10.9	18.7	11.9	42.0
cn6214	unknown	unknown	21	3719.6	10903.3	3079.8	9804.7
cn6275	unknown	unknown	21	207.2	53.7	214.3	79.2
cn6534	unknown	unknown	21	311.7	816.9	220.4	834.5
cn6818	unknown	unknown	21	661.0	1693.1	604.2	1493.8
cn6934	unknown	unknown	21	2033.0	772.8	2156.7	968.2
cn6939	unknown	unknown	21	443.9	230.4	393.9	187.2
cn6961	unknown	unknown	21	663.3	243.7	745.0	354.0
cn7029	unknown	unknown	7	51.4	18.4	47.5	14.3
cn7204	unknown	unknown	7	452.9	646.8	450.8	1011.3
cn7311	unknown	unknown	21	1370.6	474.2	1277.5	466.3
cn7408	unknown	unknown	7	158.8	21.5	17.7	130.5
cn7660	unknown	unknown	21	874.1	2222.4	446.4	2222.0
cn7661	unknown	unknown	21	1391.0	3173.5	872.2	3296.9
cn7839	unknown	unknown	7	3.8	23.5	6.1	41.8
cn8048	unknown	unknown	7	94.9	156.7	93.5	289.4
cn8267	unknown	unknown	7	3953.1	4242.9	5974.4	2113.1
cn8380	unknown	unknown	21	941.9	321.8	1206.4	350.3
cn8422	unknown	unknown	21	5522.3	17770.5	4196.8	16778.1
cn8424	unknown	unknown	21	3106.6	8998.5	2425.4	8483.2
cn8482	unknown	unknown	21	230.9	34.9	221.0	31.2
cn8645	unknown	unknown	21	5664.6	12289.0	5885.6	13740.2
cn8919	unknown	unknown	7	8949.5	3266.7	6662.1	2402.0
cn8920	unknown	unknown	7	34949.4	7546.0	25039.4	6201.9
cn9285	unknown	unknown	21	129.9	15.6	135.4	25.9
cn9294	unknown	unknown	7	698.0	561.5	662.3	328.7
			21	226.5	95.6	188.4	61.9
cn9295	unknown	unknown	7	1155.7	914.0	1023.7	536.9
			21	355.2	122.2	297.4	48.3
cn9575	unknown	unknown	21	65.8	27.5	56.3	23.2
DC240835_1	unknown	unknown	21	48.9	44.5	49.5	21.8
EB174670_1	unknown	unknown	7	708.2	322.6	711.0	351.7
EB174762_1	unknown	unknown	21	1193.5	1866.9	1171.3	2435.3
EB174831_1	unknown	unknown	21	16.7	8.6	22.9	10.1

Fortsetzung: Tabelle 45								
Sequenz-ID und Funktionsklasse	Funktion	Homologie	Tag	BEG144 13,5 °C	BEG144 17,5 °C	(-) AMP 13,5 °C	(-) AMP 17,5 °C	
EB175112_1	unknown	unknown	21	5.5	2.8	15.2	4.9	
GO_dr001P0006A22_F_ab1	unknown	unknown	21	1183.6	553.1	1869.4	570.1	
GO_dr001P0006D07_F_ab1	unknown	unknown	21	53.8	24.6	55.6	21.7	
GO_dr001P0007G17_F_ab1	unknown	unknown	7	202.3	301.4	177.2	548.7	
			21	231.1	782.4	270.3	642.6	
GO_dr001P0008L03_F_ab1	unknown	unknown	21	22.4	66.7	39.7	87.3	
GO_dr001P0012P03_F_ab1	unknown	unknown	21	106.8	58.2	133.2	48.3	
GO_dr001P0015C18_F_ab1	unknown	unknown	21	17.9	6.4	20.0	6.8	
GO_dr001P0019A01_F_ab1	unknown	unknown	21	24.8	11.0	25.9	10.0	
GO_dr004P0012C03_F_ab1	unknown	unknown	7	59.1	52.8	78.2	32.8	
GO_dr004P0017012_F_ab1	unknown	unknown	21	17.4	5.2	11.5	4.6	
GO_dr004P0020C16_F_ab1	unknown	unknown	21	39.2	19.9	44.0	17.8	
GO_dr004P0021I03_F_ab1	unknown	unknown	21	288.4	149.1	320.6	136.2	
GO_dr004P0022H09_F_ab1	unknown	unknown	7	164.4	121.4	156.7	74.9	
			21	57.2	34.1	64.9	18.5	
GO_drpoolB-CL1035Contig1	unknown	unknown	21	1965.1	3949.0	1971.3	4734.0	
GO_drpoolB-CL1073Contig1	unknown	unknown	7	21.2	42.0	13.8	58.7	
			21	28.8	167.0	26.8	142.5	
GO_drpoolB-CL115Contig1	unknown	unknown	21	142.6	62.2	125.3	55.5	
GO_drpoolB-CL146Contig1	unknown	unknown	21	3021.9	6816.3	2442.9	6162.4	
GO_drpoolB-CL1519Contig1	unknown	unknown	7	262.8	163.8	389.8	175.1	
			21	191.6	109.3	246.2	99.2	
GO_drpoolB-CL1549Contig1	unknown	unknown	7	445.4	481.6	528.7	231.2	
			21	379.6	1178.8	310.0	1222.3	
GO_drpoolB-CL1664Contig1	unknown	unknown	21	20177.2	3337.8	18641.7	125.4	
GO_drpoolB-CL1667Contig1	unknown	unknown	7	27.2	53.0	33.7	74.8	
GO_drpoolB-CL1944Contig1	unknown	unknown	7	6068.2	6646.6	8254.7	3041.1	
			21	5671.9	10685.7	4509.3	9742.9	
GO_drpoolB-CL1995Contig1	unknown	unknown	7	449.0	1384.3	297.4	877.6	
			21	2187.0	5183.3	1128.8	5536.2	
GO_drpoolB-CL2030Contig1	unknown	unknown	21	96.4	36.5	113.3	22.4	
GO_drpoolB-CL2240Contig1	unknown	unknown	21	2408.0	4854.4	2182.3	5363.0	
GO_drpoolB-CL2368Contig1	unknown	unknown	7	1314.0	1931.4	439.0	42.4	
GO_drpoolB-CL2411Contig1	unknown	unknown	7	29.2	200.3	14.0	171.7	
GO_drpoolB-CL2467Contig1	unknown	unknown	21	15119.7	8464.1	13502.4	6065.7	
GO_drpoolB-CL2582Contig1	unknown	unknown	7	43.8	91.4	47.2	103.1	
GO_drpoolB-CL2657Contig1	unknown	unknown	21	1224.9	806.4	1413.8	629.5	
GO_drpoolB-CL2723Contig1	unknown	unknown	7	17.0	46.7	11.5	34.1	
			21	67.7	264.2	46.1	279.4	
GO_drpoolB-CL2911Contig1	unknown	unknown	7	77.9	149.6	63.9	136.9	
GO_drpoolB-CL296Contig1	unknown	unknown	7	281.6	3065.2	122.6	1757.9	
GO_drpoolB-CL3101Contig1	unknown	unknown	21	490.4	1278.2	598.8	1476.8	
GO_drpoolB-CL3127Contig1	unknown	unknown	7	15558.7	3606.5	11825.4	2710.5	
			21	1544.4	173.4	923.9	175.5	
GO_drpoolB-CL323Contig1	unknown	unknown	7	1109.3	12623.5	632.5	5814.9	
GO_drpoolB-CL3288Contig1	unknown	unknown	7	278.0	476.0	304.5	619.9	
GO_drpoolB-CL3304Contig1	unknown	unknown	21	1043.0	126.0	535.9	107.1	
GO_drpoolB-CL3314Contig1	unknown	unknown	21	319.3	120.3	494.5	76.7	
GO_drpoolB-CL3830Contig1	unknown	unknown	7	33.6	149.2	32.2	128.4	
			21	309.0	1615.5	278.0	1008.5	
GO_drpoolB-CL4421Contig1	unknown	unknown	21	739.2	202.5	659.4	56.3	
GO_drpoolB-CL4531Contig1	unknown	unknown	21	8398.5	10060.3	8630.8	18591.2	
GO_drpoolB-CL4599Contig1	unknown	unknown	21	1430.7	219.2	1447.0	138.0	
GO_drpoolB-CL4626Contig1	unknown	unknown	21	3.3	13.5	3.5	10.9	
GO_drpoolB-CL4751Contig1	unknown	unknown	7	474.4	360.5	601.6	295.6	
GO_drpoolB-CL489Contig1	unknown	unknown	21	154.7	814.8	349.1	1225.9	
GO_drpoolB-CL5009Contig1	unknown	unknown	7	32680.5	9870.6	23937.2	6343.2	
GO_drpoolB-CL5171Contig1	unknown	unknown	7	160.3	67.5	202.4	79.7	
			21	84.9	43.4	97.6	38.6	
GO_drpoolB-CL5184Contig1	unknown	unknown	21	1870.0	3975.4	2456.6	5668.2	
GO_drpoolB-CL5186Contig1	unknown	unknown	21	26.6	4.0	34.8	7.0	
GO_drpoolB-CL5233Contig1	unknown	unknown	21	45782.5	25599.1	41932.5	20391.7	
GO_drpoolB-CL5282Contig1	unknown	unknown	21	42.6	106.1	21.5	123.5	
GO_drpoolB-CL5399Contig1	unknown	unknown	21	939.4	1958.0	1035.1	2091.3	
GO_drpoolB-CL5501Contig1	unknown	unknown	21	735.3	1354.1	589.3	1537.6	
GO_drpoolB-CL5709Contig1	unknown	unknown	21	1527.3	759.5	1806.8	878.3	

