

Vorwort

Als im Jahr 2001 der Nultsch als Lehrbuch-Institution für Studierende der Biologie in seiner 11. und bisher letzten Auflage erschien, konnte man auf eine beachtliche Erfolgsgeschichte von mehr als 35 Jahren zurückblicken. Das Buch erfreute sich mit seiner kompakten Vermittlung von Basiswissen, insbesondere für Studierende im Grundstudium, einer großen Beliebtheit. Der enorme und fast täglich spürbare Zuwachs an Wissen sowie die stark veränderten und gewachsenen Anforderungen an ein zeitgemäßes Biologiestudium machten jedoch eine grundlegende Erneuerung dieses Klassikers notwendig.

Im Frühjahr 2004 wurde daher zusammen mit Wilhelm Nultsch und dem Georg Thieme Verlag die Erarbeitung einer erweiterten Neufassung des Buches beschlossen. Der Inhalt sollte auch weiterhin die Botanik im gewohnten Sinn mit ihren morphologischen, strukturellen und molekularen Grundlagen umfassen. Allerdings verlangten vor allem die immensen neuen Erkenntnisse über die molekularen Grundlagen der Lebensprozesse im Bereich der Botanik verstärkte Berücksichtigung. Die Realisierung dieses Nachfolgewerkes stellte daher eine echte Herausforderung für die beiden Autoren dar und brauchte – wie bei Lehrbuchprojekten dieses Kalibers vermutlich üblich – viel mehr Zeit als ursprünglich geplant.

Während der gesamten Entstehungsphase dieses Buches haben wir nie unser Ziel aus den Augen verloren, ein Buch für Studierende und im besten Fall auch für Hochschullehrer zu schaffen, das für viele Jahre wertvoller und anregender Begleiter sein kann. Wir hoffen, dass uns dies gelungen ist und das Buch sich angesichts der neuen Anforderungen an angehende Biowissenschaftler bewähren wird.

Die mittlerweile für Lehrbücher im Thieme Verlag etablierte Struktur mit durchgehend farbiger Gestaltung der etwa 900 Abbildungen und mit der Gliederung des Textes in Boxen und Plus-Boxen zur Hervorhebung bzw. Abgrenzung spezieller Sachverhalte wurde übernommen. Das Schlagwortverzeichnis verweist mit farbigen Markierungen auf inhaltliche Erläuterungen zu den Begriffen und dient damit zugleich als Glossar. Die Literatur am Schluß des Buches, nach Kapiteln geordnet, ermöglicht den Einstieg in experimentelle und konzeptionelle Details zu einzelnen Fragestellungen.

Moderne Wissenschaft und Ausbildung sind ohne Nutzung des Internets undenkbar geworden. Immer mehr Zeitschriftenartikel sind erfreulicherweise frei und online im Internet verfügbar. Darüber hinaus haben wir Adressen nützlicher Internetseiten an den geeigneten Stellen im Text eingefügt, obwohl im Gegensatz zur Literatur in Zeitschriften und Büchern die Daten im Internet nur aus den persönlichen Quellen einzelner Wissenschaftler stammen und eine externe Qualitätskontrolle kaum stattfindet.

Ohne die Beratung, Hilfe, Überlassung von Daten und Abbildungen durch eine beachtliche Zahl von Kollegen wäre dieses Buch nicht zustande gekommen. Diese sind an entsprechender Stelle im Text bzw. in der diesem Vorwort nachgestellten Liste erwähnt. Für ihre Beiträge bedanken wir uns an dieser Stelle sehr herzlich. Darüber hinaus hat die beharrliche und hoch qualifizierte Betreuung durch die Mitarbeiter des Georg Thieme Verlags den Fortgang der Arbeiten wesentlich erleichtert. Das Projekt angeregt und in Gang gebracht hat Margit Hauff-Tischendorf. Ihre Nachfolgerin Marianne Mauch hat mit großem Engagement und viel Geduld die Realisierung im Verlag betreut. Sie wurde dabei fachredaktionell von Dr. Willi Kuhn (Tübingen) unterstützt, dem sich Lutz Nover zu besonderem

Dank verpflichtet fühlt. Für die professionelle Anfertigung der Zeichnungen und die geduldigen Korrekturen danken wir Klaus Hagemann, Bochum, und Thomas Heinemann (Bitmap GmbH, Mannheim). Elmar Weiler bedankt sich in ganz besonderer Weise bei Inga Eicken, Stuttgart, für die hervorragende Mitarbeit.

Auf längere Sicht kann ein solches Buch nur so gut werden, wie seine wohlwollenden und kritischen Leser es werden lassen. Wir freuen uns über Kommentare und jede Form von Anmerkungen zu Fehlern, Unzulänglichkeiten und wünschenswerten Verbesserungen, die ggf. in einer Folgeauflage berücksichtigt werden können. Sie erreichen uns über kundenservice@thieme.de oder über den Feedback-Link bei der Detailseite zu dem Buch auf www.thieme.de, aber auch per Post an die Verlagsanschrift.

Bochum/Frankfurt, im Februar 2008

Elmar Weiler
Lutz Nover

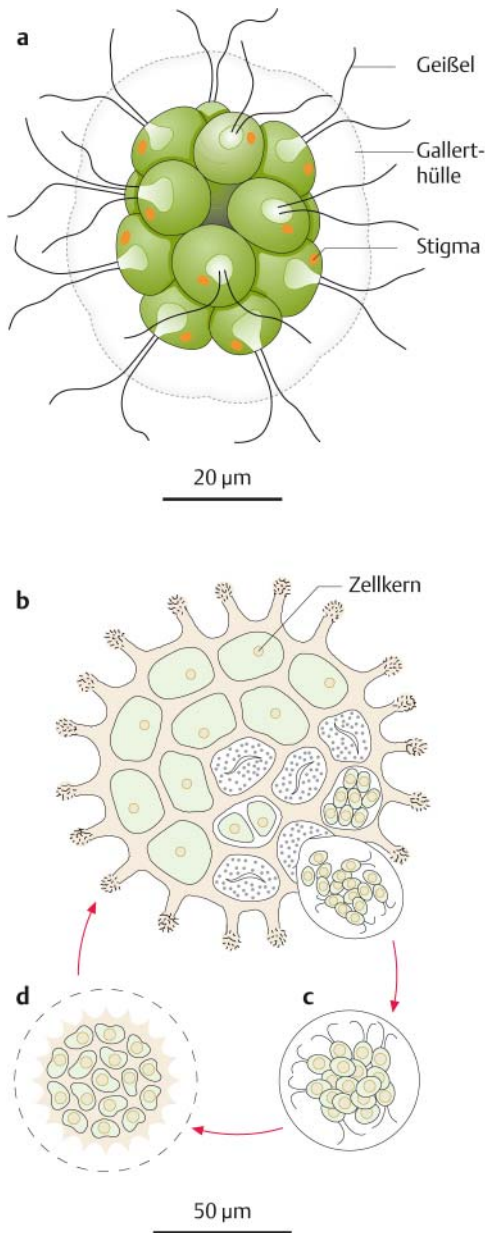


Abb. 4.16 Zellkolonie und Aggregatverband.
a 16zellige Kolonie von *Pandorina morum*, Erscheinungsbild im Lichtmikroskop. **b** Scheibenförmiger Aggregatverband von *Pediastrum granulatum*, schematisch nach lichtmikroskopischen Aufnahmen. In der unteren Hälfte sind zwei Zellen in Aufteilung begriffen, eine davon entläßt eine Blase mit 16 Schwarmzellen. **c** Zoosporen nach dem Austritt. **d** Nach Auflösung der Blase bildet sich ein neuer Aggregatverband heran.

4.4 Organisationsformen der Thallophyten

Mit dem Sammelbegriff **Thallus** wird jeder mehr- oder vielzellige, in einzelnen Fällen auch polyenergetische Vegetationskörper bezeichnet, der nicht wie ein Kormus gegliedert ist. Thallophyten sind im typischen Falle an das Leben im Wasser angepaßt, die Thalli der höher entwickelten Formen zeigen bereits eine arbeitsteilige Differenzierung. Allerdings werden keine Festigungsgewebe gebildet, weshalb der Thallus außerhalb des wäßrigen Milieus meist zusammenfällt und ein Lager bildet, z.B. Meeresalgen bei Ebbe. Entwicklungsgeschichtlich läßt sich der Thallus von den eukaryotischen Einzellern ableiten, mit denen er durch Übergangsformen wie Zellkolonien und Coenoblasten (vielkernigen Riesenzellen) verbunden ist. Thalli sind in der Evolution der Pflanzen allerdings mehrfach unabhängig entstanden.

4.4.1 Zellkolonie

Die typische Zellkolonie besteht aus einer größeren Anzahl nicht differenzierter, einander also noch gleichwertiger Zellen, die durch Teilung, also congenital entstanden sind. Es gibt aber auch hochentwickelte Formen, die bereits als echte Vielzeller angesprochen werden müssen.

Bei *Pandorina* sind 16 zweigeißelige, *Chlamydomonas*-ähnliche Zellen zu einer Kolonie vereinigt, die von einer Gallert-hülle umgeben ist. Die Totipotenz dieser Zellen geht daraus hervor, daß jede Zelle nach Verlassen des Verbandes auch selbständig weiterzuleben vermag und unter geeigneten Bedingungen wieder zu einer Kolonie heranwachsen kann. Bei manchen Arten sind die Zellen durch Plasmodesmen verbunden und hierdurch in die Lage versetzt, als physiologische Einheit zu reagieren, was sie über die einfachen Zellverbände erhebt. Die Zellen der **Aggregatverbände**, z.B. die zweigeißeligen Zoosporen von *Pediastrum*, verschmelzen unter Verlust der Geißeln erst nachträglich, also postgenital, miteinander zu einem Tochterverband, der schließlich auf die ursprüngliche Größe heranwächst (Abb. 4.16).

Ein Vertreter der hochentwickelten Formen, der bereits Merkmale echter Vielzeller besitzt, ist *Volvox* (Abb. 4.17). Die Zellen, deren Anzahl bei manchen Arten bis zu 10 000 je Organismus betragen kann, sind in eine gallertige Masse eingebettet, die eine mit Schleim ausgefüllte Hohlkugel bildet. Sie tragen nach außen gerichtete Geißeln. Untereinander stehen die Zellen durch Plasmafortsätze in Verbindung. Die Kugel zeigt bereits einen polaren Bau, da die Zellen des bei der Bewegung vorangehenden vegetativen Pols ein größeres Stigma besitzen als die des gegenüberliegenden generativen Pols. An diesem erfolgt die Bildung der Fortpflanzungszellen (Oocyten und Spermatozoide), die wesentlich größer sind als die der Ernährung und Bewegung dienenden vegetativen Zellen. Nach der Befruchtung gehen die vegetativen Zellen zugrunde. Dabei werden auch die zwischenzeitlich vegetativ gebildeten und ins Innere der Mutterkugel gelangten Tochterkugeln frei. Es kommt hier also, im Gegensatz zur potentiellen Unsterblichkeit der Einzeller, zur regelmäßigen Bildung einer Leiche: neben der arbeitsteiligen Differenzierung in vegetative und generative Zellen und der Ausbildung der Polarität ein weiteres Kriterium eines echten Vielzelllers.

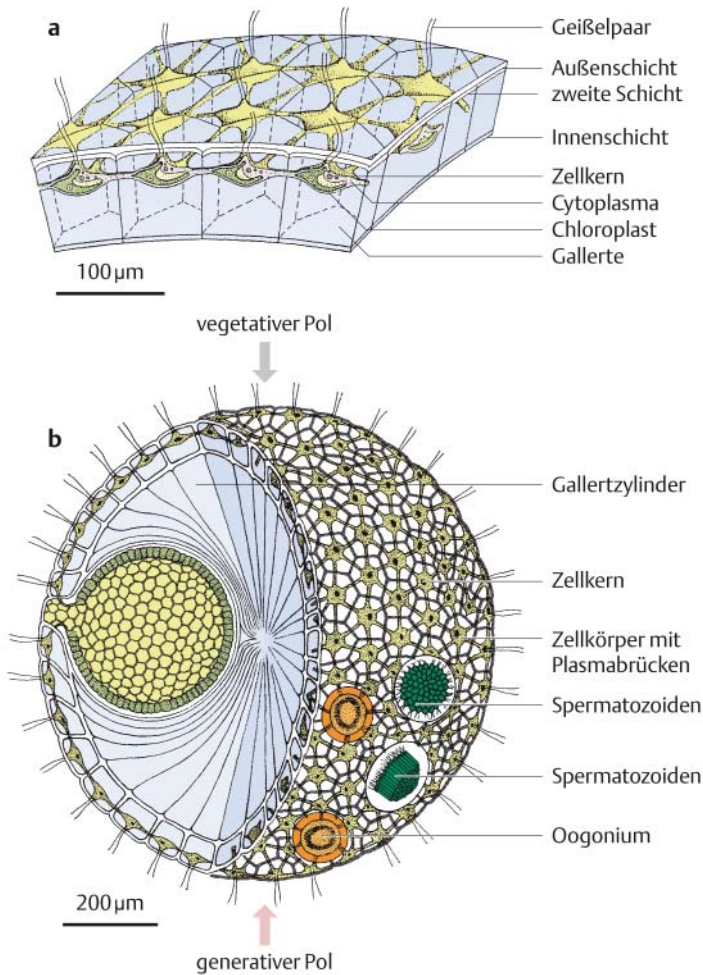


Abb. 4.17 Zellkolonie: *Volvox globator*. **a** Ausschnitt aus der kugeligen Zellkolonie, schematisch. **b** Kugelige Zellkolonie, rechts in räumlicher Darstellung, links im Schnitt mit eingestülpter Tochterkugel. Zeichnungen nach lichtmikroskopischen Aufnahmen.

4.4.2 Coenoblast

Coenoblasten sind mehr- bis vielkernige, nicht durch Zellwände gegliederte Thalli, die infolge fehlender Synchronisation von Zell- und Kernteilungen entstehen.

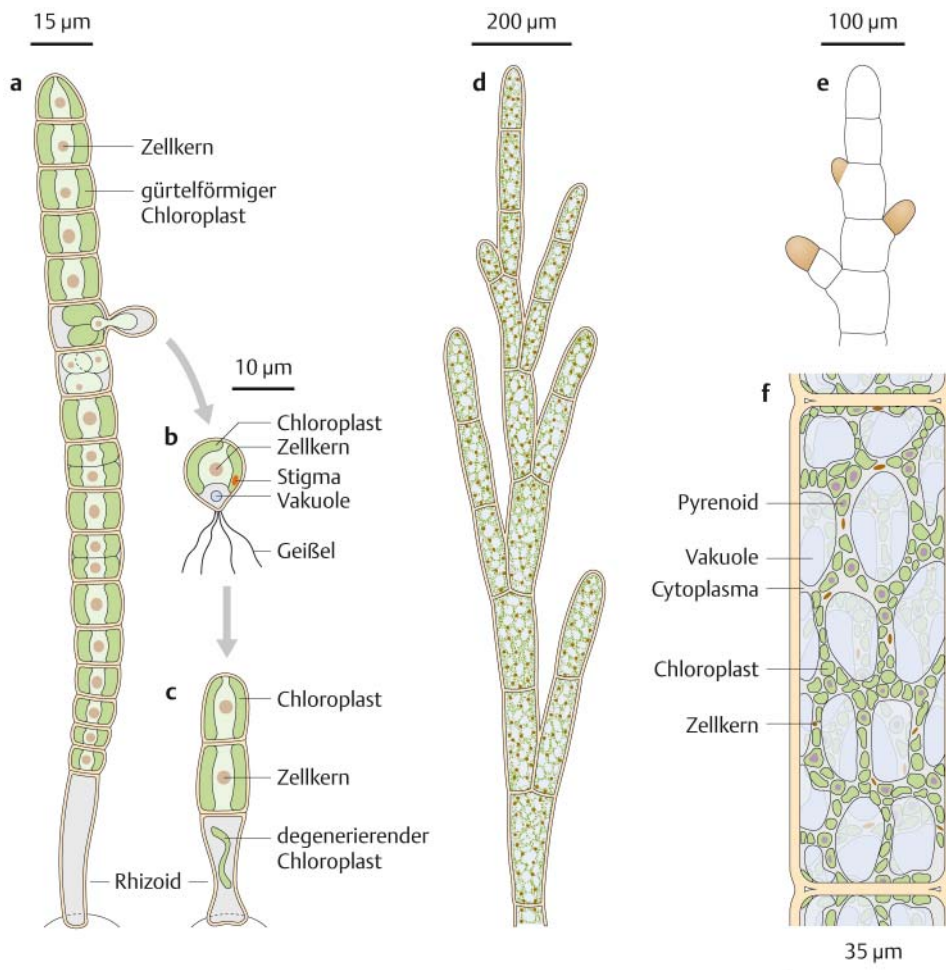
Schon bei den Protophyten gibt es Vertreter, die während der Hauptphase ihrer Entwicklung mehrkernig sind, also nicht mehr der strengen Definition der Zelle entsprechen. Bei einigen Organismen, z.B. zahlreichen Schlauchalgen (Siphonales) und Algenpilzen (Phycomyceten), führt diese Entwicklungstendenz zur Ausbildung querwandloser, weit über die durchschnittliche Dimension einer Zelle hinausgehender, meist schlauchförmig gestalteter Gebilde, die eine große Zahl von Zellkernen enthalten, also polyenergisch sind.

4.4.3 Fadenthallus

Während der fadenförmige Coenoblast durch eindimensionales Auswachsen einer Keimzelle entsteht, das zwar mit zahlreichen Kernteilungen, nicht aber mit Zellteilungen verbunden ist, ist der Fadenthallus, der im einfachsten Falle aus einer Reihe einkerniger Zellen besteht, das Ergebnis regelmäßig aufeinanderfolgender Kern- und Zellteilungen.

Abb. 4.18 Fadenthalli. **a–c** *Ulothrix zonata* (Chlorophyceae). **a** Aus einer Zellreihe bestehender Fadenthallus, mit Rhizoidzelle festsitzend. Zwei Zellen haben sich in Zoosporangien umgewandelt, von denen das eine gerade Zoospore entläßt. **b** Viergeißelige Zoospore. **c** Junger, auswachsender Faden, dessen untere Zelle sich in eine Rhizoidzelle umwandelt. **d–f** *Cladophora* spec. (Chlorophyceae). **d** Verzweigter Fadenthallus. **e** Scheitelzellenwachstum und Verzweigung, schematisch. **f** Mehrkerniges Glied eines Fadens (Coenoblast). Alle Zeichnungen nach lichtmikroskopischen Aufnahmen (**a–d**, **f** nach Esser 2000 und van den Hoek et al. 1993).

Dies zeigt Abb. 4.18a–c am Beispiel der Grünalge *Ulothrix zonata*. Ihre mit einer Rhizoidzelle festgewachsenen Fäden sind unverzweigt. Die Zellen enthalten nur einen gürtelförmigen, wandständigen Chloroplasten. Der Faden wächst durch quer zur Längsachse verlaufende mitotische Teilungen. Der Chloroplast der Rhizoidzelle geht zugrunde, und sie verliert auch ihre Teilungsfähigkeit. Alle übrigen Zellen des Fadens bleiben teilungsfähig, d. h. das Wachstum erfolgt intercalar. Die Zellen sind also untereinander gleichwertig. Das geht auch daraus hervor, daß jede Fadenzelle zur Bildung von Zoosporen bzw. Gameten befähigt ist. Die Zoosporen sind viergeißelig. Sie setzen sich mit ihrem Geißelpol fest und wachsen durch Querteilungen zu neuen Fäden aus.



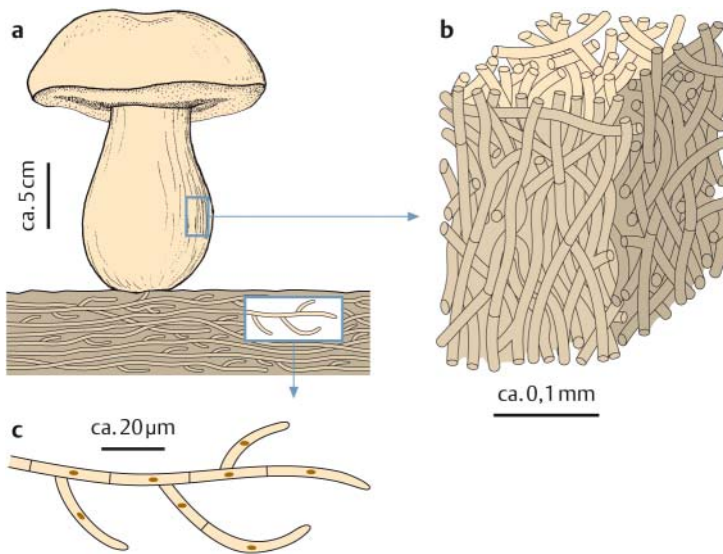


Abb. 4.19 Fadenthallus der Basidiomyceten.
a Steinpilz (*Boletus edulis*, Basidiomycetes), Mycel mit Fruchtkörper (relativ zueinander nicht maßstäblich). **b** Räumliche Darstellung des Plektenchymys aus dem Stiel des Fruchtkörpers. Der besseren Übersichtlichkeit wegen wurden die Schnallen des dikaryotischen Mycels (vgl. Abb. 14.13 S. 471) nicht gezeichnet. **c** Hyphen eines haploiden Mycels.

Die überwiegend sessile (festsitzende) Lebensweise der fadenförmigen Algen bringt es mit sich, daß schon sehr bald in der stammesgeschichtlichen Entwicklung eine ausgesprochene Polarität entsteht. Diese kommt z. B. in der Bildung von **Scheitelzellen** zum Ausdruck, die allein zu Zellteilungen befähigt sind. Sie sind im einfachsten Falle einschneidig, d. h. sie teilen sich quer zur Längsachse des Fadens und gliedern ständig basalwärts Segmente ab. Bei der ebenfalls zu den Grünalgen zählenden *Cladophora* sind allerdings sowohl die Scheitel„zellen“ als auch die von ihnen abgegliederten Segmente mehrkernig und entsprechen somit Coenoblasten. Die seitliche Verzweigung kommt dadurch zustande, daß durch seitliche Auswölbungen älterer Zellen des Fadens neue Scheitelzellen entstehen (Abb. 4.18d–f). In anderen Fällen geht sie von der Scheitelzelle selbst aus, die sich schräg teilt.

Auch die Hyphen der Schlauchpilze (Ascomycetes) und Ständerpilze (Basidiomycetes) sind einreihige, seitlich verzweigte Fadenthalli, deren Zellen ein- bzw. zweikernig sind (Abb. 4.19 und Kap. 14.6).

4.4.4 Flechtthallus

Durch enge Verflechtung bzw. durch Verkleben von Zellfäden entstehen gewebeähnliche Gebilde, die **Plektenchyme**, wie sie für Flechtthalli charakteristisch sind. Im Querschnitt ähneln sie z. T. Parenchymenten, weshalb man in diesen Fällen auch von Pseudoparenchymenten spricht.

Flechtthalli kommen bei zahlreichen höher entwickelten Algen, vor allem bei den Rotalgen (Rhodophyta) vor, aber auch in Gestalt der Pilzfruchtkörper. Bei der Rotalge *Furcellaria fastigiata*, deren über 10 cm lange, runde und sich knorpelig anfühlende Thalli sich mit klauenartigen Rhizoïden auf Steinen festsetzen, besteht der Zentralkörper aus parallel laufenden Zellfäden, die sich springbrunnenartig verzweigen (Springbrunnenstypus, Abb. 4.20). Die äußeren Zellen dieser Verzweigungen schließen sich zu einer festen Rindenschicht zusammen. Bei anderen Arten können

Abb. 4.20 Flechtthallus vom Springbrunnen-
typ. a Habitusbild von *Furcellaria fastigiata* (Rhodophyceae). **b** Schemazeichnung eines Thallusstücks.

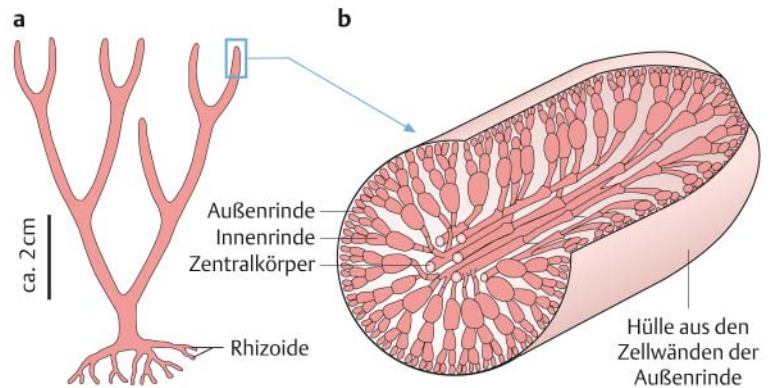
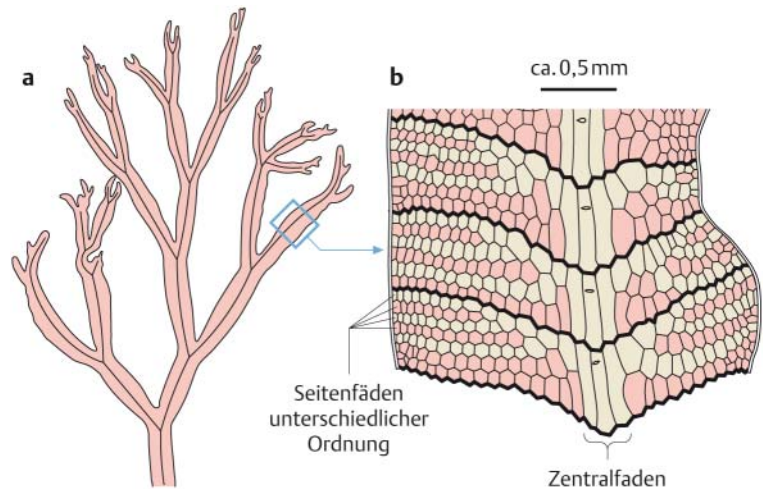


Abb. 4.21 Flechtthallus vom Zentralfadentyp.
a Habitusbild von *Caloglossa leprieurii* (Rhodophyceae). **b** Anordnung der Zellfäden in einem Thallusstück, durch zweifarbige Unterlegung hervorgehoben.



die Verzweigungen von einem einzigen zentralen Faden ausgehen (Zentralfadentypus). Auch die blattartig ausgebildeten Thalli mancher Rotalgen, z.B. *Caloglossa leprieurii*, lassen sich bei genauer Analyse auf einen verzweigten Faden zurückführen, dessen Äste in einer Ebene verwachsen sind (Abb. 4.21).

Die Fruchtkörper der Höheren Pilze bestehen aus einem unregelmäßigen Geflecht vielfach verzweigter und zum Teil miteinander verwachsener Hyphen (Abb. 4.19a, b). Die Verwachsung kann bei manchen Arten so weit gehen, daß Schnitte durch die Fruchtkörper Schnittbildern durch parenchymatische Gewebe täuschend ähnlich sehen (Pseudoparenchyme).

4.4.5 Gewebethallus

Im Unterschied zu den Plektenchymen der Flechtthalli sind Gewebethalli durch echte Mehrschichtigkeit und funktionelle Differenzierung in verschiedene Zelltypen gekennzeichnet. In den meisten Fällen geht ihre Bildung von Scheitelzellen aus.

Gewebethalli sind für viele Braunalgen (Phaeophyta) charakteristisch. Von den Flechtthalli unterscheiden sie sich vor allem dadurch, daß die von der Scheitelzelle basalwärts abgegliederten Segmente durch Längsteilungen und meist auch weitere Querteilungen aufgegliedert werden. Auf diese Weise entstehen mehrschichtige Thalli, die rund, bandförmig abgeflacht oder anders gestaltet sein können. Meist geht die Bildung des Thallus von einer Scheitelzelle aus, die bei den einfacheren Formen einschneidig ist, bei den höher entwickelten jedoch auch mehrschneidig sein kann. Bei einigen Arten sind sogar ganze Gruppen von Initialzellen vorhanden, ähnlich den Scheitelmeristemen Höherer Pflanzen.

Die Verzweigung erfolgt entweder seitlich oder dichotom. Die Dichotomie, die bei *Dictyota dichotoma* die Regel ist, kommt dadurch zustande, daß sich die Scheitelzelle, die normalerweise uhrglasförmige Segmente abgliedert, in der Längsrichtung des Thallus teilt, worauf beide Tochterzellen als gesonderte Äste weiterwachsen (Abb. 4.22).

Funktionell lassen die Zellen der Gewebethalli bereits eine Differenzierung erkennen. Neben den Fortpflanzungszellen können bei den größeren Formen stets ein zentrales Mark- und ein peripheres Rindengewebe unterschieden werden. Bei *Dictyota* enthalten lediglich die Zellen des letzteren die photosynthetisch aktiven Plastiden (Phaeoplasten), fungieren also als Photosynthese- und Abschlußgewebe, während die farblosen Markzellen als Grund- und Speichergewebe dienen. Bei den stattlichen Tangen, deren Thalli mehrere Meter messen können (bei der amerikanischen *Macrocystis pyrifera* über 50 m), findet sich außerdem ein zentrales Stranggewebe, dessen Elemente den Siebröhren der Höheren Pflanzen funktionell ähnlich sind.

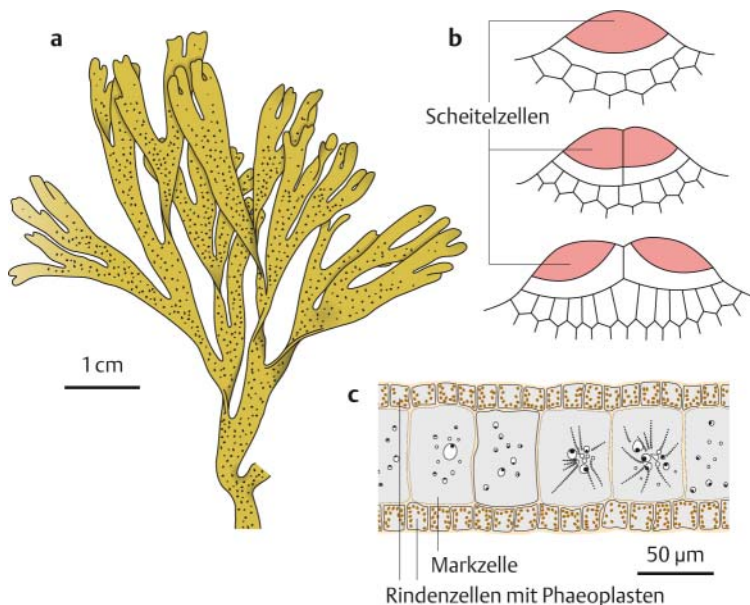


Abb. 4.22 Dichotom verzweigter Gewebethallus. **a** Habitusbild von *Dictyota dichotoma* (Phaeophyceae, siehe auch Abb. 14.8b S. 452). **b** Scheitelzelle in dichotomer Teilung, schematisch. **c** Thallusquerschnitt, Zeichnung nach lichtmikroskopischen Aufnahmen.

5.2.3 Anatomie des Laubblattes

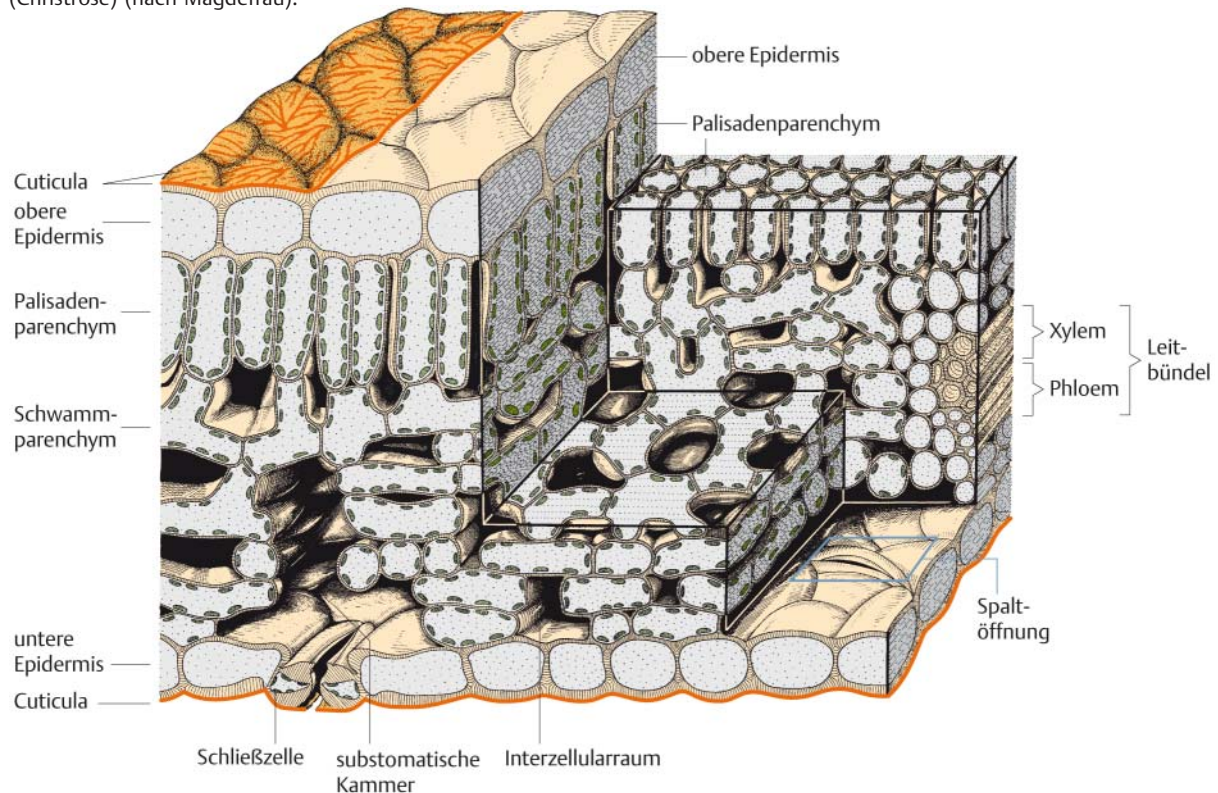
Am Aufbau eines Laubblattes sind – unabhängig vom Blatt-Typ – immer folgende Gewebe beteiligt: die Epidermis mit den Spaltöffnungen, das meist in Palisaden- und Schwammparenchym differenzierte Mesophyll sowie die Gewebe der Leitbündel.

Der anatomische Aufbau eines dorsiventralen Laubblattes ist am Beispiel von *Helleborus niger* in Form eines Blockdiagramms dargestellt (Abb. 5.23). Ober- und Unterseite des Blattes sind von einer einschichtigen **Epidermis** bedeckt, deren Zellen keine Chloroplasten enthalten. Sie schließen das Zwischenblattgewebe, das **Mesophyll**, ein. Dieses setzt sich bei den dorsiventralen Blättern aus dem oben liegenden Palisadenparenchym und dem darunter liegenden Schwammparenchym zusammen. Bei äquifazialen Blättern ist auch auf der Unterseite ein Palisadenparenchym entwickelt (Abb. 5.22).

Das Palisadenparenchym kann ein- oder mehrschichtig sein. Mehrschichtig ist das Palisadenparenchym z.B. bei **Sonnenblättern**, die auf der Südseite der Laubkrone meist relativ starker Strahlung ausgesetzt sind. Ihre Palisadenzellen sind höher und enthalten zahlreiche Chloroplasten, wohingegen das Palisadenparenchym der **Schattenblätter**, die sich auf der Nordseite bzw. in der Mitte der Laubkrone unter relativ geringem Lichtgenuß entwickeln, einschichtig ist und aus ungleich niedrigeren Zellen mit geringerer Chloroplastenzahl besteht (Abb. 17.13 S. 685). Das Palisadenparenchym ist von Interzellularen durchzogen, die jedoch enger sind als im Schwammparenchym. Die Palisadenzellen sind etwas

Abb. 5.23 Bau des Laubblattes.

Blatt von *Helleborus niger*
(Christrose) (nach Mägdefrau).



in die Länge gestreckt und senkrecht zur Blattoberfläche angeordnet. Die Zellen des Schwammparenchyms sind unregelmäßig gestaltet und durch große Interzellularräume voneinander getrennt. Das Interzellularensystem steht durch die Spaltöffnungen mit der Außenluft in Verbindung und vermittelt den Gasaustausch zwischen der Umgebungsluft und dem Blattinneren.

Hypostomatisch werden Blätter genannt, wenn die Spaltöffnungen auf die Unterseite beschränkt sind, bei **amphistomatischen** Blättern finden sie sich auf beiden Seiten. Einen Sonderfall bilden die **epistomatischen** Schwimmblätter, z.B. der Seerose (*Nymphaea*), die mit der Unterseite dem Wasser aufliegen und deshalb die Spaltöffnungen auf der Oberseite tragen.

Bau und Funktion von Spaltöffnungen

Die Spaltöffnungen entstehen durch Teilung aus Epidermiszellen, die ihre Teilungsfähigkeit wiedererlangt haben, also **Meristemoide** darstellen.

Die Entwicklung der Spaltöffnungen verläuft je nach Typus verschieden. Bei zahlreichen Pflanzen, z. B. *Iris* (Abb. 5.24), entsteht die Schließzellenmutterzelle (= Spaltöffnungsinitiale) durch inäquale Teilung einer Epidermiszelle. Die Schließzellenmutterzelle teilt sich nochmals der Länge nach. Die beiden Tochterzellen differenzieren zu den beiden Schließzellen, indem sie sich etwas abrunden und in der Mitte ihrer gemeinsamen Zellwand auf schizogenem Wege einen Spalt bilden. Schließzellen enthalten im Gegensatz zu Epidermis- bzw. Nebenzellen meist wenige Chloroplasten (Abb. 5.25). Diesen fehlen Granathylakoide, doch sind sie zur Bildung von Stärke befähigt (S. 83).

In manchen Fällen, so z. B. bei *Commelina communis* (Abb. 5.25), sind die Schließzellen noch von **Nebenzellen** umgeben. Von Nebenzellen spricht man, wenn es sich um äußerlich und funktionell von den übrigen Epidermiszellen unterscheidbare Zellen handelt. Die Nebenzellen bilden mit den Schließzellen den **Spaltöffnungsapparat**.

Als Beispiel für eine Spaltöffnung sei der *Helleborus*-Typus gewählt (Abb. 5.23 und Abb. 5.26). Die beiden bohnenförmigen **Schließzellen** berühren sich nur an den Enden, sodaß in der Mitte der Spalt ausgespart bleibt. Dessen engste Stelle, der Zentralspalt, erweitert sich nach außen zum Vor- und nach innen zum Hinterhof. Letzterer führt in einen relativ großen Interzellularräum, der als substomatische Kammer bezeichnet

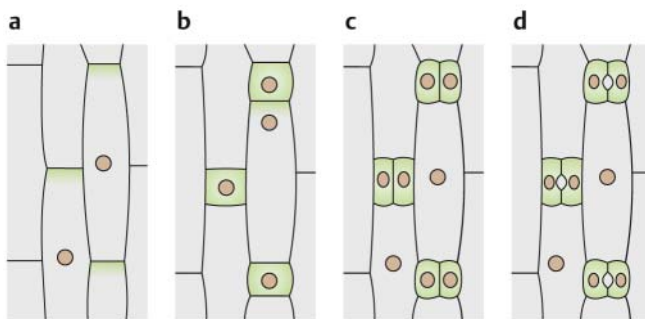


Abb. 5.24 Entwicklung der Spaltöffnungen von *Iris* (Schwertilie). **a, b** Inäquale Teilung der Epidermiszellen. **c** Teilung der Spaltöffnungsinitiale. **d** Fertig ausgebildete Spaltöffnung (verändert nach Eschrich 1995).

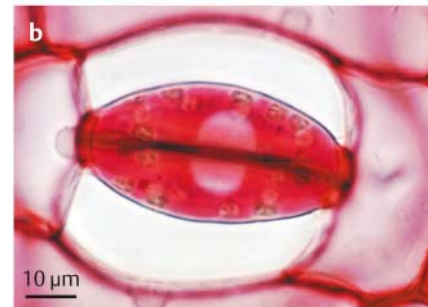
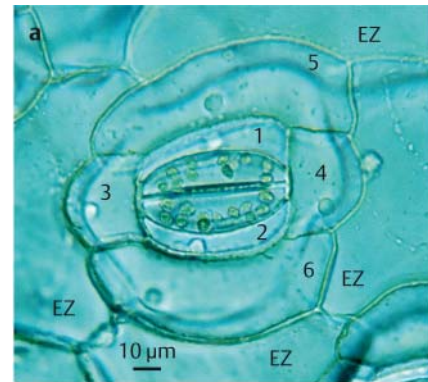
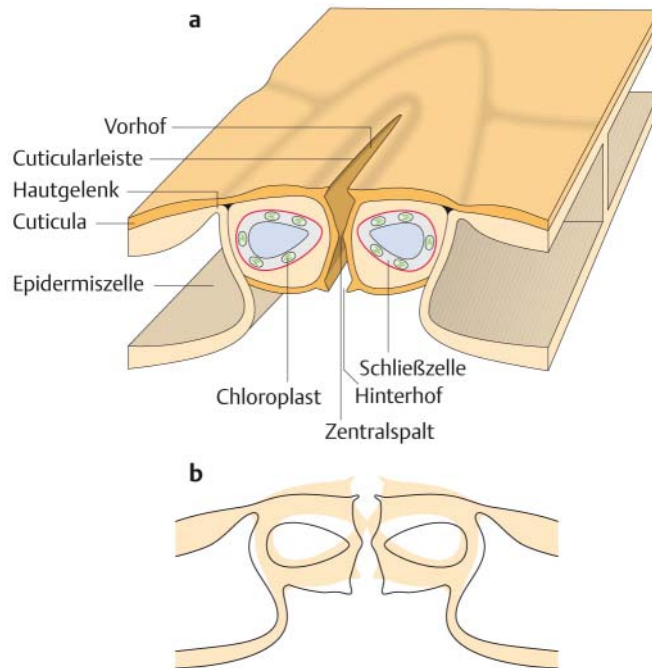


Abb. 5.25 Spaltöffnungsapparat von *Commelina communis*. Der Spaltöffnungsapparat besteht aus zwei bohnenförmigen Schließzellen und sechs Nebenzellen; lichtmikroskopische Bilder in Aufsicht von der Blattunterseite betrachtet. **a** Ungefärbtes Präparat, Spalt geschlossen. Gut zu erkennen sind in den Schließzellen die Chloroplasten und in den Nebenzellen die Zellkerne. 1, 2 longitudinal gelegene Nebenzellen 1. Ordnung, 3, 4 transversal gelegene Nebenzellen 2. Ordnung, 5, 6 longitudinal gelegene Nebenzellen 2. Ordnung. Der Spaltöffnungsapparat von *Commelina communis* besteht also aus insgesamt 8 Zellen. EZ Epidermiszellen. **b, c** Mit dem Vakuolenfarbstoff Neutralrot gefärbte Präparate, **b** mit geschlossenem, **c** mit geöffnetem Spalt. Die rot gefärbten Vakuolen nehmen den größten Teil des Zellvolumens ein. Die hellen Bereiche sind die Zellkerne (**a** Originalaufnahme M. Feyerabend, **b, c** Originalaufnahmen G. Wanner).