Fortsetzung: Tabelle 45								
Sequenz-ID und Funktionsklasse	Funktion	Homologie	Tag	BEG144 13,5 °C	BEG144 17,5 °C	(-) AMP 13,5 °C	(-) AMP 17,5 °C	
GO_drpoolB-CL5722Contig1	unknown	unknown	21	128.5	95.7	180.2	86.7	
GO_drpoolB-CL5991Contig1	unknown	unknown	21	266.7	50.5	317.1	100.7	
GO_drpoolB-CL6045Contig1	unknown	unknown	21	9.5	31.1	12.2	51.5	
GO_drpoolB-CL6061Contig1	unknown	unknown	21	1592.5	952.3	1619.5	733.5	
GO_drpoolB-CL6089Contig1	unknown	unknown	7	1444.0	2727.5	1284.3	2678.7	
GO_drpoolB-CL6120Contig1	unknown	unknown	21	297.5	2051.9	404.6	2177.1	
GO_drpoolB-CL6455Contig1	unknown	unknown	21	493.7	1465.7	595.9	1382.7	
GO_drpoolB-CL6741Contig1	unknown	unknown	21	1277.8	2401.6	1282.7	2707.9	
GO_drpoolB-CL70Contig3	unknown	unknown	7	1178.7	411.6	1212.3	216.9	
			21	81.2	27.4	84.6	17.3	
GO_drpoolB-CL7267Contig1	unknown	unknown	7	40.1	56.9	23.0	80.7	
			21	161.7	381.7	188.9	466.7	
GO_drpoolB-CL7395Contig1	unknown	unknown	21	181.2	89.3	204.8	88.2	
GO_drpoolB-CL7760Contig1	unknown	unknown	7	554.7	252.9	453.9	221.0	
			21	211.0	68.5	177.3	57.0	
GO_drpoolB-CL8091Contig1	unknown	unknown	7	11.3	8.8	13.4	6.2	
GO_drpoolB-CL817Contig1	unknown	unknown	21	539.5	106.3	628.4	142.0	
GO_drpoolB-CL8269Contig1	unknown	unknown	21	3297.8	4790.3	1520.9	4361.0	
GO_drpoolB-CL8275Contig1	unknown	unknown	7	28215.1	9936.7	20365.8	5925.4	
GO_drpoolB-CL8441Contig1	unknown	unknown	21	1288.2	911.1	1481.0	702.4	
GO_drpoolB-CL8652Contig1	unknown	unknown	7	262.0	181.5	380.4	168.0	
			21	217.9	43.9	232.0	34.2	
GO_drpoolB-CL911Contig1	unknown	unknown	7	317.1	2968.6	155.8	1505.2	
GO_drpoolB-CL9709Contig1	unknown	unknown	21	2420.5	828.3	2343.1	965.4	
GO_drs12P0003104_F_ab1	unknown	unknown	21	348.5	70.3	326.4	52.9	
GO_drs12P0004M20_R_ab1	unknown	unknown	21	54.7	20.5	66.0	17.1	
GO_drs12P0007C19_F_ab1	unknown	unknown	7	1198.8	545.2	1033.8	390.0	
			21	255.3	57.7	165.1	51.8	
GO_drs12P0009J17_R_ab1	unknown	unknown	21	207.0	140.6	229.6	114.5	
GO_drs12P0022N22_F_ab1	unknown	unknown	21	1244.6	891.0	1655.4	795.5	
GO_drs13P0001D05_F_ab1	unknown	unknown	21	2620.7	7078.2	1423.5	7375.0	
GO_drs13P0002P13_F_ab1	unknown	unknown	7	2851.7	1290.1	2336.1	840.9	
			21	1132.6	302.6	552.7	229.1	
GO_drs13P0003B21_F_ab1	unknown	unknown	21	541.0	200.3	555.1	167.9	
GO_drs13P0003F14_R_ab1	unknown	unknown	21	307.5	178.0	381.3	114.2	
GO_drs13P0003I17_R_ab1	unknown	unknown	7	1088.9	460.8	1324.6	165.1	
GO_drs13P0005D14_R_ab1	unknown	unknown	21	438.1	75.5	225.2	61.6	
GO_drs13P0012E07_F_ab1	unknown	unknown	21	56.3	15.3	67.9	28.1	
GO_drs13P0012E07_R_ab1	unknown	unknown	21	171.7	52.4	182.3	80.5	
GO_drs21P0001D15_R_ab1	unknown	unknown	7	329.4	193.2	530.8	169.4	
			21	181.3	41.3	217.0	35.9	
GO_drs21P0003H21_F_ab1	unknown	unknown	7	3664.9	6391.3	1453.4	87.5	
GO_drs21P0003M23_F_ab1	unknown	unknown	21	180.7	395.5	225.5	490.8	
GO_drs21P0006B13_R_ab1	unknown	unknown	21	5.8	19.0	4.9	16.4	
GO_drs21P0007B13_R_ab1	unknown	unknown	7	2351.1	3420.0	1145.8	192.8	
GO_drs21P0007D22_F_ab1	unknown	unknown	21	853.6	398.8	686.4	285.7	
GO_drs21P0009I02_F_ab1	unknown	unknown	7	344.2	205.1	343.6	89.2	
IP_PHBS001D21u	unknown	unknown	21	202.9	106.1	193.6	93.5	
IP_PHBS001L05u	unknown	unknown	21	109.2	72.9	107.6	50.1	
IP_PHBS004J12u	unknown	unknown	21	50.6	27.9	54.4	26.2	
IP_PHBS005N11u	unknown	unknown	21	32.9	12.5	25.8	7.6	
IP_PHBS006G05u	unknown	unknown	21	160.9	68.9	174.5	28.2	
IP_PHBS006L22u	unknown	unknown	7	691.3	426.7	1364.5	468.6	
IP_PHBS008I11u	unknown	unknown	7	92.6	50.1	200.0	49.8	
			21	72.4	15.4	79.0	10.9	
IP_PHBS009C24u	unknown	unknown	21	238.9	87.7	326.4	130.2	
IP_PHBS009L22u	unknown	unknown	21	79.0	26.3	60.8	23.8	
IP_PHBS010A19u	unknown	unknown	21	1117.3	2209.0	1023.3	2543.2	
IP_PHBS012H23u	unknown	unknown	21	64.5	22.9	78.3	30.7	
IP_PHBS012P12u	unknown	unknown	21	56.9	146.6	67.8	158.8	
IP_PHBS013A21u	unknown	unknown	21	13716.2	6445.5	15363.9	7067.3	
SG_SGN-U210142	unknown	unknown	21	51.8	64.6	49.2	18.9	

Tabelle 46: Expressionsraten für die signifikant regulierten Gene durch die AM-Symbiose mit BEG 144 unter reduzierter Temperatur im Blatt von *Petunia x hybrida* 'Mitchell'. 7 bzw. 21 Tage nach Temperaturdifferenzierung; Homologie: Sequenzhomologie zu Genen pflanzlicher und unbekannter Herkunft. Zugrunde liegt der Vergleich zwischen BEG 144 mykorrhizierten (13,5 °C) und mykorrhizafreien Kontrollen (13,5°C) sowie ein Differenzterm zwischen 17,5 und 13,5 °C für die mykorrhizierten in Bezug zu den mykorrhizafreien Varianten.

Sequenz-ID und Funktionsklasse	Funktion	Homologie	Tag	BEG144 13,5 °C	BEG144 17,5 °C	(-) AMP 13,5 °C	(-) AMP 17,5 °C
Ia. Cell wall							
cn5657	COBRA-like protein 10 precursor	plant	21	22.5	2.9	3.2	3.0
cn8553	Ole e 1 allergen and extensin	plant	21	6.1	6.1	12.7	4.8
cn8678	proline-rich protein	plant	21	20.9	13.8	69.0	15.7
GO_dr001P0011K23_F_ab1	alpha-L-fucosidase	plant	7	3.8	8.3	8.8	4.0
GO_dr004P0004N03_F_ab1	pectinesterase	plant	7	5.8	3.1	11.4	3.0
GO_dr004P0010F07_F_ab1	expansin	plant	21	6.3	7.2	29.5	8.4
GO_drpoolB-CL2501Contig1	arabinogalactan protein	plant	21	8.0	14.3	15.3	18.2
GO_drpoolB-CL5159Contig1	alpha-expansin	plant	7	10.1	2.7	3.5	10.3
SG_SGN-U209721	pectinesterase	plant	7	36.6	28.8	10.3	11.7
Ib. Storage							
cn8800	alpha-1,4-glucan-protein synthase	plant	21	49.9	18.0	46.0	57.0
II. Cytoskeleton							
cn6316	pollen specific actin-depolymerizing factor	plant	7	30.1	11.4	8.6	12.1
IVa. Membrane constituents							
cn7019	phospholipase A2	plant	21	82.2	204.1	124.8	130.2
GO_drpoolB-CL1490Contig1	sphingosine kinase	plant	7	14.7	22.4	78.6	19.2
IX. Protein synthesis, processing and degradation							
cn2071	elongation factor 1-alpha	plant	21	53.8	102.0	75.7	68.9
cn5295	cysteine protease	plant	21	197.9	172.9	322.6	105.2
cn5296	cysteine protease	plant	21	3.3	3.1	15.9	3.1
GO_dr004P0016N17_F_ab1	chloroplast / 60 kDa chaperonin alpha subunit	plant	2 1	36.6	22.4	21.8	58.4
GO_dr004P0024P13_F_ab1	ubiquitin-protein ligase	plant	2 1	24.1	47.5	52.6	29.6
GO_drpoolB-CL7383Contig1	cysteine protease (Vacuolar processing enzyme gamma)	plant	7	4.0	6.0	16.3	19.0
GO_drpoolB-CL7731Contig1	Hsp20/alpha crystallin family protein	plant	7	9.7	18.5	19.4	21.4
Va. C1-C12 metabolism							
GO_drpoolB-CL5436Contig1	Sucrose synthase	plant	7	79.2	101.9	123.8	79.7
Vd. Amino acid and N metabolism							
GO_dr004P0021O14_F_ab1	glycerate dehydrogenase	plant	21	2300.3	524.2	1449.9	828.4
GO_drs12P0002G04_R_ab1	fumarylacetoacetase	plant	7	2.8	9.3	6.2	19.0
Ve. Chloroplast, Photosynthesis, Calvin cycle							
cn5788	plastocyanin-like domain-containing protein	plant	21	37.7	7.0	35.8	20.0
GO_dr004P0008J15_F_ab1	Stellacyanin	plant	7	6.0	15.0	13.2	12.3
Vf. Nucleotide metabolism							
cn7425	inosine-uridine preferring nucleoside hydrolase	plant	21	3.0	2.9	11.8	3.2
Via. Secondary metabolism							
cn2367	phenylalanine ammonia-lyase	plant	21	6923.5	1612.1	5507.4	2852.3
cn437	dimethylaniline monooxygenase	plant	7	11.1	13.6	3.3	15.1
cn8213	Reticuline oxidase	plant	21	99.8	161.9	146.0	82.8
GO_drpoolB-CL4591Contig1	UDP-glucosyltransferase	plant	21	2.6	2.7	15.7	2.8
GO_drpoolB-CL7999Contig1	metallo-beta-lactamase family protein	plant	21	10.2	17.1	3.8	19.5
Vib3. Abscisic acid metabolism and perception							
cn9068	9-cis-epoxy-carotenoid dioxygenase 1	plant	21	327.0	138.9	200.5	200.9
Vib4. Gibberellin metabolism and perception							
GO_drpoolB-CL916Contig1	GA2 ent-kaurene synthase	plant	7	5.8	17.5	29.9	7.5
Vib5. Ethylene metabolism and perception							
cn885	ethylene-responsive protein	plant	21	37.8	11.7	9.5	8.6
IP_PHBS001D24u	1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase (ACC synthase)	plant	21	57.5	3.2	2.7	2.8
IP_PHBS012I22u	1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase (ACC synthase)	plant	21	137.5	2.9	2.8	2.8
VII. Chromatin and DNA metabolism							
cn7810	high mobility group (HMG1/2) family protein	plant	21	21.4	4.7	5.7	9.2