Abb. 5.26 Spaltöffnung von *Helleborus niger*.

a Blockdiagramm einer Spaltöffnung, von der Blattunterseite betrachtet, Schließzellen quer angeschnitten. **b** Querschnitt, schematisch. Schwarz/weiß: turgeszent gespannt und geöffnet, hellbraun: entspannt und geschlossen (nach von Denffer).



wird. Er steht mit dem Interzellularensystem des Blattes in Verbindung. Die Wände der Schließzellen sind unterschiedlich stark verdickt. Im Falle des *Helleborus*-Typs sind die Außen- und die Innenwand zur Bauchwand hin (= nach dem Spalt hin) in zunehmendem Maße verdickt, während die an die Epidermiszelle grenzende Rückenwand sowie die mittlere Partie der Bauchwand unverdickt bleiben. Auf diese Weise entstehen innen und außen Verdickungsleisten, die an den Übergangsstellen zur Rückenwand an regelrechten Hautgelenken aufgehängt sein können. Die Cuticula ragt in Form sogenannter „Cuticularhörnchen“, die Querschnitte der rund um den Vorhof herumlaufenden Cuticularleisten darstellen, über den Vorhof hinaus.

Spaltöffnungen sind turgorgesteuerte Ventile. Der Bau der Schließzellen steht mit der Funktion der Spaltöffnungen in engem Zusammenhang. Sie sind z. B. mit den sie umgebenden Epidermis- bzw. Nebenzellen nicht durch Plasmodesmen verbunden. Der Protoplast einer Schließzelle ist also von einem geschlossenen Plasmalemma umgeben. Dies ist Voraussetzung dafür, daß überhaupt gegenüber den umliegenden Zellen stark abweichende Turgordrücke in den Schließzellen erzeugt und aufrechterhalten werden können (Kap. 7.3.3).

Eine Zunahme des osmotischen Potentials in den Schließzellen führt zu einem Anstieg des Zellvolumens durch Wasseraufnahme aus der Umgebung und somit des Turgordrucks der Zellen. Mit steigendem Turgor werden die Rückenwände der beiden Schließzellen einer Spaltöffnung gedehnt (Box 5.3). Da die dem Spalt zugekehrten Wände wegen der Verdickungsleisten der Dehnung nicht folgen können, krümmen sich die Schließzellen nach ihrer Rückenseite. Hinzu kommt, daß die beiden quer zur Längsachse der Schließzellen liegenden Nebenzellen eine bloße Längsstreckung der anschwellenden Schließzellen verhindern, sodaß sich diese unter Öffnung des Spaltes in Richtung der parallelen Neben-

zellen krümmen (Abb. 5.25). Eine Abnahme des Turgors in diesen Nebenzellen erleichtert den Vorgang. Umgekehrt führt eine Turgorabnahme der Schließzellen zu einer Entspannung der Rückenwände und somit zur Entkrümmung der Schließzellen, was den Spaltenschluß zur Folge hat. Diese Turgorabnahme ist die Folge einer Herabsetzung des osmotischen Potentials der Schließzellen und einer dadurch bedingten Schrumpfung des Zellvolumens durch Wasserabgabe an die Umgebung.

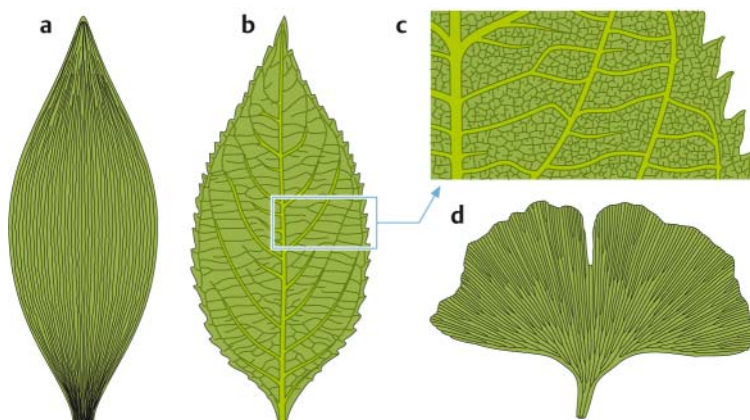
Schließzellen ohne Nebenzellen mit Blattgelenken (*Helleborus*-Typ) arbeiten eher wie Tore. Die Verformung der Rückenwand bei Turgorzunahme führt zu einem Einknicken der Schließzellen am Scharnier der Hautgelenke in Richtung des Blatinneren, wodurch sich der Spalt öffnet (Abb. 5.26b).

Über den Spaltöffnungsmechanismus wird der Gasaustausch der Blätter – also insbesondere die CO_2 -Aufnahme und die Wasserdampfabgabe – reguliert (Kap. 7.3.3).

Leitbündelanordnung

Die Leitbündel treten als Blattspur durch den Blattstiel in das Blatt ein (Abb. 5.4 S. 170). Betrachtet man Querschnitte von Blattstielen, so sind die Leitbündel häufig in Gestalt eines nach oben offenen Halbkreises angeordnet. In der Blattspreite verzweigen sie sich in verschiedener Weise. Bei den meisten Dikotyledonen bilden die Leitbündel, die man unzutreffend auch als Blattnerven oder Adern bezeichnet, ein reichverzweigtes Netz, dessen Verästelungen von einem relativ starken, median liegenden Hauptstrang ausgehen (Abb. 5.27). Sie werden immer feiner und enden schließlich blind im Mesophyll. Diese Anordnung gewährleistet eine rasche Verteilung des Wassers sowie der darin gelösten Stoffe über die ganze Blattfläche.

Bei streifiger Anordnung, die für die Monokotyledonen charakteristisch ist, durchzieht eine größere Anzahl etwa gleichstarker und nahezu parallel laufender Leitbündel die Blätter in Längsrichtung. Allerdings sind auch hier feine Querverbindungen vorhanden. Phylogenetisch sehr alt ist die dichotome Gabelnervatur, die keine Mittelrippe aufweist. Sie findet sich nur noch bei wenigen rezenten Formen, z. B. *Ginkgo biloba*. In der Regel sind die Leitbündel kollateral gebaut und im Blatt so angeordnet, daß das Xylem oben und das Phloem unten liegt (Abb. 5.22a, b).



Box 5.3 Nastische Bewegung

Durch Reize ausgelöste Bewegungen einzelner Zellen oder ganzer Organe (z. B. Blätter) einer festgewachsenen, also nicht zur Lokomotion befähigten, Pflanze werden **Nastien** (sing. die Nastie) genannt, wenn der Bewegungsablauf durch den Bauplan der Zelle oder des Organs bestimmt wird. Die Spaltöffnungsbewegung ist eine solche, lediglich von zwei Zellen, den Schließzellen, ausgeführte Nastie. Oft, wie im Falle der Spaltöffnungen, kommen nastische Bewegungen durch reversible Turgoränderungen in sogenannten Motorzellen oder Motorgeweben zustande, denen Veränderungen im osmotischen Potential vorausgehen. Nastische Bewegungen von Blättern (z. B. Tag- und Nachtstellungen der Fiederblätter der Mimose, *Mimosa*) werden durch Blattgelenke (Pulvini, sing. der Pulvinus) ausgeführt (Abb. 19.17 S. 797). Nastien können durch Lichtreize (Photonastien, *Mimosa*), chemische Reize (Chemonastien), durch Temperatureinflüsse (Thermonastien), durch Berührung (Thigmonastien, *Mimosa*), ja sogar durch Erschütterungen (Seismonastie, *Mimosa*) ausgelöst werden. Das Öffnen und Schließen der Tulpenblüte beispielsweise ist eine Thermonastie, das der Blütenstände des Löwenzahns eine Photonastie. Zum Mechanismus und zur Regulation der Spaltöffnungsbewegung: Kap. 7.3.3.

Abb. 5.27 Leitbündelverlauf im Blatt. **a** Streifiger Verlauf bei *Convallaria majalis* (Maiglöckchen, Monokotyle). **b** Netzartiger Verlauf bei *Impatiens parviflora* (Rühr-mich-nicht-an, Dikotyle). **c** Ausschnitt aus **b**, die blind endenden Verästelungen der Leitbündel zeigend. **d** Dichotom-gabelförmiger Verlauf bei *Ginkgo biloba* (Gymnosperme).

Bau des Nadelblattes

Die **Nadelblätter** der Coniferen zeigen einen charakteristischen, von dem des normalen Laubblattes stark abweichenden, xeromorphen (= an Trockenheit angepaßten) Bau.

Als Beispiel sei das äquifaziale Nadelblatt der Kiefer gewählt (Abb. 5.28). Die Epidermis und das darunterliegende hypodermale Sklerenchymgewebe verleihen der Nadel ihre Festigkeit. Die Spaltöffnungen sind in das Blatt eingesenkt, die Wände der Epidermiszellen sind so stark verdickt, daß nur noch ein kleines Lumen übrigbleibt.

Das Nadelinnere ist von Photosyntheseparenchym erfüllt, dessen Zellen in das Zellinnere vorspringende Wände besitzen (Armpalisaden). Das Photosyntheseparenchym wird in Längsrichtung von Harzkanälen durchzogen, die, abweichend von denen der Sproßachse (Abb. 5.8 S. 173), von einer sklerenchymatischen Scheide umgeben sind. Die beiden kollateralen Leitbündel liegen als Doppelstrang in der Längsachse der Nadel. Sie sind von einem Transfusionsgewebe umgeben, das teils aus tracheidalen, teils aus plasmareichen Zellen besteht und den Wasser- bzw. Stoffaustausch mit dem Blattgewebe vermittelt. Das Transfusionsgewebe wird durch eine Endodermis, deren Zellen die charakteristischen Casparyschen Streifen (S. 121) aufweisen, gegen das Armpalisadenparenchym abgegrenzt.

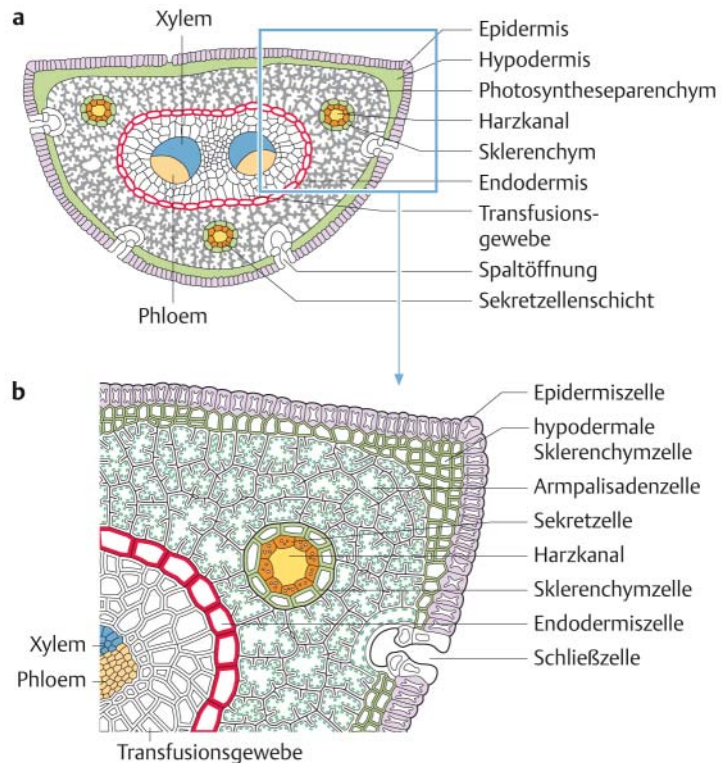


Abb. 5.28 Bau des Nadelblattes der Waldkiefer (*Pinus silvestris*). a Übersichtsbild des Querschnittes, schematisch. b Ausschnitt aus a, stärker vergrößert.

5.2.4 Metamorphosen des Blattes

Im typischen Falle ist das Blatt das Photosyntheseorgan. Infolgedessen sind seine Zellen reich an Chloroplasten und zeigen einen für die optimale Strahlungsabsorption geeigneten anatomischen Aufbau. Bei den Nadelblättern ist zwar die Oberfläche zwecks Verminderung der Transpiration reduziert, doch ist auch bei ihnen der Blattcharakter unverkennbar. Aber auch beim Blatt gibt es – wie beim Sproß – zahlreiche Fälle, in denen sowohl die äußere Gestalt als auch der anatomische Aufbau eine so durchgreifende Umwandlung erfahren haben, daß es nicht mehr ohne weiteres als Blatt zu erkennen ist. In solchen Fällen handelt es sich um Blattmetamorphosen.

Der extremste Fall einer Blattmetamorphose, nämlich die völlige Reduktion der Blattspreiten und die Übernahme ihrer Funktion durch die Sproßachse, wurde bereits im vorigen Kapitel behandelt (Abb. 5.16 S. 181). Nicht ganz so weit geht die Reduktion bei den **Phyllodien** (Abb. 5.29). Wie die Übergangsformen bei *Acacia heterophylla* zeigen, ist bei Phyllodien nur die Blattspreite reduziert, während die Stiele blattartig verbreitert sind und die Funktion der Spreite übernehmen. Bei der Kannenpflanze (*Nepenthes*) ist der Blattgrund als Photosyntheseorgan entwickelt.

Nicht selten sind Blätter in **Blattdornen** umgewandelt, wie bei den bereits besprochenen Kakteen (Abb. 5.16 S. 181) oder bei der Berberitze (*Berberis vulgaris*), wo anstelle der Tragblätter ein- bis mehrstrahlige Dornen zu finden sind. In den Achseln der Blattdornen stehen hier normal beblätterte Kurztriebe. Wie das Beispiel der Robinie (*Robinia pseudo-acacia*) zeigt, können auch die Nebenblätter in Dornen umgewandelt sein (Abb. 5.30). Bei den Kletterpflanzen schließlich sind die Blätter häufig ganz oder teilweise zu **Blattranken** umgebildet. Letzteres ist z.B. bei der Erbse (*Pisum sativum*) der Fall (Abb. 5.31). Hier ist der untere Teil des Fiederblattes normal ausgebildet, während der obere Teil in Blattfiederranken umgewandelt ist.

Eine Anpassung an die geophytische Lebensweise stellen die **Zwiebeln** dar (Abb. 5.32). Geophyten sind mehrjährige Pflanzen, die ausschließlich mit unterirdischen Organen überwintern, während alle oberirdischen Teile absterben (S. 167). Bei der Küchenzwiebel (*Allium cepa*) gehen die fleischigen, übereinandergreifenden Zwiebelschalen aus dem Blattgrund abgestorbener Laubblätter hervor. Die Sproßachse ist zu einem fast scheibenförmigen Gebilde verkürzt, dem die Blätter aufsitzen. In den Achseln der Zwiebelschalen liegen Achselknospen, die zu Beginn der neuen Vegetationsperiode austreiben, wobei die in ihnen gespeicherten Reservestoffe aufgebraucht werden. In anderen Fällen werden die Zwiebeln von Niederblättern gebildet. Beim Knoblauch umschließen mehrere derbe Zwiebel-

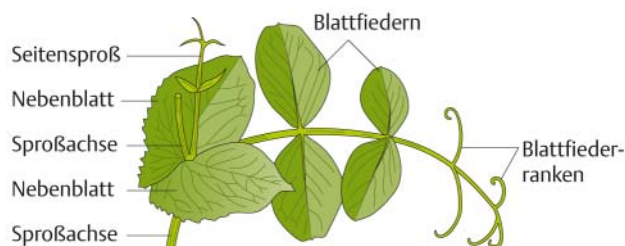


Abb. 5.31 Blattmetamorphosen. Blattfiederranken von *Pisum sativum* (Erbse) (nach Troll 1937).

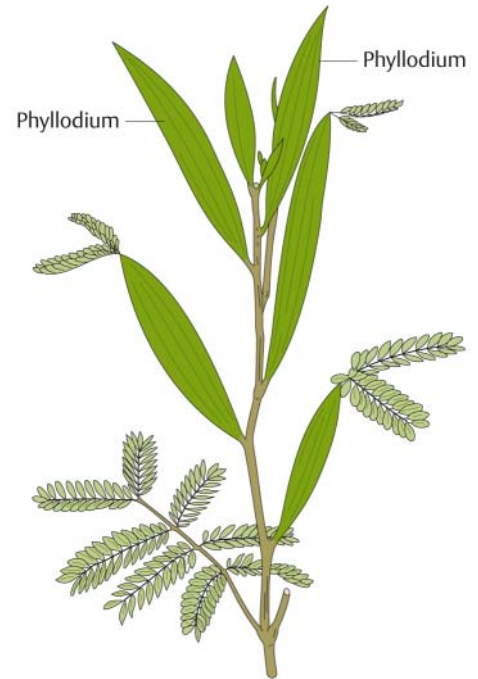


Abb. 5.29 Blattmetamorphosen. Phyllodien von *Acacia heterophylla*. Übergänge von den fiederartigen Laubblättern (unten) zu den Phyllodien (oben) (nach Reinke).

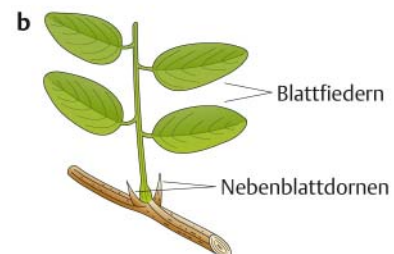
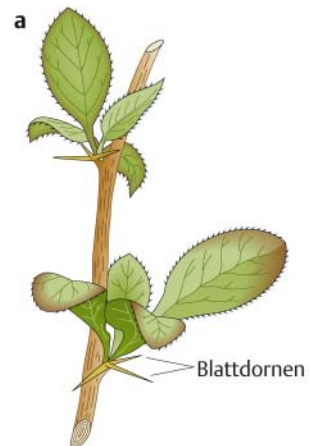
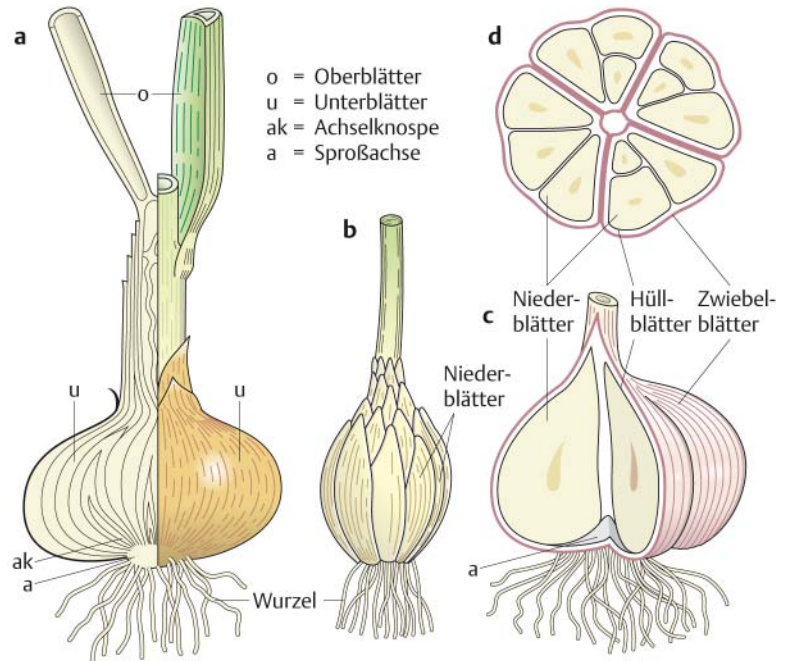


Abb. 5.30 Blattmetamorphosen. a Blattdornen von *Berberis vulgaris* (Berberitze). b Nebenblattdornen von *Robinia pseudo-acacia* (Robinie).

Abb. 5.32 Zwiebeln. **a** Küchenzwiebel (*Allium cepa*), links im Längsschnitt, die Zwiebelschalen zeigend, rechts in Aufsicht. **b** Türkenbundlilie (*Lilium martagon*), aus schuppenförmigen Niederblättern bestehend. **c** Knoblauch (*Allium sativum*), Zwiebel mit Brutzwiebeln im Herbst. **d** Querschnitt durch **c** (nach Rauh, Irmisch).



blätter, die an der stark gestauchten Sprossachse stehen, an ihrem Grunde jeweils eine Gruppe von 3–5 kleinen Zwiebeln (auch als Zehen oder Klauen bezeichnet). Jede der Zwiebeln besteht aus einem fleischig verdickten Niederblatt, welches von einem farblosen, häutigen Hüllblatt umgeben ist. Die Zwiebeln entstehen demnach als kollaterale Beiknospen in der Achsel des Zwiebelblattes, von denen jede zu einer neuen Pflanze heranwachsen kann.

Verwiesen sei hier noch auf Blattsukkulente, bei denen das Wasserspeichergewebe in den Blättern liegt, und auf Blattmetamorphosen der Carnivoren (Plus 19.6 S. 798).

5.3 Wurzel

Wurzeln dienen der Verankerung der Pflanze im Boden und der Aufnahme von Wasser und der darin gelösten Ionen. Zur Erleichterung der Wasser- und Ionenaufnahme ist die Oberfläche der Wurzeln nahe der Wurzelspitze in der Regel durch zahlreiche Wurzelhaare erheblich vergrößert. Wurzeln sind überwiegend einer Zugbelastung ausgesetzt, deshalb sind die Festigungselemente im primären Zustand nicht peripher, wie bei der Sprossachse, sondern zentral angeordnet. Auch die Leitungsbahnen verlaufen zentral, in Form eines radialen Leitsystems. Dieser sogenannte Zentralzylinder ist von einem Mantel aus parenchymatischen Zellen, dem Rindengewebe, umgeben und von diesem durch eine Endodermis abgegrenzt.

Beim Übergang von der Wurzel in die Sprossachse muß eine Umordnung der leitenden Elemente erfolgen, da die Leitbündel in der Sprossachse in der Regel kollateral gebaut und in einem peripher liegenden Ring angeordnet sind.

13.1 DNA als Träger genetischer Informationen

Mit Ausnahme einiger Viren ist das genetische Material aller Organismen Desoxyribonucleinsäure (DNA), die als Doppelhelix mit zwei antiparallelen Strängen vorliegt. Die Information ist in der Abfolge von vier aromatischen Basen, A, G, C und T gespeichert, die in zwei komplementären, über Wasserstoffbrücken miteinander verbundenen Paaren A=T und G=C vorliegen.

Aus didaktischen Gründen haben wir für dieses Kapitel die Geschichte der Genetik, wie sie in der Box 13.1 skizziert ist, auf den Kopf gestellt. Bevor wir uns den Gesetzen der Vererbung, der Chromosomenverteilung bei der Zellteilung und den Veränderungen im Erbgut (Mutationen) zuwenden, wollen wir uns mit der DNA als Erbsubstanz beschäftigen.

Die Ausarbeitung der DNA-Struktur als Doppelhelix mit zwei antiparallelen und zueinander komplementären Strängen durch Watson und Crick (Abb. 13.1) machte mit einem Schlag deutlich, daß DNA geradezu ideal für den biologischen Zweck der Speicherung großer Mengen von Information auf kleinstem Raum und für die identische Weitergabe ist (Kap. 1.3.2):

- Das **genetische Alphabet** besteht aus nur vier Buchstaben (A, G, C und T), die biochemisch durch die vier **stickstoffhaltigen, heterocyclischen Aromaten** Adenin (A), Guanin (G), Cytosin (C) und Thymin (T) repräsentiert sind. Wegen der positiven Ladung durch die Stickstoffatome in den Ringen werden diese auch als Basen und nach ihrer Grundstruktur mit zwei Ringen als Purinbasen (A und G) bzw. mit einem Ring als Pyrimidinbasen (C und T) bezeichnet (Abb. 13.1b).
- Die regelmäßige Anordnung der Buchstaben beruht auf besonderen Eigenschaften dieser Basen. Jeweils eine Purin- und eine Pyrimidinbase bilden ein **komplementäres Paar**, das über **Wasserstoffbrücken** in Wechselwirkung tritt. Dies gilt sowohl für das G=C-Paar mit drei Wasserstoffbrücken als auch für das A=T-Paar mit zwei Wasserstoffbrücken (Abb. 13.1a). Die Bildung solcher Brücken mit einem Energiegehalt von je etwa 2 kcal · mol⁻¹ beruht auf einer Elektronendefizienz an den Wasserstoffatomen und einem Elektronenüberschuß durch freie Elektronenpaare an den Stickstoff- bzw. Sauerstoffatomen (Abb. 1.37 S. 43).
- Die **Basenpaarung** im Inneren der Doppelhelix, die nach außen von der Desoxyribosephosphatkette abgeschirmt wird, ermöglicht eine sehr **regelmäßige Struktur der Doppelhelix**, da beide Paare fast identische räumliche Strukturen haben. Diese Regelmäßigkeit der DNA-Struktur ist von großer Bedeutung für die frühzeitige Erkennung von Fehlern in der Sequenz, wie sie z.B. bei der Replikation entstehen können. Solche Fehler „verzerren“ die Doppelhelix und werden durch Reparatursysteme beseitigt (Kap. 13.5 und Kap. 13.8.5).
- Die Besonderheiten der Doppelhelix bergen aber auch das Geheimnis der **Informationsweitergabe** bei der Zellteilung nach **DNA-Replikation** ebenso wie bei der **Transkription**. In beiden Fällen wird von den beteiligten Enzymen (DNA-Polymerase bzw. RNA-Polymerase) eine komplementäre Kopie (K) angefertigt, deren Buchstabenfolge eindeutig durch das Gesetz der Komplementarität zum **Matrizenstrang (M)** bestimmt ist. An einem DNA-Strang M mit der Buchstabenfolge 3'-ATGACTG-5' kann nur ein **komplementärer Strang K** mit der Buchstabenfolge 5'-TACTGAC-3' synthetisiert werden. Wir werden bei der Besprechung der Details noch sehen, daß der M-Strang immer vom 3'- zum 5'-Ende

Box 13.1 Von der klassischen zur molekularen Genetik

Die ersten Vererbungsexperimente wurden im 19. Jahrhundert von einem Augustinermönch in Brünn (Brno), Gregor Mendel, durchgeführt. Die daraus abgeleiteten Gesetzmäßigkeiten, die wir heute als Mendel-Regeln bezeichnen, erschienen 1866 in den Verhandlungen des Naturwissenschaftlichen Vereins zu Brünn. Sie blieben jedoch weitgehend unbeachtet, bis sie auf der Grundlage ähnlicher Experimente Anfang des 20. Jahrhunderts durch die Botaniker C. E. Correns (Berlin), E. von Tschermak-Seysenegg (Gent, Wien) und H. de Vries (Amsterdam) wiederentdeckt wurden. Seither hat die Genetik eine stürmische Entwicklung erfahren. Waren die Versuchsobjekte der „klassischen“ Genetik zunächst höhere Pflanzen und dann vor allem Tiere, so begann mit den Experimenten an Pilzen, Bakterien und Bakteriophagen in den USA um 1940 die Ära der molekularen Genetik. Zwei Meilensteine prägen die weitere Entwicklung: 1944 gelingt O. T. Avery und Mitarbeitern der Nachweis, daß die pathogenen Eigenschaften des Bakteriums *Streptococcus pneumoniae* durch Desoxyribonucleinsäure (DNA) auf nichtpathogene Stämme übertragen werden können, und 1953 publizierten J. D. Watson und F. Crick ihr bahnbrechendes Modell der DNA-Struktur als Doppelhelix. In den folgenden Jahren führte die Entdeckung von Enzymen, die DNA an spezifischen Stellen spalten können (Restriktionsendonucleasen, W. Arber 1962), zur Entwicklung der Gentechnik (Kap. 13.11 und Kap. 13.12).

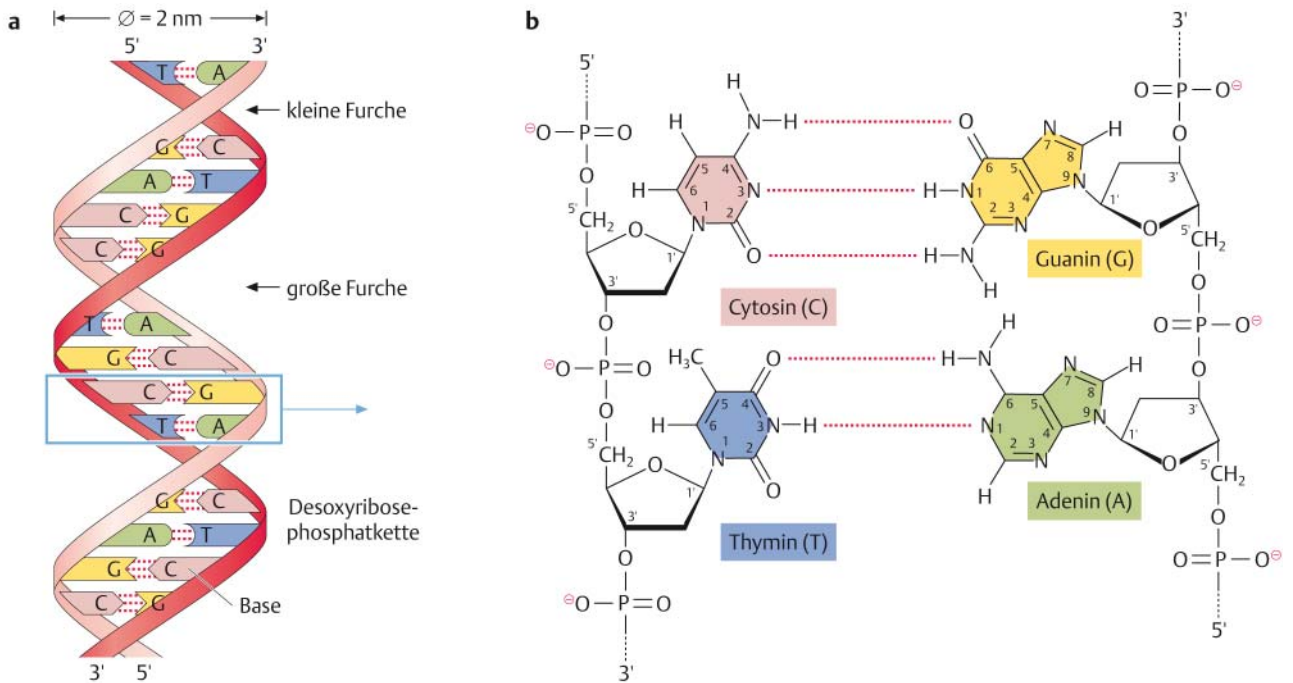


Abb. 13.1 DNA-Struktur.

a Schematische Anordnung der α -Doppelhelix mit zwei antiparallelen Strängen. Die Basenpaare liegen im Inneren und sind nach außen durch die Desoxyribosephosphatkette abgeschirmt. Spezifische Kontakte zu den Basen sind für DNA-bindende Proteine möglich, wenn sie sich in die große oder kleine Furche der DNA einfügen (Plus 15.7 S. 569).

b Detailansicht von zwei benachbarten Basenpaaren (s. Umrandung in **a**) mit drei Wasserstoffbrücken für das G \equiv C-Paar und zwei für das A=T-Paar. Die Phosphatreste tragen eine negative Ladung und verbinden benachbarte Basen über Phosphodiesterbindungen zwischen der 3'-Hydroxylgruppe des letzten Nucleotids und der 5'-Hydroxylgruppe des folgenden. Entsprechend der internationalen Nomenklatur erfolgt die Numerierung der Atome in den aromatischen Ringen von 1–6 bzw. 1–9, während die C-Atome in den Zuckerresten von 1'–5' bezeichnet werden (verändert nach Buchanan et al. 2000).

gelesen wird, während die Neusynthese antiparallel dazu stets vom 5'- zum 3'-Ende erfolgt (Abb. 13.6 S. 388).

- Die Anordnung der komplementären Basenpaare im Inneren der DNA-Doppelhelix führt zu einer beträchtlichen Stabilisierung durch **Stapelung der aromatischen Ringe** (engl.: base stacking), wie etwa bei den Münzen in einer Geldrolle. Der Effekt beruht auf der Wechselwirkung zwischen den freien sog. π -Elektronen der aromatischen Ringe. Wie in Abb. 13.1a zu sehen, sind die beiden Stränge der DNA so angeordnet, daß sie eine **große** und eine **kleine Furche** bilden, in denen DNA-bindende Proteine basenspezifische Kontakte ausbilden können. Die meisten Proteine, die als Regulatoren der Transkription eine Rolle spielen (Plus 15.7), binden in der großen Furche.
- Schließlich birgt die DNA-Doppelhelix in sich zwei scheinbar widersprüchliche Eigenschaften: auf der einen Seite die Fähigkeit zur **unveränderten Weitergabe** der genetischen Information von einer Zelle an die andere bzw. von einer Generation auf die nächste und auf der anderen Seite die Möglichkeit zu **Veränderungen durch Mutationen** (Kap. 13.8). Beides, Stabilität der Information und ihre Veränderlichkeit im richtigen Verhältnis zueinander, sind die Voraussetzungen für Evolution (Kap. 13.10).

13.2 Der genetische Code

Der genetische Code beschreibt die Regeln für die Übersetzung der Nucleinsäureinformation mit 4 Buchstaben (Basen) in die Proteininformation mit 20 Buchstaben (Aminosäuren). Der genetische Code ist ein degenerierter und in allen lebenden Organismen universell gültiger Tripletcode.

Bevor wir uns mit dem genetischen Code im Detail beschäftigen können, müssen wir einen kleinen Vorgriff auf das Kap. 15 (Genexpression) machen. Nucleinsäuren sind zwar die universellen Informationsspeicher, aber Zellstruktur und -funktion und damit das Leben selbst in seiner heutigen Form ist an **Genexpression** und die Wirkung von Proteinen als Genprodukte gebunden. Bei der Umsetzung der genetischen Information haben wir es stark vereinfacht mit folgendem **Informationsverarbeitungsprozeß** zu tun (Kap. 15):



Als erster Schritt wird also im Zuge der **Transkription** eine Abschrift des DNA-Teilabschnitts (Gen) angefertigt. Diese **mRNA-Kopie** (Boten- oder Messenger-RNA) dient dann als Matrize für die Proteinbiosynthesemaschine bei der Translation. Die Informationsspeicherung auf der Nucleinsäureebene kommt mit vier Buchstaben aus (A, G, T, C für die DNA und A, G, U, C für die RNA). Dagegen werden auf der Ebene der **Proteine** wegen der besonderen Anforderungen an die Flexibilität von Struktur und Funktion 20 sehr verschiedene Buchstaben (**Aminosäuren**) benötigt (Tab. 13.1). Bei der Umsetzung der genetischen Information in die Proteininformation muß es also Regeln für den spezifischen Sprachübergang geben (**Translation**). Dies führt zu der Frage, wie viele und welche Nucleotide den Einbau einer bestimmten Aminosäure bei der Proteinbiosynthese bestimmen, d. h. zu der Frage nach dem **genetischen Code**. Eine Zusammenstellung dieser wichtigen Gesetzmäßigkeiten für die Translation findet sich in Tab. 13.1, die zugleich auch die gebräuchlichen Abkürzungen für die 20 Aminosäuren im 3-Buchstaben- bzw. 1-Buchstaben-Code enthält, z. B. Glutamin=Gln=Q.

Der genetische Code ist:

- ein **Tripletcode**, d. h. jeweils drei Nucleotide bilden ein Codon. Für die eindeutige Festlegung der 20 Aminosäuren braucht man mindestens drei Nucleotide als Codewort, da sich bei der Kombination von zwei Nucleotiden nur $4^2 = 16$, bei drei Nucleotiden aber $4^3 = 64$ mögliche Codons ergeben.
- **universell**, d. h. bei allen Pro- und Eukaryoten sowie bei den Viren gelten die gleichen Codon-/Aminosäure-Beziehungen. Lediglich bei Mycoplasmen, Mitochondrien und einigen Ciliaten wurden bisher einzelne Codons gefunden, die von dem universellen Code abweichen.
- **degeneriert**. Die meisten Aminosäuren werden durch mehr als ein Codon determiniert. Insgesamt sind 61 Codons mit dem Einbau einer entsprechenden Aminosäure verbunden („**sense**“-Codons). Nur drei Triplets, die sog. „**nonsense**“- oder „**stop**“-Codons **UAG**, **UGA** und **UAA**, codieren nicht für den Einbau einer Aminosäure. Sie haben aber essentielle Funktionen für die Beendigung der Polypeptidsynthese (Abb. 15.27 S. 540).
- **nicht überlappend und kommafrei**, d. h. er wird von dem 5'-Ende beginnend, kontinuierlich und lückenlos abgelesen; Einfügung oder Fortfall eines einzigen Nucleotids verändert die gesamte Information des nachfolgenden DNA-Abschnitts durch Verschiebung des Leserasters (engl.: frameshift, Abb. 13.19 S. 410).

Tab. 13.1 Zusammenstellung der wichtigsten Gesetzmäßigkeiten für die Translation (s. auch die Tab. in der hinteren Umschlagklappe). Aminosäuren mit ähnlichen Eigenschaften sind durch den Farbcode gekennzeichnet.

Aminosäuren			
Abkürzungen	Name	Eigenschaften der Seitenkette	in der mRNA
A Ala	Alanin	hydrophob, klein	GCA, GCC, GCG, GCU
C Cys	Cystein	hydrophil, SH-Gruppe	UGC, UGU
D Asp	Asparaginsäure	hydrophil, COOH-Gruppe, sauer	GAC, GAU
E Glu	Glutaminsäure	hydrophil, COOH-Gruppe, sauer	GAA, GAG
F Phe	Phenylalanin	hydrophob, aromatisch	UUC, UUU
G Gly	Glycin	kleinste Aminosäure, keine Seitenkette	GGA, GGC, GGG, GGU
H His	Histidin	Imidazolring, basisch	CAC, CAU
I Ile	Isoleucin	hydrophob, groß	AUA, AUC, AUU
K Lys	Lysin	hydrophil, ϵ -NH ₂ -Gruppe, basisch	AAA, AAG
L Leu	Leucin	hydrophob, groß	CUA, CUC, CUG, CUU, UUA, UUG
M Met	Methionin	hydrophob, groß, Initiatoraminosäure	AUG
N Asn	Asparagin	hydrophil, neutral	AAC, AAU
P Pro	Prolin	Iminosäure	CCA, CCC, CCG, CCU
Q Gln	Glutamin	hydrophil, neutral	CAA, CAG
R Arg	Arginin	hydrophil, Guanidino-Gruppe, basisch	AGA, AGG, CGA, CGC, CGG, CGU
S Ser	Serin	hydrophil, OH-Gruppe	AGC, AGU, UCA, UCC, UCG, UCU
T Thr	Threonin	hydrophil, OH-Gruppe	ACA, ACC, ACG, ACU
V Val	Valin	hydrophob, groß	GUA, GUC, GUG, GUU
W Trp	Tryptophan	hydrophob, aromatisch	UGG
Y Tyr	Tyrosin	hydrophob, aromatisch	UAC, UAU
	Stop		UAA, UGA, UAG

13.3 Verpackung von DNA in Chromatin und Chromosomen

Im Kern eukaryotischer Zellen liegt die DNA als Chromatin im Komplex mit den Histonen H1, H2A, H2B, H3 und H4 vor. Die kleinste Verpackungseinheit ist das Nucleosom mit einem zentralen Histonoktamer aus je zwei Molekülen H2A, H2B, H3 und H4, um das 146 bp DNA herumgewickelt sind. Ein abgestimmtes System histonmodifizierender Enzyme hat wesentlichen Anteil an Veränderungen in den Funktionszuständen des Chromatins. Prinzipiell sind aktive Chromatindomänen weniger dicht verpackt als inaktive. Die größte Verpackungsdichte wird transient in den Chromosomen als Transportform für das genetische Material während der Zellteilung erreicht.

Struktur und Funktion der DNA als universellem Speicher genetischer Information machen es notwendig, diese mit Proteinen zu dem sog. **Chromatin** zu verpacken und darüber hinaus spezielle Transportformen (**Chromosomen**) für die geordnete Weitergabe der Gesamtinformation an die Tochterzellen zu entwickeln (Box 13.2). Zwei weitere Gründe für die Ent-

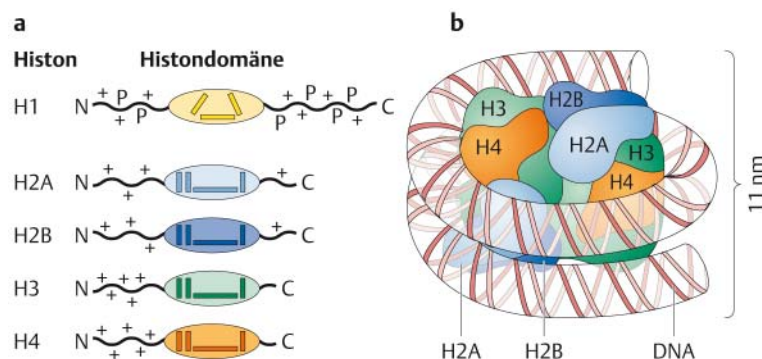
stehung dieses aufwendigen Prozesses im Verlauf der Evolution sind: 1. die Notwendigkeit, eine sehr große Menge genomischer DNA – die in einigen Zellen mehrere cm lang sein würde – in dem vergleichsweise kleinen Volumen eines Zellkerns von 5–25 μm unterzubringen und 2. die Organisation des selektiven Ablesens ausgewählter Teile des Genoms (differenzielle Genexpression) im Verlauf des Lebenszyklus einer Pflanze.

13.3.1 Histone als Verpackungsmaterial

Entsprechend den physikochemischen Eigenschaften der DNA als einem riesigen **Polyanion** mit zahlreichen negativen Ladungen in dem Rückgrat aus Desoxyribosephosphat (Abb. 13.1), sind die Proteine für die Verpackung der DNA stark positiv geladen. Die Rolle übernehmen die **fünf Histone** H1, H2A, H2B, H3 und H4 (Abb. 13.2a). Die **positiven Ladungen** der Histone beruhen auf dem hohen Gehalt an basischen Aminosäureresten, wie Lysin und Arginin, die sich vor allem in den N-terminalen und C-terminalen Domänen finden (Abb. 13.2). Auch bei Bakterien ist die DNA im Nucleoid mit histonartigen Proteinen verbunden (Abb. 15.3 und S. 734). Insbesondere bei den Archaeobakterien finden sich Proteine, die in Struktur und Funktion als unmittelbare Vorläufer der eukaryotischen Histone betrachtet werden. Da der Aufbau der bakteriellen DNA-/Proteinkomplexe sich allerdings von dem eukaryotischer Zellen wesentlich unterscheidet, spricht man nicht von Chromatin.

Grundbaustein des Chromatins in den 10-nm-Nucleofilamenten sind die sog. **Nucleosomen** mit einem **Histonoktamer** als Zentralkörper (jeweils zwei Moleküle der Histone H2A, H2B, H3 und H4) und **146 Basenpaaren** der DNA-Doppelhelix, die in $1\frac{3}{4}$ Windungen um das Histonoktamer herumgewunden ist (Abb. 13.2b). Im Zentrum des Nucleosoms sitzt ein H3/H4-Tetramer, während die beiden H2A/H2B-Dimeren daran angelagert sind. Die Histone treten mit ihren positiv geladenen und in ihrer Struktur flexiblen N-terminalen Domänen in Wechselwirkung mit den negativen Ladungen an den Phosphatgruppen der DNA. Die Nucleosomen sind miteinander durch DNA-Abschnitte von etwa 50 Basenpaaren, den sog. **Linkerregionen** verbunden, sodaß die Nucleofilamente perlchnurartig aufgereiht erscheinen (Abb. 13.3a, b).

Das besonders lysinreiche **Histon H1** kommt nicht im Nucleosom vor, hat aber eine spezielle Funktion bei der weiteren Kondensierung des Chromatins. H1 bindet an die Linkerregionen der DNA und ermöglicht damit die Verkürzung der Abstände zwischen den Nucleosomen und die Ausbildung einer 30 nm dicken **Chromatinfibrille**. Diese, als **Solenoid** bezeichnete Einheit, besteht aus jeweils sechs durch H1 verbundene Nucleo-



Box 13.2 Euchromatin/ Heterochromatin

Die Hauptmasse des Chromatins besteht aus lockerem Euchromatin, das bei Eintritt in die Mitose kondensiert und in der Interphase dekontensiert wird (Kap. 13.7). Es enthält die weitaus überwiegende Menge der im Zellkern liegenden genetischen Information. Wenn man Zellkerne mit Hämatoxylin färbt, dann ist das dichter gepackte Heterochromatin deutlich als sog. Chromozentren von dem lockeren Euchromatin zu unterscheiden. Chromozentren, die hochrepetitive DNA-Sequenzen (Satelliten-DNA) enthalten und genetisch inaktiv sind, bilden sich bei allen Zellen einer Art stets an den gleichen Stellen der Chromosomen, z. B. den Centromeren (Abb. 13.4), unabhängig vom Entwicklungszustand und Gewebetypus.

Abb. 13.2 Histone und Grundstruktur eines Nucleosoms.

a Die vier Histone im Nucleosom (H2A, H2B, H3 und H4) haben eine verwandte Grundstruktur mit einer zentralen Histondomäne, die eine charakteristische Anordnung von vier Helices (farbige Stäbchen) aufweist, und einer N-terminalen, stark positiv geladenen (+) aber unstrukturierten Domäne. Das Histon H1 ist ebenfalls stark positiv geladen, hat aber eine anders aufgebaute Zentraldomäne, und die ausgedehnten N-terminalen und C-terminalen Enden sind häufig phosphoryliert (P).

b Struktur eines Nucleosoms mit einem Histonoktamer und 146 Basenpaaren der DNA in $1\frac{3}{4}$ Windungen (nach Rindt und Nover 1982).

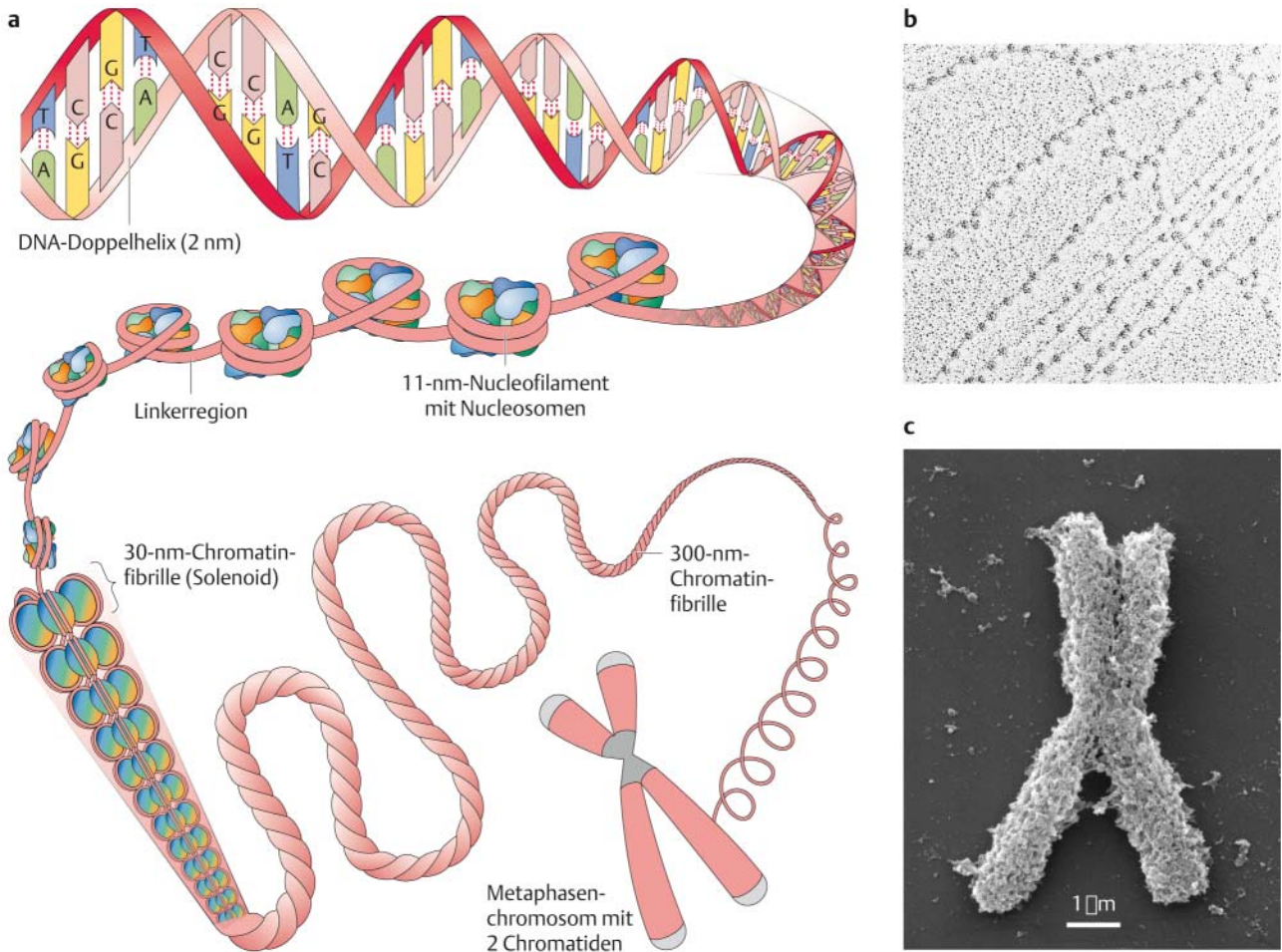


Abb. 13.3 Chromatinverpackung.

a Stufen der Chromatinverpackung von der DNA-Doppelhelix bis zum Chromosom (nach Rindt und Nover). **b** Elektronenoptische Aufnahme der Perlenkette eines 11-nm-Nucleofilamentes (präpariert mit der DNA-Spreitungstechnik nach O. Miller, Originalaufnahme W. Nagel, Chromatin von *Allium cepa* [Küchenzwiebel]; Vergr. 120 000-fach). **c** Metaphasechromosom aus der Wurzelspitze der Gerste (rasterelektronenmikroskopische Originalaufnahme G. Wanner).

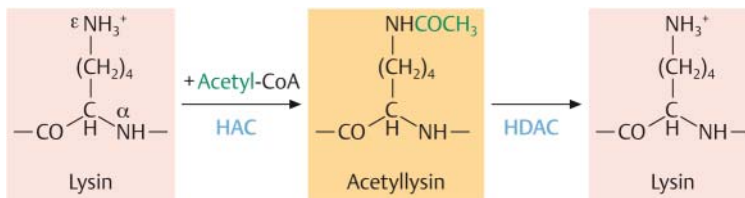
somen pro Windung (Abb. 13.3a). Die weiteren Kondensierungsschritte, die insbesondere in der Prophase von Meiose und Mitose für die Herausbildung der Chromosomen als Transportform eine Rolle spielen (Kap. 13.7), sind in Abb. 13.3a schematisch dargestellt. Da die Gesamtheit der DNA-Doppelhelix eines eukaryotischen Chromosoms eine Länge von vielen Zentimetern haben kann, muß das Chromatin bei der Bildung der nur wenige Mikrometer großen Chromosomen bis 10 000-fach kondensiert werden (Abb. 13.3a, c). Dafür bedarf es allerdings weiterer, als **Condensin** und **Cohesin** bezeichneter Proteinkomplexe (Kap. 13.7.3).

Interessanterweise bleibt die Struktur der Chromosomen selbst auch dann mikroskopisch erkennbar, wenn man alle DNA und Histone entfernt. Sie wird durch eine Art **Chromosomenskelett** aus unlöslichen Proteinen gebildet, an die die Chromatinschleifen (**Chromatindomänen**) durch spezielle Proteine angeheftet werden. Die Chromosomen sind sehr vielgestaltig (Abb. 13.4 und Abb. 13.7 S. 391). Ihre Länge kann zwischen 0,2 und 50 µm und ihre Breite zwischen 0,2 und 2 µm schwanken. In hochkondensierter Form färben sich Chromosomen nach Fixierung intensiv mit Farbstoffen wie Safranin oder Hämatoxylin an. Dieser Eigenschaft verdanken sie ihren Namen (1888, W. Waldeyer). Da die Chromosomen nur in der Transportform als selbständige Elemente in Erscheinung treten, wird

auch ihre Individualität erst zu diesem Zeitpunkt erkennbar. Jedes Chromosom hat eine definierte Größe und eine charakteristische, artspezifische Gestalt, die seine Identifizierung ermöglicht. Die Gesamtheit der Chromosomen wird als **Karyogramm** eines Organismus bezeichnet (Abb. 13.7, S. 391).

13.3.2 Histon-Modifikationen

Wie wir in Kap. 15.7.4 erfahren werden, sind Struktur und Funktion von Proteinen nicht nur durch ihre Aminosäuresequenz und ihre Raumstruktur festgelegt. Proteine können vielmehr durch enzymatische Modifikationen der Aminosäureseitenketten nachhaltig in ihren Eigenschaften verändert werden (Tab. 15.6 S. 543). Ein besonders eindrucksvolles Beispiel finden wir bei den Histonen, die mit ihren flexiblen N-terminalen Domänen entscheidend für die Kontakte zur DNA im Verband der Nucleosomen sind. Das regulatorische Geflecht von Histon-Modifikationen und histonbindenden Proteinen ist wegen seiner Bedeutung für die Chromatinstruktur und -funktion und wegen seiner stabilen Weitergabe an die Tochterzellen bei der Zellteilung auch als **Histoncode** bezeichnet worden (Plus 13.1). Der Modifikationszustand der Histone gibt Auskunft über den Aktivitätszustand des jeweiligen Gens bzw. der Chromatindomäne. Ein charakteristisches Beispiel ist die transiente Aktivierung von Teilen des Chromatins bei der Transkription. Dabei werden die für die Bindung an die negativ geladene DNA wichtigen ϵ -Aminogruppen in den Seitenketten der Lysinreste durch Histon-Acetyltransferasen (HAC) acetyliert. Sie verlieren damit ihre positive Ladung, sodaß die Bindung an die DNA aufgelockert wird. Umgekehrt sind die Lysinreste in inaktivem Chromatin nicht acetyliert. Für die Deacetylierung sind Histon-Deacetylasen (HDAC) zuständig:



13.4 Die drei Genome der Pflanzenzellen

Die Gesamtheit der genetischen Information einer Pflanzenzelle liegt in drei Genomen. Für die Modellpflanze *Arabidopsis thaliana* sind dies das Kerngenom mit 125 Mb in 5 Chromosomen und je 154 kb in den Plastomen bzw. 367 kb in den Chondriomen. *Arabidopsis* hat das kleinste pflanzliche Kerngenom. Bei Weizen und der Kaiserkrone ist das Kerngenom mit 10 Gb bzw. 100 Gb deutlich größer. Die Genomgröße wird wesentlich durch die Menge an nichtcodierender DNA bestimmt (Größe der intergenischen Bereiche, Transposons und andere repetitive Sequenzen, Größe der Introns).

Der bei weitem größte Teil der genetischen Information einer Pflanzenzelle ist im Kern codiert (**Kerngenom**). Daneben gibt es noch zwei sehr viel kleinere Genome in den Chloroplasten und den Mitochondrien. Die Größe eines Genoms wird im Allgemeinen durch die Anzahl der Basenpaare in der DNA angegeben. Zur besseren Darstellung benutzt man die

Plus 13.1 Der Histoncode als epigenetische Information

In den N-terminalen Domänen der Histone können die Serin-, Lysin- und Argininreste durch Acetylierung, Methylierung, Ubiquitinierung bzw. Phosphorylierung in ihren Eigenschaften reversibel verändert werden. Eine beachtliche Zahl von histonmodifizierenden und -demodifizierenden Enzymen sind beteiligt. Dies sind insbesondere **Histon-Acetyltransferasen (HAC)** und **Histon-Deacetylasen (HDAC)**, **Histon-Methyltransferasen (HMT)** und **-Demethylasen (HDM)**, **Ubiquitin-Konjugasen** und **-Isopeptidasen**, **Histon-Kinasen** und **-Phosphatasen**. Histon-Modifikationen bestimmen nicht nur die Kontakte zur DNA, sondern darüber hinaus die Rekrutierung von Proteinen, die Einfluß auf die Aktivität des Chromatins haben (Box 13.2 S. 379). Veränderungen im Modifikationsmuster können einander bedingen, sich verstärken oder wechselseitig ausschließen. Dies sei am Beispiel des Histon H3 verdeutlicht, dem in allen eukaryotischen Organismen eine besondere Rolle in diesem Zusammenhang zukommt. Wir können zwei Grundprozesse unterscheiden:

- **Aktivierung von Chromatin:** Phosphorylierung von Ser10 stimuliert die Acetylierung von Lys14; zusammen mit Acetyl-Lys9 steht dieses Modifikationsmuster für aktives Chromatin mit hoher Affinität für die Assemblierung von Transkriptionskomplexen. Auch die Methylierung von Lys4 durch die Methyltransferase SET9 ist charakteristisch für aktives Chromatin. Methylierung von Lys4 hemmt ihrerseits die Bindung der Lys9-HMT und damit die Desaktivierung des Chromatins durch Rekrutierung von Histon-Deacetylasen.
- **Inaktivierung von Chromatin und Bildung von Heterochromatin:** Methylierung von Lys9 durch die Methyltransferase SUV39 ist der Gegenspieler der unter 1. zusammengefaßten Prozesse. Sie verhindert die Lys9-Acetylierung

und fördert die Bindung des Proteins HP1, das eine fortschreitende Inaktivierung der Chromatindomäne (Heterochromatisierung, Box 13.2) bewirkt.

Zusammenfassend kann man sagen, daß das Muster der Histon-Modifikationen eine Art Code darstellt, der über die Wechselwirkung mit anderen Proteinen den Aktivitätszustand einer Chromatindomäne bestimmt. Dieser Histoncode kann stabil von einer Zelle zur anderen weitergegeben werden und ist häufig mit sequenzspezifischen Modifikationen der DNA durch **Methylierung** von Cytosinresten verbunden. Diese sind ein weiterer Marker für inaktives Chromatin. Wir haben es also mit einem epigenetischen Langzeitgedächtnis der Zellen zu tun, das der Aufrechterhaltung stabiler Genexpressionsmuster dient und damit der Zellidentität innerhalb einer Gruppe spezialisierter Zellen in einem Gewebe oder Organ. Man benutzt den Terminus **Epigenetik** in diesem Zusammenhang, weil es sich um ein stabiles, somatisch vererbbares Muster handelt, das keine Veränderungen im Informationsgehalt selbst einschließt, also nicht durch die Keimzellen an die nächste Generation weitergegeben werden kann (Plus 18.6 S. 734).

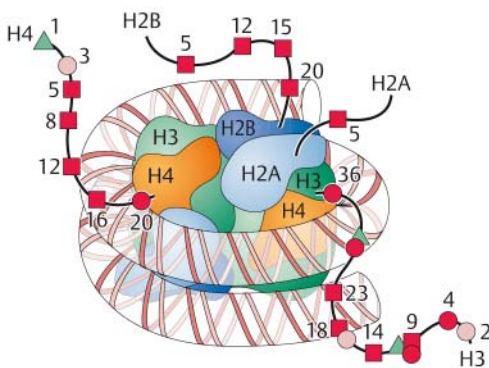
Aktives Chromatin mit Modifikationsmuster:

K4-Me, K9-Ac, S10-P, K14-Ac

- Rekrutierung von Transkriptionsfaktoren und Chromatinaktivierungskomplexen
- Hemmung der Bindung von K4-HMT, HP1 und HDAC

Inaktives Chromatin mit Modifikationsmuster: K9-Me

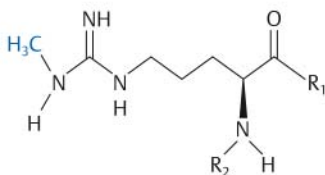
- Rekrutierung des Heterochromatin-spezifischen Proteins HP1
- Hemmung der Acetylierung von K9 und der Phosphorylierung von S10



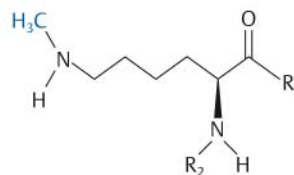
mögliche Modifikationen am N-Terminus von Histon H3



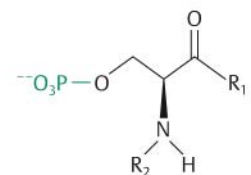
- K-AC: N-Acetyllysin
- R-Me: N-Methylarginin
- K-Me: N-Methyllysin
- ▲ S-P : O-Phosphoserin



R-Me = N-Methylarginin



K-Me = N-Methyllysin

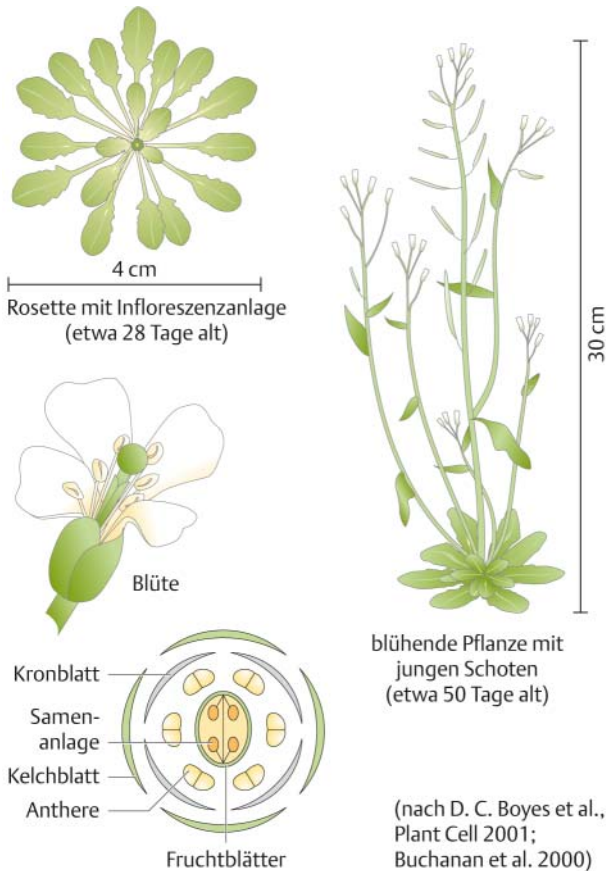


S-P = O-Phosphoserin

R₁, R₂: Peptidkette (Modell nach Turner 2002)

Plus 13.2 Das Genom der Modellpflanze *Arabidopsis thaliana*

Es war ein langer Weg, den das kleine, von den Biologen kaum beachtete Wildkraut *Arabidopsis thaliana* (Ackerschmalwand) von den Anfängen als experimentelles Objekt (F. Laibach 1907) bis in die Spitzenposition einer weltweit operierenden Forscher-Community zurückgelegt hat. Bis zum Jahr 2010 wollen Forscher alle molekularbiologischen Prozesse in dieser Modellpflanze soweit aufklären, daß die Masse der gewonnenen Daten im Computer zur Konstruktion einer virtuellen Pflanze als Muster für andere Pflanzen verwendet werden kann. Wenn dies gelingt, könnte die Computersimulation dieser Pflanze dramatische Auswirkungen auf alle Aspekte der Pflanzenforschung und darüber hinaus auf die Biologie im Allgemeinen haben (Plus 13.3).



Arabidopsis thaliana ist eine Langtagspflanze mit einem Entwicklungszyklus von etwa 60 Tagen (Tab. 18.3 S. 733). Wie bei allen Brassicaceen sind die Blüten 4-zählig und mit 2 langen und 4 kurzen Staubblättern versehen. Je nach Größe enthalten die Schoten bis zu 50 Samen. Alle Eigenschaften zusammen ergeben günstige Voraussetzungen für eine experimentelle Bearbeitung von *Arabidopsis* als Modellpflanze.

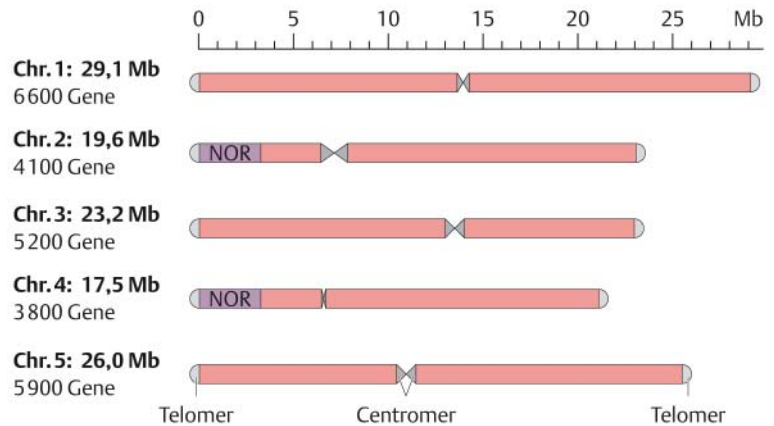
Das Jahr 2000 markiert als eine wichtige Etappe die Publikation der Gesamtsequenz des Genoms von *Arabidopsis* als erstem Pflanzengenom. Die Gesamtinformation des Kerns ist auf **5 Chromosomen** mit **125 Mb DNA** untergebracht (Abb. 13.4). Für die sinnvolle Bearbeitung der Datenfülle, die aus immer mehr Organismen gewonnen werden, benötigt man moderne Methoden der Bioinformatik (Plus 13.3 S. 386). Danach codiert das Genom von *Arabidopsis* für eine Gesamtheit von mehr als 25 000 Proteinen (**Proteom**). Für etwa zwei Drittel der offenen Leseraster (ORF, engl.: open reading frame), d. h. der proteincodierenden Sequenzen, konnte aus dem Vergleich mit Sequenzen anderer Pflanzen sowie der Bäckerhefe *Saccharomyces cerevisiae*, der Fruchtfliege *Drosophila melanogaster* und des Menschen eine Vorstellung gewonnen werden, welche Funktion diese hypothetischen Proteine haben könnten. Für etwa 7000 ORFs gelingt das aber bisher nicht. Insgesamt werden für das *Arabidopsis*-Genom 133 000 Exons mit einer durchschnittlichen Größe von 214 bp und 107 000 Introns mit einer durchschnittlichen Größe von 164 bp vorhergesagt. Das macht etwa 35 Mb an Exon- und 18 Mb an Intronsequenzen. Die durchschnittliche Gengröße wird mit 2,4 kb angegeben. Wenn man etwa 1,5 kb für die flankierenden regulatorischen Bereiche zwischen den Genen annimmt, dann sind insgesamt etwa **100 Mb von proteincodierenden Genen** eingenommen (4 kb · 25 000). Natürlich dienen solche Angaben über Durchschnittsgrößen nur einer ersten Orientierung über die Gendichte im Vergleich zu anderen Pflanzen. Die Details für ein bestimmtes Gen können davon mehr oder weniger stark abweichen.

Die **restlichen 20%** des *Arabidopsis*-Genoms entfallen auf verschiedene Formen sich mehrfach wiederholender Sequenzen (**repetitive Sequenzen**).

- Dazu gehören etwa 9 Mb mit **repetitiven Genen** für Struktur-RNAs mit besonderer Funktion in der Genexpression, z. B. 800 Gene für ribosomale RNA, 590 Gene für tRNAs und etwa 100 Gene für snRNAs und snoRNAs. Details von Struktur und Funktion dieser RNAs werden wir in Kap. 15.4 und Kap. 15.6 kennenlernen.
- Die **Centromerregionen** bestehen primär aus ausgedehnten Regionen mit hochrepetitiven Grundeinheiten von 180 bp (Satelliten-DNA), während die Telomere aus einer Vielzahl sehr kurzer Einheiten mit der Sequenz 5'-CCCTAAA-3' aufgebaut sind.
- Etwa 10% des Genoms werden von etwa 5000 **Transposons und transposonartigen Elementen** (Kap. 13.9.2) eingenommen, die gehäuft in den heterochromatischen Bereichen der Centromere oder in deren Nachbarschaft auftreten. Diese transponierbaren Elemente gehören drei Klassen an: Etwa 200 relativ große Retrotransposons (Klasse I), DNA-Transposons der Klasse II und etwa 1200 kurze transposonartige Elemente der Klasse III (sog. MITES, engl.: miniature inverted repeat transposable elements).

Das *Arabidopsis*-Genom ist ungewöhnlich dicht mit Informationen gepackt. Man kann aus den Ergebnissen neuerer Untersuchungen mit „Mikroarrays“ ableiten (Box 15.2 S. 492), daß tatsächlich mehr als 90% aller Gene irgendwann im Leben einer *Arabidopsis*-Pflanze abgelesen werden.

Abb. 13.4 Die Chromosomen von *Arabidopsis thaliana*. Kappenförmige Strukturen an den Enden = Telomere, zentrale Einschnürungen = Centromere, NOR = Nucleolus organisierende Region (engl.: nucleolus organisator region) mit den Batterien für ribosomale RNA(*rRNA*)-Gene. Chromosomen mit etwa gleich großen Armen, d. h. mit dem Centromer in der Mitte, bezeichnet man als **metazentrisch** (Chr. 1), während man solche mit ungleich großen Armen als **acrozentrisch** bezeichnet (Chr. 2–5). (Nach <http://www.arabidopsis.org/servlets/mapper>)



dezimalen Maßeinheiten. 10^3 Basenpaare sind 1 Kb, 10^6 Basenpaare sind 1 Mb und 10^9 Basenpaare sind 1 Gb. Für die bisher am besten untersuchte Pflanze, *Arabidopsis thaliana* (Plus 13.2), gelten folgende Größenverhältnisse für die drei Genome: Das **Kerngenom** umfaßt 125 Mb, die in 5 Chromosomen untergebracht sind (Abb. 13.4). Dagegen enthalten das **Chloroplastengenom** mit etwa 560 Kopien pro Zelle nur 154 Kb und das **Mitochondriengenom** mit etwa 25 Kopien pro Zelle 367 Kb. Das in den Mitochondrien lokalisierte Genom wird auch als **Chondriom**, das in den Plastiden als **Plastom** bezeichnet.

Die Zahl der Gene im Kern, die für Proteine codieren, wird auf 25 000 geschätzt, während in Chloroplasten und Mitochondrien nur 79 bzw. 58 proteincodierende Gene gefunden werden. Alle zusammen bilden sie die Gesamtheit der möglichen Proteine in *Arabidopsis*, das sog. **Proteom**. Dazu kommen natürlich jeweils eine beachtliche Zahl von Genen für die **Struktur-RNAs**, die eine unverzichtbare Rolle bei der Genexpression spielen. Dies sind die Gene für rRNAs, tRNAs, miRNAs, snoRNAs und snRNAs (s. Kap. 15.4 und 15.6 sowie Plus 18.3 S. 722).

Die geringe Zahl der proteincodierenden Gene in den Organellen zeigt an, daß diese trotz des eigenen Genoms in ihrer Struktur und Funktion wesentlich von Proteinen abhängen, die im Kern codiert, im Cytoplasma synthetisiert und in die Organellen importiert werden. Man bezeichnet die Chloroplasten und Mitochondrien daher als **semiautonome Organellen**. Auf der anderen Seite kann eine Pflanzenzelle ohne diese beiden Organellen nicht existieren, da im Verlauf der Evolution eine Reihe wichtiger Biosyntheseprozesse anteilig zwischen Cytoplasma und Organellen organisiert wurden. Das gilt z. B. für die Sulfatreduktion, Nitritreduktion (Abb. 17.22 S. 699) oder die Synthese von aromatischen Aminosäuren, Fettsäuren, Phytohormonen (Abb. 16.15 S. 613, Abb. 16.30 S. 637 und Abb. 16.36 S. 643) und von Tetrapyrrolen (Abb. 15.49 S. 586). Die Vorstellung über die Entstehung dieser interessanten Koexistenz von Kern- und Organellengenom in eukaryotischen Zellen ist in der **Endosymbiontenhypothese** zusammengefaßt (Plus 4.1 S. 130).

Die **Genomgrößen** können sehr unterschiedlich sein, wobei insbesondere im Reich der Pflanzen eine Diskrepanz zwischen dem Gehalt an Genen und der Genomgröße besteht (C-Wert-Paradoxon, Box 13.3). Das haploide Karyogramm von *Arabidopsis* (Abb. 13.4) umfaßt 5 Chromosomen mit einer Größe von 17,5 Mb (Chromosom 4) bis 29,1 Mb (Chromosom 1). Jedes der Chromosomen enthält eine **Centromerregion**, die das Chromosom in einen linken und einen rechten Arm unterschiedlicher

Größe teilt. Diese Region enthält hochrepetitive DNA-Sequenzen von 150–200 bp (Satelliten-DNA). Sie ist arm an codierender Information. Die Modifikation der Nucleosomen durch eine centromerspezifische Variante des Histon H3 (CenH3) ist Ausgangspunkt für die Umwandlung der ganzen Region in Heterochromatin (Box 13.2). Die Centromeren haben aber entscheidenden Anteil an der geordneten Verteilung der Chromosomen auf die Tochterzellen während der Mitose und Meiose, weil sich an ihnen der Proteinkomplex für die Anknüpfung des Spindelapparates (**Kinetochor**) bildet (vgl. Kap. 13.7.3).

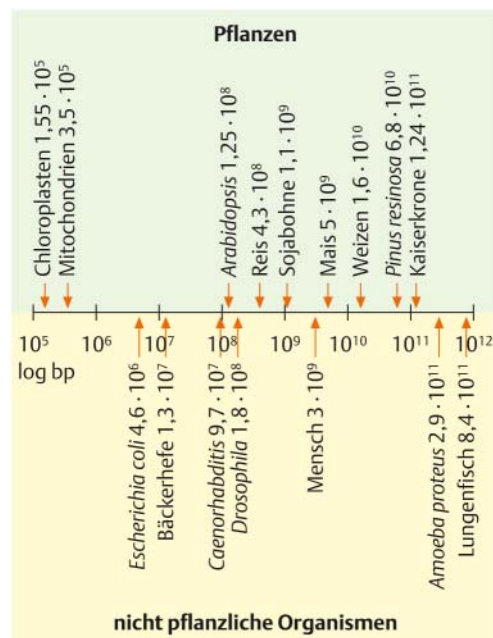
An den Enden der Chromosomen befinden sich die **Telomeren** mit kurzen hochrepetitiven Sequenzen (5'-CCCTAAA-3'). Sie sind für die Stabilität und die vollständige Replikation der Gesamtinformation unerlässlich. Sie werden bei der Replikation durch die Telomerase unter Verwendung einer RNA-Matrize neu hergestellt. Die Telomerase stellt also eine spezielle Form von reverser Transkriptase dar (Abb. 13.28 S. 428). Das gesamte Genom von *Arabidopsis* ist übersät mit Transposons, die etwa 10% der DNA-Sequenz ausmachen und die höchste Dichte in den Centromerbereichen haben. Im linken Arm der Chromosomen 2 und 4 gibt es je eine **nucleolus organisator region** (NOR) von etwa 10 kb mit Batterien von jeweils etwa 400 rRNA-codierenden Genen (Abb. 15.22 S. 532).

Box 13.3 Genomgrößen, C-Wert-Paradoxon

In der Abbildung sind die Größen der haploiden Genome einiger pflanzlicher und nicht pflanzlicher Organismen zusammengetragen. *Arabidopsis* hat das bisher kleinste bekannte pflanzliche Genom. Demgegenüber stehen die Genomriesen wie Weizen mit 10 Gb und die Kaiserkrone (*Fritillaria imperialis*) mit 100 Gb. Die offensichtliche Diskrepanz zwischen Organisationsstufe bzw. dem Gehalt an Genen und der Genomgröße (**C-Wert-Paradoxon**). Das gilt auch für die Mitochondriengenome, die mit 24 kb bei der Grünalge *Chlamydomonas eugametos*, 200 kb bei Moosen, 570 kb beim Mais und 2400 kb bei der Melone um den Faktor 100 variieren können. Die Mitochondriengenome der Säugetiere haben dagegen nur 16 kb.

Für das C-Wert-Paradoxon gibt es eine Reihe von Gründen: Der erste hängt mit der Größe und Organisation der Gene selbst zusammen. Wir müssen uns in diesem Zusammenhang erst einmal mit der Definition eines Gens als Funktionseinheit im Genom beschäftigen. Viele Gene der Eukaryoten sind mosaikartig aufgebaut. Sie enthalten codierende Teile (Exons), die durch nichtcodierende Teile (Introns) voneinander getrennt sind. Zum Gen gehören aber auch die regulatorischen Sequenzen am 5'- und am 3'-Ende, die für die Effizienz und die Kontrolle von Transkription und Translation benötigt werden (Abb. 15.2 S. 492). Bei größeren Genomen nimmt die durchschnittliche Größe der Introns und die Menge an repetitiven Sequenzen (Transposons und MITEs, Plus 13.2) drastisch zu. Die Bedeutung dieser artspezifischen, über Jahrmillionen erhaltenen Struktur-DNA ist ungeklärt. Beispielsweise besteht das Maisgenom (2800 Mb) zu 50–80% aus ineinander verschachtelten Retrotransposons, die die intergenischen Bereiche stark ausdehnen. Man nimmt an, daß sich vor etwa

6 Millionen Jahren durch einen Ausbruch von Retrotransposonaktivitäten die DNA-Menge im Genom der Vorläuferformen des Mais verdoppelt hat. Seitdem sind diese Elemente inaktiv, und eine gewisse Reaktivierung kann nur unter Streßbedingungen (osmotischer Streß, Wassermangel, Hitzestreß) beobachtet werden.



Die Genome der Organellen sind wie bei den Bakterien meist **ringförmig**. In Abb. 13.5 ist exemplarisch das **Chloroplastengenom** des Tabaks (*Nicotiana tabacum*) gezeigt. Charakteristisch ist die Duplikation einer Genbatterie, die u. a. die Gene für die ribosomalen RNAs der Organellen enthalten. Chloroplasten wie Mitochondrien enthalten eigene Komponenten für den Genexpressionsapparat mit RNA-Polymerase, Ribosomen, tRNAs usw. Sie machen wesentliche Teile der Gene auf den Orga-

Plus 13.3 Internationale Datenbanken

Die Sequenzierung von Genomen und die damit eng verbundene Funktionsanalyse von Genen bei komplexen Organismen wie Pflanzen und Tieren hat eine bisher nicht gekannte Fülle von wertvollen Daten erzeugt. Dabei ist sehr schnell deutlich geworden, daß weder die Beschaffung noch die Handhabung der Daten durch einzelne Labors oder Forschernetzwerke in einzelnen Ländern zu gewährleisten waren. Es gab eine Reihe unabdingbarer Voraussetzungen für die neue Entwicklung:

- internationale Kooperation im großen Stil,
- entsprechende Hochleistungsrechner,
- neue Methoden der Bioinformatik,
- geeignete internationale Absprachen für den weltweiten und freien Zugang zu allen Daten,
- englisch als einheitliche Wissenschaftssprache,
- das Internet mit seinen einmaligen Möglichkeiten zur weltweiten Kommunikation.

Die im folgenden aufgeführten Datenbanken stehen schwerpunktmäßig für die genannten Stichworte. Sie sind aber im allgemeinen sehr viel komplexer nutzbar und durch zahlreiche Links mit anderen Datenbanken verbunden. Neben den Informationen werden in wichtigen Fällen auch Forschungsmaterialien wie Plasmide oder Samen von Mutantenlinien zur Verfügung gestellt. Dieses gesamte internationale System von Datenbanken und Ressourcen hat Finanzmittel für die weiterführenden Forschungsarbeiten freigesetzt und entscheidend zu dem beispiellosen Fortschritt in den biologischen Wissenschaften und in besonderer Weise den Pflanzenwissenschaften der letzten 15 Jahre beigetragen.

Genomsequenzierung: Alle gewonnenen Daten aus dem weltweit arbeitenden *Arabidopsis*-Konsortium sind in zwei Datenbanken zusammengeführt:

- The Arabidopsis Information Resources (TAIR): <http://www.arabidopsis.org/>
- The Munich Information Center for Protein Sequences (MIPS): <http://mips.gsf.de/>

Bei letzterem finden sich auch Informationen über die vollständigen bzw. fast vollständigen Genomsequenzen für andere Pflanzen (Medicago, Mais, Reis, Lotus, Pappel).

Expressionsdatenbanken: Als wichtige Hilfe für die Genfunktionsanalyse haben sich Datenbanken erwiesen, die aus mRNAs durch Synthese komplementärer DNAs (cDNAs) gewonnen wurden (Abb. 13.28 S. 428). Diese **EST-Datenbanken** (engl.: expressed sequence tags) umfassen für einzelne Pflanzen weit mehr als 100 000 Einträge und lassen Sequenzvergleiche zwischen verschiedenen Pflanzen zu, auch wenn das Genom noch nicht sequenziert wurde. Wichtigstes Hilfsmittel sind Suchverfahren (**Blast searches**), bei denen man

eine Zielsequenz (Nucleinsäure oder Protein) mit allen verfügbaren Teilsequenzen vergleichen kann, um homologe Sequenzen in anderen Organismen zu finden. Zu nennen sind:

- National Center of Biotechnology Information (NCBI): <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>
- Harvard University: <http://compbio.dfci.harvard.edu/tgi/plant.html>

Mikroarray-Expressionsdatenbanken: Die Kenntnisse über das vollständige Genom von *Arabidopsis* haben wie bei anderen Organismen zur Herstellung von etwa 1 cm² großen Chips geführt, auf denen Oligonucleotidproben für fast alle der 25 000 proteincodierenden Gene verankert sind. In einem internationalen Großprojekt wurden Expressionsdaten für alle diese Gene im Verlauf der Entwicklung von *Arabidopsis*, aber auch unter unterschiedlichen Licht- oder Streßbedingungen erarbeitet. Die mehr als 30 Millionen Daten kann man bei folgenden Stellen abrufen und ggf. für einzelne Zielgene analysieren (Genvestigator):

- MPI Tübingen: <http://www.weigelworld.org/resources/microarray/AtGenExpress/>
- ETH Zürich (Genvestigator): <https://www.genevestigator.ethz.ch/>

Knock-out-Linien durch Transposonmutagenese: Bei *Arabidopsis* stehen heute etwa 350 000 T-DNA-Insertionslinien aus verschiedenen Ländern zur Verfügung. Auf einer Homepage am SALK Institute in San Diego (USA) erhält man alle relevanten Informationen für die 25 000 *Arabidopsis*-Gene und kann unmittelbar Knock-out-Linien herausuchen und ggf. online bestellen: <http://signal.salk.edu/> (Plus 13.11 S. 418).

Plastidengenome: Insgesamt wurden inzwischen etwa 50 Plastidengenome aus Algen, Moosen, Farnen und Höheren Pflanzen sequenziert. Die Daten finden sich bei:

- Department of Biology, Penn State University: <http://chloroplast.cbio.psu.edu/cgi-bin/organism.cgi>
- Expert Protein Analysis System: <http://www.expasy.org/sprot/hamap/plastid.html>

Proteinstruktur und -funktion: Die letzte und für die Biologie natürlich wichtigste Ebene der umfassenden Analyse ist die Proteinebene. Hier sind die Daten allerdings bei weitem weniger vollständig als auf der Nucleinsäureebene. Gerade deshalb sind die Anlauf- und Verarbeitungsstellen für Daten zur Struktur und Funktion von Proteinen so wichtig. Zwei Datenbanken sind vor allem zu nennen:

- Expert Protein Analysis System (Swissprot): <http://www.expasy.ch/>
- Protein Data Bank: <http://www.pdb.org/pdb/Welcome.do>

Entsprechend erhalten wir für jede der drei anderen 2',3'-Dideoxynucleotid-Reaktionen eine Leiter von Fragmenten. Aus allen zusammen, in vier Spuren auf einem **Elektropherogramm** getrennt (Abb. 13.29c), können wir leicht die komplementäre DNA-Sequenz des Templates ablesen. Der Nachweis der synthetisierten DNA-Fragmente erfolgt mithilfe von Fluoreszenzfarbstoffen, die man entweder an die Primer anhängt oder aber an die vier ddNTPs.

Moderne **Sequenzierungsautomaten**, die geeignet sind, die riesigen Genome eukaryotischer Organismen in einer vertretbaren Zeit komplett zu sequenzieren, arbeiten mit zwei Verbesserungen dieser Grundtechnik:

- Wenn die vier ddNTP mit vier unterschiedlichen Fluoreszenzfarbstoffen markiert sind, können alle vier Reaktionen in einem Elektrophoreseschritt gemeinsam getrennt und mit entsprechenden Laserlicht-Detektoren simultan und vollautomatisch registriert werden.
- Die Cycle-Sequencing-Methode nutzt Primer mit entsprechenden Fluoreszenzfarbstoffen und thermostabile DNA-Polymerasen. Dadurch können selbst sehr kleine Mengen von DNA noch sequenziert werden, weil die Reaktion wie bei der PCR (Kap. 13.11.2) noch mit einer starken Amplifikation verbunden ist.

13.12 **Pflanzentransformation und transgene Pflanzen**

Eine Reihe gentechnischer Methoden haben die Grundlage für die Transformation von Pflanzen bzw. Pflanzenzellen im breiten Umfang geschaffen. Neben der Möglichkeit zur transienten Transformation als einfache Methode zur Genfunktionsanalyse können auch transgene Pflanzen erzeugt werden. Dadurch entstehen ggf. ganz neue Merkmalskombinationen, die eine grundlegende Verbesserung von Qualität und Quantität der Erträge oder von Resistenz gegen Frost, Herbizide oder pathogene Organismen bewirken können. Trotz einiger Bedenken gegen den massenhaften Anbau scheint die Nutzung transgener Pflanzen angesichts der Welternährungssituation und der Folgeerscheinungen der industriellen Landwirtschaft unausweichlich und unaufhaltsam.

Für die Pflanzenzüchtung stehen heute neben den klassischen Verfahren der Kreuzung und Selektion auf der Basis eines vorgegebenen genetischen Pools einer Sorte oder Art auch neue Methoden der Gentechnologie zur Verfügung, die es ermöglichen, das Erbgut von Pflanzen direkt und gezielt zu verändern. Hierbei können Gene aus Tieren, Mikroorganismen oder anderen Pflanzen auf die gewünschte Zielpflanze übertragen werden. In solchen **transgenen Pflanzen** erhält man Merkmalskombinationen, die die Qualität und Quantität der Erträge verbessern oder Resistenz gegen Frost, Herbizide oder pathogene Organismen bewirken und durch klassische Züchtungsverfahren nicht erreicht werden können. Die neuen Methoden machen die Arbeit der Züchter aber keinesfalls überflüssig. Sie bereichern das Methodenspektrum und beschleunigen Selektionsprozesse. Abhängig von der Zielstellung werden Methoden zur vorübergehenden (transienten) oder aber zur stabilen Transformation genutzt. Bei letzterer entstehen transgene Pflanzen, deren neue Eigenschaften an die Nachkommenschaft weitergegeben werden.