Fortsetzung: Tabelle 46							
Sequenz-ID und Funktionsklasse	Funktion	Homologie	Tag	BEG144 13,5 °C	BEG144 17,5 °C	(-) AMP 13,5 °C	(-) AMP 17,5 °C
cn7850	Endonuclease/exonuclease/phosphatase	plant	7	6.5	14.2	14.2	12.1
			21	32.3	19.9	14.1	9.0
GO_drpoolB-CL3318Contig1	DNA replication licensing factor MCM	plant	21	19.0	24.0	67.4	22.3
VIII. Gene expression and RNA metabolism							
cn10056	GATA transcription factor	plant	21	72.2	418.0	94.4	255.5
cn5718	LOB domain-containing protein	plant	21	59.0	109.4	26.4	45.4
IP_PHBS002L21u	r2r3-myb transcription factor	plant	7	2.7	3.7	31.5	2.8
X. Signalling							
cn4206	MAP kinase	plant	21	7.0	7.9	14.5	3.8
cn6529	NBS-LRR type resistance protein	plant	7	12.3	14.5	67.2	13.9
cn7233	serine-threonine protein kinase	plant	21	34.0	31.0	49.9	18.8
DC242369_1	Rho guanyl-nucleotide exchange factor	plant	7	3.8	5.4	26.6	7.3
DC244040_1	phosphatidylinositol 3- and 4-kinase family protein	plant	21	17.5	19.6	14.0	36.1
GO_drpoolB-CL3325Contig1	TRAF homology domain-containing protein	plant	7	28.3	44.1	43.2	30.5
XIIa. Biotic stimuli							
GO_drpoolB-CL4736Contig1	disease resistance protein	plant	7	32.2	18.5	28.0	47.4
GO_drpoolB-CL6599Contig1	elicitor inducible beta-1,3-glucanase	plant	7	23.9	8.2	6.6	6.2
GO_drpoolB-CL8536Contig1	defensin	plant	21	12.8	2.5	2.5	3.6
XIIb. Abiotic stimuli							
cn450	NEC1	plant	21	2.6	25.2	10.9	2.7
IP_PHBS008P03u	dehydration-responsive element binding protein	plant	7	14.4	42.5	4.4	20.6
XIIc. Development and tissue specific							
cn5692	Petunia Germinating Pollen S/D3	plant	21	42.2	55.6	48.3	23.1
cn6483	unfertilized embryo sac	plant	21	47.3	9.9	7.9	7.6
cn7320	Major latex protein	plant	7	30.4	39.5	63.8	38.6
IP_PHBS006007u	flowering promoting factor	plant	7	5.9	44.9	15.5	27.7
XIIId. Miscellaneous							
cn3907	leucine-rich repeat family protein	plant	7	25.3	23.2	10.6	20.2
			21	15.4	12.6	3.4	25.1
GO_drpoolB-CL4830Contig1	cytochrome P450	plant	7	11.8	49.5	26.1	59.5
GO_drpoolB-CL9439Contig1	WD40 repeat	plant	21	33.2	29.1	87.0	28.7
GO_drs13P0001F07_F_ab1	cytochrome P450 hydroxylase	plant	21	2.6	10.1	2.7	2.7
XIIe. Unknown							
cn4611	unknown	plant	21	16.2	28.5	22.9	16.6
cn5199	unknown	plant	21	8.1	4.0	3.9	3.2
cn7928	unknown	plant	21	27.5	6.5	30.1	15.9
GO_dr001P0015104_F_ab1	unknown	plant	21	16.3	6.5	20.9	3.6
GO_dr001P0017N08_F_ab1	unknown	plant	21	11.7	19.6	30.5	9.4
GO_dr004P0002A06_F_ab1	unknown	plant	7	8.0	5.8	2.7	12.6
GO_drpoolB-CL1499Contig1	unknown	plant	21	54.5	5.7	64.6	17.5
IP_PHBS010K19u	unknown	plant	21	377.4	114.1	409.8	263.7
IP_PHBS013A14u	unknown	plant	7	19.2	19.2	20.4	7.8
XIII. No homology							
cn10480	unknown	unknown	7	24.7	24.4	83.0	19.0
cn1907	unknown	unknown	21	881.6	21734.4	4279.3	13971.6
cn2541	unknown	unknown	7	5.6	6.6	18.3	4.4
	unknown	unknown	21	6.9	5.5	18.6	8.1
cn3090	unknown	unknown	21	5.3	2.7	3.5	10.5
cn3164	unknown	unknown	21	10.3	112.4	32.2	142.3
cn3611	unknown	unknown	21	87.5	2.5	6.1	2.5
cn3755	unknown	unknown	21	27.8	6.5	22.8	27.3
cn6939	unknown	unknown	21	5.3	4.4	13.9	5.7
cn7201	unknown	unknown	7	3.7	3.5	6.1	2.5
cn7555	unknown	unknown	21	5.2	9.3	9.6	5.7
cn834	unknown	unknown	7	8.7	3.9	3.2	2.8
CV293054_1	unknown	unknown	7	18.4	37.7	4.0	19.0
cn7696	unknown	unknown	7	11.9	9.0	3.8	8.0
DC239858_1	unknown	unknown	7	44.8	17.3	6.5	31.6
DC240181_1	unknown	unknown	21	17.2	67.2	8.6	8.4
EB174944_1	unknown	unknown	21	24.7	36.9	27.2	6.9