13.12.1 Transiente Transformation und Reporterassays

Die einfachste Methode für eine transiente Transformation ist in der Abb. 13.30 am Beispiel eines Reporterassays in Tabak-**Mesophyllprotoplasten** beschrieben. Sie ist sehr gut geeignet, um wichtige Grundeigenschaften der Wirkung von Genen bzw. Genprodukten zu testen.

Ein solcher Test kann in dieser oder ähnlicher Form mit vielen Pflanzenzellen durchgeführt werden, deren Zellwände in einem hyperosmotischen Medium (Pufferlösung, osmotisch stabilisiert durch Zusatz von 0,5 M Mannit) mit Cellulasen und Pektinasen verdaut werden können, ohne daß der Protoplast zerstört wird. Voraussetzung für ein gutes Ergebnis sind die Gewinnung einer ausreichenden Zahl von Protoplasten und deren Qualität, d. h. ihre Stabilität, Transformierbarkeit und schließlich Kapazität zur Genexpression. Zur Transformation verwendet man **Expressionsplasmide** mit den gewünschten cDNA-Kassetten (Abb. 13.31). Durch kurzzeitige Behandlung der Mischung aus Protoplasten und Plasmiden mit **Polyethylenglykol** (PEG) werden Plasmide in großer Zahl in die Zellen aufgenommen. In guten Experimenten können bis zu 80% der Protoplasten transformiert sein. Nach einer Genexpressionsphase von etwa 20 h

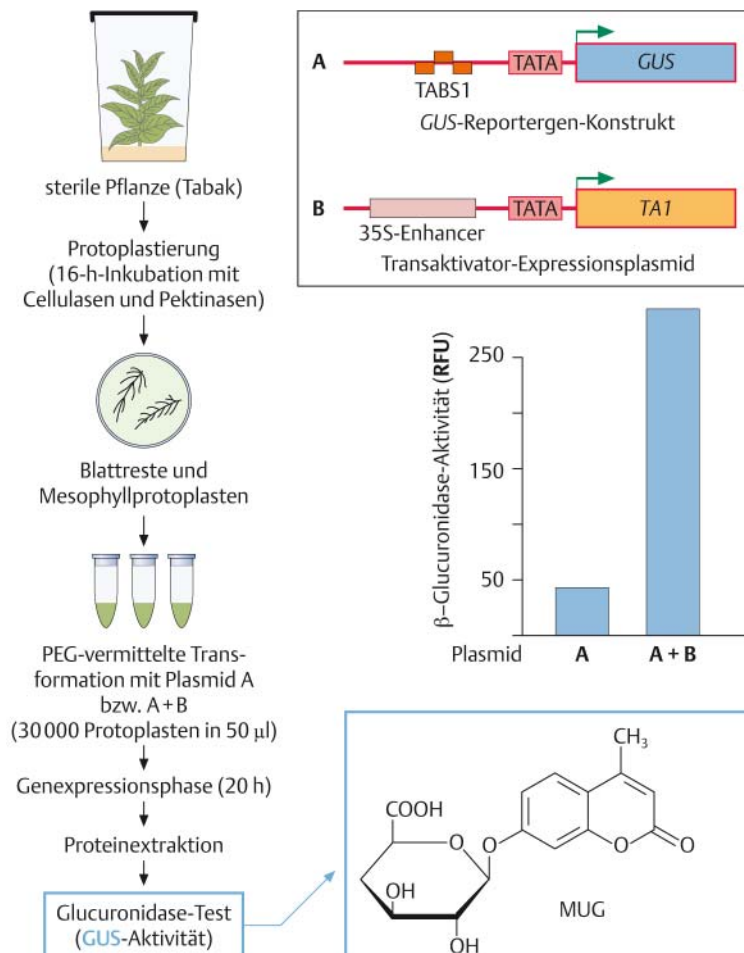


Abb. 13.30 Reporterassay mit transient transformierten Mesophyllprotoplasten.

Die aus steril angezogenen Pflanzen, z. B. Tabakpflanzen, durch enzymatischen Verdau gewonnenen Mesophyllprotoplasten werden durch kurze Behandlung mit den gewünschten Plasmiden in Gegenwart von Polyethylenglykol (PEG) transformiert. Nach einer etwa 20-stündigen Inkubation kann die Expression des Reportergens β -Glucuronidase (*GUS*) in einem fluorimetrischen Test gemessen werden. Das Enzym spaltet das ungefärbte Methylumbelliferyl- β -glucuronid (MUG), und das entstehende Methylumbelliferon (MU) weist eine starke blaue Fluoreszenz nach Anregung bei 365 nm auf (RFU, engl.: relative fluorescence units). In unserem Beispiel testen wir die Stimulation der Expression von β -Glucuronidase durch einen Transkriptionsaktivator TA1, der spezifisch die Promotorregion TABS1 am Reportergen erkennt. Ohne TA1 ist die Reporteraktivität niedrig (A), während sie in seiner Gegenwart etwa 10-fach höher ist (A + B). Details der Expressionskonstrukte A, B s. Kap. 15.1.1.

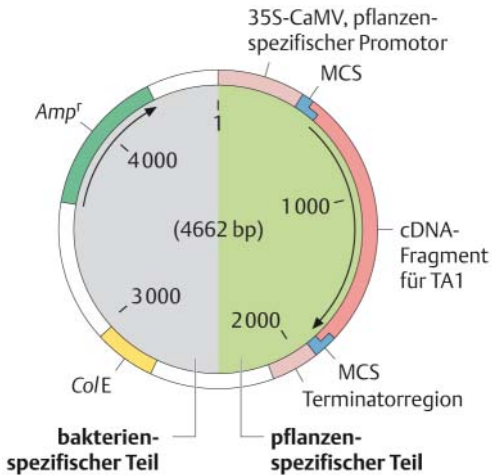


Abb. 13.31 Pflanzlicher Expressionsvektor.

Erläuterungen s. Text. 35S-CaMV, Promotor-/Enhancer-Region des Blumenkohlmosaik-Virus (Box 20.9 S. 839).

sind die Plasmide aus den Zellen weitgehend verschwunden. Daher spricht man von einer **transienten Transformation**.

Ein geeignetes **Expressionsplasmid** für die Transformation pflanzlicher Zellen hat folgende Grundeigenschaften (Abb. 13.31):

- Wegen der massenhaften Vermehrung in *E. coli* und der leichten Handhabung liegt seine Größe am besten im Bereich von 3–5 kb.
- Es enthält einen bakterienspezifischen Teil für die Klonierungsarbeiten und Vermehrung in *E. coli* (graues Segment mit dem Replikationsursprung *ColE* und dem Resistenzgen *Amp^r*; s. a. Kap. 13.11.1).
- Das Plasmid enthält einen pflanzenspezifischen Teil (grünes Segment) mit einer starken Promotor- und Terminatormenge für die Bildung der gewünschten mRNA in Pflanzenzellen (Kap. 15.1.1). In den beiden Klonierungsstellen (MCS) sind Erkennungsmotive für verschiedene Restriktionsendonucleasen, die man für das Einfügen der gewünschten Information als cDNA-Kassette nutzen kann (Abb. 13.26 S. 426). In unserem Fall wäre das eine cDNA für den Transkriptionsaktivator TA1. Das Reporterkonstrukt in Abb. 13.30 ist prinzipiell ähnlich aufgebaut.

Für einen **Reporterassay** im Allgemeinen benutzt man ein **Reportergenkonstrukt**, dessen Proteinprodukt leicht nachweisbar ist, etwa weil ein gutes Antiserum zur Verfügung steht oder weil das Reporterenzym mit hoher Empfindlichkeit durch den Umsatz eines **chromogenen Substrats** nachzuweisen ist. Ein häufig verwendetes Reporterenzym ist die bakterielle **β -Glucuronidase** (Abb. 13.30). Ein anderes, bei Tieren und Pflanzen gleichermaßen verwendbares Reportergen codiert für **Luciferase**, deren Gen aus dem Glühwürmchen (*Photinus pyralis*) kloniert wurde. In diesem Fall erfolgt der Nachweis durch Oxidation von Luciferin in Gegenwart von ATP (Plus 17.4 S. 690). Der geschilderte Typ von Reporterassay ist außerordentlich wirkungsvoll und erlaubt einen Durchsatz von zahlreichen Proben. Er hat allerdings klare Grenzen, wenn es um Untersuchungen in spezifischen Geweben geht, aus denen man nicht so einfach Protoplasten herstellen kann. Solche Pflanzenzellen können aber ggf. direkt mit Plasmiden beschossen werden (**biolistische Methode**). Dazu werden kleine Gold- oder Wolframpartikel von 0,5–2 μm in Gegenwart von Ca^{2+} -Ionen und Spermidin mit der zu transformierenden DNA beschichtet und anschließend mithilfe einer **Partikelkanone** mit hoher Geschwindigkeit auf das Pflanzenmaterial geschossen. Einzelne Metallpartikel mit der DNA durchschlagen dabei die Zellwände und dringen so in das Cytoplasma oder den Zellkern ein. Dies kann zu einer transienten aber auch stabilen Transformation führen. Der Nachweis der Genexpression erfolgt in den meisten Fällen in situ, d. h. durch Anfärbung der transformierten Zellen selbst. Für die β -Glucuronidase gibt es ein sehr wirkungsvolles chromogenes Substrat für In-situ-Färbungen (**X-Gluc**). Das ist ein Indolyl- β -glucuronid, dessen Spaltung Indol freisetzt, das in Gegenwart von Luftsauerstoff ein tiefblau gefärbtes Indigoderivat liefert (Plus 12.5 S. 368, Plus 16.10 S. 645).

13.12.2 Herstellung transgener Pflanzen

Prinzipiell können durch die Kultur transformierter Protoplasten transgene Pflanzen regeneriert werden (Abb. 16.54 S. 666). Das ist allerdings eine sehr aufwendige und heute kaum noch in diesem Zusammenhang angewandte Prozedur. Viel effizienter ist die natürliche Transformation, die durch das **Bodenbakterium *Agrobacterium tumefaciens*** vermittelt wird. Wie in Kap. 20.6.2 beschrieben, kann dieses Bakterium ein kleines

Stück einer Plasmid-DNA, die sog. Tumor-DNA (T-DNA) als Minichromosom in Pflanzenzellen einschleusen, und dieses wird irgendwo im Genom integriert (Plus 13.11 S. 418).

Die für die Transformation eingesetzten Plasmide sind sog. **binäre Vektoren**, weil sie sowohl in *E. coli* als Wirt für die aufwendigen Klonierungsarbeiten als auch in *A. tumefaciens* als Wirt für die Pflanzentransformation vermehrt werden können. Binäre Vektoren müssen also Replikationsregionen für beide Bakterien haben. Außerdem enthalten sie eine modifizierte Form der T-DNA mit den eingebauten Zielgenen, die in die Pflanze übertragen werden sollen (Box 20.7 S. 833). Darunter befindet sich im allgemeinen auch ein Selektionsmarker, z. B. das **PAT-Gen**, damit man transgene Pflanzen von Wildtyppflanzen unterscheiden kann. Für die **Transformation** selbst werden häufig **Blattscheiben** der zu behandelnden Pflanze mit den Agrobakterien kokultiviert, sodaß der DNA-Transfer in die Zellen an den Blatträndern erfolgen kann. Nach Abwaschen der meisten Bakterien und Zusatz von großen Mengen von Antibiotika, um das weitere Wachstum der noch anheftenden Bakterien zu stoppen, werden die Blattscheiben in Gegenwart von geeigneten Hormonkombinationen (**Cytokinin** und **Auxin**) zur **Regeneration von Sprossen** und schließlich von ganzen Pflänzchen angeregt (vgl. Kap. 16.11.3).

Bei einigen Pflanzen mit der Kapazität zur Bildung zahlreicher, meist sehr kleiner Samen, wie z. B. *Arabidopsis*, Kartoffel u. a. m., hat sich in den letzten Jahren eine viel bessere Methode durchgesetzt. Man taucht den ganzen jungen Blütenstand mit noch geschlossenen Knospen kurzzeitig in eine Suspension der Agrobakterien (**Floral-dip-Methode**, Abb. 13.32). Der Transfer der T-DNA kann in diesem Fall direkt in den Eiapparat erfolgen (Abb. 14.17 S. 480), und damit erhalten wir im positiven Fall bereits den transgenen Embryo im reifen Samen. Von der Gesamtheit der geernteten Samen einer so behandelten *Arabidopsis*-Pflanze können bis zu 1% transgen sein. Zur Selektion werden die Keimlinge angezogen und dann mit dem Selektionsagens, in unserem Fall mit dem **Herbizid Phosphinotricin** (BASTA) besprüht. Die wenigen transgenen Keimlinge

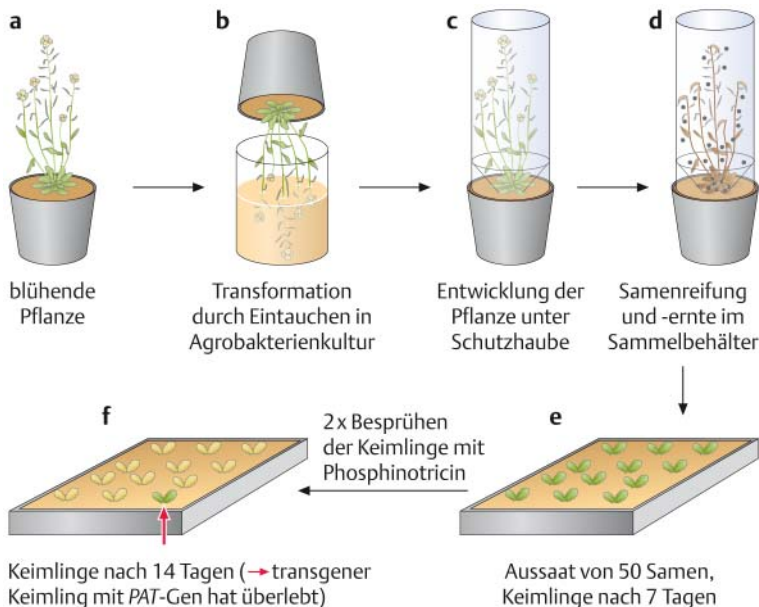


Abb. 13.32 Stabile Transformation von *Arabidopsis thaliana* nach der Floral-dip-Methode und Selektion transgener Keimlinge. Details siehe Text.

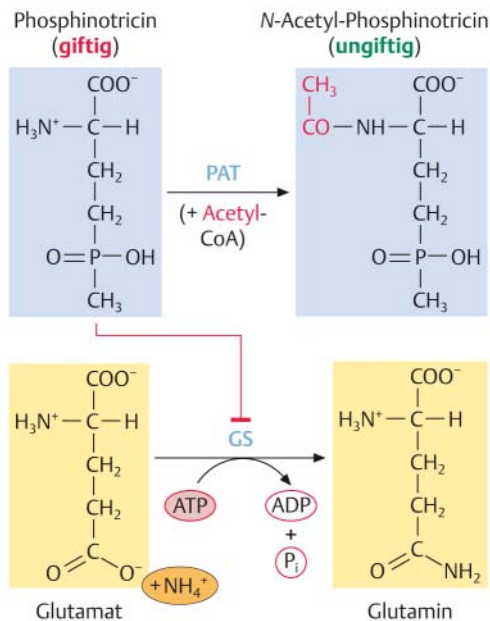


Abb. 13.33 Biochemische Wirkung und Entgiftung von Phosphinotricin.

Hemmung der Glutaminsynthese in Gegenwart von Phosphinotricin führt zur Vergiftung der Pflanzen durch Ammoniak. Weitere Details siehe Text.

überleben, während die Wildtypkeimlinge sich nicht weiterentwickeln können. Die Resistenz beruht auf der Entgiftung des Phosphinotricins durch Acetylierung (Abb. 13.33). Das als Resistenzmarker benutzte **PAT-Gen** codiert für die Expression von **Phosphinotricin-Acetyltransferase**.

Besondere Probleme bei der **Transformation** bereiteten lange Zeit alle wichtigen **Kulturgräser** (Reis, Mais, Gerste, Weizen, Hirse etc.), die natürlich für die Welternährung eine herausragende Rolle spielen. Bei diesen Pflanzenarten werden im allgemeinen isolierte unreife Embryonen oder Mikrosporen mit der Partikelkanone transformiert und anschließend Pflanzen durch nachfolgende In-vitro-Kultivierung regeneriert. Bei der Kultivierung wird durch Gabe von Phytohormonen (Kap. 16.11.3) zunächst Kalluswachstum und danach durch Änderung der Hormonkonzentration somatische Embryogenese induziert. Die Embryonen wachsen später zu Pflänzchen heran. Inzwischen sind allerdings auch die meisten Kulturgräser für die experimentell einfachere und effizientere Transformation mit speziellen Stämmen von Agrobakterien empfänglich. Auch dafür dienen unreife Embryonen als Ausgangsmaterial.

13.12.3 Anbau transgener Pflanzen

Der Anbau transgener Kulturpflanzen ist weltweit in den letzten 5 Jahren jährlich um 15–20% gestiegen. Insgesamt haben wir es Ende 2006 mit etwa 100 Millionen Hektar Nutzfläche und im wesentlichen mit vier Großkulturen zu tun: **Soja, Mais, Baumwolle** und **Raps** (Abb. 13.34). Nach Angaben internationaler Organisationen bauen etwa 8–9 Millionen Landwirte in 20 Ländern transgene Kulturpflanzen an, und der Trend geht ungebrochen weiter. Der Zuwachs wird insbesondere in den Ländern Südamerikas und Asiens erwartet. Schon jetzt liegen die Anteile von transgenen Sorten am Gesamtanbau bei den genannten vier Kulturpflanzen in einigen Fällen bei 60–90%. Die zunehmende Nutzung transgener Pflanzen scheint angesichts der Welternährungssituation und der Folgeerscheinungen der industriellen Landwirtschaft unausweichlich.

Allerdings ist die Nutzung dieser neuen Technologie bei allen Vorteilen auch mit einer Reihe von Problemen verbunden, die eine breite Diskussion hervorgerufen haben und auch weiterhin umfangreiche Begleituntersuchungen erfordern. Es muß verhindert werden, daß für viele Gebiete der Erde die dringend erforderlichen Verbesserungen in der Nahrungsmittelproduktion nicht mit unvermeidbaren negativen Folgen für die Umwelt einhergehen. Dabei spielt die Möglichkeit der Weitergabe der **Transgene** an Wildpflanzen in der Umgebung, die mit den Kulturpflanzen kreuzbar sind, eine zentrale Rolle (**Transgen-Introgression**). Im Einzelfall und für jedes Land muß über den Nutzen und die Risiken des Anbaus transgener Kulturpflanzen vorurteilsfrei und unabhängig entschieden werden. Eine hervorragende Möglichkeit, sich über praktische und gesellschaftspolitische Aspekte des Umgangs mit transgenen Kulturpflanzen zu informieren, bietet die Homepage der Verbraucherinitiative e. V. (www.transgen.de).

Abschließend wollen wir vier Beispiele für die Nutzung transgener Pflanzen erläutern; die ersten beiden sind die Grundlage für den verbreiteten Anbau in den letzten Jahren (Abb. 13.34), die letzten beiden beziehen sich auf Entwicklungen in der nahen bzw. fernerer Zukunft.

Herbizidresistenz: Die Rolle von Herbizid-Resistenzgenen soll am Beispiel des **Phosphinotricins** beschrieben werden. Dieses Antibiotikum, das ursprünglich aus Bodenbakterien isoliert wurde, hemmt als Analogon der Glutaminsäure die Glutaminsynthese, d.h. die Fixierung von NH_3 . Die Pflanzen sterben an einer Ammoniakvergiftung. Durch Acetylierung wer-

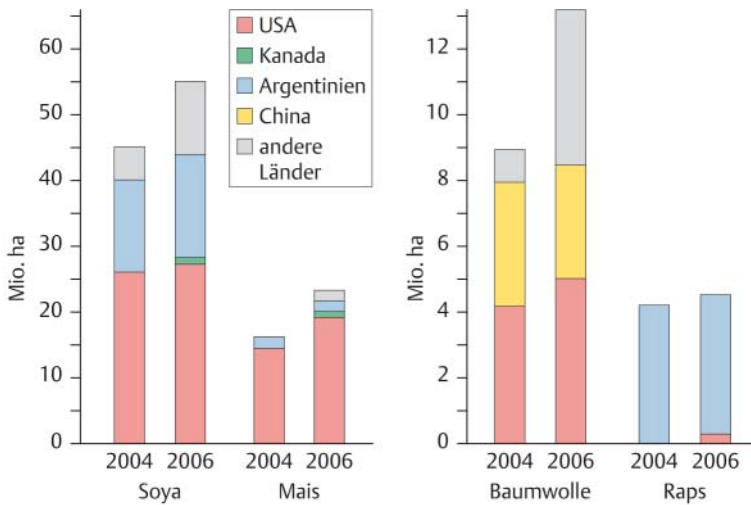


Abb. 13.34 Übersicht über den Anbau transgener Kulturpflanzen.

Die quantitativen Angaben (Millionen Hektar) beziehen sich auf die angegebenen 4 Kulturpflanzen und die Jahre 2004 bzw. 2006 (Details s. <http://www.transgen.de> und <http://www.isaaa.org>). Zum Vergleich: Die Fläche der Bundesrepublik Deutschland beträgt 35,7 Mio ha.

den die Phosphinotricin-Moleküle inaktiviert (Abb. 13.33). Erzeugt man also transgene Kulturpflanzen mit dem Gen für **Phosphinotricin-Acetyltransferase (PAT)** aus *Streptomyces viridochromogenes*, so können die Anbauflächen leicht durch Anwendung des umweltverträglichen Phosphinotricins frei von anderen Pflanzen gehalten werden. Die Anwendung anderer, häufig für Mensch und Umwelt bedenklicher Herbizide entfällt.

Resistenz gegen Insekten: Der großflächige Anbau von wenigen Hochleistungssorten bestimmter Kulturpflanzen in weiten Teilen der Welt schafft ideale Voraussetzungen für die massenhafte Verbreitung von entsprechend angepassten Schädlingen. Ein eindrucksvolles Beispiel ist der **Maizünsler**, eine Schmetterlingsart, deren Raupen weltweit enorme Schäden im Maisanbau anrichten. In dem Bakterium *Bacillus thuringiensis* gibt es allerdings ein Toxin (**Bt-Toxin**), das sehr toxisch gegenüber den Raupen von Lepidopteren ist. Transgene Maissorten, die dieses *Bacillus*-Toxin exprimieren, sind gegenüber dem Fraß der Zünslerraupen und den Folgeschäden durch Pilzbefall der Maiskolben wirksam geschützt, ohne daß wiederholt mit Insektiziden besprüht werden muß. Die Befürchtungen, daß andere Schmetterlingsarten von dem für sie toxischen Mais geschädigt werden könnten, haben sich bisher nicht eindeutig belegen lassen. Das Bt-Toxin-Gen wird ebenso erfolgreich gegen Fraßschädlinge bei **Baumwolle** und **Raps** eingesetzt.

Goldener Reis: Weltweit und mit besonderer Häufigkeit in Asien sind 800 Millionen Menschen von gravierendem **Vitamin-A-Mangel** bedroht. Man schätzt, daß dies bei etwa 500 000 Kindern zum Erblinden führt und daß bei ausreichender Versorgung mit Vitamin A jährlich 1–2 Millionen Kinder vor dem Tod durch Folgeerkrankungen gerettet werden könnten. Das Phänomen beruht auf der einseitigen Ernährung mit Reis. Durch den Einbau von drei Genen für die Umsetzung des Geranylgeranylpyrophosphats im Reis-Endosperm in β -Carotin (Kap. 12.3 S. 362) ist es gelungen, eine transgene Reissorte zu erhalten, die erhebliche Mengen β -Carotin (Provitamin A) produziert. Die Reiskörner haben eine goldgelbe Farbe. Man schätzt, daß der Verzehr von etwa 300 g des goldenen Reises pro Tag ausreichen würde, Vitamin-A-Mangel und die dramatischen Folgeschäden zu vermeiden.

19.1 Das Streßsyndrom im Alltag der Pflanzen

Das allgemeine Streßkonzept definiert einen physiologischen Bereich von Belastungen (Eustreß) und einen Bereich mit übermäßiger Belastung (Dysstreß). Letzterer führt zu dauerhaften Schäden und Krankheiten. Die Folge sind erhebliche Verminderungen des Wachstums, der Blüten- und Samenbildung, d.h. der Ertragsbildung bei Kulturpflanzen. Im Eustreßbereich können Pflanzen durch schrittweise Vorbehandlung mit einem milden Streß abgehärtet werden (Konditionierung oder induzierte Streßtoleranz). Sie sind dann in der Lage, auch stärkere bzw. andere Streßbelastungen ohne größere Schäden auszuhalten.

Das heute allgemein akzeptierte **Streßkonzept** wurde um 1930 von dem ungarischen Arzt Hans Selye entwickelt. In Bezug auf die menschliche Existenz in einer streßbelasteten Umgebung definierte er einen physiologischen Bereich von Belastungen (**Eustreß**) und grenzte diesen von dem Bereich mit übermäßiger Belastung (**Dysstreß**) ab, der zu dauerhaften Schäden führt. Wenn wir uns das Temperaturkontinuum für die Existenz einer Pflanze (Tomate) daraufhin ansehen, finden wir einen klaren Zugang zu diesen Begriffen und ihren Konsequenzen für die pflanzliche Existenz (Box 19.1).

Pflanzen haben im Verlauf der Evolution Eigenschaften erworben, die ihnen erlauben, ganz unterschiedliche, z.T. extreme Standorte zu besiedeln, d.h. für einzelne Arten oder Rassen ist der Eustreßbereich durch Mechanismen der **Streßvermeidung** (Tab. 19.2) oder der **konstitutiven Streßtoleranz** weit ausgedehnt worden im Vergleich zu verwandten Pflanzen in gemäßigten Klimaten. Man kann bei der Erläuterung dieser

Tab. 19.2 Beispiele für Streßvermeidung.

Anpassungen	Effekte bei Streßbelastungen
Samenbildung, Bildung von vegetativen Dauerorganen (verholzte Teile, Rhizome, Zwiebeln, Knollen)	Überdauerung ungünstiger Witterungsperioden mit Kälte/Frost, Wassermangel (Kap. 19.3)
Sukkulenz bei Euphorbiaceen oder Kakteen, Zisternen bei Epiphyten	Sammlung und Speicherung von Wasser (Box 7.1 S. 238)
Vergößerung der Wurzeloberfläche, erhöhtes Wasserpotential in Wurzeln von Halophyten und Wüstenpflanzen	verbesserte Wasseraufnahme aus Böden mit geringem Kapillarwasser (Kap. 7.2 und Kap. 18.3.2)
Stärkung der Cuticula, Verkorkung, Haarbildung	Schutz vor unkontrolliertem Wasserverlust über Sproß und Blätter (Kap. 7.3.1)
Streckung von Sproßachse und Blattstielen, Hyponastie	Verbesserung der Lichtversorgung (Schattenvermeidungsreaktion, Kap. 17.2.2), Verbesserung des Gasaustauschs bei Überflutung (Abb. 19.11 S. 787)
Aerenchyme, Lentizellen, Luftpfeiler (Pneumatophore)	Verbesserung der Luftversorgung in submersen Teilen (Box 19.6 S. 787)
Haarbildung und Anthocyan synthese in Epidermiszellen	Strahlungsschutz (Kap. 18.3.1)
Zwergwuchs, kriechende Wuchsformen bei Hochgebirgspflanzen	Schutz gegen Windbelastung, Schneebruch, Austrocknung und Wärmeverlust
Interaktion mit Bodenmikroorganismen (Symbiose, Mykorrhiza)	N ₂ -Fixierung, Nährstoff- und Wasserversorgung (Kap. 20.2 und Kap. 20.4)
Bildung von toxischen Sekundärstoffen, Dornen und Stacheln	Schutz gegen Tierfraß

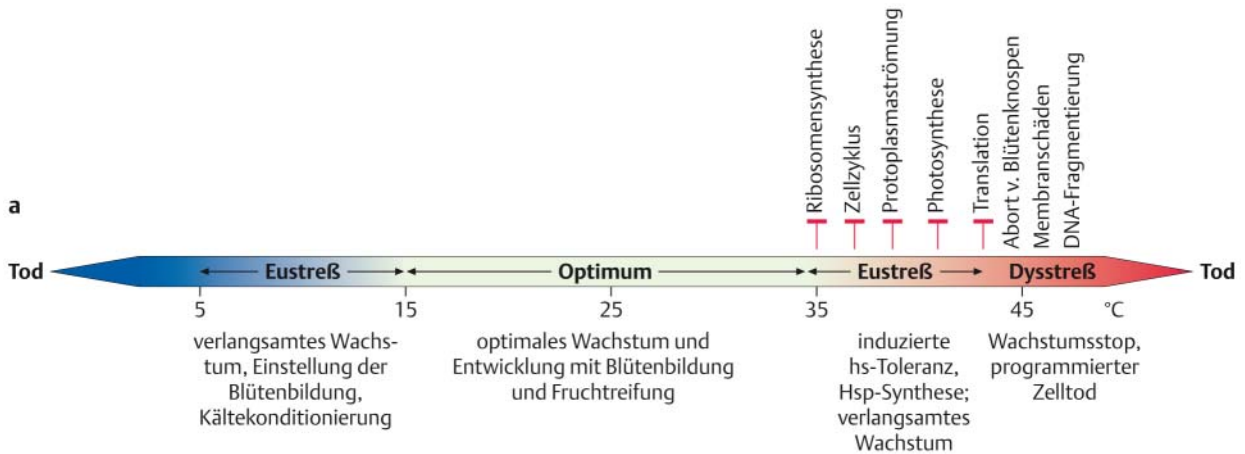
Box 19.1 Eustreß und Dysstreß

Streß ist eine allgegenwärtige Erfahrung im Leben, und Hans Selye (1907–1982) ging so weit zu sagen: Leben ohne Streß gibt es nicht.

■ **Eustreß** ist der **physiologische Streßbereich**, in dem Organismen mit ihren Abwehrmaßnahmen Schäden minimieren können und damit in ihren Lebensaktivitäten nicht nennenswert beeinträchtigt sind. Der Bereich des Eustresses kann durch **Konditionierung** beträchtlich ausgedehnt (**induzierte Streßtoleranz**) und auf der anderen Seite durch fehlendes Streßtraining auch eingeschränkt werden. Wir haben es mit adaptiven Prozessen zu tun.

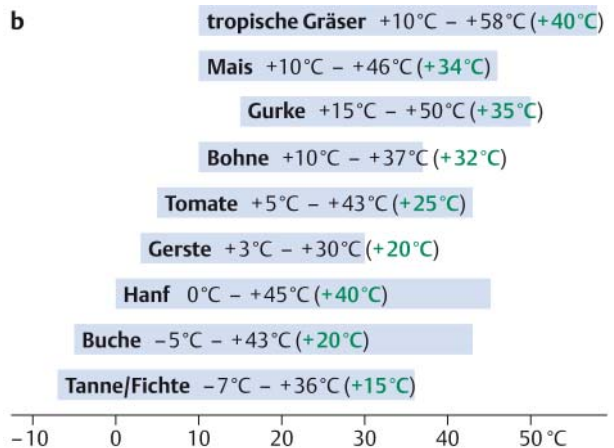
■ **Dysstreß** bedeutet Belastung eines Organismus jenseits der physiologischen Grenzen. Er führt zu **Schäden**, zu **Krankheit** und im Extremfall zum **Tod** der Zelle bzw. des Organismus. Natürlich sind die Grenzen fließend und können bei einer ungünstigen Situation eines Organismus (Ernährung bzw. Exposition durch gleichzeitige Streßfaktoren) zu Ungunsten des Eustreßbereiches verschoben sein.

Wenn man die Temperaturbereiche des Wachstums allgemeiner darstellt, dann findet man für jede Pflanzengruppe unterschiedliche Bereiche (Abb. b). Am Beispiel der Tomate werden zwei Aspekte besonders deutlich (Abb. a):



Wachstum und Entwicklung vollziehen sich in einem weiten Temperaturbereich mit optimalen Entwicklungsbedingungen zwischen 18 und 35 °C, und dieser Bereich ist flankiert von Eustreßbereichen mit induzierter Streßtoleranz und jenseits von etwa 5° bzw. 43°C von Bereichen mit zunehmendem Dysstreß und schließlich dem Absterben der Pflanzen bei Temperaturen oberhalb von 48 °C bzw. nahe dem Gefrierpunkt (Abb. a). An den zellulären Veränderungen im Hochtemperaturbereich kann man die zunehmenden Probleme ablesen, die schließlich zum Zelltod führen. Wenn man einzelne Organe der Tomate genauer analysiert, wird deutlich, daß die Temperaturgrenzen für die einzelnen Entwicklungsstadien durchaus unterschiedlich sind. Junge noch wachsende Blätter sind empfindlicher als ausgewachsene.

Der wachstumsverträgliche Temperaturbereich (Wachstumsoptimum plus Eustreßbereiche) liegt bei Pflanzen in verschiedenen klimatischen Zonen ganz unterschiedlich. Wir sprechen von den Kardinalpunkten des Wachstums im Hinblick auf die Grenzwerte. Diese sind beispielhaft für einige Pflanzen in der Abb. b zusammengetragen (grün = Temperatur für optimales Wachstum).



(aus R. Flindt, Biologie in Zahlen, G. Fischer Verlag, Stuttgart 1995)

Phänomene aber durchaus auf Beispiele „vor unserer Haustür“ zurückgreifen. Es gibt Spezialisten für eine Vegetationsperiode im Vorfrühling bei Temperaturen wenig oberhalb des Gefrierpunktes ebenso wie solche für extrem heiße und trockene Standorte in Mauerritzen oder an Bahndämmen. Einige Pflanzen wachsen auf salzhaltigen Standorten an unseren Küsten oder besiedeln schwermetallverseuchte Böden ebenso wie Sumpf- und Uferregionen mit schlechter Sauerstoffversorgung im Boden. Wann immer eine **ökologische Nische** durch spezielle Anpassungen erschlossen werden konnte, ergab sich ein erheblicher Wachstumsvorteil gegenüber konkurrierenden Arten auf normalen Böden.

Bei der weiteren Behandlung wollen wir uns weniger mit diesen Spezialisten als vielmehr mit den Bedingungen für Landwirtschaft und Gartenbau in Mitteleuropa beschäftigen. Um die Komplexität dessen zu erfassen, was wir unter Streßsyndrom zu verstehen haben, müssen wir uns nur eine Pflanze an einem heißen Sommertag in einer regenarmen Periode vorstellen, also eine ganz alltägliche Situation in Mitteleuropa und anderswo. Die intensive Sonneneinstrahlung kann auch in Deutschland leicht zu Blatt-Temperaturen $> 40^{\circ}\text{C}$ führen, weil im Regelfall unter solchen Bedingungen die Stomata geschlossen sind (Abb. 7.13 S. 245) und daher die Kühlung durch den Transpirationsstrom ausfällt. Die typische Kombination der beiden **Primärstressoren** Hitze und Wassermangel zieht sog. **Sekundärstressoren** nach sich:

- Als Ergebnis des fehlenden Wassertransports und der blockierten Photosynthese herrscht Nährstoffmangel.
- Die starke Sonneneinstrahlung ohne daran gekoppelte Photosynthese bewirkt nicht nur den Temperaturanstieg, sondern auch die vermehrte Bildung von reaktiven Sauerstoffspezies (ROS, Kap. 19.4).

Die Folgen dieser typischen **Multistresskombination** sind erhebliche Verminderungen des Wachstums und der Blüten- und Samenbildung. Bei unseren Kulturpflanzen bedeutet das Ernteverluste, die bei lang anhaltenden Hitze-/Dürreperioden auch leicht zum Totalausfall führen können (Box 19.2). Dabei spielt die **Streßdosis**, d.h. das Produkt aus der Stärke und der Dauer der Belastung eine zentrale Rolle. Deshalb haben häufig lang anhaltende Phasen mit mittlerer Streßbelastung viel stärkere Folgen für die Entwicklung einer Pflanze als solche mit starker, aber kurzzeitiger Belastung. In Anbetracht dieser Tatsachen besitzen unsere Kulturpflanzen eine erstaunliche Leistungsfähigkeit. Diese hängt ganz wesentlich davon ab, ob sie sich in dem Hin und Her zwischen Streßantwort auf der einen Seite und Wachstum und Entwicklung auf der anderen schnell genug umorientieren können, wenn die Anpassungsmechanismen das erlauben oder die Streßbelastungen nachlassen.

Ein besonderes Element aller Streßantworten im Eustreßbereich ist mit dem Begriff der **Akklimatisierung** oder **Konditionierung** verbunden: Pflanzen können durch schrittweise Vorbehandlung mit einem milden Streß abgehärtet werden und sind dann in der Lage, auch stärkere bzw. andere Streßbelastungen auszuhalten. Die molekularen Grundlagen für diese **induzierte Streßtoleranz** und **Kreuztoleranz** sind die Bildung von Streßproteinen und Streßmetaboliten, die die Zellen schützen bzw. als streßinduzierte Signale wirken. Dazu gehören auch viele Hormone und andere Signalstoffe der Pflanzen (ETH, ABA, JA, SA, NO, ROS, Tab. 19.3). Als Beispiel einer solchen Konditionierung kann ein Versuch mit Getreidearten dienen (Abb. 19.1), bei denen nur eine wochenlange Abhärtung bei 2°C im Verlauf des Herbstes dafür Sorge tragen kann, daß zumindest bei Winterroggen auch sehr starke Fröste im Winter ($< -20^{\circ}\text{C}$) ohne große

Box 19.2 Streß und Kulturpflanzenanbau

Aufgrund der ausgeprägten Anpassungsfähigkeiten der Pflanzen hinterlassen vorübergehende Perioden auch bei Mehrfach-Streßbelastungen kaum merkbare Schäden. Wenn solche Perioden länger anhalten, sieht die Situation jedoch anders aus. Die Konsequenzen lassen sich am besten anhand von Zahlen belegen, die aus den landwirtschaftlich intensiv genutzten Gebieten der USA stammen. Man kann abschätzen, daß unter normalen Bedingungen bei den 8 wichtigsten Kulturpflanzen (Mais, Weizen, Gerste, Hirse, Hafer, Soja, Kartoffeln, Rüben) in der Regel nicht mehr als 30% der unter optimalen Bedingungen möglichen Erträge geerntet werden. Weltweit dürfte die Zahl im Durchschnitt wohl deutlich darunter liegen. Im allgemeinen gehen 80% dieser Verluste auf abiotische Streßfaktoren, vor allem auf die Kombination von Hitze und Dürre, zurück. Die durchschnittlichen Schäden beliefen sich in den letzten 25 Jahren auf mehr als 4 Milliarden USD jährlich (nur USA!).

Die jüngsten Prognosen von weltweit auftretenden extremen Witterungsbedingungen lassen das Ausmaß der Probleme für die Ernährung der Weltbevölkerung erahnen. In einigen Bereichen Afrikas sind sie seit Jahren bereits bittere Wirklichkeit. **Kulturpflanzen mit einer verbesserten, komplexen Streßtoleranz**, d.h. mit erweitertem Eustreßbereich, sind seit vielen Jahren das Ziel der Pflanzenzüchtung. Man hat es dabei mit typischen quantitativen Merkmalen zu tun, d.h. viele Gene sind beteiligt. Dieser Umstand erfordert sehr viel züchterische Erfahrung und den sprichwörtlichen „langen Atem“. Immerhin sind durch Verbesserungen der Anbautechniken und die Verwendung spezieller Getreidesorten im Rahmen der sog. **Grünen Revolution** (Box 16.6 S. 616) weltweit entscheidende Verbesserungen in den Erträgen erzielt worden.

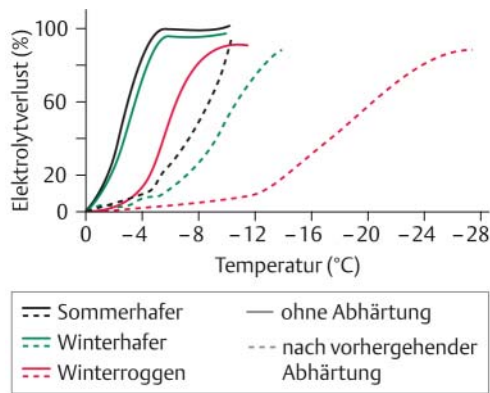


Abb. 19.1 Kälteakklimatisierung bei Getreide.

Verschiedene Getreide wurden im Rosettenstadium einer vierwöchigen Abhärtungsphase bei 2°C ausgesetzt. Danach wurde die Kältetoleranz durch Gefrieren von Blattstücken bei den angezeigten Temperaturen getestet. Indikator für die Zerstörung der Zellen durch Membranschäden ist der Verlust von Elektrolyten. Sommerhafer zeigt eine sehr geringe Fähigkeit zur Abhärtung, Winterhafer ist wesentlich besser und Winterroggen ist am besten geschützt (nach M.S. Webb et al., Plant Physiol. 1994).

Tab. 19.3 Streßhormone und Signale

(Details s. Kap. 16).

Hormone/ Signale	Streßbedingungen
ABA	osmotischer Streß, Kälte, Salz
ETH	Hypoxie, Verwundung, SM, ROS, Hunger, Pathogene ¹⁾
JA	Verwundung, ROS, UV-Strahlung, Hunger, Pathogene ¹⁾
SA	ROS, Pathogene ¹⁾
ROS	Hyperoxie, Verwundung, SM, Hitze, Kälte, Salz, Pathogene ¹⁾

ROS reaktive Sauerstoffspezies;

SM Schwermetallstreß.

¹⁾ Kap. 20

Schäden ausgehalten werden. Das Ausmaß der induzierten Frostresistenz ist art- und rassenspezifisch und bestimmt, welche klimatischen Zonen für den Anbau von Wintergetreide geeignet sind. Auch die Nadeln der einheimischen Coniferen zeigen diese Art von Abhärtung beim Übergang in den Winter (September bis November) und entsprechend eine Abschwächung der Frostresistenz im zeitigen Frühjahr.

Bei der Behandlung der einzelnen Streßarten werden wir immer wieder feststellen, daß sie Teil eines **Netzwerkes** mit spezifischen und streßübergreifenden Bereichen der **Signaltransduktionswege** und der **Streßantworten** sind. Das ist auch die Grundlage für das erwähnte Phänomen der Kreuztoleranz (Abb. 19.6 S. 780). Auf der Ebene der Genexpression findet man sehr gute Belege dafür, wenn man die gesamte Komplexität der Streßantworten z.B. mit der Mikroarray-Technologie analysiert (Abb. 19.6).

19.2 Hitzestreßantwort

Die zelluläre Antwort auf Hitzestreß (hs) umfaßt eine tiefgreifende, aber transiente Umprogrammierung einer großen Zahl von Aktivitäten als Antwort auf eine Belastung durch erhöhte Temperatur (Hyperthermie) bzw. eine Reihe chemischer Stressoren, die die dynamische Feinstruktur von Proteinen gefährden. Hitzestreßproteine (Hsp) spielen eine zentrale Rolle als molekulare Chaperone für die Faltung und intrazelluläre Verteilung von Proteinen. Hitzestreßtranskriptionsfaktoren (Hsf) kontrollieren die hs-induzierte Genexpression.

Die Hitzestreßantwort als wissenschaftlicher Begriff beschreibt die tiefgreifende, aber transiente Umprogrammierung einer großen Zahl zellulärer Aktivitäten als Antwort auf eine Belastung durch erhöhte Temperatur (**Hyperthermie**) bzw. eine Reihe **chemischer Stressoren**, die die dynamische Feinstruktur von Proteinen gefährden (Abb. 19.2). Viele Bereiche der Genexpression sind in charakteristischer Weise von den Veränderungen betroffen, und die Grundprinzipien der auslösenden Prozesse, wie die der Antwort selbst, gelten in gleicher Weise für Mikroorganismen (*E. coli*, Hefe), Tiere und Pflanzen. Wegen der günstigen experimentellen Eigenschaften ist die Hitzestreßantwort zu einem gut untersuchten System für **signalkontrollierte Genexpression** geworden, und viele Aspekte wurden daher im Zusammenhang mit Kap. 15 ausführlicher behandelt (Kap. 15.1.2, Abb. 15.17 S. 524 und Abb. 15.21 S. 530; Plus 15.2 S. 504). Das betrifft auch die zentrale Rolle der Hitzestreßproteine (Hsp) als molekulare Chaperone für die Faltung und intrazelluläre Verteilung von Proteinen (Kap. 15.9 und Kap. 15.10).

Grob gesagt, konzentriert sich unter solchen Streßbedingungen in den Zellen alles auf das Überleben durch die rasche **Neusynthese von Hitzestreßproteinen** (Hsp), während die Transkription der meisten Haushalts- und Entwicklungsgene stark reduziert ist. Die Replikation des Genoms, die Ribosomensynthese und der Zellzyklus sind unterbrochen. Das bedeutet natürlich auch, daß bereits während der Streßphase die notwendigen Schritte für die Wiederherstellung der Haushalts- und Entwicklungsfunktionen getroffen werden müssen (Plus 15.2 S. 504). Die Detaildarstellung am Beispiel der Tomate zeigt (Box 19.1), daß unter Hitzestreßbedingungen Schritt für Schritt immer mehr Zellfunktionen eingeschränkt sind und schließlich im Übergangsbereich zum Dysstreß Anzeichen von **programmiertem Zelltod** auftreten. Für praktisch alle genannten Verände-

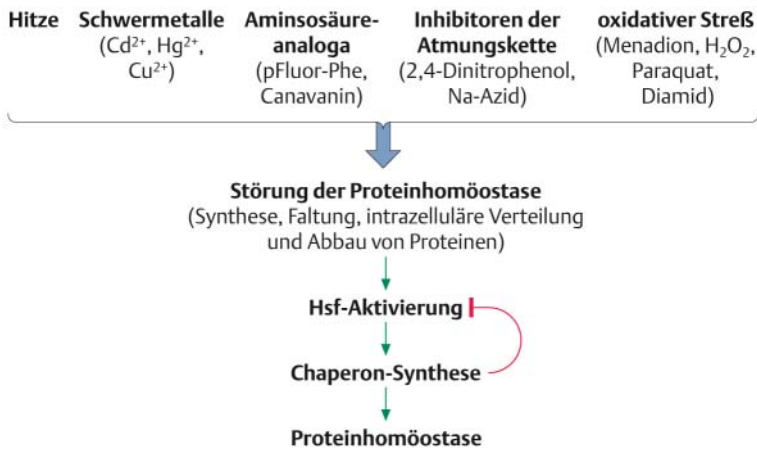


Abb. 19.2 Kontrollebenen der Hitzestressantwort. Hohe Temperaturen und eine ganze Reihe chemischer Stressoren lösen die Hitzestressantwort aus. Allen Stressoren gemeinsam ist, daß sie entweder Proteine in ihrer nativen Struktur beeinträchtigen (partielle Entfaltung, Interaktion mit SH-Gruppen) oder daß sie zur Synthese abnormer Proteine führen, wie z. B. Aminosäureanaloge, die in Proteine eingebaut werden. Die Störungen in der Proteinhomeostase (Abb. 15.33 S. 554 und Abb. 15.34 S. 555) führen zur Aktivierung der Hsf und damit zur Transkription Chaperon-codierender Gene. Die neu gebildeten Chaperone helfen bei der Wiederherstellung der Proteinhomeostase und limitieren die Aktivität der Hsf (negative Rückkopplung).

rungen gilt, daß sie in konditionierten Zellen/Pflanzen erst bei höheren Temperaturschwellwerten auftreten.

Die Auswirkungen **induzierter Thermotoleranz** sind in Abb. 19.3 an ausgesuchten Beispielen dargestellt. In dem Schema ist der Tag/Nacht-(16h/8h-)Rhythmus mit entsprechenden Temperaturschwankungen in den oberirdischen Organen einer Pflanze dargestellt. Blatt-Temperaturen bis 40°C sind unter Wassermangelbedingungen auch in mitteleuropäischen Regionen durchaus keine Seltenheit. Die Akkumulation der Hsp-Proteine in unserem Modellversuch führt am zweiten Tag zu einem Zustand der Streßtoleranz, der die Schäden aus der hs-Belastung minimiert. Mehr als 20 Hsfs sind bei Pflanzen in der einen oder anderen Weise an der Gestaltung der hs-Antwort beteiligt (Abb. 19.10 S. 786). Drei von ihnen, HsfA1, HsfA2 und HsfB1, bilden eine funktionelle Triade mit unterschiedlichen Rollen in den drei Phasen des Transkriptionsprogramms (Abb. 19.4):

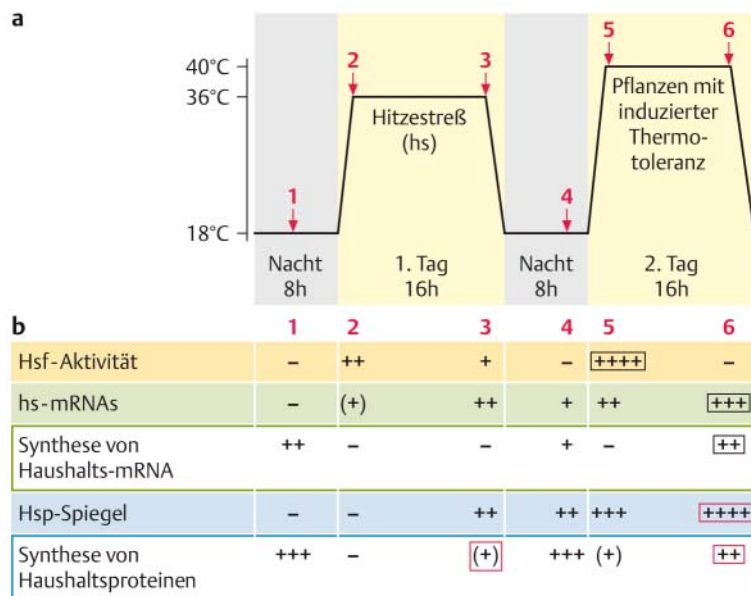


Abb. 19.3 Modell einer Hitzestressantwort unter Feldbedingungen und Entstehung von Thermotoleranz. **a** Piktogramm mit den angenommenen Temperaturschwankungen in einem 16 h Tag-/8 h Nacht-Wechsel. Die roten Zahlen markieren die Zeitpunkte für die Probenentnahmen (**b**). **b** Analyse der mRNA-Spiegel und Proteinsyntheseaktivitäten zu den angegebenen Zeitpunkten im Verlauf der Hitzestressantwort (**a**). Die Aktivierung der Hsfs (gelb) am ersten Tag der Hitzeperiode führt zur Bildung der hs-mRNAs (grün) und der entsprechenden Hitzestressproteine (Hsp-Proteine, blau). Während die Synthese von Haushalts- und Entwicklungsproteinen am 1. Tag in der Streßperiode völlig eingestellt wird, ist dieser Hemmeffekt am 2. Tag schon deutlich geringer (rote Boxen). Die auffallende Verbesserung der Genexpression am 2. Tag (schwarze Boxen) beruht darauf, daß im Verlauf der Streßantwort neue Hsfs gebildet werden (HsfA2, HsfB1), die die Expression der Chaperon-codierenden Gene verstärken (Abb. 19.4) und damit die Hitzestress-bedingten Schäden mindern.

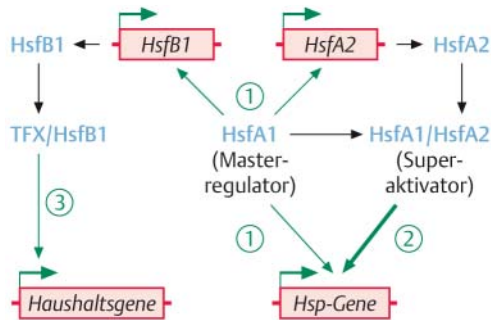


Abb. 19.4 Drei Hitzestress-Transkriptionsfaktoren der Tomate als funktionelle Triade. Erläuterungen s. Text; TFX, unbekannte Transkriptionsfaktoren, die mit HsfB1 zusammenwirken (nach von Koskull-Döring et al. 2007). ①, ②, ③, Phasen des Transkriptionsprogramms (s. Text).

- **Initialphase** (1. Tag): Bei Einsetzen des Hitzestresses wird die Antwort durch den sog. **Masterregulator HsfA1** ausgelöst. Neben der Bildung von Chaperonen ist es vor allem die Neusynthese der Hitzestress-Transkriptionsfaktoren HsfA2 und HsfB1, die diese Phase kennzeichnet.
- **Verstärkungsphase** (2. Tag und folgende): Die Anwesenheit der beiden neuen Hsfs verstärkt die Expression der Chaperon-codierenden Gene. HsfA1 und HsfA2 bilden als Heterooligomere (HsfA1/HsfA2) eine Art **Superaktivator** für die Transkription Chaperon-codierender Gene.
- **Erholungsphase**: Die Bildung von HsfB1 dient nicht nur der Verstärkung der Transkription in Phase 2, sondern vor allem auch der **Wiederherstellung der Transkription von Haushaltsgenen**. Dafür kooperiert HsfB1 mit anderen Transkriptionsfaktoren, die an Promotoren der Haushaltsgene angreifen.

19.3 Kälte-, Salz- und Wassermangelstreß

Trotz einer Reihe von Besonderheiten haben Kälte-, Salz- und Wassermangelstreß viele Gemeinsamkeiten, weil in jedem Fall die Menge an frei verfügbarem Wasser in den Zellen eingeschränkt und damit die vermehrte Bildung von ABA veranlaßt wird. Die ausgelösten Genexpressionsprogramme dienen der Wiederherstellung der gestörten Zellhomöostase. Dazu gehören Scavenger-Enzyme zur Beseitigung der entstandenen ROS, Chaperone vom Hsp- und LEA-Typ sowie Aquaporine und Ionenpumpen. Ein besonderes Merkmal ist die Synthese von osmoprotektiven Substanzen (OPS). Bei tiefen Temperaturen sind Adaptationen in der Phospholipidzusammensetzung der Zellmembranen unabdingbar.

Trotz einer Reihe von Besonderheiten haben die drei Streßarten Kälte-, Salz- und Wassermangelstreß so viele Gemeinsamkeiten, daß wir sie in einem Abschnitt behandeln wollen. Das Gemeinsame beruht darin, daß in jedem Fall die Menge an **frei verfügbarem Wasser** in den Zellen **eingeschränkt** und damit die vermehrte Bildung von **ABA** ausgelöst wird (Kap. 7.5 und Abb. 7.13 S. 245). Eine Kurzdarstellung des Problems des **Wasserpotentials** und seiner physikalischen Regeln soll uns helfen, die Situation von Pflanzen unter Wassermangelstreß besser zu verstehen (Box 19.3). Vorübergehender Wassermangel ist ein tägliches Phänomen bei Pflanzen in einer heißen Sommerperiode, und er kann, über längere Perioden ausgedehnt, auch bedrohliche Formen annehmen (Box 19.3). Die Dehydratisierung kann bei Flechten und einigen Spezialisten unter den Samenpflanzen allerdings ohne bleibende Schäden bis auf wenige Prozent Restwasser heruntergehen, und die sog. Wiederauferstehungspflanzen (Plus 7.2 S. 250) können wenige Stunden nach Rehydratisierung ihr Wachstum wieder aufnehmen. Vergleichbare Trockenzustände finden wir aber auch bei allen Samenpflanzen in Form der in den Samen eingeschlossenen Embryonen (Kap. 18.6). In jedem Fall gilt, daß die Austrocknung schrittweise erfolgen muß, damit bestimmte Schutzmaßnahmen für die empfindlichen Biomoleküle (Proteine, Membranen) getroffen werden können.

Box 19.3 Das Wasserpotential als Streßsensor

Wie in Kap. 6.1.3 abgeleitet, kann man das Wasserpotential einer Zelle ($\Psi_{\text{H}_2\text{O}}^Z$) vereinfacht aus der Summe von osmotischem Potential ($-\Pi$) und Turgor oder Wanddruck (p) ermitteln:

$$\Psi_{\text{H}_2\text{O}}^Z = -\Pi + p \quad \text{Gl. 1}$$

Die Angaben werden üblicherweise in Megapascal (MPa) gemacht. Im Gleichgewicht einer vollturgesczten Zelle ist $\Psi_{\text{H}_2\text{O}}^Z = 0$, weil der Wanddruck und das osmotische Potential ausgeglichen sind. Dann ist die Zahl der in die Zelle einströmenden Wassermoleküle gleich der Zahl der ausströmenden. Das osmotische Potential wird durch die Gesamtheit der gelösten Bestandteile einer Zelle bestimmt, wobei die Bestandteile in der Vakuole den größten Anteil haben. Die Vakuole (**V**) ist das osmotische Zentrum einer Zelle.

Zur Berechnung des osmotischen Potentials gilt die für das chemische Potential abgeleitete Formel (Plus **6.1** S. 211):

$$\Pi = -\sum c \cdot R \cdot T \quad \text{Gl. 2}$$

(mit $\sum c$ = Summe aller gelösten Stoffe in mol l⁻¹; R = universelle Gaskonstante, T = Temperatur in °K)

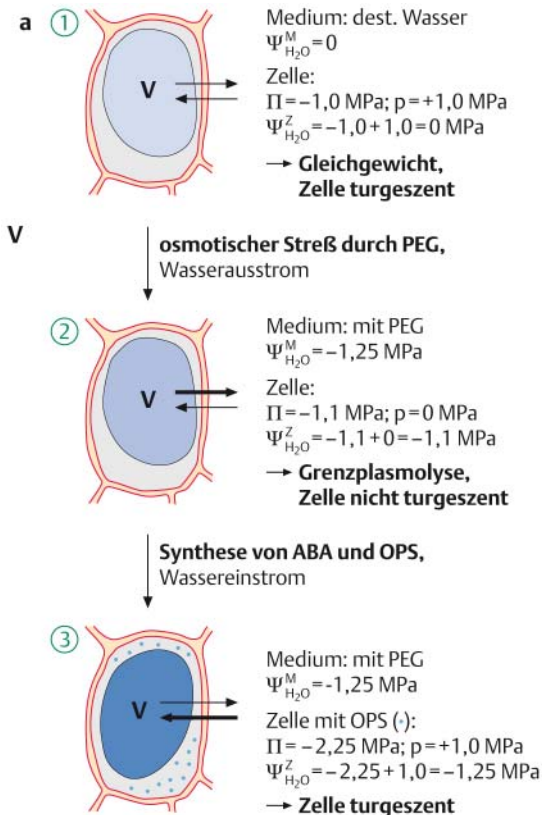
Bei 25°C = 298°K ergibt sich für R · T etwa ein Faktor von 2,5, sodaß man für eine 0,1 M Saccharoselösung ein osmotisches Potential von 0,25 MPa errechnen kann. Für eine 0,1 M Kochsalzlösung würde man bei vollständiger Dissoziation ein Poten-

tial von etwa 0,5 MPa erhalten (wegen der unvollständigen Dissoziation liegt der tatsächliche Wert etwas darunter). Mit diesem stark vereinfachten Rüstzeug (s. Details in Kap. 6.1.3) können wir uns dem Problem des Wassermangelstresses mit einem einfachen Gedankenexperiment nähern (Abb. a):

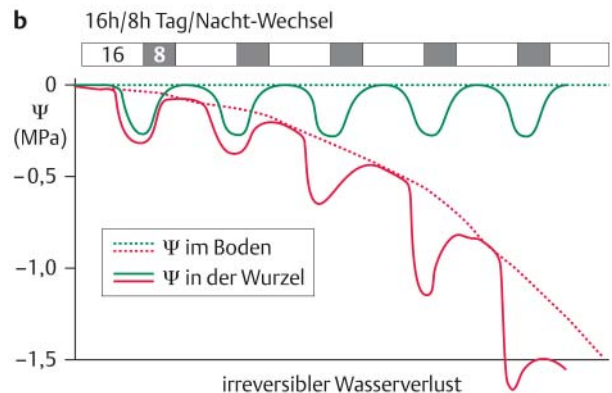
■ Im Zustand 1 ist die Modellzelle in destilliertem Wasser als Medium ($\Psi_{\text{H}_2\text{O}}^M = 0$) in voll turgescztem Zustand, weil sich Ausstrom und Einstrom von Wasser die Waage halten.

■ Im Zustand 2 wurde das Medium gegen eine Lösung von Polyethylenglykol (PEG) mit einem $\Psi_{\text{H}_2\text{O}}^M = -1,25$ ausgetauscht. Das entspricht etwa einer Lösung von 0,5 M Saccharose oder 0,25 M NaCl. Der Vorteil von PEG für solche Experimente ist, daß es als hochmolekulares Osmotikum praktisch nicht in die Zellen eindringt. Wasser strömt nun vermehrt aus der Zelle aus in Richtung des höheren osmotischen Potentials in der PEG-Lösung, bis es schließlich bei $p = 0$ zur Plasmolyse kommt (Abb. **6.3** S. 214).

■ Die Bildung von ABA als Streßsignal würde in einem solchen Fall die Synthese von osmoprotektiven Substanzen (OPS, Abb. **19.7**) auslösen und damit das osmotische Potential in der Zelle erhöhen. Wasser strömt wieder verstärkt in die Zelle ein bis zum osmotischen Gleichgewicht. Das Geschehen in unserem Gedankenexperiment ist Alltag in einer regenarmen Sommerperiode (Abb. **b**). Bei einer rel. Luftfeuchtigkeit von < 50% ($\Psi_{\text{H}_2\text{O}}$ der Luft < -100 MPa) verlieren die Pflanzen trotz geschlossener Stomata am Tage mehr Wasser als über die Wurzeln nachgeliefert werden kann (Abb. **7.8** S. 240). Die Blattzellen erreichen im Verlauf des Tages den Zustand 2 und bilden ABA und OPS. Wenn genügend Wasser im Boden zur Verfügung steht, normalisiert sich der Wassermangelzustand im Verlauf der Nacht (grüne Kurve, Eustreßbereich). Kommen aber Hitze und Dürre zusammen, verschlechtert sich der Wasserzustand von Tag zu Tag (rote Kurve), bis die Pflanzen den irreversiblen Welkepunkt bei etwa 30% Wasserverlust oder -1,5 MPa erreichen. Sie sterben ab. Die schrittweise Verzögerung der Erholungsphasen deutet auf den Übergang in den Dysstreßbereich hin.

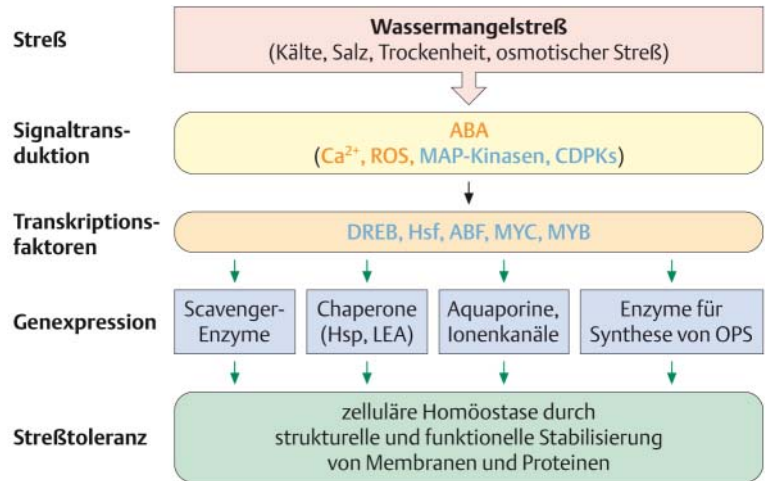


(nach Buchanan et al. 2000).



(nach R. O. Slatyer aus Mohr und Schopfer 1992)

Abb. 19.5 Kontrollen der Genexpression bei Wassermangelstreß. Auf der Signaltransduktions-ebene kommt ABA und den mit ABA verbundenen Sekundärsignalen (Ca^{2+} , ROS) und Proteinkinasen eine entscheidende Rolle zu (Details Abb. 16.33 S. 640). Eine Batterie von Transkriptionsfaktoren (Plus 15.7 S. 521) vermittelt die Expression von Proteinen, die für die Abwehr von Streßschäden wichtig sind (Details s. Text) (nach Vinocur und Altman 2005).



19.3.1 Molekulare Mechanismen

Ein Überblick über die molekularen Prozesse ist in Abb. 19.5 gegeben. Das Schema stellt eine Zusammenschau dessen dar, was wir für die ABA-Antwort im engeren Sinne bereits behandelt hatten (Abb. 16.33 S. 640). Eine ganze Batterie verschiedener Transkriptionsfaktoren wird durch die Signaltransduktionswege angesteuert. Sie sind für die Expression von Proteinen zur Wiederherstellung der gestörten Zellhomöostase verantwortlich. Wie bei anderen Streßarten geht es

- um die Stabilisierung empfindlicher Strukturen während der Streßphase und
- um die möglichst schnelle Wiederherstellung der Haushalts- und Entwicklungsfunktionen nach der Streßphase.

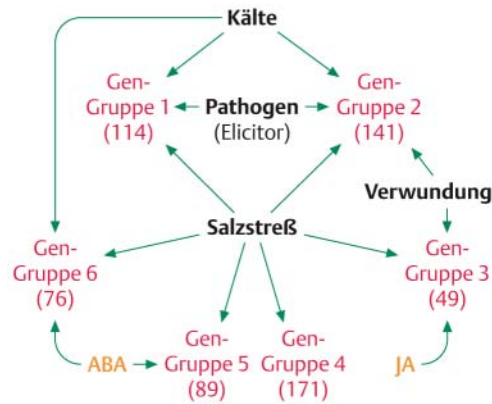


Abb. 19.6 Netzwerke von Genexpressionsmustern unter Streßbedingungen. Abiotische und biotische Stressoren lösen über entsprechende Signaltransduktionswege die Expression von Gengruppen aus (grüne Pfeile), von denen bis auf Gruppe 4 alle mehreren Stressorendomänen zugeordnet werden können. Das ist die Erklärung für das **Phänomen der Kreuztoleranz**, d. h. dafür, daß Pflanzen nach einem milden Salzstreß auch über Abwehrproteine gegenüber Verwundung, Kälte oder Pathogeninfektion verfügen. Zahlen in Klammern, Anzahl der coregulierten Gene (nach Ma et al. 2006).

Erwartungsgemäß ist die Zahl der aktivierten Gene relativ groß (Abb. 19.6), und die Zusammenfassung in **coregulierten Gruppen** macht die Realität eines **streßregulierten Netzwerks** besonders deutlich. Wir wollen hier nur vier wichtige funktionelle Gruppen kurz darstellen:

- **Scavengerenzyme** beseitigen die entstandenen ROS (Kap. 19.4).
- **Chaperone** vom Hsp- (Abb. 15.34 S. 555) und LEA-Typ (Box 19.4) stabilisieren Proteine und Membranen während der Streßperiode und verbessern die Prozesse der funktionellen Reaktivierung.
- **Aquaporine** und **Ionenpumpen** dienen der Normalisierung der Wasser- und Ionenbalance, insbesondere bei Salzstreß (Box 19.7 S. 790).
- Eine ganze Reihe von Streßmetaboliten spielen eine Rolle als **osmoprotektive Substanzen (OPS)** (Abb. 19.7). Zu ihnen gehören Aminosäurederivate (Prolin, Glycinbetain, aber auch Polyamine vom Spermidin-Typ) und Kohlenhydrate (Glycerin, Mannit, Trehalose, Pinitol oder Galactinol). OPS haben im wesentlichen drei Funktionen:
 - Als eine Art „**chemische Chaperone**“ schützen sie Proteine und Membranen vor irreversiblen Schäden durch Dehydratisierung (Plus 19.1).
 - Sie erhöhen das **osmotische Potential** der Zellen und erleichtern daher die Wasseraufnahme aus der Umgebung (Box 19.3).
 - Als **Gefrierschutzmittel** erniedrigen sie den Gefrierpunkt des Wassers in einem bestimmten Bereich und verhindern damit die Eisbildung.

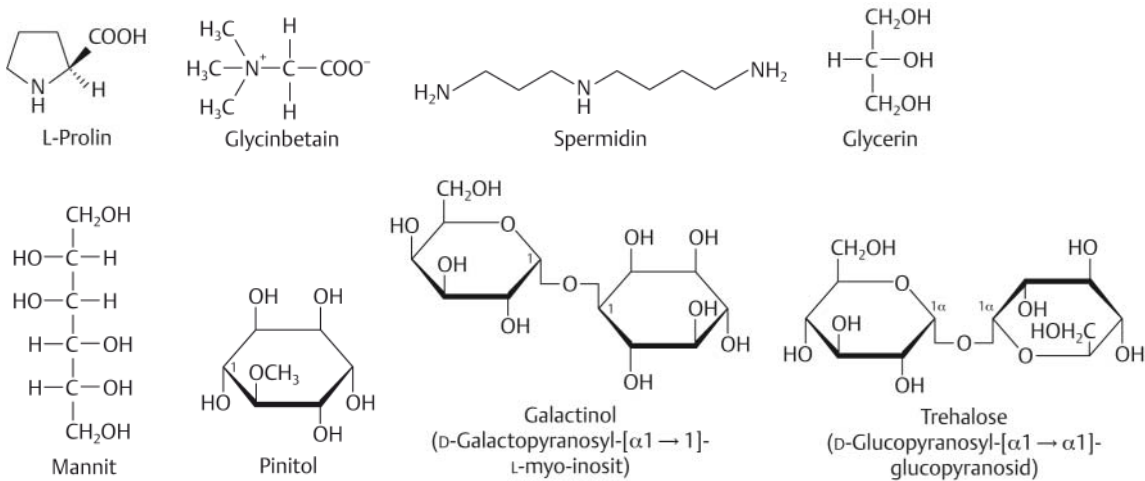
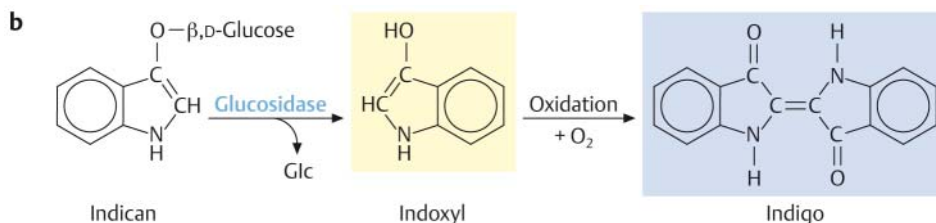


Abb. 19.7 Streßmetabolite als Stabilisatoren. Details s. Text.

Plus 19.1 Das Wunder der blauen Orchidee und die Rolle von Frostschutzmitteln

In dem kalten Winter 1875/76 in Prag machte Herrmann Müller, ein ehemaliger Promotionsstudent des berühmten Pflanzenphysiologen Julius Sachs, eine bahnbrechende Beobachtung, die sein weiteres Berufsleben prägen sollte. Er ließ die schneeweiße Blüte der Orchidee *Calanthe triplicata* über Nacht draußen vor dem Fenster gefrieren. Als er sie morgens in gefrorenem, glasig weißem Zustand hereinholte, taute sie auf und verfärbte sich dabei dunkelblau. Das eingebaute „Reportersystem“ der Orchideenblüte zeigte ihm zwei eng zusammenhängende biologische Tatsachen auf:

- Die **Frostempfindlichkeit** von Pflanzen beruht zuerst auf der Empfindlichkeit ihrer Membransysteme und der Zerstörung der semipermeablen Funktionen.
 - Ein chromogener Sekundärstoff in der Vakuole dieser Orchidee, das farblose Indican, kommt nach Zerstörung des Tonoplasten in Kontakt mit Glucosidasen im Cytoplasma. Das freigesetzte gelbe Indoxyl wird durch Luftsauerstoff zu dem als Jeansfarbe so beliebten dimeren Indigo oxidiert (b).
- Herr Müller, der aus dem Schweizer Kanton Thurgau stammte, nutzte dieses wunderbare Reportersystem zu bemerkenswerten Studien über die Gefrier- und Auftauvorgänge bei Pflanzen, ehe er sich Anfang des 20. Jahrhunderts einem lukrativeren Gebiet, dem der Züchtung von frostresistenten Rebsorten, zuwandte. Der Weinanbau in den nördlichen Anbaugebieten Europas war immer wieder von verheerenden Ausfällen durch Spätfröste im Frühjahr betroffen, und das verursachte große ökonomische Schäden. Müller erreichte 1882 die ersten Kreuzungen bei Wein überhaupt und brachte 1913 seinen berühmt gewordenen Sämling 58 in den Anbau, der wegen seiner Frostresistenz, frühen Reifungszeit und hervorragenden Ertragsseigenschaften bald unter dem Namen **Müller-Thurgau** zu der am meisten angebauten Rebsorte in Deutschland und der Schweiz wurde. Alle Versuche, dieses Erfolgsrezept zu wiederholen, scheiterten allerdings, weil die Angaben über die Kreuzungseltern (Riesling × Silvaner) falsch waren, wie sich 1995 endlich durch PCR-Analyse herausstellte. In Wirklichkeit waren die Sorten Riesling und Gutedel die Kreuzungspartner gewesen (Absicht oder Versehen?).



20.1 Direkte und indirekte Wechselwirkung zwischen Organismen

Pflanzen treten in direkte Wechselwirkung mit pflanzlichen Parasiten oder auch mit Mikroorganismen als Pathogene oder Symbionten. Totes pflanzliches Material wird von Saprophyten als Nahrungsquelle benutzt. Indirekte Wechselwirkungen erfolgen über gasförmige Hormone bzw. Signale, über Verarmung an Licht, Nährstoffen und Wasser und schließlich über zahlreiche organische Substanzen im Wurzelraum, die die Rhizosphäre zur „Datenautobahn für Kommunikation“ machen.

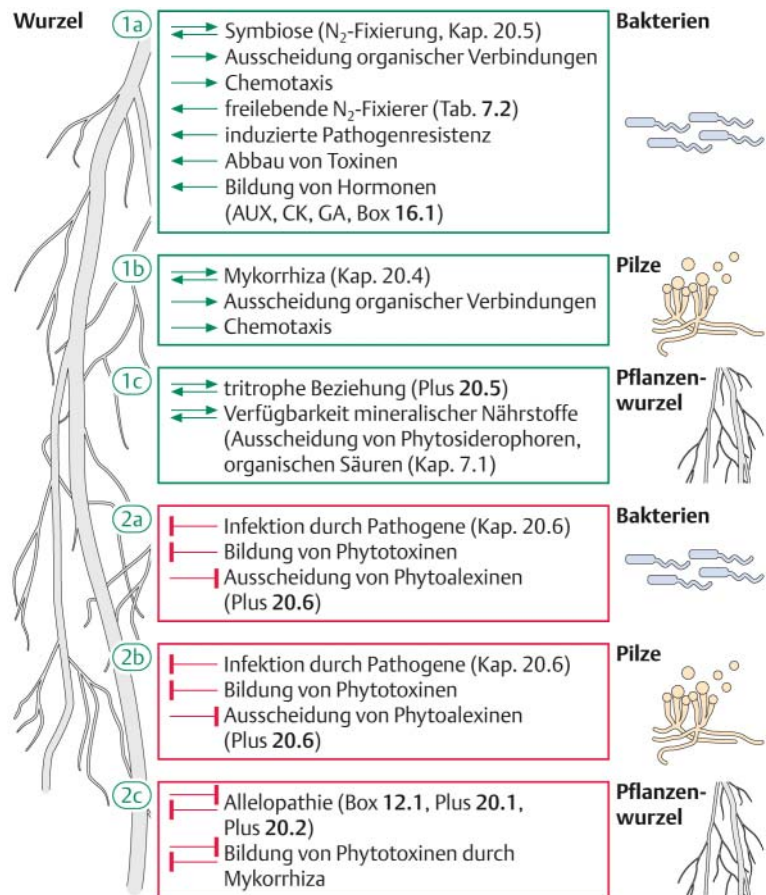
Die intensiven Wechselwirkungen zwischen **Pflanzen in einem Ökosystem** bedürfen keines unmittelbaren physischen Kontakts. Im Zusammenhang mit flüchtigen bzw. gasförmigen Hormonen bzw. Signalen (ETH, JA-Me, SA-Me) hatten wir bereits auf ihre Wirkungen auf andere Pflanzen derselben Art (Pheromone) bzw. anderer Arten (Kairomone) hingewiesen (Kap. 16.7, Kap. 16.9 und Kap. 16.10.4). Indirekte starke Wechselwirkungen stellen natürlich auch die Veränderungen im Lichtspektrum im Schatten großer Bäume (Schattenvermeidungssyndrom, Kap. 17.2.2) oder aber die Verarmung an Nährstoffen und Wasser dar. Nur Pflanzen mit einer Spezialisierung für die „Resteverwertung“ (Schattenpflanzen) können in der **ökologischen Nische** unter Bäumen existieren. Die wechselseitige Beeinträchtigung von Pflanzen durch Sekundärmetabolite, die in die Umgebung ausgeschieden werden, faßt man unter dem Begriff **Allelopathie** zusammen (Box 12.1 S. 346 und Plus 2.1 S. 59).

Wenn man Samenpflanzen als Lebensraum in ihrer Gemeinschaft mit den zahlreichen Mikroorganismen auf und in ihnen betrachtet, dann kann man den **Blattraum (Phyllosphäre)** von dem **Wurzelraum (Rhizosphäre)** unterscheiden. Vielfältige Formen des Austauschs von Signalen sind exemplarisch für den Wurzelraum in Abb. 20.1 dargestellt. Man schätzt, daß in der unmittelbaren Umgebung einer Wurzel hunderte verschiedener organischer Substanzen zu finden sind (Aminosäuren, organische Säuren, Nucleoside, Vitamine, Kohlenhydrate, Sekundärmetabolite), die durch die Wurzel ausgeschieden werden. Die Menge dieser organischen Substanzen kann mehr als 20% des in der Photosynthese fixierten Kohlenstoffs ausmachen. Diese Verbindungen bilden ein reichhaltiges Nahrungsangebot für saprophytische Mikroorganismen im Boden und sind gleichzeitig Signale für die Wechselwirkung von Pflanzen mit den vielen anderen Lebewesen in der Rhizosphäre. Das gesunde Ökosystem im Boden ist wiederum entscheidend für die Funktion der Wurzel und damit für das Wohlergehen der ganzen Pflanze. Bakterien und Pilze können die Entwicklung von Pflanzen fördern oder auch hemmen (Plus 20.1). Wir werden bei der Behandlung einzelner Beispiele die Bedeutung der **Rhizosphäre als „Datenautobahn“** besser verstehen (Kap. 20.2, Kap. 20.4 und Kap. 20.5).

Als photoautotrophe Organismen dienen Niedere und Höhere Pflanzen, Algen und einige Bakterien als Ausgangsbasis für alle davon abhängigen heterotrophen Lebensformen. Wir können grundsätzlich drei Formen der direkten Wechselwirkung unterscheiden:

- **Parasiten** (Pflanzen) oder auch **Pathogene** (Mikroorganismen) dringen ganz oder teilweise in den Wirtsorganismus ein und entziehen ihm Nährstoffe und Wasser für ihre eigene Entwicklung. Die Schädigung des Wirts wird nicht selten durch die Bildung toxischer Stoffwechselprodukte verstärkt.

Abb. 20.1 Der Wurzelraum als Ökosystem. Im Wurzelraum gibt es zahlreiche Formen der positiven (**Gruppe 1**) und negativen (**Gruppe 2**) Wechselwirkungen zwischen Organismen. Sie beruhen entweder auf direktem physischem Kontakt oder auf dem Austausch von Nährstoffen oder chemischen Signalen. Weitere Details finden sich im Text an den angegebenen Stellen. Die grünen Pfeile bzw. roten Hemmblöcke zeigen einseitige bzw. wechselseitige Beeinflussung zwischen den entsprechenden Partnern an.



- Unter **Symbiose** verstehen wir das zeitweilige oder dauernde Zusammenleben artverschiedener Organismen mit wechselseitigem Nutzen. In vielen Fällen ist die Symbiose Voraussetzung für die gute Entwicklung beider Partner, und in einigen Fällen entstehen aus der Symbiose ganz neue Formen wie etwa bei den Flechten.
- Die **Saprophyten** (Box 20.1) ernähren sich in der Regel von totem Material und bilden damit das unverzichtbare Endglied in der biologischen Kette von der Entstehung der Lebewesen bis zu ihrer Zersetzung (Remineralisierung).

Die Übergänge zwischen den drei Formen sind im Einzelfall fließend. Das gilt für die **Symbiose** als Form des **wechselseitigen Parasitismus** ebenso wie für die **Saprophyten**, die durchaus auch auf physiologisch geschwächten Pflanzen als **Pathogene** auftauchen können. Viele Bakterien und Pilze leben im Boden als Saprophyten, ehe sie einen geeigneten pflanzlichen Wirt besiedeln können, mit dem sie dann in einer Gemeinschaft entweder als Symbionten oder als Pathogene existieren können.

Aus naheliegenden Gründen haben wir in diesem Botanik-Lehrbuch die Tiere weitgehend ausgeklammert. Das ist didaktisch nützlich und notwendig, aber fern von der Realität einer Pflanze in ihrem natürlichen Umfeld. Selbstverständlich sind die umfangreichen anthropogenen Einflüsse auf die Pflanzenwelt in vielen Kapiteln thematisiert. Einige besondere

Plus 20.1 Allelopathie: chemische Kriegsführung im Wurzelraum?

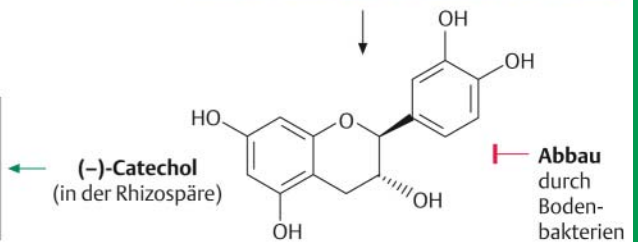
Die Komplexität der Wechselwirkungen zwischen Pflanzen über chemische

Streß, →
Herbivorie,
Infektionen



Zielpflanzen

- **niedrige Konzentrationen**
Förderung des Wachstums, Pathogenabwehr
- **höhere Konzentrationen**
Hemmung der Keimlingsentwicklung, Absterben der Wurzel



Beispiele für die Rolle der Tiere finden sich außerdem bei den fleischfressenden Pflanzen (Plus **19.6** S. 798), bei der Bestäubung (Box **18.10** S. 749) und Samenverbreitung (Kap. 18.6.4) durch Tiere, bei der Übertragung von Viruserkrankungen durch Insekten (Kap. 20.7.3) oder bei der Verwundung bzw. der mechanischen Belastung von Pflanzen durch Menschen und Tiere (Box **16.13** S. 647, Box **16.17** S. 659, Kap. 19.7).

Box 20.1 Saprophyten und Holzabbau

Saprophyten als Prototyp der heterotrophen Organismen sind in der Natur weit verbreitet und rekrutieren sich im wesentlichen aus den Gruppen der Bakterien und Pilze. Durch die Abscheidung von Enzymen überführen sie totes organisches Material extrazellulär in kleinere resorbierbare Moleküle, die dann intrazellulär weiterverarbeitet werden können. In vielen Fällen sind die Saprophyten auf organische Kohlenstoffverbindungen angewiesen, die sie als Bausteine und Energielieferanten für die Synthese ihrer Körpersubstanz benötigen. Dabei gibt es praktisch keine organische Kohlenstoffverbindung, die nicht wenigstens durch einige Arten von Saprophyten als Energiequelle genutzt werden kann. Allerdings sind zum Abbau schwer angreifbarer Verbindungen wie Erdöl, Teer, chlorierter Kohlenwasserstoffe im allgemeinen nur wenige hierauf spezialisierte Formen befähigt. Häufig sind in der Natur mehrere Arten saprophytischer Mikroorganismen miteinander vergesellschaftet, weil die einen die Stoffwechselprodukte der anderen weiterverwerten. Eine solche Vergesellschaftung bezeichnet man als **Parabiose**.

Eine besondere Rolle spielen Pilze als holzerstörende Organismen, unter ihnen vor allem Basidiomyceten, aber auch einige Ascomyceten, *Fungi imperfecti* (Kap. 14.6) und Bakterien. Man kann drei Arten der Holzzerwertung unterscheiden:

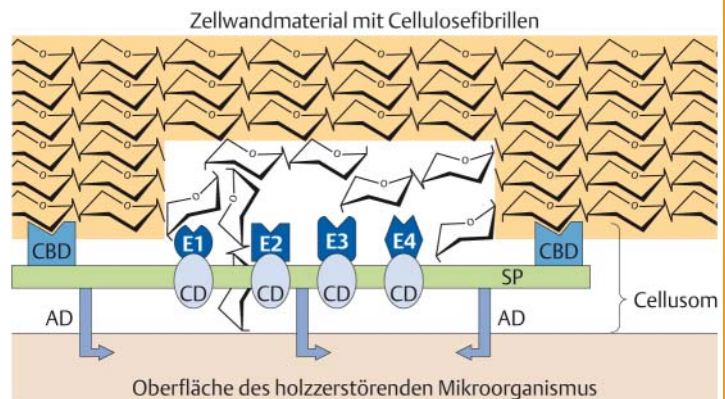
- **Braunfäule:** Die Pilze bauen Cellulose ab, sodaß gefärbtes Lignin übrig bleibt.
- **Weißfäule:** Lignin wird bevorzugt abgebaut; die helle Cellulose bleibt zurück.
- **Simultanfäule:** Beide Holzbestandteile werden gleichzeitig abgebaut.

Unter den holzerstörenden Pilzen sind auch die gefährlichen Polyporaceen, die in feuchten Häusern das **Bauholz** angreifen, z. B. der **Haus- und Kellerschwamm**, der **Feuerschwamm** u. a. m. Im Regelfall wird nur totes Holz befallen. Aber eine Reihe von Basidiomyceten (Hallimasch,

Schwefelporling, Zunderschwamm) greifen auch lebende, physiologisch geschwächte Bäume an und werden so zu **opportunistischen Parasiten**. Ihr Auftreten ist also Indikator für den Zustand der Bäume.