Fortsetzung: Tabelle 46

Sequenz-ID und Funktionsklasse	Funktion	Homologie	Tag	BEG144 13,5 °C	BEG144 17,5 °C	(-) AMP 13,5 °C	(-) AMP 17,5 °C
GO_dr001P0003L05_F_ab1	unknown	unknown	21	54.0	90.7	93.6	59.5
GO_dr001P0004A01_F_ab1	unknown	unknown	21	5.4	8.5	14.5	10.8
GO_dr001P0011107_F_ab1	unknown	unknown	7	4.1	10.1	11.7	11.8
GO_dr001P0018M01_F_ab1	unknown	unknown	7	122.5	225.3	55.3	128.6
GO_dr004P0003H17_F_ab1	unknown	unknown	21	28.4	8.3	4.3	7.5
GO_drpoolB-CL1519Contig1	unknown	unknown	21	22.6	13.8	29.3	78.6
GO_drpoolB-CL1997Contig1	unknown	unknown	21	45.6	120.6	70.4	57.7
GO_drpoolB-CL2296Contig1	unknown	unknown	21	7.1	2.6	2.6	2.7
GO_drpoolB-CL3349Contig1	unknown	unknown	7	25.2	7.8	13.9	13.1
	unknown	unknown	21	19.9	4.1	20.9	16.8
GO_drpoolB-CL4534Contig1	unknown	unknown	21	9.2	86.0	23.7	60.7
GO_drpoolB-CL5123Contig1	unknown	unknown	7	6.3	5.7	17.4	5.8
GO_drpoolB-CL5293Contig1	unknown	unknown	21	3328.6	48055.9	10092.6	37175.1
GO_drpoolB-CL6855Contig1	unknown	unknown	21	45.0	2.6	2.5	3.8
GO_drpoolB-CL8048Contig1	unknown	unknown	7	30.6	2.8	2.9	2.8
IP_PHBS007N22u	unknown	unknown	7	9.9	6.4	3.8	4.6
IP_PHBS008H01u	unknown	unknown	21	4.3	3.6	29.0	4.9
IP_PHBS011M19u	unknown	unknown	7	16.7	59.1	24.7	29.3
IP_PHBS011N12u	unknown	unknown	21	2.9	2.7	82.3	2.7
IP_PHBS012G23u	unknown	unknown	21	26.3	3.6	3.3	3.5
IP_PHBS012O18u	unknown	unknown	21	5.2	8.4	9.3	3.4
IP_PHBS013O15u	unknown	unknown	21	3.0	2.7	41.0	14.5
SG_SGN-U210035	unknown	unknown	7	29.2	4.7	3.3	2.9
SG_SGN-U210933	unknown	unknown	7	10.5	49.3	3.6	17.1

Tabelle 47: Expressionsraten für die signifikant regulierten Gene durch die AM-Symbiose mit BEG 144 unter reduzierter Temperatur in der Wurzel von *Petunia x hybrida* 'Mitchell'. 7 bzw. 21 Tage nach Temperaturdifferenzierung; Homologie: Sequenzhomologie zu Genen pflanzlicher und unbekannter Herkunft. Zugrunde liegt der Vergleich zwischen BEG 144 mykorrhizierten (13,5 °C) und mykorrhizafreien Kontrollen (13,5°C) sowie ein Differenzterm zwischen 17,5 und 13,5 °C für die mykorrhizierten in Bezug zu den mykorrhizafreien Varianten.

Sequenz-ID und Funktionsklasse	Funktion	Homologie	Tag	BEG144 13,5 °C	BEG144 17,5 °C	(-) AMP 13,5 °C	(-) AMP 17,5 °C
Ia. Cell wall							
cn10409	pectate lyase family protein	plant	21	4.2	17.8	4.6	4.1
cn1085	fasciclin-like arabinogalactan protein	plant	7	63.4	90.5	19.9	4.0
cn1840	pectinesterase	plant	21	855.4	1399.7	11.0	7.8
II. Cytoskeleton							
cn6946	ankyrin repeat family protein	plant	7	1205.8	1100.2	1443.3	658.0
DY396035_1	annexin	plant	21	16.1	65.3	32.2	65.7
GO_dr001P0016M17_F_ab1	beta-tubulin	plant	21	48.2	65.6	120.8	44.8
IIIa. Membrane transport							
GO_drpoolB-CL7288Contig1	PDR-type ABC transporter	plant	21	39.4	86.4	2.7	3.2
SG_SGN-U210333	NOD26-like intrinsic protein	plant	21	20.9	3.0	3.3	3.6
IIIb. Mineral nutrient responsive and aquisition							
cn3085	phosphate-responsive protein	plant	21	277.1	222.6	206.0	459.7
cn3086	phosphate-responsive protein	plant	21	527.6	422.4	395.0	796.1
cn3087	phosphate-responsive protein	plant	21	819.7	632.7	566.0	1334.0
GO_drpoolB-CL2736Contig1	high affinity nitrate transporter	plant	7	1253.1	1207.8	564.8	752.1
			21	1480.9	2720.5	646.8	1609.4
GO_drpoolB-CL7158Contig1	metal ion transporter	plant	7	358.0	281.6	400.1	155.4
GO_drs31P0006M14_R_ab1	high affinity nitrate transporter	plant	7	87.5	100.5	39.6	63.4
			21	108.1	245.4	51.5	154.3
IX. Protein synthesis, processing and degradation							
cn1621	Cysteine protease	plant	7	358.3	855.5	105.2	6.8
			21	192.3	751.2	9.3	7.8
cn1836	Cysteine protease	plant	7	515.7	1263.6	191.1	15.2
			21	292.6	1355.0	15.5	15.5
cn3534	beta-mannosidase	plant	7	702.6	462.5	545.8	175.4
GO_drpoolB-CL206Contig1	Xylem serine proteinase 1 precursor	plant	21	220.9	461.6	5.0	5.2
GO_drpoolB-CL3279Contig1	serine carboxypeptidase	plant	7	852.1	1333.2	388.6	66.9
GO_drpoolB-CL6249Contig1	Cysteine protease	plant	7	13.0	29.1	29.5	3.2
			21	70.1	369.2	2.9	3.9
GO_drpoolB-CL8378Contig1	Cysteine protease	plant	7	1716.7	4201.2	541.9	33.9
			21	846.2	3504.5	44.3	50.7
Va. C1-C12 metabolism							
cn10117	hexokinase 7	plant	21	2.8	2.8	11.3	3.5
cn6309	fructokinase	plant	7	17.1	27.2	6.6	2.8
			21	9.2	14.3	3.3	3.3
cn9420	invertase inhibitor	plant	7	519.0	538.0	255.7	302.9
GO_dr004P0013M19_F_ab1	aldo/keto reductase	plant	21	8.2	19.8	4.1	4.5
GO_drpoolB-CL2232Contig1	Stachyose synthase precursor	plant	7	8.0	9.2	3.4	21.4
Vc. Lipid metabolism							
cn4070	acyl carrier protein	plant	7	604.0	970.4	279.7	62.4
			21	327.1	422.2	68.2	35.0
cn5471	glycerol-3-phosphate dehydrogenase	plant	21	50.4	66.8	20.9	27.5
GO_dr004P0004L18_F_ab1		plant	7	228.7	326.1	182.2	80.2
cn583	extracellular lipase	plant	7	13.3	22.4	20.4	11.6
cn8693	GDSL-motif lipase/hydrolase family protein	plant	21	54.6	66.2	6.5	8.4
			21	146.2	164.5	64.4	49.3
GO_drpoolB-CL2127Contig1	triacylglycerol lipase	plant	21	34.0	126.9	3.1	7.2
Vd. Amino acid and N metabolism							
GO_dr004P0015D19_F_ab1	Gamma-glutamyl-gamma-aminobutyrate hydrolase	plant	7	26.1	20.2	5.9	4.1
			21	24.5	75.7	4.5	4.8
Vg. Antioxidative metabolism and Redox state							
cn517	thioredoxin	plant	7	11.9	3.9	3.8	3.5
GO_drpoolB-CL1481Contig1	Peroxidase	plant	7	213.7	280.6	63.4	6.3
			21	39.5	74.5	7.0	6.4
Via. Secondary metabolism							
GO_dr001P0019P22_F_ab1	phenylacetaldehyde synthase	plant	7	71.2	76.4	101.8	29.4
GO_drpoolB-CL6062Contig1	Anthranilate N-benzoyltransferase	plant	21	18.0	50.9	2.7	2.9