Cellulose ist bei weitem das häufigste Polysaccharid in der Natur. Aufgrund ihrer Unlöslichkeit und kristallartig dichten Packung gehört sie aber auch zu den besonders schwer abbaubaren Makromolekülen. Holzzerstörende anaerobe Bakterien und Pilze haben im Verlauf der Evolution einen besonderen enzymatischen Komplex zur Bewältigung dieser Aufgabe entwickelt. An ihrer Oberfläche gibt es sog. **Cellusomen**, d. h. in der Außenmembran verankerte Skelettproteine, an denen mehrere verschiedene Cellulose- bzw. Hemicellulose-abbauende Enzyme (E1–E4) gebunden sind. Mehr als 20 verschiedene Enzyme können gebunden sein, und viele solcher Cellusomen können zu einer **Multicellusom-Einheit** zusammengefaßt sein. Diese Cellusomen sind auch das Geheimnis der Celluloseverwertung durch Bakterien und Pilze im Pansen der Wiederkäuer.

Die Entdeckung der Cellusomen als elegante Lösung für den Celluloseabbau hat natürlich zu intensiven Forschungen zur effizienten Nutzung von Cellulose (Holz) als Kohlenstoffquelle für die Biotechnologie geführt.



CBD: Cellulose-Bindungsdomäne
 CD: Cohesin-Domäne
 AD: Ankerdomäne
 SP: Skelettprotein

(nach Doi und Kosugi 2004)

20.2 Pflanzenparasiten

Die etwa 4000 Arten von Pflanzenparasiten schließen sich über Haustorien direkt an die Stoffwechsel lebender Organismen an, indem sie ganz oder teilweise in den Wirtsorganismus eindringen und sich in einem geeigneten Organ festsetzen. Die Schädigung des Wirtes beruht auf dem Entzug von Nährstoffen und Wasser und zuweilen auch auf der Bildung toxischer Stoffwechselprodukte. Bei Vollparasiten kann das zum Tod der Wirtspflanze führen.

Als **Parasiten** werden **Samenpflanzen** bezeichnet, die teilweise oder vollständig in ihrer Nährstoff- und Wasserversorgung von anderen Pflanzen abhängig sind. Parasitische Mikroorganismen werden wir als Pathogene in Kap. 20.6 behandeln. Unter den Blütenpflanzen gibt es etwa 4000 parasitische Arten, die mit Hilfe von **Haustorien** in das **Gewebe der Wirtspflanze eindringen**, indem sie das Zellwandmaterial durch extrazelluläre Cutinasen, Cellulasen und Pektinasen auflösen. Formal kann man die zur Photosynthese befähigten **Halbparasiten** von den nicht zur Photosynthese fähigen **Vollparasiten** unterscheiden. Aber häufig genug beziehen auch die grünen Parasiten noch organische Stoffwechselprodukte aus der Wirtspflanze. Drei Beispiele sollen den Sachverhalt verdeutlichen.

Ein Beispiel für einen **Halbparasiten** ist die **Mistel** (*Viscum album*). Sie schmachtet auf verschiedenen Nadelhölzern (Tannen, Kiefern, Fichten), meistens aber auf Laubbölzern. Ihre Früchte sind weiße Beeren, die Vögeln als Nahrung dienen. Die Samen werden mit dem Kot ausgeschieden und gelangen so auf andere Bäume, wo sie auskeimen. Die Mistel dringt zunächst mit sog. Rindenwurzeln in die Rinde des Wirtes ein (Abb. 20.2), von denen zapfenförmige Haustorien im Holzkörper den Anschluß an die Gefäße der Wirtspflanze herstellen. Die im Vergleich zu den Wirtspflanzen ungewöhnlich hohen Transpirationsraten der Misteln dienen in erster Linie der Versorgung mit ausreichenden Mengen von Calcium-, Kalium-, Phosphat- und Nitrat-Ionen. Trotz der eigenen Photosynthese versorgt sich die Mistel mit bis zu 40% des Gesamtbedarfs an Kohlenhydraten und organischem Stickstoff (Aminosäuren) aus dem Xylemsaft der Wirtsbäume.

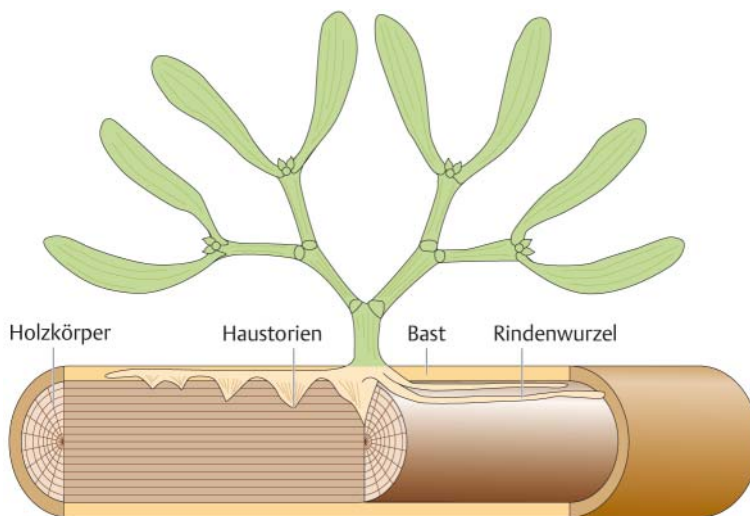
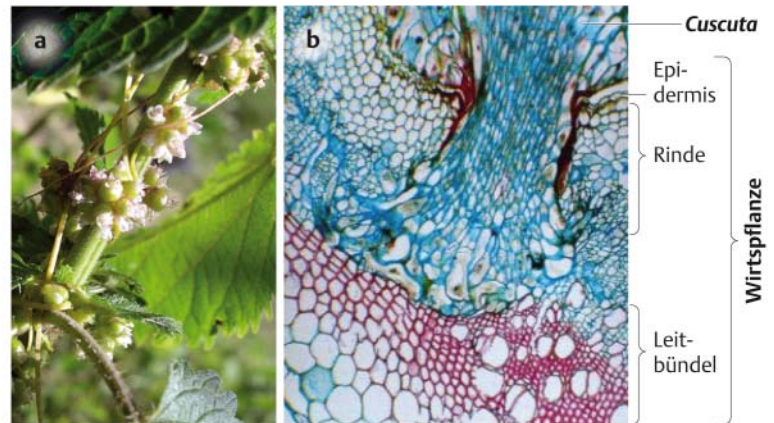


Abb. 20.2 Mistel als Halbparasit. Die Mistel (*Viscum album*) (grün) auf dem Ast eines Wirtes (braun), der links im Längsschnitt, rechts in Aufsicht mit teilweise entfernter Rinde dargestellt ist (nach Goebel, Troll).

Abb. 20.3 Kleeseide als Vollparasit. **a** Kleeseide (*Cuscuta europaea*), eine Brennessel-Pflanze umwindend (Foto: S. Imhof). **b** Lichtmikroskopische Aufnahme eines Längsschnittes durch ein Haustorium von *Cuscuta spec.* im Wirtsgewebe (*Pelargonium zonale*). Die Leitbündel des Wirtes sind rot gefärbt (Foto: R. Wacker).



Die **Kleeseide** (*Cuscuta europaea*) zählt zu den **Vollparasiten**. Aus ihren Samen entsteht ein fadenförmiger Keim, dessen Vorderende sich über den Boden erhebt und kreisende Suchbewegungen (**Circumnutationen**) ausführt. Erfasst es dabei den Sproß eines geeigneten Wirtes, so umschlingt es diesen und wächst als Windenpflanze daran empor (Abb. 20.3a). Die bleiche, kaum noch Chlorophyll enthaltende Sproßachse und die reduzierten schuppenförmigen Blättchen können keine autotrophe Ernährung mehr gewährleisten. Die Kleeseide treibt zahlreiche Haustorien in das Wirtsgewebe, die sowohl an das Xylem als auch an das Phloem Anschluß gewinnen (Abb. 20.3b). Der Parasit bezieht also vom Wirt nicht nur Wasser und Salze, sondern auch organische Verbindungen, wodurch dieser nicht selten letal geschädigt wird.

Andere Beispiele von **Vollparasiten** finden wir im Verwandtschaftskreis der Scrophulariales. Dazu gehören **Orobanche**-Arten (Sommerwurz) in unserer Flora und die bei uns nicht heimische Gattung **Striga**, die in trockenheißen Gebieten Afrikas mit nährstoffarmen Böden weit verbreitet ist. Erstere wachsen auf **Leguminosen, Raps, Sonnenblumen** und **Tomate** als Wirtspflanze, letztere im wesentlichen auf Getreide (**Hirse, Mais** und **Reis**). Obwohl im Gegensatz zu **Orobanche** der Sproß bei **Striga** noch grün ist und kleine Blättchen hat, muß man beide als Vollparasiten bezeichnen. Sie bilden ihre **Haustorien** an den **Wurzeln** der Wirtspflanzen und dringen über die Wurzelrinde ein, bis sie Anschluß an das Xylemsystem gefunden haben. Der Befall führt wegen des hohen Nährstoff- und Wasserverlustes häufig zum Absterben der Wirtspflanze. Wegen der großen Verbreitung von **Striga** auf 40 % der landwirtschaftlich genutzten Flächen in Ost-, Mittel- und Westafrika gibt es große Ernteverluste (Plus 20.2). Die Samenkeimung in unmittelbarer Nachbarschaft zur Wirtspflanze wird durch kleinste Mengen eines von der Wirtspflanze ausgeschiedenen Terpenoids (**Strigol**) ausgelöst. Da der Keimling über praktisch keine Reserven verfügt, muß er mit der Keimwurzel so schnell wie möglich Kontakt zur Wirtspflanze haben. Dieser Engpaß in der frühen Entwicklung bietet auch Ansatzpunkte für eine wirksame Bekämpfung (Plus 20.2).

Sachverzeichnis

Fette Seitenzahlen verweisen auf Hauptfundstellen, **rote Seitenzahlen** auf Definitionen (Glossarfunktion), ein hochgestelltes ^A kennzeichnet Seiten mit Abbildungen.

- A**
- A s. Adenin, Alanin
 α -Faktor 466, 649f.
 α -Helix
 – DNA 28^A, 376^A
 – Protein 33f.^A, 35^A, 62, 224^A
 AAO3 (Abscisinaldehyd-Oxidase) 636f.
 A-Faktor (AHL) 148^A
 ABA s. Abscisinsäure
 ABA-8'-Hydroxylase (CYP707A-Monooxygenase) 636, 638^A
 ABA-Glucosid 638^A
 ABA-Glucosyltransferase (ABA-GT) 638^A
 ABA2 (Xanthoxin-Dehydrogenase) 637^A
 ABA3-Protein 636
 abaxial **187^A**, 720
 ABC-Transporter 790, 794^A
 Abendprotein 691
 Abies (Tanne)
 – Monopodium 180
 – Temperaturbereich, Wachstum 774^A
 Abies balsamica (Balsamtanne) 364
 ABMV (Abutilon-Mosaik-Virus) 834f.^A
 ABP (Auxin-Bindungsprotein) **609^A**
 Abschlußgewebe **102**, 108, 198
 – sekundäres 177
 Abscisinaldehyd 636f.
 Abscisinaldehyd-Oxidase 636f.
 Abscisinsäure (ABA) 594^A, **635f.**, 637^A
 – Abbau 617, **636**, 638f.
 – Apikaldominanz 663f., 664^A
 – bei Hypoxie 788^A
 – Biosynthese **636f.**, 637^A, 639^A
 – – Hemmstoff 788^A
 – Blühinduktion 638, 640f.
 – Genexpression 592
 – Hormoneinfluß 660
 – Rezeptor 640f., 641^A
 – Samenentwicklung 638, 760f.
 – Samenruhe 638, 767, 768^A
 – Signaltransduktion **640^A**
 – Stomataverschluß 245^A, 654^A
 – Streßhormon 638, 640^A, 776
 – Streßantwort 522, 778f.
 – Zellzykluskontrolle 661^A
 Absorption **262**
 – Chlorophyll 265^A
 – Chromoproteine 671^A
 – elektromagnetische Strahlung 260, 262, 265^A
 Absorptionsgewebe 102
 Absorptionshaar 102, 110, 238
 Abteilung 133
 Abutilon (Schönmalve) 834^A
 Abutilon-Mosaik-Virus (ABMV) 834f.
 Abwehrprotein s. Pr-Proteine
 AC (Adenylylcyclase) 459f., 500f.
 Ac-Element 417f., 420^A
 Acacia heterophylla 193^A
 Acacia senegal, Suberinlamelle 122^A
 ACC (Aminocyclopropan-carbonsäure) 628f.
 ACC-Oxidase (ACO) 628f., 631, 634, 788^A
 ACC-Synthase (ACS) 788^A
 – Ethylensynthese 628
 – – Kontrolle **629**
 – Fruchtreifung 631
 – Gen 629
 – Hemmstoff 632, 633^A
 – NO-Einfluß 788^A
 – Stabilität 629^A
 Acer (Ahorn) 177
 Acer saccharum (Zuckerahorn) 247
 Acetabularia (Schirmalge) 118
 Acetabularia cliftoni 55^A
 Acetal **18**, 20^A, 42
 Acetaldehyd 16f., 335f.
 Acetat s. Essigsäure
 Acetobacter 336
 Acetobacter xylinum 141
 Acetohydroxysäure 795^A
 Acetohydroxysäure-Synthetase (AHAS) 793f., 795^A
 Acetosyringon 830^A, 832
 Acetyl-CoA 325f., 334, 336f.
 – β -Oxidation 643
 Acetyl-CoA-Synthetase 325^A
 Acetyl-CoenzymA s. Acetyl-CoA
 Acetylen 8^A
 N-Acetylglucosamin 21^A, **38**, 137^A, 139, 567f.
 Acetylierung
 – Nucleosom 520
 – Protein 543
 N-Acetylmuraminsäure 137^A, 139
 Acetyllysin 381^A
 N-Acetyl-Phosphinotricin 434^A
 Acetylsalicylsäure 657^A
 O-Acetylserin 311^A
 Achäne 321, 759
 Achillea 482
 Achselknospe 179, 181^A, 662f.
 Achselproß 179, 181f.
 Äcidiospore **472**, 473^A
 acidophil 235
 Aciflurofen 792
 Acker-Schmalwand s. Arabidopsis
 ACO s. ACC-Oxidase
 Aconitase 328^A, 337^A
 ACP (Acyl-Carrier-Protein) 325
 Acrasiomycota s.a. Dictyostelium **458^A**, 461
 Acridinorange, Mutagen 413^A
 ACS s. ACC-Synthase
 Actin **55f.**
 – Dictyostelium-Bewegung 461
 – Mikrofilament 51
 – Sol-Gel-Übergang 49
 – Zellpolarität 453
 Actincytoskelett s.a. Cytoskelett **55f.**
 – Pollenschlauch 745^A
 – Reorganisation 820
 – Statolith 704, 706
 – Trichomentwicklung 728
 – Umbau 745
 – Vesikeltransport 608
 Actinomyces naeslundii 135
 Actinomyceten (Strahlenpilze) 146, 585
 Actinomycin D 585f.
 Actomyosin-System 56f.
 Acyl-Carrier-Protein (ACP) 325
 Acylhomoserinlacton (AHL, A-Faktor) 148^A, 818
 adaxial 187^A, 720
 Adenin (A) 24^A, 27f., 376^A
 – Cytokininabbau 597
 – Derivat 595
 – DNA 375
 Adenosin 20^A, 27^A
 Adenosindiphosphat (ADP) 27^A, 306, 313, 596^A
 Adenosindiphosphoribose, cyclische (cADPR) 655, 657^A
 Adenosindiphosphoglucose (ADPG) 322^A
 Adenosinmonophosphat (AMP) 27^A, 310
 – cyclisches s. cAMP
 Adenosinphosphosulfat (APS) 308f.
 Adenosintriphosphat (ATP) 27^A
 – bei Hypoxie 787, 788^A
 – Citrat-Zyklus 338
 – Elektronentransport 268
 – Energiequelle 208, 216
 – Gal-Regulon 529
 – Glykolyse 335
 – Hydrolyse 217^A
 – – Actomyosin-System 56
 – – Amidbildung 305
 – – Calvin-Zyklus 279f.
 – – Dinitrogenase-Reductase 303
 – – Dynein 152
 – – Hsp70-Chaperon-Zyklus 552^A
 – – Motorprotein 54
 – – Proteinimport 561
 – – Pumpe 219
 – – Synthetase 306
 – IAA-Aktivierung 604
 – nicht spaltbares 529
 – Phosphorelais 599
 – Proteinfunktion 544, 561
 – Stickstoff-Fixierung 302, 820
 – Synthese 220f.
 – – Atmungskette 288, 340f.
 – – Archaea, halophile 293
 – – aus Bisphosphoglycerinsäure 229
 – – Bakterienphotosynthese 292^A
 – – Chemosynthese 293f.
 – – Citrat-Zyklus 337f.
 – – Dissimilation 333f.
 – – Elektronentransport 267f.
 – – Evolution 295f.
 – – Phosphataktivierung 313f.
 – – Photosynthese 253, 256
 – – Thylakoidmembran 274f.
 – Variante 529^A
 S-Adenosylmethionin (AdoMet) 507^A, 547^A, 627f.
 S-Adenosylmethionin-Decarboxylase (AdoMetDC) 546f.
 Adenylylcyclase (AC) 459f., 500f.
 Adhäsion 43
 AdoMet-Synthetase 653
 ADP s. Adenosindiphosphat
 ADP-Ribosylcyclase 657
 ADP-Ribosyltransferase 544
 ADPG (Adenosindiphosphoglucose) 322^A
 Adriamycin 585
 Adventivembryogenese 482
 Adventivproß 179
 Adventiwurzel **201**, 666f., 702, 787f.
 Aegilops tauschii 408^A

- Aegopodium podagraria*,
Gravotropismus 702
- Aerenchym 107, 335, **786f.**
- Aerotaxis 141
- Aflatoxin 470^A
- AFP (antifreeze protein) s.
Gefrierschutzprotein
- AG-Gen (*agamous*) 738^A
- AG-Protein 732^A, 736f., 762
- Agamospermie 444, **482**
- Agar **39**, 454f.
- Agaropektin 39, 455
- Agarose 39, 455f.
- Agavaceae 111
- Agave americana*, Sproßscheitel
119^A
- Agave sisalana* (Sisalhanf) 111
- Agent Orange 610
- Agglutinin 545
- Aggregatverband 154^A
- Aglaozonia parvula* 451f.
- Aglutinin 447
- Aglykon **19**, 27
- AGO-Protein (Argonaut) 722
- AGP s. Arabinogalactanproteine
- Agravotropismus 701^A
- Agrobacterium* 357
- Agrobacterium tumefaciens* 593,
828f.
- Auxinbiosynthese 601, 603^A
 - Gen-silencing, virusinduziertes
844
 - Pflanzentransformation **829f.**,
832f.
 - Ti-Plasmid 138, 829^A
 - Transformation 432
 - Transposon-Tagging 419
 - Vektor, binärer 433
- Agrostis* 791
- AHA-Motiv 525
- AHAS (Acetohydroxysäure-
Synthase) 793f., 795^A
- AHL (Acyllhomoserinlacton) 148^A,
818
- Ahorn s. *Acer*
- Ahornsirup 247
- AHP-Protein 633
- AIDS-Virus 428
- Akklimatisierung **775**
- Akkrustierung **116f.**, 122
- Akkumulatpflanze 236
- Aktionsspektrum 260f.
- Aktivator 500f.
- Aktivatorkomplex, *Gal*-Regulon
528
- Aktivatorprotein 489^A, 530^A
- Aktivierungsenergie 225f., 299
- Ala s. Alanin
- Alanin (A, Ala) 25^A, 139, **378**
- Aktivierung 535f.
- β-Alanin 312^A
- Alanyl-AMP 536^A
- Alanyl-tRNA 536^A
- Alarmon 630, 658f.
- Alarmsignal 642, 646
- Alcaligenes* 300
- Aldehyd 13^A, **16**, 17^A, 748
- Aldolase 281^A, 334^A
- Aldose 17, 20
- Aleuron 74, 76^A, 617f.
- Stimulation durch Gibberellin
617^A
- Algenblüte 59
- Algenchromatophor
s. Chloroplast, Alge
- Algenpilze 155
- Alginat 451, 454^A, 455^A
- Alginsäure 39
- Aliphath 9
- Alizarin 355^A
- Alkaloide 54, 351^A, **366f.**, 407,
646, 816
- Arzneimittel 349
 - ökochemische Funktion 369
- Alkan 8^A, **9**, 13^A, 118
- Alken 8^A, **9**, 118
- Alkin 8^A, **9**
- Alkohole 13f., 16^A, 118, 257
- Alkohol-Dehydrogenase 335^A,
748, 787
- alkylierendes Agens 411
- Allel **391**, 394, 421f.
- Allelopathicum **345**
- Allelopathie **346**, **805**, 807
- Allenoxidcyclase (AOC) 642^A
- Allenoxidsynthase (AOS) 642^A
- Allium* 243
- Allium cepa* (Küchenzwiebel)
193f.
- Allium sativum* (Knoblauch) 193f.
- Allogamie (Fremdbefruchtung)
747
- Allolactose 498f.
- Allomyces arbuscula* 348^A
- Allophycocyanin 291^A
- Allopolyloidie 408, 482
- Allorhizie 200^A, **200**
- Allylthiocyanat 370f.
- Alnus* (Erle) 301, 747
- Alstroemeria* (Inka-Lilie) 187
- Alternanz **184**
- Alzheimer 551
- Amanita phalloides*
(Grüner Knollenblätterpilz) 56
- α-Amanitin 585, 837
- Amaranthus* (Fuchsschwanz) 367
- Amaryllidaceae 119^A
- Ameisensäure 22^A, 244
- Amerikanisches Immergrün s.
Gaultheria procumbens
- Ames-Test 412
- Amin 13^A
- Aminoacyl-tRNA 30, 57^A, 535,
539^A
- Aminoacyl-tRNA-Synthetase
535f., 580
- Aminocyclopropan-carbonsäure
(ACC) 628f.
- Aminoethoxyvinylglycin (AVG)
632f., 645^A
- Aminogruppe 13^A, 23f.
- Aminopeptidase 330, 541, 543,
574
- Aminosäure 13f., 22f., 307^A, 315,
809
- Aktivierung **535f.**, 540
 - Analogon 777^A
 - apolare 25^A, 35
 - aromatische 25^A, 350, 366
 - basische 25^A, 366, 521f.
 - Codons 377f.
 - essentielle 762
 - hydrophobe 550
 - Phytohormon 593
 - proteinogene 24f., 30, 32, 318
 - schwefelhaltige 25f.
 - Stoffwechsel 297, 303
 - Synthese 795^A
 - – Herbizid 792
 - Transport 222f., 317
 - ungewöhnliche 544
- Aminozucker 21, 139
- Ammoniak 8^A, 305, 700
- Entstehung 12, 130
 - Synthese 299f.
- Ammoniakvergiftung 434
- Ammonium 8^A, 11, 297
- Kunstdünger 299
 - Mykorrhiza 813
 - Nitratatmung 341
 - Stickstoffassimilation 304f.
 - Stickstoffkreislauf 300f.
 - Verwertung 305f.
- Ammoniumsalz 299
- AMO-1618 613f.
- Amöbe 458
- AMP s. Adenosinmonophosphat
- amphibische Pflanze 184
- amphiphil **11**, 22
- amphipolar (amphiphil) 11, 22
- amphistomatisch **189**
- amphitrich **141**
- Amphotericin 585
- Ampicillin 417, 425f., 585
- Amplifikation
- Gen s. Genamplifikation
 - Information 487f.
 - PCR- s. PCR-Amplifikation
- Amygdalin 767^A
- Amylase 76^A, 798
- α-Amylase 76^A, 323, 617^A
- – Inhibitor 567
- β-Amylase 322f.
- Amylopektin 39^A, 322f.
- Amyloplast **40**, 70^A, 163^A, 321
- Graviperzeption 171, 196, 707
- Stärkespeicherung 70, 83, 87f.,
705, 762
- Amylose 39^A, 322f.
- Anabaena* 59, 145, 148
- Anabaena azollae* 301
- Anabaena variabilis* 148^A
- Anabolismus **251**
- Anaerobier, fakultativer 335
- Ananas sativa*, Frucht 759^A
- Anaphase
- Mitose 397f..
 - Meiose 403^A, 405f.
- anaplerotische Reaktion 327, 339
- Anastatica hierochuntia* 250
- Anastomose 114, 116
- Androeceum **479**, 645, 747
- Anemochorie **759**, 765
- Anemogamie **747**
- Aneuploidie **408f.**
- Angiospermen (Bedecktsamer)
- Dichotomie 179
 - Endomykorrhiza 814
 - Entwicklung 480^A
 - Etagerung 172
 - Gefäß 115
 - Initialzelle 162
 - Knospe 179
 - Leitbündel 169
 - Polyploidie 407
 - Samenanlage 481
 - Seitenwurzel 199
 - Siebröhre 113f.
 - Stammbaum 421
 - Systematik 120
 - Wurzelscheitel 164
- Anhydridbindung 27^A
- Anhydrogalactose 455^A
- Anilinfarbstoff 136
- Anion **7**
- Anisogamie **439**, 440^A, 451, 462
- Anisophyllie 185f.
- Ankerprotein 50
- Anomer 17, 19^A, 39
- Anregungsenergie 263, 265^A
- Verteilung 276f.
- ANT-Protein (TF) 719, 740^A, 757^A
- Antenne
- innere 268f., 272^A, 276f.
 - periphere 269^A
- anterograd 54f.
- Anthere **479**, 480^A
- Entwicklung 618
 - Reifung 740
- Antheridiogen 476, 478
- Antheridium 440, 456, **474f.**
- Entwicklung 478
- Anthoceros* 83, 579
- Anthoceros punctatus* 301
- Anthocerotopsida (Hornmoose)
83, 474
- Anthocyan 109, 355f., 366
- Biosynthese 418, 522, 727

- - trimerer Transkriptionsfaktor-Komplex 729^A
- Anthocyanidin 354f., 356^A
- Anthocyanidin-Synthase 356^A
- Anthrachinon 355^A
- Anthranilat s. Anthranilsäure
- Anthranilat-Synthase 350^A
- Anthranilsäure 350^A, 366
- Anthropochorie **766**
- Anti-VIGS 844^A
- Antibiotikum 434, 526, **585f.**
- Resistenz 417, 587
- Transposon 417
- antiklin **162**, 172^A
- Antipode 453, 480^A, **481**
- Antipporter 219^A, 222f., 790
- Antirrhinum majus* (Löwenmäulchen)
- Blüte 739^A
- dominanter Erbgang 394f.
- Antisensesenzhormon 597
- Antoniusfeuer 367
- AOC (Allenoxidcyclase) 642^A
- AOS (Allenoxidsynthase) 642^A
- AOX (alternative Oxidase) 784^A
- AP1-Protein 736f.
- AP2-Protein 523, 719, 738, 740^A
- AP3-Protein 737f., 738^A
- Apatit 313
- APC-Komplex (anaphase promoting complex) 399^A
- CYCA/B-Abbau 661f.
- Apertur 743
- Apfel s. *Malus*
- Äpfelsäure 22^A, 104, 244, 284f., 337^A
- Antipporter 222, 305, 306^A
- Dissoziation 243^A
- Elektronendonator 292
- funktionelle Gruppe 22
- Glyoxylat-Zyklus 328^A
- Oxidation 338
- Pheromon 476
- Schließzelle 243f.
- Verwertung 288
- Aphidenttechnik 319
- Aphidicolin 585
- Apiaceae (Doldenblütler) 360
- Apicidin 585
- Apikaldominanz
- Sproß **662f.**, 686
- Wurzel **664**, **665^A**
- Apikalmeristem 101, **162**, 171^A, 697
- APL, TF 719
- Aplanospore 444, 446^A, 451
- Apocarotinoid 362
- Apoenzym 226
- Apomixis **482**
- Apomogeton* 741
- Apoplast 77, 318
- Apoptose 711, 724
- Aleuronzelle 618
- Autophagie 724, **741**
- Blütenorgan 740
- Hitzestreß 776
- hypersensitive 659, 823f., **825**, 843
- Laubblatt 760
- Mikrogametophyt 752
- Parenchym 786f.
- ROS 786^A
- Suspensor 756
- Apothecium **468**, 812f.
- Apposition 106^A, **106**
- APS (Adenosinphosphosulfat) 308f.
- APS-Reductase 309, 310^A
- APX (Ascorbatperoxidase) 784^A, 786^A
- Aquaporine 224^A, 780^A, 790
- Äquatorialebene 400
- Äquatorialplatte 405
- Äquidistanz **184**
- äquifaziales Blatt **187f.**
- Arabidopsis*
- 14-3-3-Proteine 700
- ACS-Gene 629
- Actingene 57
- Allelopathie 807
- Apikaldominanz 664f.
- - Sproß 664^A
- - Wurzel 665^A
- ARF-Transkriptionsfaktor 611
- *ATM*-Gen 508
- Auxinbiosynthese 603^A
- Auxinrepressor 611
- Blaulichtreaktion 678
- Blühinduktion 638, 640, 731f.
- Blütendiagramm 383^A, 739^A
- Blütenentwicklung 731f.
- Chromosomen 384^A
- Chromosomenzahl 391
- circadiane Uhr 690f.
- Circumnutation 689
- *Constans* 696^A
- Cryptochrome 678
- Cytochrom P450 596
- Datenbank 386
- Embryogenese 754f., 758, 760^A
- Endophyt 816
- Entwicklung s. Pflanzenentwicklung
- Ethylenwirkung 687^A
- Floral-dip-Methode 433^A
- Frucht (Schoten) 762, 764^A
- Gendosis 488
- Genexpression, hormoninduzierte 592
- Genom 381, **383f.**, 448, 521
- - Bibliothek 427
- - Duplikation 423
- - Introns 383, 385
- Gibberellin-Repressor 616
- Gravitropismus 703
- Habitus 383^A
- Hitzestreßbehandlung 492
- Hypoxie 787
- Insertionslinien 419
- Jasmonsäuresynthese 645
- Langtagpflanze 694
- Letalität 609
- MAP-Kinasen 634
- Meristeme 196
- Mikro-RNAs 719, 721f.
- Mutanten-Screening (Lichtreaktionen)
- NADH-Dehydrogenase 579^A
- Ökotyp 733, 735
- Pathogenresistenz 826
- Phosphorelais 598f.
- Photolyase 678
- Photomorphose 677^A
- Photoperiode 694
- Phytopathogen 823f.
- PIN-Protein 608
- Pollen 744^A
- Polyploidie 407
- PRC2-Repressor 735^A, 756^A
- Protease 574
- Protochlorophyllidoxidoreductase 684
- Resistenz (Pathogene) 823^A
- RNA-Editierung (Plastiden) 579
- ROP-Protein 746
- rRNA-Gene 532^A
- ruhendes Zentrum (Wurzelmeristem) 196
- Samenentwicklung 758f., 760^A
- Samenkeimung 677f.
- Scheitelmeristem 163^A
- Sproßmorphologie 717
- Stammzellen 716
- Thigmonastie 796, 801^A
- Transkriptionsfaktoren 423^A, 521f., 719
- Trichomentwicklung **728f.**
- Verbreitung (Samen) 765
- Wachstum 796^A
- Wurzel 706f.^A
- - Meristem 724f.
- Wurzelhaarbildung 645^A, 729f.
- Zn-Finger-Protein 523
- Arabidopsis*-Mutante
- *aba3* 636
- *ag-* 736f.
- *ap1-* 736f.
- *ap3/pi-* 736f.
- Blütenorganidentität 736
- *coi1-* 648
- *cop-* 683
- *cry1/cry2-* 678, 680^A
- *ctr-* 631^A
- *cuc-* 757
- *det-* 683
- *dwf* 624f.
- *ebf-* 631
- *ein-* 631
- *etr-* 631^A
- *etr1-* 645^A
- *fri-* 733
- frühblühende 734
- *fus-* 683
- *gl2-* 730
- *nos1-* 654^A
- *nox1-* 654^A
- *phot1/phot2-* 680^A
- *phy-* 686
- *phyA/phyB-* 680^A
- *sep-* 737^A
- Stärkesynthese 705
- *toc1-* 688
- *wuschel* 392
- *ztl-* 688
- Arabinogalactanproteine (AGP) **746**
- Matrix, extrazelluläre 743
- Morphogen 724
- Pollenschlauchwachstum 745f.
- Strukturprotein 566
- Wundverschluss 545
- Zellerkennung 545, 832
- Arabinose 17^A, 93, 746
- Araceae (Aronstabgewächse) 61^A, 658, 747
- Arachis hypogaea* (Erdnuß)
- Gravitropismus 702^A
- Same 321, 761
- Araucaria* 124
- Arbeit 207
- Arbuskel 814f.
- ARC (ADP-ribosylcyclase) 657^A
- Archaea 145f., 295, 422^A
- Biomembran 60, 130, 146^A
- halophile 293
- Merkmal 129
- methanogene 145, 341f.
- Prokaryot 72, 125, 134
- Stammbaum 127f., 131^A
- Archaeohiston 134, 146
- Archaeon 130
- Archegoniat, Generationswechsel 474f.
- Archegonium 440, **474f.**
- Entwicklung 478
- Archespor 474, **477**
- AREB-Transkriptionsfaktor 660
- ARF (auxin responsive factor) s. Transkriptionsfaktor, ARF
- Arg s. Arginin
- Arecaceae 759
- Arf-Protein 565
- Arginase 647
- Arginin (R, Arg) 25^A
- Codon **378**
- Coomassie-Brilliantblau 36

- Cyanophycin 143
- Histon 379
- NO-Synthase 652
- Polyaminbiosynthese 547^A
- Derivat 831^A
- Armillaria* (Hallimasch) 808
- Armleuchteralge s. *Chara*
- Armoracia rusticana* (Meerrettich) 370f.
- Armpalisade 192
- Arnica angustifolia*, Zugwurzel 202^A
- Arogenat-Dehydratase 350^A
- Arogenat-Dehydrogenase 350^A
- Arogenat-Transaminase 350^A
- Arogensäure 350f.
- Aromat 9^A, 349, 354, 375
- Aronstab s. *Arum maculatum*
- Aronstabgewächse s. Araceae
- ARR-Protein (Arabidopsis response regulator) 599f., 633, 660, 675
- Arsenomolybdat-Komplex 20
- Art s. Species
- Arthropoden 124
- Arum maculatum* (Aronstab) 407, 749
- Arzneimittel 349, 354
- AS, Transkriptionsfaktor 718^A, 757^A
- Asclepias* 364
- Asclepias curassavica* 365
- Ascogon 466f.
- Ascolichenes 811
- Ascomyceten (Schlauchpilze) 129, 462f.
 - Endophyt 816
 - Fungi imperfecti 470
 - Höhere 466f.
 - Holzabbau 808
 - Hyphen 157
 - Mycobiont 811
 - Mykorrhiza 814
- Ascorbat s. Ascorbinsäure
- Ascorbatperoxidase (APX) 784^A, 786^A
- Ascorbinsäure 628, 786
- Ascospore 462, 467f.
- Ascus 462, 466f.
- Asn s. Asparagin
- Asp s. Asparaginsäure
- Asparagin (N, Asn) 25^A, 303, 378, 760
- Asparaginsäure (D, Asp) 25^A, 244
 - anaplerotische Reaktion 339
 - Assimilattransport 319
 - CO₂-Fixierung 284
 - Codon 378
 - Cyanophycin 143
- Asparagus officinalis* (Spargel) 202, 749
- Aspartat s. Asparaginsäure
- Aspartat-Protease 574
- Aspergillus* 470
- Aspergillus nidulans* (Gießkannenschimmel) 444^A
- Aspirin 657f.
- Assemblierungskontrolle 582
- Assimilat 114, 315, 318f.
- Assimilatanreicherung 318
- Assimilation 331
 - Assimilationsstärke 83, 277f., 281^A, 284
 - Abbau 322
- Assimilationswurzel 204
- Assimilattransport 114, 315, 317f., 320^A
- Asteraceae (Korbblütler)
 - Alkaloide 366
 - Blüte 739^A
 - etherisches Öl 360
 - Embryogenese 482
 - Kautschuk 364
 - Löwenzahn 759^A
 - Proteroandrie 747
 - Stammsukkulente 181
 - Verbreitung 765
 - Zugwurzel 202
- Asteriscus pygmaeus* 250
- Astragalus bisulcatus* 545
- Astragalus pattersoni* 236
- Astragalus preussi* 236
- Ataxia-telangiectasia-Protein 508
- Atemwurzel 204
- ATF-Protein 839
- Atmosphäre 299, 342
- Atmung 342
 - anaerobe 341f.
 - klimakterische Frucht 632^A
- Atmungshemmstoff 341
- Atmungsintensität 341
- Atmungskette 80, 333f., 339f.
 - Cytochrom 271
 - Evolution 128, 225
 - Inhibitor 777^A
 - Kopplung an Citrat-Zyklus 337f.
 - Stickstoff-Fixierung 302
- Atmungskettenphosphorylierung 314, 340f.
- Atomkern 3, 7
- Atommasse 13
- Atomorbital 6f.
- Atomspektrum 260^A
- ATP s. Adenosintriphosphat
- ATP-Sulfurylase 309f.
- ATP-Synthase 80, 220^A, 275f., 295
 - Anhydridbindung 217
 - Archaea, halophile 293
 - Bakterienphotosynthese 292^A
 - Bakterium 221
 - Chloroplast 103, 221
 - Elektronentransport 266^A, 269^A, 339^A
- Membraneinbau 561
- Mitochondrion 221, 341
- Regulator 700
- Wasserstoff-Ionengradient 267, 292
- ATPase 55f., 219f., 235
 - Evolution 295
 - Regulator 700
 - *Saccharomyces cerevisiae* 37
 - Tonoplast 103, 287
 - Typen 220f., 790
- Atrazin 270, 792
- Atrichoblast 726, 727, 729f.
- Atriplex* (Melde) 284
- Atropa belladonna* (Tollkirsche) 104^A
- Auferstehungspflanze 250
- Aufsitzerpflanzen s. Epiphyten
- Augenapparat, *Chlamydomonas* 151f.
- Ausläufer s. Stolon
- Austauschdesorption 234f.
- Autochorie 764
- Autogamie s. Selbstbefruchtung
- Autoinduktor 147, 147f.
- Autonitrosylierung 653
- Autophagie 724, 741
- Autophagosom 741^A
- Autopolyploidie 407
- Autoradiogramm 511
- Autorepression 582, 660
 - Brassinosteroidsynthese 624^A, 626
- Autosom 749
- Autostimulation 660
- autotroph 251
- Autoxidation 310
- AUX s. Auxine
- AUX-Influx-Translokator 605f.
- Auxine 307^A, 591, 593f., 600f.,
 - Abbau 601, 604f.
 - Adventivwurzel 667^A
 - Antagonist 639
 - Apikaldominanz 662f.
 - Bindungsprotein (ABP) 609^A
 - Biosynthese 351^A, 601, 603^A
 - Gen 829^A, 831
 - Ort 605f., 708, 716
 - Blattanlage 717f.
 - Blütenentwicklung 740^A, 742^A
 - Efflux-Translokator s. PIN-Efflux-Translokator
 - Embryogenese 757
 - Genexpression, induzierte 592
 - Geschlechtsbestimmung 749
 - Gibberellinsynthese 615^A
 - Gravitropismus 706f.
 - Herbizid 609f., 630, 666, 794
 - Homöostase 604, 610
 - Influx-Translokator s. AUX-Influx-Translokator
 - Morphogenese 608
- Pflanzenregeneration 433, 666^A
- Phototropismus 679, 686
- Repressor (AXR) 610f., 624, 660
- Rezeptor 609f., 611^A
- Samenentwicklung 762
- Schattenvermeidungssyndrom 686f.
- Signaltransduktion 609
- Speicherform 603f.
- Sproßapikalmeristem 716, 719
- Stengelstreckung 608f., 615
- Transkriptionskontrolle 611^A
- Transport 605f., 660, 702
 - Embryogenese 757^A
 - Gravistimulation 707^A
 - Langstrecke 606
 - polarer 605
 - Förderung 687
 - Hemmung 660
 - Organisation 608
 - Sproßapikalmeristem 717f.
 - Wurzel 665^A
 - Störung 621
 - Tropismus 201
- Tumorbildung 593
- Verteilung 606
- Wirkung 606, 610, 615, 660, 719
 - antagonistische
 - Brassinosteroid 624
 - Ethylen 630
 - Kontrolle 610
 - synergistische, Brassinosteroide 624f.
- Wurzelhaarbildung 730
- Wurzelknöllchen 820
- Zellstreckung 607f., 615
- Zellzykluskontrolle 661^A, 662
- Auxin-Transporter 453^A
- Avena sativa* (Hafer)
 - Ernte 775
 - Kälteakklimatisation 776^A
 - Phototropismus 201
 - Phytochrom A 676^A
 - Säuregrad 235
- Avena*-Koleoptile 97^A, 706
- Test 602^A
- AVG (Aminoethoxyvinylglycin) 632f., 645^A
- Avirulenzprotein 826
- Avogadro-Zahl 13
- Avsunviroidae 30, 837
- Axonema 150^A, 447
- AXR-Repressor s. Auxine, Repressor
- Azid 341, 777^A
- Azolla* (Wasserfarn) 301
- Azospirillum* 301
- Azotobacter vinelandii* 301

- B**
- β-Faltblatt 33f.^A, 35^A, 62
 BA (Benzoessäure) 658^A
Bacillus 300, 585
 – Sigmafaktor 504
Bacillus thuringiensis 435
 Bäckerhefe
 s. *Saccharomyces cerevisiae*
 Bacteriorhodopsin 153
 BAH (Benzoessäure-Hydroxylase) 658^A
 BAK1-Protein (BR1-associated receptor kinase) 626f.^A
 Bakanae 612
 Bakterien 135f.
 – aerophile 261^A
 – Biomembran 60, 146^A
 – denitrifizierende 300
 – diazotrophe **816**
 – eisenoxidierende 293f.
 – Genexpression 493
 – gramnegative 140
 – grampositive 140
 – grüne 254, 290, 292
 – holzzerstörende 808^A
 – Merkmale 129
 – nitrifizierende 300f.
 – Organisation 72, 125
 – Phosphorelais 598
 – photoautotrophe 274, 296, 308, 805
 – photolithotrophe 672
 – photosynthetische 139, 253
 – phytopathogene 148
 – schwefeloxidierende 294
 – Stammbaum 128^A
 – Stickstoff fixierende 299f., 357
 – thermophile 427
 – Transformation 425
 – Transposon 417
 – Vektor 433
 – Wechselwirkung mit Wurzel 806^A
 Bakterienphotosynthese 291f.
 Bakteriochlorophylle 139, 254, 263, 291f.
 Bakteriophage 85^A, 429, 550, 835f.
 Bacteriorhodopsin 293
 Bakterizid **792**
 Bakteroid 820f.
 Baldriangewächse
 s. Valerianaceae
 Balsam 123
 Balsamtanne s. *Abies balsamica*
 BAP s. Benzylaminopurin
 Bariumsulfat 196, 704
 Bärlapp s. *Lycopodium*
 Bärlappgewächse
 s. Lycopodiopsida
 Basalkörper 53, 141, 447
 – Axonema 150
 Basen, seltene 23, 30f.
 Basenexzisionsreparatur 413
 Basenmodifikation 595
 Basenpaarung 389, 413
 Basidie 471f.
 Basidiolichenes 811
 Basidiomycetes (Ständerpilze) 129, 470f., 808
 – Endophyt 816
 – Entwicklung 471^A
 – Fadenthallus 157^A
 – Fortpflanzung 462
 – Gametangiogamie **440**
 – Holzabbau 808
 – Hyphen 157
 – Mycobiont 811
 – Mykorrhiza 814
 Basidiospore 470f., **472**
 basophil 235
 Bast 172f., **176**, 202f.
 Bastard (Hybride) 391f.
 Bastfaser 112, 168^A, 172^A, **176**
 Bastparenchym 172^A, 176
 Baststrahl 172^A, 173^A, 177, 203^A
 Baumfarne s. Cycadeen
 Baumwolle s. *Gossypium hirsutum*
 Bedecktsamer s. Angiospermen
 Beerenfrucht 759
 Befruchtung 396, 439f., **742**, 746
 – doppelte **481**
 – *Fucus* 453
 – Phaeophyceen 451
 – *Porphyra* 456
 – Pteridophyta 476
Beggiatoa 294, 308
Begonia rex, Kantenkollenchym 111^A
 Beiknospe 180
Benincasa hispida (Wachskürbis) 119^A
 Benz(a)pyren-Derivat, Mutagen 412f.
 Benzaldehyd 767^A
 Benzoessäure (BA) 658^A
 Benzoessäure-Hydroxylase (BAH) 658^A
 Benzylaminopurin (BAP) 595^A, 666f.
Berberis vulgaris (Berberitze) 193^A
 Bernstein **124**
 Bernsteinsäure 22^A, 244, 337^A
 – anaplerotische Reaktion 339
 – Elektronendonator 292
 – Glyoxylat-Zyklus 326f.
 BES1-Aktivator 626f.
 Bestäubung 742f., 744^A
 Bestäubungsbiologie 747
Beta vulgaris (Rübe) 204^A, 694
 – Ernte 775
 – Speicherstoff 321
Beta vulgaris ssp. *maritima* (Rote Rübe) 204^A, 367^A
 Betacyan 366
 Betalain 354, 366f.
 Betanidin 367^A
 Betaxanthin 367
Betula alba (Birke) 175f., 814
 Betulaceae 319
 Bewegung 54, 56, 191
 Bewegungsprotein, virales 78, 836^A, 838f., 842^A
 Bicyclomycin 585
 Bierherstellung 336
 bifazial 187
 Bildungsgewebe s. Meristem
 Bildungsort s. source
 BIN-Proteinkinase 626f.
 Bindung
 – energiereiche 27^A, **216**, 217^A
 – glykosidische **18**, 20f.^A, 37, 39, 322
 – hydrophobe 34^A, **35**
 – ionische s. Ionenbindung
 – kovalente 6f., 13, **34**
 – Peptid- s. Peptidbindung
 – Pi- 6f., **7**
 – polarisierte 10, 13
 – Sigma- 6f., **7**
 – Wasserstoffbrücken- s. Wasserstoffbrückenbindung
 Bindungselektron 7f.
 Bioenergetik 205
 Biofilm 135^A, 295
 Bioinvasion 807
 Biokatalysator 225
 biolistische Methode 432
 biologische Maschine
 s. Nanomaschine, biologische
 Biomembran 47f., **59f.**, 138
 – Aufbau 63
 – Evolution 130
 – Fluid-mosaic-Modell 63^A, 782
 – Funktion 65
 – Osmose 213
 – Permeabilität 65, 218
 – Plastide 81
 – Steroid 22, 621f.
 – System 66f.
 – Transport 218f.
 – Vesikelfluß 74f.
 – Wasserleitfähigkeit 224
 Biopharmakon 585, 592
 Biopolymer 1, 12, 26f., 41
 Biotin 312f.
 Birke s. *Betula alba*
 Birkenpilz s. *Leccinum scabrum*
 Bis(2-chlorethyl)-sulfid 413^A
 Bisphosphatidylglycerin 79
 1,3-Bisphosphoglycerinsäure (BPG)
 – Anhydridbindung 217^A, 313
 – Calvin-Zyklus 280^A
 – Glykolyse 229, 334f.
 Bitterstoff 347, 351, 357, 362
 Bivalent 403f., **403**, 405^A, 408, 415
 BL s. Brassinolid
 Blasentang s. *Fucus vesiculosus*
Blasia pusilla 301
 Blast-Suche (blast searches) 386
 Blatt 162, 165, **182f.**, 187f.
 – Assimilattransport 320
 – Bewegungsprotein, virales 78
 – Differenzierung 184
 – Entwicklung 717
 – Extinktion 258f.
 – geteiltes, Entstehung 720
 – im Schatten s. Schattenblatt
 – im Sonnenlicht s. Sonnenblatt
 – Schlafbewegung 689
 Blatt-Peroxisom 73
 Blattabwurf 307, 328
 Blattalterung 628, 645f.
 Blattanlage 163^A, 168^A, 187^A
 – Auxinverteilung 607, 717
 – Entstehung 162, 183^A, 716f.
 – HD-ZIP-Protein 721
 – Transkriptionsfaktor 522f.
 – *Welwitschia* 720
 Blattbewegung, *Mimosa* 797
 Blattdom 181^A, 183, **193^A**
 Blattentwicklung **183f.**, 187, 521, 720
 Blattdiederanke 193^A
 Blatfolge 184, 186^A
 Blattgelenk 191, 797f.
 Blattgrund 183f., 193
 Blattlaus 659, 839f.
 Blattmetamorphose 193^A
 Blattranke 193^A
 Blattraum s. Phyllosphäre
 Blattrosette 179, 185, 645^A
 Blattscheide 184, 201
 Blattspreite (Lamina) 184
 Blattspur **170^A**, 191
 Blattstellung 182, 184f.
 – decussierte 170^A
 – *Rumex palustris* 686^A
 – spirallige 716
 Blattstiel s. Petiolus
 Blattskulente 194
 Blaulichtreaktion 678
 Blaulichtrezeptor 673, **677f.**, 685
 Blausäure 371^A, 628, 767^A
 Blei 236, 789
 Bleichherbizid 792
 Bleomycin 585
 Blühinduktion **640**, 731f.
 – Außenfaktoren 713
 – Hemmung 619, 638, **640f.**
 – Nachtlänge 695^A
 – NO-Wirkung 654^A
 – Photoperiodismus 693f., 695^A
 – Regulation 523, 732^A
 – Repressor 641^A, 732

- Steuerung 654
- Störlicht 696^A
- Transkriptionsfaktor 522
- Vernalisation 733, **735**
- Blumenkohlmosaikvirus (CaMV) 835, 839
- Blumeria graminis* 816
- Blüte 479, 738^A, 747f.
- *Arabidopsis* 645^A, 733, 736f.
- gefüllte 736
- Blütenentwicklung 731f., 749
- AUX-Programm 740f.
- Ethylen 630
- FT-Protein 696
- Gibberellinsäure 618f.
- Jasmonsäure 645
- Phytohormon 740^A
- Salicylsäure 658
- vorzeitige 686
- Blütenfarbstoff 356, 366, 646
- Blütenmeristem 732^A, 735, 737
- Blütenorgan 736, 741
- Alterung 740
- Identität 732
- – Kontrolle 733, 736f.
- Blutungssaft 246f.
- Boden **233**
- Bodenkolloid 233f., 240^A
- Bodenlösung **233f.**
- Boehmeria nivea* (Ramie) 106, 111f.
- Boletus edulis* (Steinpilz) 157
- Bombacaceae 111
- Bor 3, 5
- Borke 173^A, 178
- Botrytis* 470, 827
- BPG s. 1,3-Bisphosphoglycerinsäure
- BR s. Brassinosteroide
- Bradford-Methode 36
- Bradyrhizobium* 819
- Bradyrhizobium japonicum* 821^A
- Brassica* 80, 752^A
- Brassica juncea* 236
- Brassica napus* (Raps)
 - AHAS-Mutante 795
 - Brassinosteroid 621
 - Ernteertrag 760
 - Glyoxysom 73
 - Herbizidabbau 796
 - Interzellulare 107^A
 - Same 761
 - Schwefelbedarf 308
 - transgener 434f.
- Brassica napus* ssp. *oleifera* 326
- Brassicaceae 308, 383, 814
- Auxinbiosynthese 603^A
- Blüte 733, 739^A
- Frucht 762
- Inhaltsstoffe 370
- Brassinazol (BZ) 621^A, 624^A
- Brassinolid (BL) 364, 594^A, 621f.
- Genexpression 592
- Signaltransduktion 626f.
- Wirkung 624^A
- Brassinosteroide (BR) 593, **620f.**
- Biosynthese 621f., 660
- Biotest 625
- Blütenbildung 732^A
- Leitbündel 723
- Rezeptor 626, 650^A
- Schattenvermeidungssyndrom 686f.
- Signaltransduktion 624
- Struktur 594^A, 621^A
- Transkriptionskontrolle 626f.
- Wirkung **624**, 660, 719
- Zellzykluskontrolle 661^A
- Brassylsäure 326^A
- Braunalgen s. Phaeophyceen
- Braunfäule 808
- Brefeldin A 585, 608
- Breitbandherbizid 795
- Brennessel s. *Urtica dioica*
- Brennhaar 109f., 118
- Brenztraubensäure 22^A, 334f., 338
- Benennung 244
- CAM-Stoffwechsel 287f.
- Decarboxylierung 325f., 336
- DXP-Weg 358^A
- Herbizidresistenz 795
- Opine 831^A
- PTS-System 501^A
- Transport 285
- BR11-Protein 626f.
- Bromeliaceae 238, 759^A
- Brownsche Molekularbewegung 213
- Brutbecher 443
- Brutblatt s. *Bryophyllum*
- Brutorgan 443
- Bryonia dioica* (Zaunrübe) 98, 800^A
- Bryophyllum* (Brutblatt) 443^A
- Bryophyten 128, **160f.**, 240, 474f.
- Bt-Toxin 435
- Buche s. *Fagus*
- Bufotenin 366^A
- 1,3-Butadien 9^A
- Butan 9^A
- Buttersäure 22^A, 244
- Butyrat s. Buttersäure
- BZ s. Brassinazol
- bZIP-Genfamilie 423^A
- bZIP-Protein 522, 640^A, 682^A, 700
- Exon-Shuffling 423^A
- FD- 697, 732^A
- BZR1-Repressor 624, 626f.
- C**
- C s. Cystein, Cytosin
- C-Wert **488**
- Paradoxon 384f., **385**
- C2-Oxidase 614^A
- C3-Oxidase 613f., 618
- C₃-Pflanze 284, 288, 424
- Kohlendioxid 290
- Wassernutzungseffizienz 286
- C₄-Pflanze 257, 288f., 424
- Kohlendioxid 290
- – Fixierung 283
- Photosynthese 284f.
- Wassernutzungseffizienz 286
- C19-Oxidase 613f.
- Hemmstoff 619
- C20-Oxidase 614f.
- Ca²⁺-Alginate 454^A
- Cactaceae (Kakteen) 181, 287
- Cadang-Cadang-Viroid 837
- Cadmium 235^A, 789
- Cadmium-Phytochelatin-Komplex 235^A, 790
- cADPR (Adenosindiphosphoribose, cyclische) 655, 657^A
- CAL, Protein 732^A, 736
- Calanthe triplicata* 781^A
- Calcineurin 655
- Calcium 591, 655f. 746^A
- bei Hypoxie 788^A
- Bindungsprotein s. Calmodulin
- Chlamyopsin-Aktivierung 151
- Graviperzeption 706
- Kanal 151, **222**, 453^A
- – cADPR-Bindung 657
- – Hemmung 704
- – mechanosensitiver 797
- – Pollenschlauchwachstum 746
- – signalkontrollierter 790^A
- – Tüpfelverformung 800
- Karyogamie 745
- Konzentration 54, 400, **655**
- – Elicitor 646^A
- – Erhöhung 679
- – Gerstenkeimung 617^A
- – Streßantwort 790
- Makroelement 3, 5
- Mangel 4
- Mikrotubuli-Bewegung 400
- Phosphat 313
- Phytopathogenabwehr 825
- Pollenschlauchwachstum 745
- Pumpe 221f.
- Regulation 79, 104
- Selbstinkompatibilität 752f.
- Signaltransduktion 640^A, 655^A
- Stomataverschluß 245f.
- Transportsystem 790
- Zellstoffwechsel 50
- Calciumbisulfit 117
- Calciumcarbonat 104, 110, 118
- Calciumcyanamid 299
- Calciumoxalat 104^A, 118
- Calmodulin (CaM) 54, 400, **655f.**
- Gerstenkeimung 617^A
- NO-Synthese 652^A
- Touch-Gen 797
- Calnexin 559, 567, 569
- Caloglossa leprieurii* 158^A
- Calreticulin 559, 567, 569^A
- Calvin-Experiment 278
- Calvin-Zyklus 277f., 288
- ATP 268
- Kohlenstoffkreislauf 342^A
- NADPH 268
- CaM s. Calmodulin
- CAM-Pflanze 283f., 288
- Stoffwechsel 284, 287^A
- cAMP 459f., 500f., 544, 657
- Rezeptorprotein (CRP) 460^A, **502**, 522
- cAMP-Phosphodiesterase (PDE) 459^A, 460^A
- Campanula rapunculoides* (Glockenblume), Blattstellung 185^A
- Campestanol 622^A, 624^A
- Campesterol 622^A
- Campher 346, 360^A
- Campherbaum s. *Cinnamomum camphora*
- Camphyloneuron* 119^A
- CaMV (Cauliflower mosaic virus) 835, 839
- Canavanin 777^A
- Cannabis sativa* (Hanf) 111, 694, 749, 774^A
- Capping 490, 507^A
- Kontrollpunkt 515f.
- Carageen 455f.
- Carbonsäure 13^A, **22^A**, 118, 244
- Carbonylgruppe 18
- Carbonylverbindung 13^A, **16f.**
- Carboxylat-Ion 11, 22^A, 244
- Carboxylgruppe 13^A, **22**, 24, 34
- Carboxypeptidase 330
- Carboxysom 83, 86, 139, 143f.
- Cardenolid 364
- Cardiolipin 79
- Carex*, Verbreitung 765
- Carnivore 124, 348
- β-Carotin 153, **264^A**, 362, 435
- Extinktion 261^A
- Carotinoide 263f., 362
- ABA-Biosynthese 637^A
- Absorption 259, 671^A
- Bakterienphotosynthese 291
- Biosynthese 692
- Chromoplast 81f., 86f.
- Extinktion 261^A
- Fruchtreifung 632^A
- LHCIIB-Komplex 563^A
- Lichtrezeptor 673
- Photosynthese 254, 272
- Purpurbakterien 291
- Wirkung 261
- Carpell s. Fruchtblatt
- Carrier s. Translokator
- Caryophyllaceae 366, 760

- Caryophyllales 354, 366
 Casparyscher Streifen 121^A
 – Exodermis 198
 – Nadelblatt 192
 – Transpiration 249
 – Wurzeldruck 239
 – Wurzelendodermis 197^A, 234f.
 Caspase 574, 825
Castanea sativa (Eiſtkastanie) 621
 Castanospermin 568^A, 585
 Castasteron (CS) 621^A, 623^A
 – Inaktivierung 622^A
 – Wirkung 624^A
 Catechol 16^A, 658^A, 807^A
Catharanthus, Auxinbiosynthese 603^A
Catharanthus roseus (Madagaskar-
 Immergrün) 349, 368f.
 Cauloid 450, 454
 Cavitation 248
 CBP-Komplex 518^A
 CCA-Protein 691^A, 693
 CCC (Chlorcholinchlorid) 614^A
 CCV (= clathrin-coated vesicle) s.
 Clathrin-Vesikel
 CDC25-Phosphatase 661^A
 CDF1-Repressor 695, 696f.^A
 CDK (Proteinkinase,
 cyclinabhängige) 661f.
 cDNA s. Desoxyribonucleinsäure,
 komplementäre
 CDP s. Cytidindiphosphat
Ceiba pentandra 111
 Cellobiose 92
 Cellobiose 38^A, 92
 Cellulase 92
 – Bakterien, phytopathogene 148
 – ETH-induzierte 630, 634, 787
 – Pflanzenparasit 809
 – Protoplastenbildung 431, 799
 Cellulose 26, 90f., 132
 – Abbau 808^A
 – Gefäß 115
 – Holz 41
 – Kohlenstoffkreislauf 342^A
 – Makrocyste 459
 – Polysaccharid 38^A, 342^A
 – Zellwand 47, 88, 97
 – – Aufbau 94f.
 – Samenruhe 768
 – Synthese 91f. 607
 – Textur 112
 Cellulose-Synthase 91f.
 Cellulosepilze s. Oomyceten
 Cellusom 808^A, **808**
Centaurea cyanus (Kornblume) 356
Centaurea maculosa (Gefleckte
 Scabiose) 807^A
 Centromer 379, 383f.
 Centroplasma **143**, 144^A
 Centrosom 53
Cephalanthera damasonium
 (Weiſes Waldvöglein) 815
 Cephalosporin 585
Ceratium horridum, Chromato-
 phor 84^A
Ceratopteris richardii 476, 478
 CEZ (central elongation zone) 706, 707^A
 cGMP s. Guanosinmonophosphat,
 cyclisches
 Chalaza 481
 Chalkon 355f.
 Chalkon-Flavanon-Isomerase 356^A
 Chalkon-Synthase 355, 357^A
 Chaperone **504**, 548f.
 – Ca²⁺-abhängiges 567
 – Calreticulin 569^A
 – chemisches 780
 – FACT 520
 – Funktion 555f.
 – Gen 761, 776
 – HC-pro 840
 – Hitzestreßprotein **550**, 776f.,
 780^A
 – – Hsp17 492
 – – Hsp70 418, 552
 – Hitzestreßregulon 504
 – im ER 569
 – LEA-Typ 780^A, 782
 – Maschine 552f.
 – Netzwerk 550, 554f.
 – Plastide 580f.
 – Proteinfaltung 35, 554f.
 – Proteinimport 561^A
 – RNA-Polymerase 496
 – SF1 508, 510^A
 – Spleißen 511
 – Streß, oxidativer 786
 – Synthese 555^A, 777f.
 – U2AF 508, 510^A
 – Virusverbreitung 836
 – Zell/Zell-Transport 726
 Chaperonin 35
Chara (Armleuchteralge) 57, 196,
 703f.
 Chelat 791
 Chelatkomplex 236f.
Chelidonium 765
 chemiosmotische Hypothese 274
 chemolithoautotroph **293**, 295
 Chemonastie 191
 Chemophobotaxis 142^A
 Chemosynthese 294^A, 342^A
 Chemotaxis 141, 459, 474, 743,
 746
 – Pistill 743f.
 – positive 348
 Chemotopotaxis 142^A
 chemotroph **251**
 Chemotropismus 201
 Chiasma 405
 Chicle 365
 Chinarindenbaum
 s. *Cinchona officinalis*
 Chinin 349, 369
 Chinon 355^A
 Chinon/Hydrochinon-System 355
 Chitin 38^A, 463
 Chitinase 105, 463, 828
 Chitinpilze s. Ascomycetes,
 Basidiomycetes
Chlamydomonas 447f.
 – Dicytosom 68
 – essentielles Element 3
 – Fortpflanzung 442
 – Grünlichtrezeptor 674
 – Pyrenoid 83
 – Spleißen, trans 578
 – Stigma 152
 – Translation, lichtkontrollierte 581
 – Zellwand 149
 – Zell/Zell-Erkennung 746
Chlamydomonas eugametos 385
Chlamydomonas reinhardtii 26,
 149^A, 152^A, 445f.
 – Geißel 150
 – Phototaxis 151f., 673
 – Translationskontrolle 583^A
 Chlamyopsin 151, **153**
 Chlor 3, 5, 243
 Chloramphenicol 417, 585^A
 4-Chlor-5-bromindoxyl- β -D-
 glucuronid 368
 Chlorcholinchlorid (CCC) 613f.
Chlorella 278, 291^A
 Chlorenchym s. Photosynthese-
 gewebe
 Chloretylphosphonsäure 632f.
 Chlorid-Kanal 222, 246
 Chlorindol-3-essigsäure 601^A
 Chlorobiaceae (Grüne Schwefel-
 bakterien) 290, 292^A, 296
 Chlorobionta 133, 145
Chlorobium, Photostromdichte 672
 Chlorococcales 64^A
Chlorococcum echinozygotum 149^A
 Chloroflexaceae
 (Grüne Flexibakterien) 290
 Chlorophyceen (Grünalgen) 128^A,
 156^A, 448, 811, 813
 Chlorophyll a, s.a. Chlorophylle
 81f., **261f.**
 – Absorption 671^A
 – Anregung 265f.
 – Bakterien 143
 – Cyanelle 86
 – LHClI-Komplex 269, 563^A
 – Lichtsammelantenne 269, 454
 – Phaeophyceae 451
 – Photosynthese 254f., 272f.
 – Rhodophyta 454
 Chlorophyll b, s.a. Chlorophylle
 81f., **261f.**
 – Absorption 671^A
 – Bakterien 145
 – Energietransfer 563^A
 – LHClI-Komplex 269
 Chlorophylle 73, 82, 132, 262f.,
 307^A
 – a s. Chlorophyll a
 – Abbau 645f.
 – Absorption 243, 259, 261, 265^A
 – Anregung 265^A
 – b s. Chlorophyll b
 – Bindeprotein 263, 269
 – Biosynthese 237, 584^A, 684
 – Extinktion 261^A
 – Fruchtreifung 632^A
 – Photosynthese 254, 276
 – – P680
 – – – Phycobilisom 291^A
 – – – System II 269f., 582^A
 – – – Z-Schema 274^A
 – – P700 272^A, 274^A
 – – P840 292
 – – P870 291f.
 – Synthese 418
 Chlorophyllid 684^A
 Chlorophyllmangel s. Chlorose
Chlorophytum comosum
 (Liliengrün) 112
 Chloroplast **83f.**, 149
 – ATP-Synthase 275
 – Biomembran 48
 – Calvin-Zyklus 279
 – CK-Wirkung 597
 – Dichte 49
 – Energiewandlung 208^A
 – Entstehung 422
 – Evolution 86, 130f.
 – Fettsäuresynthese 324f.
 – Genexpressionskontrolle 583
 – Genom s. Plastom
 – Glaucophyta 86
 – Leitbündelscheide 284f.
 – Lipid 60
 – Merkmal 73
 – Mesophyll 284f.
 – Nitril-Reduktion 304
 – Photorespiration 282^A, 283^A
 – pH-Wert 44, 275
 – Pigment 259f., 262
 – Positionierung 680
 – Proteinimport 559f.
 – Stärkesynthese 40
 – *Ulothrix* 156
 – Sternmoos 256^A
 – Tomate 84^A
 – Typ 81f.
 – Vorläufer 130, 424
 Chloroplastendimorphismus
 284f.
 Chlorose **4^A**, 237

- Chlorosom 254, 292f.
 Chlorsulfuron 793, 795^A
 Cholesterin 22, 59, 79
 Cholin 22f.
 Chondriom **384f.**
 – *Arabidopsis thaliana* 381
 – Evolution 130, 388, 575
 – Höhere Pflanze 80
 – *Nicotiana tabacum* 386
 – Vererbung, extrachromosomale 415
 Chondrus 455
 Chorea Huntington 551
 Chorimat s. Chorisminsäure
 Chorimat-Mutase 350^A
 Chorimat-Synthase 352^A
 Chorisminsäure 350f.^A, 355
 Christrose s. *Helleborus niger*
 Chromatiaceae (Schwefelpurpurbakterien) 290f.
 Chromatide 397f., 402f., 405f.^A
 Chromatin 379f.
 – aktives 382, 494^A, 734
 – Imprinting 756
 – inaktives 382, 734
 – kondensiertes 519^A
 – Metaphase 398
 – Umformungskomplex 519^A, 520
 – Vergleich mit Karyoplasma 70, 72
 – Verpackung 380^A, 398
 Chromatinapparat 143
 Chromatindomäne 380f., 519f.
 Chromatinfibrille 379f.
 Chromatinschleife 404
 Chromatophor 81, 83f.
 Chromatoplasma 143
 Chromophor **153^A**
 Chromoplast 48, 81f., **86f.**, 265
 Chromoprotein 36, 651, 671, 673f.
 Chromosomen 129, 378, 380f.
 – Allopolyploidie 408
 – *Arabidopsis thaliana* 384^A
 – Bewegung 400
 – Dekondensation 399
 – Endomitose 407
 – Entstehung 130
 – Funktionsform 399
 – Genkartierung 403
 – homologes 391, 402, 404f.
 – Kondensation 397, 402, 405f.
 – Kopplungsgruppe 406^A, 415
 – Meiose 402f.
 – polytänes 407
 – Segmentaustausch 403, 405^A
 – Strukturierung 520
 – Transportform 397
 – Vererbung, Theorie 396f.
 – Verteilung 399, 402, 407f.
 Chromosomenmutation 409^A
 Chromosomensatz 391, 402, 407
 – haploider 439, 488
 Chromosomen skelett 380
 Chromosomenstruktur 398^A
 Chromosomenzahl 391, 402
 Chromozentrum 379
Chrysanthemum hort. 694
 Chrysolaminarin 40
 Chrysophyceen, Photosynthesepigment 264
 chymochrom 355^A
 Cilie 447f.
Cinchona officinalis (Chinarindenbaum) 349, 369
 1,8-Cineol 346^A, 360
Cinnamomum camphora (Campherbaum) 360^A
 Circadianrhythmus **688f.**
 – bei Pilzen 692
 – Constans 695f.
 – Dunkelreversion 676
 – Gen 682^A
 – Kontrolle 679
 – molekulare Uhr 512, 692
 – Nia-Gen 699^A
 – Nitrat-Reductase 700
 – Regulation 522
 – Schaltmechanismus 695
 – Steuerung 674
 – Transkriptionsfaktor 522
 Circummutation **689**
 – *Bryonia* 800^A
 – *Cuscuta europaea* 810
 cis-OPDA (Oxo-phytodien säure) 642f., 800
 cis-Spleißen s. Spleißen
 cis/trans-Isomerie 11
 Cistron **497**
 Citrat 22^A, 104, 244, 328^A, 337^A
 Citrat-Synthase 327f., 337^A
 Citrat-Zyklus 336f.
 – anaplerotische Reaktion 339
 – Hexose-Dissimilation 333f.
 – Kohlenstoff-Kreislauf 342^A
 – Lokalisation 80
 – reduktiver 293
 – Stickstoff-Reduktion 302
 – Triglycerid-Umwandlung 326
Citrobacter freundii 301
 Citronellol 360^A
 Citronensäure s. Citrat
 Citronensäure-Zyklus s. Citrat-Zyklus
 Citrullin 318
Citrus paradisi (Grapefruit) 362f.
 Citrusgewächse s. Rutaceae
 CK s. Cytokinine
 CK-Signal, Transduktion 600^A
 CKX (Cytokinin-Oxidase) 597^A
Cladonia rangiferina (Strauchflechte) 812
Cladophora 73, 156^A, 262, 448f.
 – Scheitelzelle 157
 Clathrin 75
 Clathrin-Vesikel 68^A, 75, 564^A, 745
 CLAVATA-Protein 715^A, 719
Claviceps purpurea (Mutterkornpilz) 367
 CLE42-Peptid 724
Clematis 765
Clematis vitalba 107^A, 170^A
Clivia miniata 108^A
Clostridium pasteurianum 301
 Clusiaceae (Hartheugewächse) 360
 CLV3-Protein 649^A
 – Rezeptor 650^A
 CMP s. Cytidinmonophosphat
 CNA-Protein 719f.
 CO s. Constans-Protein
 CoAL (Coenzym-A-Ligase) 642^A
 Coated vesicle (CV) 75
 Coatprotein-Vesikel (COP) 76, 564f., 568f.
Coccinella septempunctata (Marienkäfer) 659
Cocos nucifera (Kokospalme) 111f.
 – Frucht 759^A
 – Same 761
 – Verbreitung 765
 – Viroidinfektion 837
 Code, genetischer **376f.**, 410
 Codein 349, 369f.
 Codon 377f.
 – Mutation 410
 Coenobium 134, 148^A, **148**
 Coenoblast **72**, 155f.
 – *Cladophora* 157, 448
 – *Halicystis ovalis* 449
 – Milchröhre, ungegliederte 113
 Coenocyte s. Coenoblast
 Coenzym 226
 Coenzym A 312^A, 336
 Coenzym-A-Ligase (CoAL) 642^A
 Coevolution 347, 364, 747, 831f., 841
Coffea arabica (Kaffeestrauch) 694
 Cohesin 380, 398f., 402, 404, 406
 COI1-Protein 647
 Coir-Faser 111
 Colchicin 52, 54, 407
Colchicum autumnale (Herbstzeitlose) 54, 407
Coleus blumei 703^A
 Columellazelle 705f., 801
Commelina communis 88^A, 189^A
 Concanavalin A 566
Conchocelis 455f., 457^A
 Condensin 380, 397, 402
 Coniferen
 – Anemogamie 747
 – Chloroplast 83
 – Frostresistenz 776
 – Gravimorphose 703
 – Harz 124
 – Nadelblatt 192
 – Schließhaut 98
 – Vererbung 416
 Conferylalkohol 40^A, 41^A, 351
 Coniin 366^A
Coniophora puteana (Kellerschwamm) 808
Conium maculatum (Gefleckter Schierling) 366
 Connexinkanal 148
 Consensussequenz 490f., 503
 Constans-Protein 693, 695f., 698
Convallaria 364
Convallaria majalis (Maiglöckchen) 119^A, 191^A, 360
 Coomassie-Brillantblau 36^A
 COP s. Coatprotein-Vesikel
 COP-Protein 682f.
 COP9-Signalosom 573, **683**
Corallorrhiza trifida (Korallenwurz) 815
Corchorus (Jute) 111
 Cordycepin 585, 587^A
 Corolla (Krone) 479
 Coronatin 648^A
 Corpus 162f., 714f.
Corydalis 765
Corylus (Hasel) 747, 765
 Cosubstrat 226f.
 – Kohlenstoff-Assimilation 255
 – Reduktion 253
 CPC-Protein s. MYB-Transkriptionsfaktor, CPC
 Cpn60/Cpn10-Maschine 553
 CPSF-Komplex 517f.
 Crassulaceae (Dickblattgewächse) 287
 crassulacean acid metabolism s. CAM-Pflanze, Stoffwechsel
Craterostigma plantagineum 250
Crepis 482
Crepis capillaris, Karyogramm 391^A
 Creutzfeldt-Jacob-Syndrom 551
 Cristae 79f., 83
 CRL-E3-Komplex 573, 683^A, 691
 – Constans-Abbau 696^A
 – HY5-Abbau 682^A
Crocus (Krokus), Heterorhizie 202
 Crossing-over 402f., 422, 468
 Crosslinking 412, 414
 CRP s. cAMP, Rezeptorprotein
 CRP-Box 502
 CRP-cAMP-Komplex 500, 503
 CRP-Rezeptorprotein 501
 cryptobiotisch 250

- Cryptochrome **678f.**
 – Absorptionsbereich 671^A
 – circadiane Uhr 691f.
 – Constans-Abbau 695f.
 – COP1-Komplex 683f.
 – Lichtrezeptorprotein 673f.
 – Photomorphogenese 681f.
 Cryptomonaden 132
 Cryptophyceen 263
 Cryptophyta, Pigment 254
 CS s. Castasteron
 CS-Lyase 545^A
 CSN-Komplex
 s. COP9-Signalosom
 CstF-Komplex 517, 518^A
 CTD-Kinase 517
 CTD-Phosphorylierung 515
 CTP (Cytidintriphosphat) 27
 CTR1-Repressor 630f., **633f.**, 635^A
 – Wurzelhaarbildung 731
 CUC, Transkriptionsfaktor 717, 719, 757^A
Cucumis 618, 687^A, 749,
Cucumis sativus (Gurke) 694
Cucumis melo (Melone) 80
Cucurbita pepo (Kürbis), Pollen 121^A
 Cucurbitaceae (Kürbisgewächse) 98, 119^A, 169, 318f.
Culcasia liberica 61^A
 Culline 572f., 683f.
 Coumarin 349, 351^A, **353^A**, 646
 Coumaroyl-Coenzym A 355, 357^A
 Cumarylalkohol 40f. 351
 Cumarsäure 351^A, 353^A
 Cumarsäure-O-glucopyranosid 353^A
 Cupressaceae (Zypressen) 124
Cuscuta europaea (Kleeseide) 810^A
Cuscuta odorata (Teufelszwirn) 78^A
 Cuticula 118f.
 – Epidermiszelle 108^A
 – Laubblatt 188^A
 – Nicht-Wirts-Resistenz 823
 – Transpiration 240f.
 Cuticularleiste 118f., 190^A
 Cuticularschicht 108^A, 119
 Cutin **118f.**
 – Bestandteil 22
 – Casparyischer Streifen 121
 – Epidermiszelle 108
 – Schutzstoff 348
 Cutinase 119, 743, 745, 809
 Cutisgewebe 102, 121, 198
 Cutiszelle 121
Cutleria 451f.
 CV (Coated vesicle) 75
 Cyanelle 86, 130
 Cyanid 341
 Cyanidin 356^A
 Cyanoalanin 628^A
 Cyanobakterien 134f., **143f.**
 – Atmungskette 340^A
 – Coenobium 148
 – Cyanelle 86
 – Evolution 127f., 131^A, 296, 424
 – Flechte 811
 – Gasvesikel 59
 – Lichtreaktion 340^A
 – Photobiont 811, 813
 – Photosynthese 255, **291**
 – Plastidenvorläufer 79
 – Stammbaum, Organismen 128^A, 422^A
 – Stickstoff fixierende 302
Cyanophora paradoxa 86^A, 130
 Cyanophycin 143f.
 Cyanophyta 454
 Cyanwasserstoff (HCN) 12, 130
 CYC/CDK-Komplex s. Mikroprozessor, biologischer
 Cycadeen (Baumfarne) 171
 Cycle-Sequencing-Methode 430
 Cyclin 600, 661f.
 Cycloartenol 622^A
 Cyclohexan 10^A
 Cyclohexanol 10^A
 Cycloheximid 537, 585
 Cyclooctaschwefel 308
 Cyclopamin 363^A
 Cyclopentadien 10^A
 Cyclopentan 10^A
 Cymen 360^A
 CYP707A-Monooxygenase 636, 638^A
 Cyperaceae (Riedgräser) 118
 Cyperales 814
 Cystein (C, Cys) 24f., 310^A, **311^A**
 – Blausäure-Entgiftung 628^A
 – Codon **378**
 – Eisen-Schwefel-Zentrum 313
 – Protease 574
 Cystein-Protease 574
 Cystein-Synthase 311^A
 Cystin 26^A
 Cytidin 27
 – Deaminierung 579^A
 Cytidindiphosphat (CDP) 27
 Cytidinmonophosphat (CMP) 27
 Cytidintriphosphat (CTP) 27
 Cytochalasin 453, 704
 – B 52, 56
 – C 585
 – D 608
 Cytochrom **271f.**, 340^A, 596
 – a/a₃-Komplex 339^A, 340
 – b/c₁-Komplex 271
 – – Atmungskette 339^A, 340
 – – Bakterienphotosynthese 292f.
 – – Evolution 295
 – b₆/f-Komplex 271
 – – Aufbau 271^A
 – – Cyanobakterium 340
 – – Elektronentransport 266f., 269^A, 272
 – – Lichtreaktionen 274^A
 – – Prozessierung mRNA 577^A
 – – Regulation 581
 – – Synthese 581
 – – Verteilung 276^A
 – b557 304
 – c 271, 340
 – – Pathogenabwehr 825
 Cytochrom-c-Reductase 73
 Cytochrom P450 596^A
 Cytochrom-P450-Reductase 596^A
 Cytochromoxidase 73, 820
 Cytokin 597
 Cytokinase s. Zellteilung
 Cytokinine (CK) 591, 594f., **595**, 597^A
 – Abbau 597^A
 – Apikaldominanz 663f., 665^A
 – Attraktionswirkung 321^A
 – Biosynthese 596f., 660
 – – Gen 829^A, 831
 – – Ort 195
 – ETH-Synthese, Stimulation 629
 – Geschlechtsbestimmung 749
 – Gravitropismus 706f.
 – Hemiterpen 359
 – Isoprenoid-
 s. Isoprenoid-Cytokin
 – Knollenbildung 698
 – Mikroorganismus 593
 – Pflanzenregeneration 666^A
 – Retentionswirkung 321^A
 – Rezeptor 599^A
 – Signaltransduktion 600^A
 – Sproßapikalmeristem 716, 719
 – Sproßregeneration 433
 – Verteilung 706f.
 – Wirkung 597f., 660, 676
 – – Repressor 600^A
 – – Sproßapikalmeristem 719
 – Wurzelknöllchen 820
 – Zellzykluskontrolle 661f.
 Cytokinin-cis-Hydroxylase 595
 Cytokin-Oxidase (CKX) 597^A
 Cytoplasma 47f.
 – ABA-Synthese 636f.
 – Gibberellinsynthese 613f.
 – Kompartimente 59
 – pH-Wert 44
 – Strömung 57
 – Viskosität 49, 56
 Cytoplasmamembran 138, 141
 Cytoskelettsom 51, 57f.
 Cytosin (C) 23f., 27f., 375
 Cytoskelett 47^A, **51**, 78
 – corticales 47^A, 91
 – Eigenschaft 52
 – Eubakterien 139
 – Protein 49
 – System 399f., 801
 Cytosol **48**
 – Proteinimport 557^A
 Cytostatikum 54, 361, 368
 CytP450-Reductase 596^A
 cZ (cis-Zeatin) 595^A
- ## D
- D s. Asparaginsäure
 2,4-D s. Dichlorphenoxyessigsäure
 D1-Protein 576, 580f., 582^A, 794
 – Translation 581f., 583^A
 D2-Protein 576, 582^A
Dahlia variabilis 203, 204^A, 694
 Dahlie s. *Dahlia variabilis*
 DAHP (Desoxiarabinosedoheptulosäure-7-phosphat) 350^A
 DAHP-Synthase 350^A
 Datenbank 386
Datura stramonium (Stechapfel) 349
Daucus carota (Karotte)
 – Allorhizie 200^A, 204
 – Blühinduktion 695
 – Carotinoid 362
 – Geschlechtsbestimmung 86
 – Vernalisation 735
 Dauergewebe 101f., 711
 DCMU (Dichlorphenyldimethylharnstoff) 270
 DCPIP (Dichlorphenol-indophenol) 255f.
 ddNTP (Dideoxynucleosid-triphosphat) 429f.^A
 Deaminase 579^A
 Deaminierung, Cytidin 579^A
 Decapping-Komplex 542
 Decarboxylierung, oxidative 334, 336
 Deckblatt 179
 Deetiolierung 677, 680f., **681**
 Defensin 828
 Degronmotiv 611^A
 Dehiszenz **645**
 Dehnungswachstum
 s. Flächenwachstum
 Dehydrierung 16f., 34
 Dehydrin 638, 782
 Deletion **409f.**
 DELLA-Repressor 616f., 620^A
 DELLA-Transkriptionsfaktor 523, **616f.**, 620^A
 Delphinidin 356^A
 Demethylase, REF6 734
 Denaturierung, Biomembran 62
 Denitrifikation 300^A, 341
 Deoxocasteron 623f.^A
 Deoxoteasteron 623f.^A
 3'-Deoxyadenosin s. Cordycepin