Fortsetzung: Tabelle 47							
Sequenz-ID und Funktionsklasse	Funktion	Homologie	Tag	BEG144 13,5 °C	BEG144 17,5 °C	(-) AMP 13,5 °C	(-) AMP 17,5 °C
IP_PHBS009B23u	UDP-glycosyltransferase	plant	7	107.0	139.3	48.4	63.8
Vib1. Auxin metabolism and perception							
cn5291	Indole-3-acetic acid-amido synthetase GH3	plant	7	87.3	157.9	30.3	66.5
GO_drpoolB-CL42Contig2	Indole-3-acetic acid-amido synthetase GH3	plant	7	700.7	1427.4	193.4	518.9
Vib5. Ethylene metabolism and perception							
GO_dr001P0011E21_F_ab1	ethylene response factor	plant	7	131.4	110.9	52.9	57.7
VII. Chromatin and DNA metabolism							
IP_PHBS010L05u	DNA repair protein RAD50	plant	7	305.9	345.2	367.0	181.7
VIII. Gene expression and RNA metabolism							
cn3056	YABBY-like transcription factor	plant	21	2.8	58.3	3.0	3.4
GI_NP1240277	S3L-RNase	plant	21	2.8	6.1	2.8	2.9
SG_SGN-U209955	transcription factor E2F	plant	21	4.0	22.5	9.7	28.2
VE_cincinnata	TCP family transcription factor	plant	7	47.6	92.4	7.6	9.7
X. Signalling							
cn8547	Rhcadhesin receptor	plant	7	614.1	845.6	186.3	11.0
			21	77.7	191.2	3.7	4.3
cn8971	Vacuolar cation/proton exchanger	plant	7	812.0	871.3	1643.7	2414.2
GO_drpoolB-CL2042Contig1	Rhcadhesin receptor	plant	21	4.8	52.9	3.8	2.9
XIIa. Biotic stimuli							
cn8494	osmotin	plant	21	16.5	74.7	2.6	2.7
cn8660	acidic endochitinase	plant	7	136.6	307.2	132.2	5.8
GO_drpoolB-CL542Contig1	Chitinase 1 precursor	plant	21	118.5	387.6	17.3	11.0
XIIId. Miscellaneous							
cn8478	copper ion binding / electron carrier	plant	7	416.7	870.8	4.5	6.5
DY395737_1	esterase/lipase/thioesterase family protein	plant	21	78.8	63.5	131.4	42.8
EB174577_1	cytochrome P450	plant	7	63.9	106.8	25.2	7.0
			21	31.2	53.5	6.6	7.3
GO_drpoolB-CL2432Contig1	zinc finger protein	plant	21	5.6	4.0	2.5	2.5
GO_drpoolB-CL8244Contig1	F-box family protein	plant	7	36.6	28.1	74.7	34.6
IP_PHBS008L07u	F-box family protein	plant	21	5.5	2.9	11.5	2.7
XIIe. Unknown							
cn10012	unknown	plant	7	2567.9	3671.3	983.6	508.7
cn6487	unknown	plant	7	23.6	74.8	16.8	10.5
cn7357	unknown	plant	7	93.2	128.8	31.7	3.2
			21	25.5	61.0	3.2	3.3
DY395921_1	unknown	plant	21	2.9	2.6	24.1	5.3
GO_dr001P0005J09_F_ab1	unknown	plant	21	145.3	490.8	14.9	20.5
GO_dr001P0008M16_F_ab1	unknown	plant	7	2.8	2.7	7.1	2.7
GO_dr001P0012J06_F_ab1	unknown	plant	7	64.4	53.8	47.3	10.7
GO_dr004P0017J04_F_ab1	unknown	plant	7	294.0	346.2	144.4	257.0
GO_drpoolB-CL3572Contig1	unknown	plant	21	131.8	329.7	2.7	6.7
GO_drpoolB-CL510Contig1	unknown	plant	7	161.8	310.4	58.1	6.4
			21	61.2	143.0	2.8	3.0
GO_drpoolB-CL5444Contig1	unknown	plant	7	51.3	78.4	15.8	2.8
			21	23.8	55.1	2.8	2.9
SG_SGN-U208981	unknown	plant	7	6.9	3.7	3.1	3.7
XIII. No homology							
cn4779	unknown	unknown	21	2.8	2.5	13.0	2.6
cn6869	unknown	unknown	7	36.3	58.0	10.9	10.4
cn7408	unknown	unknown	7	158.8	21.5	17.7	130.5
cn7639	unknown	unknown	21	4.2	16.0	9.0	2.8
cn7874	unknown	unknown	21	727.8	281.4	335.6	329.3
cn8178	unknown	unknown	21	208.9	136.6	203.6	390.4
cn8267	unknown	unknown	7	3953.1	4242.9	5974.4	2113.1
cn8280	unknown	unknown	21	270.4	324.2	76.3	18.0
cn8290	unknown	unknown	7	601.0	961.5	188.7	6.2
			21	291.4	829.7	5.9	4.2
cn8526	unknown	unknown	7	44.9	77.6	11.5	2.8
			21	26.0	70.4	2.9	2.6
cn8768	unknown	unknown	21	97.7	262.2	16.1	27.7
EB175112_1	unknown	unknown	21	5.5	2.8	15.2	4.9
GO_dr004P0012C03.F_ab1	unknown	unknown	7	59.1	52.8	78.2	32.8
GO_drpoolB-CL1664Contig1	unknown	unknown	7	18055.1	15799.2	676.5	2203.2

Fortsetzung: Tabelle 47								
Sequenz-ID und Funktionsklasse	Funktion	Homologie	Tag	BEG144 13,5 °C	BEG144 17,5 °C	(-) AMP 13,5 °C	(-) AMP 17,5 °C	
GO_drpoolB-CL192Contig1	unknown	unknown	21	58.9	146.6	6.3	16.0	
GO_drpoolB-CL1944Contig1	unknown	unknown	7	6068.2	6646.6	8254.7	3041.1	
GO_drpoolB-CL2368Contig1	unknown	unknown	7	1314.0	1931.4	439.0	42.4	
GO_drpoolB-CL275Contig1	unknown	unknown	7	57.3	88.6	10.1	2.7	
			21	35.9	109.6	2.6	2.7	
GO_drpoolB-CL43Contig1	unknown	unknown	7	598.3	899.1	174.6	2.3	
			21	283.3	900.2	3.1	2.3	
GO_drpoolB-CL483Contig1	unknown	unknown	21	13.5	27.0	3.7	6.0	
GO_drpoolB-CL5233Contig1	unknown	unknown	7	44498.3	51181.4	57047.1	30227.9	
GO_drpoolB-CL5425Contig1	unknown	unknown	7	157.3	205.6	43.4	2.8	
			21	112.8	342.9	2.8	17.6	
GO_drpoolB-CL5438Contig1	unknown	unknown	7	25.0	35.8	5.7	4.5	
			21	13.3	54.9	3.0	3.1	
GO_drpoolB-CL5764Contig1	unknown	unknown	21	13.8	42.0	2.5	2.5	
GO_drpoolB-CL588Contig1	unknown	unknown	21	63.7	129.4	5.9	9.3	
GO_drpoolB-CL6256Contig1	unknown	unknown	7	38.5	52.5	2.5	2.5	
			21	9.7	18.5	2.6	2.5	
GO_drpoolB-CL6523Contig1	unknown	unknown	7	274.5	957.3	15.9	19.4	
			21	457.8	1139.7	173.5	11.4	
GO_drpoolB-CL679Contig1	unknown	unknown	21	418.8	838.1	6.3	8.5	
GO_drpoolB-CL9715Contig1	unknown	unknown	7	53.2	55.6	12.5	3.1	
			21	22.8	67.3	3.5	3.1	
GO_drs21P0003H21_F_ab1	unknown	unknown	21	1553.5	3241.6	17.4	18.0	
GO_drs21P0003K10_R_ab1	unknown	unknown	21	76.0	116.4	3.9	2.7	
GO_drs21P0005B11_F_ab1	unknown	unknown	7	52.0	57.4	19.4	8.6	
			21	27.5	72.7	6.9	9.9	
GO_drs21P0005D15_F_ab1	unknown	unknown	21	330.0	720.1	9.8	16.3	
GO_drs21P0007B13_R_ab1	unknown	unknown	7	2351.1	3420.0	1145.8	192.8	
GO_drs21P0008K21_F_ab1	unknown	unknown	7	87.9	135.4	23.4	4.8	
			21	44.0	99.8	2.8	3.0	
GO_drs21P0008O13_R_ab1	unknown	unknown	7	578.3	1037.2	168.3	22.5	
			21	219.9	362.9	7.6	3.8	
GO_drs21P0009G01_F_ab1	unknown	unknown	7	2.9	5.3	4.0	2.9	
GO_drs21P0009G19_R_ab1	unknown	unknown	21	23.8	92.4	2.5	2.6	
IP_PHBS008I11u	unknown	unknown	7	92.6	50.1	200.0	49.8	
IP_PHBS011F17u	unknown	unknown	21	18.8	105.2	40.9	80.1	

7.6 Phytopathologische Versuche

Tabelle 48: Frischgewicht des Sprosses von *Petunia x hybrida* 14 Tage nach Inokulation mit *Botrytis cinerea*. Varianten: Temperatur 13,5/ 17,5 °C; mykorrhiziert (139(s), 139(t)), mykorrhizafrei (-) AMP; mit (+) bzw. (-) ohne *Botrytis*-Inokulation; relative Luftfeuchte (LF) 65/ 85 %; Versuchswiederholung 1 (V1) und 2 (V2) (n=10)

Variante		13,5°C						17,5 °C					
AMP		(-)	139	139	(-)	139	139	(-)	139	139	(-)	139	139
		AMP	(s)	(t)	AMP	(s)	(t)	AMP	(s)	(t)	AMP	(s)	(t)
<i>Botrytis</i>		(-)	(-)	(-)	(+)	(+)	(+)	(-)	(-)	(-)	(+)	(+)	(+)
V1	LF 65	6,3 ±1,0	5,3 ±1,2	5,7 ±0,7	5,3 ±0,9	5,1 ±0,5	5,1 ±0,5	6,4 ±0,8	6,2 ±0,9	6,4 ±1,3	6,0 ±0,7	5,6 ±0,9	5,9 ±0,9
	LF 85	4,6 ±0,5	4,6 ±0,4	4,2 ±0,5	4,6 ±0,3	4,6 ±0,4	4,0 ±0,4	5,2 ±0,6	5,3 ±0,3	4,8 ±0,5	5,3 ±0,4	5,1 ±0,4	5,0 ±0,3
V2	LF 65	4,3 ±0,5	4,1 ±0,3	4,1 ±0,3	4,5 ±0,8	4,0 ±0,4	3,7 ±0,4	4,8 ±0,7	4,5 ±0,6	4,0 ±0,4	4,7 ±0,7	4,1 ±0,6	4,7 ±0,7
	LF 85	3,3 ±1,0	3,4 ±1,7	3,6 ±1,2	3,2 ±0,5	3,4 ±0,7	3,1 ±0,3	3,7 ±0,4	3,4 ±0,4	3,3 ±0,3	3,6 ±0,3	3,4 ±0,6	3,3 ±0,5

Lebenslauf

Persönliche Daten

Name Johanna Knopp
Geburtsdatum 24.06.1985
Geburtsort Braunschweig

Promotionsvorhaben

seit 01/2011 Promotionsstudium an der Leibniz Universität Hannover:
Promotionsthema: Der Einfluss Arbuskulärer Mykorrhiza auf *Euphorbia pulcherrima* und *Petunia x hybrida* unter Kühlestress
Durchführung am Institut für Gartenbauliche Produktionssysteme, Abteilung Phytomedizin

Berufliche Tätigkeiten

02/2014-06/2014 Promotionsstipendiatin der Graduiertenakademie der Leibniz Universität Hannover
01/2011-01/2014 Wissenschaftliche Mitarbeiterin am Institut für Gartenbauliche Produktionssysteme, Abteilung Phytomedizin der Leibniz Universität Hannover
10/2010-12/2010 Wissenschaftliche Hilfskraft am Institut für Gartenbauliche Produktionssysteme, Abteilung Phytomedizin der Leibniz Universität Hannover

Studium

10/2008-09/2010 Studium der Gartenbauwissenschaften an der Leibniz Universität Hannover
Abschluss: Master of Science
Masterarbeit: „Untersuchungen zum Biocontrol-Potential ericoider Mykorrhizapilze (ERMP) an Ericaceen gegenüber pilzlichen Wurzelpathogenen (Oomyceten)“
09/2004-08/2008 Gartenbaustudium an der Fachhochschule Osnabrück
Abschluss: Diplom Ingenieurin (FH)
Diplomarbeit: „Appearance of Corky Root Disease (*Pyrenochaeta lycopersici*) in Greenhouse Tomato Culture as Affected by Nitrogen Fertilisation and Substrate pH“
09/2007-01/2008 Praxissemester am Institut für Bodenkunde (Markvetenskap), Abteilung Pflanzenernährung der schwedischen Universität für Agrarwissenschaften (SLU) in Uppsala, Schweden

Schulbildung

1997-2004 Gymnasium Neue Oberschule in Braunschweig,
Abschluss: Abitur

Veröffentlichungen und Tagungsbeiträge

Veröffentlichungen

Knopp, J. & Mårtensson A. M. (2010): Nitrogen fertilisation and substrate pH effects on corky root disease (*Pyrenochaeta lycopersici*) in greenhouse tomatoes. In: Archives of Agronomy and Soil Science 56 (6): 633-648.

Grunewaldt-Stöcker G., von den Berg C., Knopp J., von Alten H. (2013): Interactions of ericoid mycorrhizal fungi and root pathogens in Rhododendron: In vitro tests with plantlets in sterile liquid culture. In: Plant Root 7 (2013): 33-48.

Tagungsbeiträge

Knopp, J.; Grunewaldt-Stöcker, G.; von Alten, H. (2010): Prüfung antagonistischer Fähigkeiten von ericoiden Mykorrhizapilzen (ERMP) gegenüber Wurzelpathogenen *in planta* unter Gewächshaus-bedingungen. In: Mitteilungen aus dem Julius Kühn-Institut, H. 428; 57. Deutsche Pflanzenschutztagung : 6. - 9. September 2010 Humboldt-Universität zu Berlin; Kurzfassungen der Beiträge: S. 441.

Knopp, J.; Grunewaldt-Stöcker, G.; von Alten, H. (2011): Untersuchungen zur Wirksamkeit ericoider Mykorrhizapilze (ERMP) gegenüber *Phytophthora cinnamomi* an Ericaceen. In: BHGL-Schriftenreihe, Band 28; 47. Gartenbauwissenschaftliche Jahrestagung: Hannover, 23.-26. Februar 2011; Kurzfassung der Poster und Vorträge: S. 144.

Bauerfeind, M.; Langhans, A.; Knopp, J.; Ludolph, D.; ter Hell, B.; Franken, P.; Amberger-Ochsenbauer, S.; von Alten, H.; Mibus-Schoppe, H.; Druége, U. (2012): Joint approach to understand and overcome molecular and physiological bottlenecks in low temperature tolerance in Petunia. 12th World Petunia Days, Erfurt, 18-21 March 2012; Abstract Booklet: S. 26.

Knopp, J. & von Alten, H. (2013): Influence of Arbuscular Mycorrhiza on Low Temperature Stress of Petunia and Poinsettia. Poster presented at 7th International Conference on Mycorrhiza, New Delhi, India, 6.-11. January 2013.

Danksagung

Auf dem Weg zu dieser Arbeit habe ich vielseitige Unterstützung erfahren, für die ich mich an dieser Stelle herzlich bedanken möchte:

Prof. Dr. Hans-Michael Poehling danke ich für die Möglichkeit der Promotion in der Abteilung Phytomedizin, die Übernahme des Referats und die vielfältige Unterstützung.

Vielen Dank an Prof. Dr. Heiko Mibus-Schoppe für die Übernahme des Korreferates und Dr. Henning von Alten für die wissenschaftliche Betreuung während der gesamten Projektlaufzeit.

Prof. Dr. Edgar Maiss danke ich für die Übernahme des Prüfungsvorsitzes und für die umfangreiche Hilfe bei der Virusdetektion.

Dr. Giesela Grunewaldt-Stöcker danke ich für die vielen fachlichen Diskussionen und die Hilfestellung in Fragen der Mikrofotografie.

Mein großer Dank gilt Natalie Röder und Yvonne Koleczek für die tatkräftige Unterstützung in Labor und Gewächshaus!

Vielen Dank an die Kooperationspartner aus dem WeGa-Verbund 5: Dr. Uwe Drüge und seinen Mitarbeitern für die Möglichkeit des Aufenthaltes am Leibniz-Institut für Gemüse- und Zierpflanzenbau (IGZ) in Erfurt sowie für die vielseitige Unterstützung in den physiologischen und molekularbiologischen Untersuchungen; Prof. Dr. Phillip Franken vom IGZ Großbeeren für die Kooperation in der Transkriptomanalyse und allen Mitarbeitern aus dem WeGa Arbeitspaket 5 für viele praktische Tipps und fachliche Diskussionen.

Weiterhin gilt mein Dank all denjenigen, die mir das umfangreiche Pflanzenmaterial und die Mykorrhizaisolate zur Verfügung stellten: Selecta Klemm GmbH & Co. KG, das IGZ Erfurt, Fa. INOQ GmbH, Mauritz Vestberg (MTT Agrifood Research Finland) und „The International Bank of the Glomeromycota“.

Allen Mitarbeitern der Abteilung Phytomedizin und insbesondere meinen Kollegen aus der AG Mykorrhiza und Virologie sowie den Doktoranden aus WeGa-PhD danke ich für die schöne gemeinsame Zeit!

Diese Dissertation wurde im Rahmen des Agroclusters WeGa, des Verbundprojektes „Terminproduktion von Zierpflanzen in Gewächshäusern (Kühletoleranz)“ angefertigt. Die finanzielle Förderung erfolgte durch das BMBF.