- Deplasmolyse 214
Derbesia marina s. *Halicystis ovalis*
 Dermatogen 755^A
 Derubylierung 684
 Desaturase 325^A, 326
Deschampsia 738
 Desmotubulus 47^A, 77, 78^A, 726
 Desoxiarabinosedoheptulosan-
 säure-7-phosphat (DAHP) 350^A
 Desoxyadenosin 27
 Desoxynucleosidtriphosphat 388
 Desoxyribofuranose 27
 Desoxyribonucleinsäure (DNA)
 11, 28f., 37, 50^A, 129, 134,
 375f., 487
 – Bindungsdomäne 423^A, 611^A,
 736
 – – ARR-B 600^A
 – chromosomale 72
 – Cyanobakterium 143
 – *E. coli* 136
 – Einzelstrang- 830
 – Information 428
 – Klonyerung 485f.
 – komplementäre (cDNA) 428f.,
 492
 – Matrize 428
 – Matrizenstrang 495^A
 – mitochondriale (mtDNA) 80f.
 – Modifikation 382, 749, 756^A
 – Nachweis 29, 412
 – Nucleoid 137^A
 – plastidäre s. Plastiden-DNA
 – Reparatur s. DNA-Reparatur
 – Replikation s. DNA-Replikation
 – Satelliten- s. Satelliten-DNA
 – Schutz 348
 – Strahlenschaden 411, 414
 – Struktur 28f., 375f., 397
 – synaptonemaler Komplex 404
 – Thymin, Dimer 414^A
 – Verpackung 378f.
 – Watson-Crick-Modell s. Des-
 oxyribonucleinsäure, Struktur
 – zirkuläre 29
 – – bakterielle 134
 – – Plasmid 135, 138
 Desoxyribonucleosidtriphosphat
 428f.
 Desoxyribose 17^A, 27, 495
 Desoxyxylulose-5-phosphat
 (DXP) 358^A
Desulfovibrio 308
 Desulfurikation 341
 Detergens 62, 362
 Determinationszone 168
 Deuterium 257
 Dextrin 336
 DEZ (distal elongation zone) 706,
 707^A
 Dhurrin 370f.
 Di-Snurp-Komplex 509
 Diacetylmorphin (Heroin) 369
 Diagravitropismus 701^A, 703
 Diakinese 405
 Diamid 777^A
 Diaminobenzidin 73^A
 Diaminofluorescein 654^A
 Diaminopimelinsäure 139
 Diaspore 713, 764f.
 Diatomeen (Kieselalgen) 3, 118,
 263f.
 Diatropismus 201
 6,6-Dibromindigo (Purpur) 368^A
 Dicamba (Dichlormethoxy-
 benzoessäure) 610^A
 Dicarbonsäure 22
 DICER-Komplex 722^A, 844^A
 Dichasium 180^A, 180
 4,4-Dichlor-5,5-dibromindigo
 368^A
 Dichlorchlorinlincarbonsäure 610^A
 Dichlormethoxybenzoessäure
 610^A
 2,6-Dichlorphenolindophenol
 (DCPIP) 255f.
 Dichlorphenoxyessigsäure
 (2,4-D) 601^A, 610, 666
 Dichlorphenoxypropionsäure 610^A
 Dichlorphenyldimethylharnstoff
 (DCMU) 270
 Dichlorprop-P 610^A
 Dichotomie 159^A, 179
 Dichtähre s. *Pachystachys lutea*
 Dickblattgewächse
 s. Crassulaceae
 Dickenwachstum 170, 178, 204
 – sekundäres
 – – Sproßachse 171f., 177, 723
 – – Wurzel 195, 202f.
 – Zellwand 97, 106^A, 122
 Diclofop 793
 Diclorprop-P (Dichlorphenoxy-
 propionsäure) 610^A
Dictamnus albus (Diptam) 123^A
 Dictyosom 47^A, 64^A, 68f., 75^A
Dictyostelium discoideum 458f.,
 461f.
Dictyota dichotoma 159^A, 451f.
 Dictyoten 451^A
Didemnum (Seescheide) 145
 Didesoxymethode 429^A
 Didesoxynucleotid 429
 Didesoxyribonucleosidtriphosphat
 (ddNTP) 429f.
 Didesoxyribonucleotid 429
 DIF-1 461^A
 Differenzierung
 – Blatt 184
 – Embryo 757
 – Gewebethallus 158f.
 – Siebelement 105
 – *Volvox* 154
 – Wurzel 198
 – Zelle 101f., 106, 167
 Differenzierungszone 168, 195f.
 Diffusion 59, 78, 212f., 213, 218
 – Apoplast 235
 – Assimilat 317f.
 – erleichterte 222
 – Kohlenhydrat 317^A
 – passive 235
 Digalactosyldiglycerid 23, 60
Digitalis lanata (Wolliger Finger-
 hut) 349, 364
Digitalis purpurea (Roter Finger-
 hut) 364, 694f., 735
 Digitoxigenin 363f
 Digitoxin 364
 Digoxigenin 363f.
 Digoxin 349, 364
 Dihybride 394
 Dihydroflavonol 356^A
 Dihydroflavonol-Reductase 356^A
 Dihydrogenphosphat 297, 313
 Dihydrophaseinsäure 636, 638^A
 Dihydroxy- α -carotin 264
 Dihydroxyaceton 16, 17^A
 Dihydroxyacetonphosphat 280f.,
 324^A, 326, 334f.
 Dikaryon 470
 Dikotyle s. Dikotyledonen
 Dikotyledonen
 – Initialzelle 164
 – Keimblatt 186
 – Leitbündel 169f., 191^A
 – Lignin 41^A
 – Meristem 713^A
 – Organisation 163^A
 – Polyploidisierung 423
 – Primärwand 97
 – Restmeristem 168
 – Schließzelle 243
 – Siebröhre 114
 – Tunica 714
 Dilatation 172, 177, 203
 Dimerisierung, Pyrimidinbase 411
 Dimethylallylpyrophosphat
 (DMAPP) 358f.
 Dimethylnitrosamin, Mutagen
 413^A
 Dinitrogenase 302f.
 Dinitrogenase-Reductase 303
 Dinitrophenol 777^A
 Dinophyceae 283^A
Dionaea muscipula (Venusfliegen-
 falle) 798^A
Dioscorea 362
Dioscorea spinosa 204
 Diosgenin 363^A
 Diosgenin-Glykosid 362
 Dioxygenase 613f., 636, 637^A,
 664
 diözisch 440, 479, 749
 Dipeptid 32^A
 diploid 391, 439
 Diplont 441^A, 452
 Diplotän 403^A, 405
 Dipol 35, 42f.
 Diptam s. *Dictamnus albus*
 Disaccharid 19f., 23, 38
 Dissimilation 331, 333f.
 Distamycin 585
 Distickstoff
 s. Stickstoff, elementarer
 Disulfidbindung
 – Cystin 26^A
 – Protein 34^A, 549
 – Glykoprotein 569
 Disulfidisomerase 544
 – ERp57 569^A
 Diterpen 54, 349, 359^A, 361
 Dithiol-Disulfid-Konversion 310
 Dithiopyr 793
 diurnaler Säurerhythmus 288
 Diuron 270
 Divergenzwinkel 185
 Diversifizierung 423
 DMAPP (Dimethylallylpyro-
 phosphat) 358f.
 DNA s. Desoxyribonucleinsäure
 DNA-Amplifikation 428
 DNA-bending 502, 523
 DNA-Bindeprotein, single strand
 832
 DNA-Bindungsdomäne 496, 502,
 505
 – AP2 s. AP2-Protein
 – Transkriptionsfaktor 521f., 524
 – WRKY s. WRKY
 DNA-Gehalt 396f.
 DNA-Glycosylase 413
 DNA-Helikase 388^A, 515
 DNA-Klonierung 425f.
 DNA-Ligase 389, 427
 DNA-Polymerase 389, 427f., 430,
 573
 DNA-Protein-Wechselwirkung 502
 DNA-Reparatur 404^A, 413f., 573
 DNA-Replikation 388f.
 – Endoreduktion 488
 – Eubakterium 136, 138, 389
 – Genmutation 411
 – in vitro 429
 – PCNA-Komplex 573
 – Plasmid 425
 – Polyploidie, somatische 407
 DNA-Sequenzierung 429f.
 DNA-Topoisomerase 397
 DNA-Virus 835, 839
 DnaJ-Protein 504, 552
 DnaK-Maschine 552
 DnaK-Operon 503
 DnaK-Protein 504, 550, 554^A
 DNase 617^A
 dNTP (Desoxynucleosid-
 triphosphat) 388
 Doldenblütler s. Apiaceae

- Dolichol 567^A
Dolicholphosphat 364, 567^A
Domäne 125, 133, 517
dominant 392
Doppelbindung 7, 11
Doppelhelix 28f.
Dormanz 663
dorsiventrales Blatt 187f.
Dorsiventralität 184, 186^A
Douglassie s. *Pseudotsuga menziesii*
Dracaena 178
Drachenbaum s. *Dracaena*
Drei-Buchstaben-Code, Aminosäure 25^A
Dreifachbindung 7
Drosera rotundifolia (Sonnentau) 798
Drosophyllum lusitanicum 354^A
Druckpotential 215^A
Druckstromtheorie 319^A
Drugdesign 795
Druse 104^A
Drüsenhaar 109^A, 110^A, 123
Drüsenschuppe 124
Drüsenzelle 68, 102, 123f.
Dryopteris filix-mas (Wurmfarn) 476f.
Ds-Element 417f., 420^A
DSCAM-Gen 508, 511
dsRNAsen (RNase, doppelstrangspezifische) 31
Duftstoff 641f.
Dunkelheit 671
Dunkelreaktionen 253f.
Dunkelreversion, Phytochrom 675f.
Dunkelrotrezeptor **677**
Duplikation **409^A**, 423^A, 529
Durchlaßzelle
– Endodermis 122, 198^A, 199
– Exodermis 198
– Wasseraufnahme, Epiphyten 238^A
Durchlüftungsgewebe 102, 107
DXP-Weg 358^A 612
Dynein **55**, 57
– Geißel, eukaryotische 150^A, 447
– Mikrotubuli 52, 54^A
– Zyklus 152
Dysstreß s.a. Streß **774**
– Herbizid 794
– Spurenelement 789^A
– Verwundung 796
– Wasserverlust 779
Dystrophin 508
- E**
E s. Glutaminsäure
E-Isomerie 11
E2-Enzym 570
E2-Komplex 573
E3-Ligase 683
E3-Ubiquitin-Ligase-Komplex **571f.**, 647, 683, 696^A, 752f.
EBF1-Protein 631, 635^A
Eßkastanie s. *Castanea sativa*
Ecballium spec. (Spritzgurke) 764
Ecdyson 363f.
Ecdysteroid 363
Ecdysteron 363^A
Echte Mehltaupilze s. Erysiphales
Echter Sternanis s. *Illicium verum*
Eckenkollenchym 110
Ecodormanz **663**
Efeu s. *Hedera helix*
Effektorprotein 823f.
Egeria densa (Wasserpest) 183^A
Eianlage 744
Eiapparat **481**, 741
Eibe s. *Taxus baccata*
Eiche s. *Quercus*
Ein-Buchstaben-Code, Aminosäure 25^A
Ein-Elektron-Übergang 268, 271f., 312, 339^A
EIN-Protein 631, 633f.
Einheit, taxonomische (Taxon) 125, 133
Einjähriges Rispengras s. *Poa annua*
Einkorn s. *Triticum monococcum*
Einzelstrangbindungsprotein 389
Eis 42f.
Eisen 3, 5, 596, 652
– Aufnahme 236f., 237^A
– Elektronenakzeptor 341
– Monooxygenase, CytP450-abhängige 596
Eisen-Schwefel-Protein 225
Eisen-Schwefel-Zentrum 296, **312^A**, 339^A
Eisenmangel 4
Eisenoxid 236, 294
Eisensulfid 130, 225, 312
Eiweiß s. Protein
Eizelle 439, 453, 481
EJC-Komplex 517f.
Ektomykorrhiza 813f.
Ektoplasma 49, 52
Elaioplast 87
Elaiosom 765
Elatostema repens 83
Elektron 6, 258f.
Elektronegativität 10, 13^A
Elektronenakzeptor 255
Elektronenpool 267f.
Elektronenschale 3, 260
Elektronentransport **266f.**^A, 269^A, 292^A, 293
– Atmungskette 339f., 340^A
– Cytochrom-b₆/f-Komplex 271f.
– exergonischer 274
– Lichtreaktion 340^A
– Nitrat-Reductase 304, 652
– Nitrit-Reductase 305
– Photosynthese 128, 295, 582^A
– Photosystem I 272f.
– Photosystem II 269f.
– zyklischer 268f.
Elektronenübergang 259^A, 262, 273
Elektronenüberträger, lösliche
– Phyllochinon 273
– Plastochinon 266f., 276
– Plastocyanin 266f., 276
– Ubichinon s. Ubichinon
Elektropherogramm 429f.
Elektrophorese 37
Element **3**, 12
Elementar fibrille s. Micellarstrang
ELF-Protein 691^A
Elicitor **646f.**, 658
Elodea canadensis (Wasserpest) 163^A, 256^A
Elongase 325f.
Elongation
– Transkription 497, 515
– Translation 538f.
Elongationsfaktor 535, 538f., 544
EM1-Protein 761
Embolie 248f.
Embryo **481f.**, 757f.
– reifer 754f.
– somatischer 711
– Wachstum 638
Embryogenese 481f., 713, **754f.**, 757f., 760^A
– asexuelle 482f.
– somatische 434
– Transkriptionsfaktor 522, 755^A, 757^A
Embryonalentwicklung
s. Embryogenese
Embryophyta 133
Embryosack 480f.
Embryosackkern 480f.
Embryosackmutterzelle 481f.
Embryosackzelle 481
Emergenz 110, 181
Emmer s. *Triticum turgidum*
Empfängnishyphe 472
EMS (Ethylmethansulfonat), Mutagen 413^A
Enantiomer 14
endergonisch **210**, 216f., 220^A, 223^A
Endocytose 74, 564^A, 745
Endodermis 121f.
– Abschlussgewebe 102
– Gravitropismus 707
– Nadelblatt 192
– SCR-Protein 725^A
– Statolith 705
– tertiäre 198^A
– Transkriptionsfaktor 725^A
– Wurzel 194, 196f., 203^A
Endodormanz **663**
endogen 199
Endoglucosidase 607
Endokarp 764^A
Endomembransystem 74
Endomitose **407**
Endomykorrhiza 813f.
Endonuclease 37, 404, 413, 517f., 533f., 722
Endopeptidase 330, 543, 561f., 574
Endophyt 815f.
Endoplasma 49, 52, 57
endoplasmatisches Reticulum 47^A, **67f.**
– Gibberellinsynthese 613f.
– Glykoproteinreifung 567f.
– Leitenzym 73
– Oleosom 77^A
– Proteinimport 557^A
– Siebpore 113
– Triglyceridsynthese 323f., 325^A
– Zisterne 70
Endopolyploidie 407
Endoprotease 541, 574, 649
Endoproteinase 828
Endoreduplikation **407f.**, 488, 728^A
Endosom 608
Endosperm
– Entwicklung 755f.
– Gibberellin-Wirkung 618
– Nährgewebe 481
– Speicherorgan 760f.
– Sperrschicht 767
Endosymbiont 79, 148
Endosymbiontentheorie 48, 81, **86**, **130**
Endosymbiose 131^A,
– Eucyte 128, 130
– Protoplast 86
– sekundäre 132, 451
endotherm **209**
Endozoochorie **765**
Energide 72
Energie 7, 207f., **207**
– Speicherung 225
– elektrochemische 208^A, 211
– – Photosynthese 266
– – protonmotorische Kraft 220
– – Redoxreaktion 273
– – Wasserstoff-Ionengradient 217
Energiedissipation **210**
Energietransfer, Molekül 265
Energiewandlung 208^A, 216f.
Engelmannscher Bakterienversuch 261f.
Enhanceosom 530^A
Enolase 334^A, 787
5-Enolpyruvylshikimat-3-phosphat (EPSP) 352^A

- 5-Enolpyruvylshikimat-3-phosphat-Synthase 352^A, 793f.
 Enthalpie 209f., 225f., 273, 295
 Entrainment **689**, 691f.
 Entropie 210, 213
 Entwicklung
 s. Pflanzenentwicklung
 Entwicklungshormon 644
 Entwicklungszyklus **709**
 Enzym **225f.**, 487f.
 Enzymaktivität 225
 – Regulation 228
 – spezifische **225**
 Eobiont 45
Epichloe festucae 816
 Epidermis 108f.
 – Abschlussgewebe 102
 – *Culcasia liberica* 61^A
 – Cutinbildung 118
 – Fühltüpfel 98
 – Herkunft 198
 – Laubblatt 188^A
 – Nadelblatt 192^A
 – *Nelumbo nucifera* 120^A
 – Sprossachse 170f., 177
 – Sproßscheitel 168^A
 – Transpiration 241f.
 – Vorläuferzelle 715
 – Zellspezialisierung 727f., 730^A
 Epigenetik 382
 epigenetischer Effekt
 (Positionseffekt) 409
 Epikotyl **179^A**, 186^A
Epilobium 747
Epilobium spec. (Weidenröschen),
 Gravimorphose 703
 Epimerase 528^A
 Epinastie **703^A**
 Epiparasitismus **815**
 Epiphyten (Aufsitzerpflanzen)
 204, 283
 – Wasseraufnahme 237f.
 Episom 138
 epistomatisch 189
 Epizoochorie **765**
 Epoxycarotinoid-Dioxygenase
 (NCED) 636f., 664
 Epoxysäure 118
 EPSP (5-Enolpyruvylshikimat-
 3-phosphat) 352^A
 EPSP-Synthase (5-Enolpyruvyl-
 shikimat-3-phosphat-Synthase)
 352^A
Equisetum (Schachtelhalm) 3,
 118, 476, 715
 ER s. endoplasmatisches
 Reticulum
 Erbgang 391f., 393^A, 394f., 395^A
 Erbkrankheit 448, 508
 Erbse s. *Pisum sativum*
 Erdbeere s. *Fragaria vesca*
 Erdnuß s. *Arachis hypogaea*
 Erdsproß s. Rhizom
 ERF-Transkriptionsfaktor 648^A
 Ergosterin (-ol) 59, 362
 Ergot-Alkaloid 367
 Ergotamin 367
 Ergotismus 367
Erigeron 482
 Erle s. *Alnus*
 ERS1-Protein 633, 635^A
 Erstarkungswachstum 170
 Erucasäure 326^A
Erwinia carotovora 148
Erwinia spec. 827
Eryngium campestre 765
 Erysipales (Echte Mehltäupilze)
 470
 Erythromycin 417, 585
 Erythrose 17^A
 Erythrose-4-phosphat 280, 350^A
 Esche s. *Fraxinus excelsior*
Escherichia coli 29f., **136f.**
 – Cytoplasma 49, 50^A
 – DNA-Replikation 388f.
 – Flagellin 142
 – Genom 136, 385
 – Geschwindigkeit 142
 – Glycerolipid 60
 – Größe 142
 – GroEL/GroES-Maschine 552f.
 – Helix-Turn-Helix-Protein 522
 – kataboles Gensystem 501
 – Klonierung 833
 – Lac-Operon 498f.
 – Plasmid 432f.
 – Promotor 503
 – Proteinfaltung 555
 – Proteinsynthese 538f.
 – Restriktionsendonuclease 427
 – Ribosom 57^A
 – RNA-Polymerase 496f., 500^A,
 505^A, 506
 – Sigmafaktor 504f.
 – Teilung 138
 – Transformation 425f.
 – Transkription 494f., 497f., 504
 – Transposon 419
 – Zellwand 137^A, 139f.
 Essigsäure 22^A, 244
 – aktivierte s. Acetyl-CoA
 – Citrat-Zyklus 337f.
 – Cystein-Synthase-Reaktion
 311^A
 – Glyoxylat-Zyklus 327^A
 – Isopentenylpyrophosphat 357
 – Polyketide 354
 – Triglyceridsynthese 325^A
 Essigsäuregärung 336
 EST-Datenbank 386, 512
 Ester **14**, 16^A, 20, 22
 Esterase 798
 ETH s. Ethylen
 Ethanal (Acetaldehyd) 16f., 335f.
 Ethanol 14, 16f., 334f.
 Ethen s. Ethylen
 Ethephon (Chlorethylphosphon-
 säure) 632f.
 Ethidiumbromid, Mutagen 29^A,
 412f.
 Ethin (Acetylen) 8^A
 Ethylen (ETH) 8^A, 591f., 594^A,
 627f., 663
 – Apikaldominanz 664f.
 – Autophagie 741
 – bei Hypoxie 787f.
 – Biosynthese 627f.
 – – Kontrolle 629
 – Blattstellung 686^A
 – Blütenentwicklung 630
 – Blütenorgan 740^A
 – Fruchtreifung 630, 632^A
 – Fruchttechnologie 630, 632
 – Genexpression 592
 – Geschlechtsbestimmung 749
 – Gravotropismus 707
 – Keimlingsentwicklung 630
 – nach Verwundung 799
 – Reifungshormon 628
 – Repressor 731
 – Rezeptor 630f., 633^A, 635^A,
 788^A
 – Signaltransduktion 523, 630,
 633f., 635^A
 – Streß 629f., 776
 – Streckungswachstum 686f.
 – Triple response 630f.
 – Wurzelhaar 645^A
 – Wurzelhaarbildung 731
 – Wurzelknöllchen 820
 Ethylmethansulfonat (EMS),
 Mutagen 409, 413^A
 Etiolierung **681^A**
 Etioplast 82^A, **85^A**, 576, 683f.
 ETR1-Protein 631, 633
 Eubakterien 131^A, **136f.**, 144
 – Fortbewegung 141f.
 – GroEL/GroES-Maschine 553
 – Vorläufer 79, 81
 – Zellwand 140
 Eucarya s. Eukaryoten
Eucheuma 455
 Euchromatin **379**, 519f.
 Eucyte 45, 48, 64^A, 66, 79, 128,
 296
Euglena 68, 83, 132, 149
Euglena gracilis 132^A
 Eukaryoten 129, **149f.**
 – 14-3-3-Protein 700
 – Aktivatorprotein 530^A
 – Benennung 133
 – Biomembran 193f.
 – begeißelte 132, 142
 – Chaperone 550
 – Cryptochrome 678
 – Entstehung 45
 – Gene 490
 – Genexpression 493
 – Genregulation 683
 – Helix-Turn-Helix-Protein 522
 – Mitochondrion 79f.
 – Pflanzenstammbaum 127f.
 – Phosphorelais 598^A
 – Protein, actinassoziertes 56
 – Ribosom 57
 – RNA-Polymerase II 146, 513f.,
 516^A
 – rRNA 31
 – Signaltransduktion 634
 – Stammbaum 128^A
 – TATA-Box-Bindeprotein 523
 – Translation 540
 – TRIC-Maschine 553
 – Ur- 422^A
 – Zellatmung 336f.
 – Zelle 424
 – – Organisation 128
 – Zellkern 70f.
 – Zellzykluskontrolle 662
 Eumycota 462f.
Euphorbia (Wolfsmilch) 113, 288
Euphorbia lathyris 694
 Euphorbiaceae (Wolfsmilch-
 gewächse) 181, 364
 Eustele **170**
 Eustreß s.a. Streß **774**, 779,
 789^A, 823
 Evaporation **241**
 Evolution 420f., 535, 575
 – Algen 132
 – Angiospermen 407
 – ATPase 295
 – Bacteria 128
 – Beschleunigung 422
 – Bryophyten 475
 – chemische 12
 – Chemoautotrophie 295
 – Chloroplast 86
 – Circadianrhythmus 688
 – Enzym 225, 229
 – Eukaryoten 388, 461
 – Fortpflanzung, sexuelle 442
 – Frühphase 580
 – Gal3-Protein 529
 – Geißel 448
 – Gen 423
 – Geschwindigkeit 420
 – Grundlage 421, 424
 – Hsp-Synthese 530
 – Mitochondrion 81
 – Molekül 11f., 27
 – Organell 303
 – Organismus, heterotropher 295
 – Pflanze 345, 370
 – Photosynthese 271, 280, 294f.
 – Phytohormon 593
 – präbiotische Phase 12, 30^A
 – Reaktionszentrum 296

- RubisCO 282
 - Sekundärstoffwechsel 345
 - Spermatophytina 758
 - Vielzeller 99
 - Zelle 45, 48, 53, 59, 79, 130f., 424
 - Exciton 266, 268, 270, 272^A
 - Excitonen-Transfer 265^A, 269^A, 270^A
 - exergonisch 210, 216^A, 220^A, 223^A, 225
 - Exine 120, 121^A, 366, 480^A
 - Exkret 105, 123
 - Exkretion 246
 - Exocyst-Komplex 745
 - Exocytose 68, 74, 76, 564^A, 745
 - Exodermis 121, 196, 198, 203^A
 - Exon 385, 422f., 489f., 490, 510f.
 - Exon-Shuffling 423^A
 - Exon-Skipping 513^A
 - Exonuclease 542
 - Exopeptidase 330, 539
 - Exosom 542
 - Exospore 147^A
 - exotherm 209
 - Expansine 607^A, 615, 718, 797
 - Exportin 525f., 559
 - Expressionsdatenbank 386
 - Expressionsplasmid 431f.
 - Extein 37
 - Extensin 93^A, 607, 799
 - Glykoprotein 545, 566
 - Primärwand 96f.
 - Touch-Gen 797
 - Extensor-Zelle 800
 - Extinktion 262
 - Extinktionskoeffizient, molarer 262
 - Exzision 417
- F**
- F s. Phenylalanin
 - F-Box-Protein 610
 - EBF1 631, 635^A
 - FWD- 692
 - GID2 620^A
 - SFB 753^A
 - Substraterkennung 572, 610
 - Zeitlupe (ZTL) 691^A
 - F-Plasmid 138
 - Fabaceae 124
 - FACT-Protein 514, 520
 - FAD s. Flavinadenin dinucleotid
 - Fadenthallus 156^A, 448, 470
 - Basidiomycet 157^A
 - *Spirogyra* 214^A
 - Fagus* (Buche) 176, 178, 814^A
 - α-Faktor 466, 649f.
 - β-Faltblatt 33f., 35^A, 62
 - Familie 133
 - Faraday-Konstante 211
 - Färberwaid s. *Isatis tinctoria*
 - Farbstoff, wasserlöslicher 104
 - Farnesol 360
 - Farnesylpyrophosphat 358f., 637^A, 364
 - Farnpflanzen s. Pteridophyta
 - Fasertextur 112^A
 - Faserzelle 106, 112^A, 723
 - FCA-Regulatorprotein 638, 641^A, 734
 - Fcp1-Protein 514, 517
 - Fd s. Ferredoxin
 - Federgras s. *Stipa pennata*
 - Feedback-Hemmung 350
 - Fehlingsche Probe 18, 20
 - FEM1-Regulator 478
 - Feminizing (FEM) 478^A
 - Fensterplatte 400
 - Fenstertüpfel 42^A
 - Ferredoxin (Fd)
 - Dinitrogenase-Reductase 303
 - Elektronentransport, linearer 266^A, 268
 - Evolution 225
 - Nitrit-Reduktion 304f.
 - Nitrogenase 302^A
 - Photosystem I 266^A, 272f., 656^A
 - Sulfid-Reduktion 310f.
 - Translationskontrolle, D1-Protein 583^A
 - Ferredoxin-NAD⁺-Reductase 292f.
 - Ferredoxin-NADP⁺-Reductase (FNR) 272f.
 - Ferrobacillus* 294
 - Fertilität 407
 - Fertilitätsfaktor 138
 - Ferulasäure 350f.
 - Festigungsgewebe 102, 106
 - Festuca* 738, 791
 - Fett 22, 762
 - Fettsäure 22f., 60, 118, 324f., 594
 - Abbau 80, 326
 - β-Oxidation 73
 - Stoffwechsel 328^A, 596
 - Fettsäure-Synthase 325
 - Fettsäureester-Membranlipid 130
 - Feuer-Lacton 769^A
 - Feuerbohne s. *Phaseolus coccineus*
 - Feuerschwamm s. *Phellinus*
 - Fichte s. *Picea*
 - Fichtenspargel
 - *Monotropa hypopitys*
 - Ficus elastica* (Gummibaum) 113
 - Fiederblatt 183f., 191, 720
 - FIL, TF 757^A
 - Filament 479f.
 - Filamentgleitmechanismus 152
 - filiformer Apparat 744
 - FIS2-Protein 756^A
 - Fischer-Projektion 14f.
 - FISH (Fluoreszenz-in-situ-Hybridisierung) 135
 - Fix-Protein 819^A
 - FKF-Protein 695, 696^A
 - Flächenwachstum 106f., 119
 - Flachs s. *Linum usitatissimum*
 - Flachwurzler 195
 - Flagellarmotor 141f.
 - Flagellin 142, 146
 - Flagellinpeptid 649f.
 - Rezeptor 650^A, 822
 - Flagellum s. Geißel
 - Flammendes Kästchen s. *Kalanchoë blossfeldiana*
 - Flavan 354^A
 - Flavan-3,4-diol 356^A
 - Flavanon 356^A
 - Flavanon-3-Hydroxylase 356^A
 - Flavin 678, 680^A
 - Flavinadenin dinucleotid (FAD) 227^A
 - Atmungskette 339^A, 341
 - Citrat-Zyklus 333^A, 334, 336f.^A
 - Cryptochrom 673f., 678^A
 - Decarboxylierung, oxidative 336
 - Lichtrezeptor 673f.
 - Nitrat-Reductase 304
 - Photolyase 414^A
 - Succinat-Dehydrogenase 227^A
 - Flavinmononucleotid (FMN) 227^A, 339^A, 674^A, 679
 - Flavonoide 351^A, 354f., 646
 - Catechol-Typ 357
 - Schutzfunktion 109, 348f., 351^A
 - Signalstoff 357, 817f.
 - Flavoprotein 36
 - FLC-Gen (*flower locus C*) 733f.
 - FLC-Repressor 641^A, 732f.
 - Flechten (Lichenes) 811f.
 - Matrixpotential 216
 - Standort 290
 - Symbiose 127, 806
 - Flechthallus 157f., 454, 456
 - Flexor-Zelle 800
 - FLG22-Peptid s. Flagellinpeptid
 - Fließgleichgewicht 209
 - Flieder s. *Syringa vulgaris*
 - Flippase 63
 - SCFB-dip-Methode 433^A, 833
 - Florigen 319
 - Blütenentwicklung 618
 - Gibberelline 619^A
 - FT-Protein 697, 732^A
 - Fluid-mosaic-Modell 63^A
 - Fluorchlorkohlenwasserstoff 785
 - Fluoreszenz, Chlorophyll 265
 - Fluoreszenzfarbstoff 430
 - Fluoreszenz-in-situ-Hybridisierung (FISH) 135
 - Fluoreszenzmarker 608
 - Fluoridon 788^A
 - FNR s. Ferredoxin-NADP⁺-Reductase
 - fMet-tRNA 539
 - FMN s. Flavinmononucleotid
 - Folgeblatt 186^A
 - Fomes fomentarius* (Zunderschwamm) 808
 - Fontinalis antipyretica* 161^A
 - Formiat s. Ameisensäure
 - N-Formyltetrahydrofolsäure 538
 - Fortpflanzung 437
 - sexuelle 439f.
 - *Chlamydomonas* 446
 - Evolution 442
 - Pilze 462
 - vegetative 443f., 456, 459
 - Pilze 444
 - *Saccharomyces* 463
 - Fraßschutz 647
 - Fraßschutzstoff
 - Glucosinolat 348, 370
 - Kautschuk 365
 - Lektine 330
 - Limonin 362
 - Protein, JA-induziertes 647
 - Fragaria vesca* (Erdbeere) 182^A, 759^A, 762
 - Frameshift-Mutation 410f.
 - Frankia* 301
 - Fraxinus excelsior* (Esche) 176, 479
 - Keimung 186^A
 - Monopodium 180
 - Samennachreifung 767
 - Fremdbefruchtung 747
 - FRI-Protein 732f.
 - Fritillaria imperialis* (Kaiserkrone) 385
 - Frostempfindlichkeit 781
 - Frosthärte 424
 - Frostresistenz 776
 - FRQ-Protein 692^A
 - Frucht 758
 - Asteraceae 739
 - Brassicaceae 739, 762
 - Formen 759
 - klimakterische 630f., 632^A
 - Leguminose 762
 - nicht-klimakterische 632
 - Poaceae 739
 - Scrophulariaceae 739
 - Süßgräser 76
 - Verbreitung 764
 - Fruchtalterung 630
 - Fruchtblatt 183, 479, 481, 742^A
 - Fruchtwicklung 522, 758, 762f., 764^A
 - Fruchtfaser 111
 - Fruchtknoten 481
 - Fruchtkörper 158, 471^A
 - Basidiomycet 157^A
 - *Dictyostelium* 459f.
 - Fruchtreifung 607, 630, 632^A, 634
 - Fruchttechnologie 630, 632
 - Fructofuranose 18^A

- Fructose 17f., 40, 318
 Fructose-1,6-bisphosphat 279^A, 281^A, 334^A
 Fructose-6-phosphat 334^A
 Frühholz 173f.
 FT-Protein 697f., 726, 732^A
 FtsH-Komplex 582
 FtsH-Protease 504^A, 574
 Fußballrasen 797
Fuchsia, Haar 109^A
 Fuchsschwanz s. *Amaranthus*
 Fucose 567
 Fucoseraten 453
 Fucoxanthin 82, 264, 451
Fucus
 – Entwicklung 452^A
 – Zellpolarität 453
Fucus vesiculosus (Blasentang) 452
 Fühltüpfel 98^A, **800**
 Fumarase 337f.
 Fumarsäure 337f.
Funaria hygrometrica 161^A, 475^A
 Fungi imperfecti 444, **470**, 585, 808, 814
 Fungizid **792**
 Funiculus 481, 744
 funktionelle Gruppe **12f.**
 Furan 17f.
 Furanose 17
Furcellaria fastigiata 157f.
 Furfuryladenin (Kinetin) 595^A
 Furilazol 796^A
Fusarium, Wurzelfäule 470, 816
Fusarium oxysporum 811
 Fusidinsäure 585, 587^A
 fusiforme Zelle **172**
 Fusionsprotein, TMV 838
 Futterrübe 204^A
 FY-Protein 641^A, 734
- G**
- G s. Glycin, Guanin
 G-Box 681f.
 G0-Phase 396
 G1-Phase 396f.
 G2-Phase 396f.
 GA s. Gibberelline
 GA-MYB 617^A, 619f.
 GAI-Protein 616
 Gal1-Protein 529
 Gal3-Protein 528f.
 Gal4-Transkriptionsfaktor 524^A, 528f.
 Galactan 37
 Galactinol 780f.
 Galactolipid 23
 Galactomannan **37**, 90
 Galactose
 – Abbau 528f.
 – Aldose 17
 – Carageene 455^A
 – Disaccharid 23
 – Galactan 37
 – Glykoprotein 568^A
 – Regulon 527f.
 – Zellwandprotein 93^A
 α -Galactosidase 528^A
 β -Galactosidase 499^A
 Galactosyl-Transferase 317^A
 Galacturonan 89^A
 Galacturonsäure 21^A, 38, 89^A, 455
 Galacturonsäuremethylester 89^A
Galium odoratum (Waldmeister) 351, 353^A
 Galmeiveilchen s. *Viola calaminaria*
 Gamet **439**
 – *Allomyces* 348^A
 – Bildung 439, 756^A
 – diploider 406
 – Neukombination von Genen 394
 – Verschmelzung 402
 Gametangiogamie 440^A, **440**
 Gametangium **439f.**, 448, 451
 Gametenlockstoff (Gamon) 348^A, 360
 Gametogametangiogamie 456, 462
 Gametophyt 441f., 450^A
 – Musci 474f.
 – Pteridophyta 476, 478
 – Spermatophytina 479, 481
 Gammastrahlen 257f.
 Gamon **348^A**, 360
 gap junction 148
 GAP-Protein 746^A
 GARP-Transkriptionsfaktor 523
 Gartenbohne s. *Phaseolus vulgaris*
 Gärung 333^A, 335f.
 Gaskonstante, allgemeine 211
 Gasvakuolen 59
 Gasvesikel 59, 143
 Gattung (Genus) 133
Gaultheria procumbens (Amerikanisches Immergrün) 657
 GDP (Guanosindiphosphat) 27
 GEF-Protein 746^A
 Gefäß 115f.
 – Differenzierung 195^A, 199
 – Holzelement 172f.
 – Leitungsgewebe 102
 – Transpiration 241^A
 – Wasserleitung 168, 246f.
 – weiltlumiges 176
 Gefleckte Scabiose s. *Centaurea maculosa*
 Geflecker Schierling s. *Conium maculatum*
 Gefrierschutzmittel 780
 Gefrierschutzprotein 566, 782
 Geißblatt s. *Lonicera*
 Geißel
 – Aufbau 447
 – Eubakterium 141f.
 – Eukaryoten 52, 55, **150f.**, 447f.
 – Resorption 447
 Geißelfilament 141f.
 Geißelhaken 141^A
 Geißelwurzel 151
 Gel 48f.
 Gelbflechte s. *Xanthoria parietina*
 Geldanamycin 585
 Geleitzelle **114^A**
 – Assimilattransport 317f.
 – Leitbündel 169^A, 723
 – Siebröhre 113^A, 172^A, 176
 – Zell/Zell-Transport 726
 Gelelektrophorese 62
 Gelidium 455
 Geminivirus 834^A
 – Genom 835
 Gen **390f.**
 – ABA-reguliertes 640^A
 – *Arabidopsis* 508
 – AUX-reguliertes 611^A
 – BL-reguliertes 626f.
 – Blaulicht-reguliertes 692
 – Chaperon-codierendes 777f.
 – circadiane Uhr 691^A
 – ETH-reguliertes 630, 633f.
 – eukaryotisches 385, 422, 508
 – Evolution 422
 – extrachromosomales 391
 – Gibberellin-reguliertes 615, 617, 619f.
 – HD-ZIP-codierendes 722
 – Hsp-codierendes 530
 – Informationsamplifikation 487^A
 – Intron 388
 – JA-reguliertes 648^A
 – Knockout 418
 – lichtreguliertes 681f.
 – menschliches 508
 – mitochondriales 80
 – Mutation 406
 – Neukombination 394, 396
 – Nomenklatur 391f.
 – plastidäres 86
 – Promotor 491
 – proteincodierendes 421, 490, 511
 – repetitives 72, 383
 – ribosomale RNA s. ribosomale RNA, Gen
 – S-Locus 750f.
 – Stickstoff-Fixierung 819
 – Struktur 489^A
 Genaktivität,
 somatische Variation 417
 Genamplifikation **407**, 488
 Gendosis **488^A**, 575
 Gendrift 424
 Genduplikation 423
 Generation **442**
 Generationswechsel **441f.**
 – Archegoniat 474
 – heteromorpher **442**
 – – Archegoniat 474f., 477^A
 – – *Cutleria* 451f.
 – – Farn 476f.
 – – *Halicystis ovalis* 449f.
 – – *Porphyra* 457^A, 465
 – – Spermatophytina 479f.
 – heterophasischer **442**
 – – Archegoniat 474f.
 – – *Cladophora* 448f.
 – – *Cutleria* 451f.
 – – Farn 476f.
 – – Laubmoos 474f.
 – – *Saccharomyces* 462, 464^A
 – – Spermatophytina 479f.
 – isomorpher **442**
 – – *Cladophora* 448f.
 – – *Dictyota* 451f.
 – – *Polysiphonia* 456f.
 – – *Saccharomyces* 462, 464^A
 – – Phaeophyceen 451
 – Pteridophyta 476f.
 – Rhodophyceen 456
 – Spermatophytina 479f.
 Genetik 373f., **390f.**
 genetische Bürde 421f.
 genetischer Code **376f.**, 410
 genetisches Programm s. Pflanzenentwicklung, Programm
 Genexpression 487f.
 – Blumenkohlmosaikvirus 839
 – Chloroplast 386
 – differentielle 379, **487**, 492
 – – *Lac*-Operon 498f.
 – – Zelle 101
 – Eukaryoten 493
 – *Gal*-Regulon 526f.
 – Hemmung 585
 – Hitzestreß 550, 776
 – hormoninduzierte 592
 – Indikatorenzym 368
 – JA-induzierte 646^A
 – Kontrolle 488
 – *Lac*-Operon 501
 – mechanischer Streß 797
 – Methoden zur Analyse 492
 – Mitochondrion 386
 – Plastide 574f.
 – – Abstimmung mit Zellkern 583f.
 – Prokaryoten 493
 – Regulation 489^A, 581, 583f.
 – – Eukaryoten 542, 683
 – – Kern/Cytoplasma 583f.
 – – Zellspezialisierung 730^A
 – Reporterassay 432
 – Samenentwicklung 761
 – selektive 645
 – signalkontrollierte 776
 – Signaltransduktion 655f.
 – Streß 780^A

- substratinduzierte 498f.
- Tagesrhythmus 689
- Transkription 495^A, 526
- Verwundung 797
- Virusgenom 838
- Genmutation 409f.
- Genom 70, **136**, 406, 408, 575
- *Arabidopsis thaliana* 381, 383f.
- Chloroplast s. Plastom
- Eukaryoten 430
- Mensch 508, 512
- Mitochondrion s. Chondriom
- Pflanze 381f., 433
- *Zea mays* 385
- Genombibliothek 427
- Genomgröße 384f.
- Genommutation **406**
- Genomsequenzierung 386
- Genotyp **390**, 392
- Genpool 424
- Gensequenz, Divergenz 421
- Genstruktur 422f., 488f.
- Gentechnik 373, 368, 425f., 587
- Gentransfer 130, 832f.
- Genus 133
- Geophyten 167, **193**, 203
- Geosiphon pyriforme* 301
- Geradzelle s. Orthostiche
- Geranylgeranylpyrophosphat 358f., 361^A, 435
- Geranylpyrophosphat 359f.
- Gerbstoff 117
- Gerontoplast 81f., **87**, 597
- Gerste s. *Hordeum vulgare*
- Gerüstprotein 634^A, 729
- Geschlechtsbestimmung
 - epigenetische (Farn) 478
 - Samenpflanzen 749
- Gesetz der begrenzenden Faktoren 289
- Getreide 760, 776^A, 811
- Getreideanbau 610, 795
- Getreideproduktion 616
- Getreiderost s. *Puccinia graminis*
- Getrenntgeschlechtlichkeit 440
- Gewebe 42, 100f., 215
- Gewebekultur 667
- Gewebesystem **101f.**
- Gewebethallus 158f., 450f.
- Gewöhnliche Spitzklette s. *Xanthium strumarium*
- GI-Protein 691^A, 693f.
- Gibberella fujikuroi* 593, 612
- ent-Gibberellan 612^A
- Gibberelline 612f., 719
- α -Amylase-Induktion 323
- A₁ 361^A, 594^A
- – Hormoneinfluß 660
- A₃ 361
- – Genexpression, hormoninduzierte 592
- – *Gibberella fujikuroi* 593, 612^A
- A₄ 361
- A₅ 619^A
- A₇ 361, 612^A
- A₈ 614f.
- A₉ 476, 478, 613^A
- A₁₂ 613^A
- A₂₀ 613^A, 615^A
- A₃₂ 619^A
- A₅₃ 613^A, 615^A
- Abbau 614f.^A
- Ableitung 361^A
- Antagonist 638
- Autorepression 660
- bei Hypoxie 787f.
- Biosynthese 612f., 618, 738
- Blütenentwicklung 618f., 732^A, 740^A
- Derivat 478, 593
- Diterpen 361
- Florigen 618f.
- Geschlechtsbestimmung 749
- Keimung 76
- Knollenbildung 698
- Repressor 616, 660
- Rezeptor 618f.
- Samenkeimung 615, 617, 767f.
- Signaltransduktion 618, 620^A
- Sproßapikalmeristem 716, 719
- Streckungswachstum s. Zellstreckung, Gibberelline
- Strukturformel 594^A
- Transkriptionskontrolle 620^A
- Wirkung 615f., 687
- Zellzykluskontrolle 661^A
- GID-Protein 619f.
- Gießkannenschimmel s. *Aspergillus nidulans*
- Gift (Toxin) 347, 825
- Gigartina* 455
- Ginkgo biloba*, Leitbündel 191^A
- Gladiole s. *Gladiolus communis*
- Gladiolus communis*, Gravidmorphose 703
- Glaucophyta 86
- Gleichgewichts-Wasserpotential 240^A
- Gleichgewichtspotential, osmotisches **241**
- Gleichgewichtszentrifugation 49
- Gleichgewichtszustand 207
- Gleitfallenblume 749
- Gleitmechanismus 55
- Globulin 330, 761f.
- Gln s. Glutamin
- Glockenblume s. *Campanula rapunculoides*
- Glomeromycota (Mycorrhizapilze) 814f., 828
- Glu s. Glutaminsäure
- Glucan 37f., **40**, 94, 322, 463
- Glucan-Synthase 73
- Glucanase 76, 463, 743, 828
- Glucocumarylalkohol 20^A
- Glucoman 90
- Glucoseogenese 281, 326f., 342^A
- Glucanolacton 20^A
- Gluconsäure 20f.
- Glucopyranose 18f.
- Cellulose 38
- Cumarinvorstufe 353
- Stärke 39
- Glucose 19^A, 228^A
- Abbau 334, 341
- – Bilanz 338
- Brassinosteroid-Inaktivierung 261f.
- Calvin-Zyklus 279f.
- Carbonylverbindung 17
- Cellulose 92^A, 94
- Dissimilation 333^A
- Glykoprotein 568^A
- Halbacetal 18
- Kohlenstoff-Kreislauf 333f.
- *Lac*-Operon, Regulation 500f.
- Melibiose-Abbau 528^A
- Oligosaccharid 567^A
- Polysaccharid 37f.
- Saccharoseabbau 318
- Speicherung 40
- Stärke 322f.
- Transport 323
- Glucose-1-phosphat 322f., 334, 528^A
- Glucose-6-phosphat 216, 228^A, 334^A, 501
- Glucosemangel 501
- Glucoserepression 527
- *Lac*-Operon 499f.
- *Saccharomyces cerevisiae* 528
- Glucosetransport 501
- Glucosid 597^A
- Glucosidase 371^A, 568f.^A
- Glucosinolat 308, 313, 348, 370
- Glucosylierung 597
- Glucosyltransferase 567, 569^A, 658^A
- β -Glucuronidase (GUS) 368, 431f., 645
- Glucuronsäure 21
- Glutamat 305f.
- Glutamat-Synthase 305f.
- Glutamin (Q, Gln) 25^A
- Assimilattransport 319
- Codon **378**
- Mistel 809
- Source-Organ 760
- Synthese 305f.
- Glutamin-Synthetase 305f., 700
- Glutaminsäure (E, Glu) 25^A, 307^A
- Assimilattransport 319
- Codon **378**
- Transaminierung 339
- Zellwand, Prokaryoten 139
- Glutaminsynthase (G), Hemmung 434^A
- Glutamin:2-Oxoglutarat-Aminotransferase s. Glutamat-Synthase
- Glutamyl-cysteinylglycin s. Phytochelatine
- Glutathion 311^A, 235^A
- Elektronendonator 310^A
- Konjugation 794^A
- Phytochelatine 313
- Proteinnitrosylierung 651^A, 653^A
- NO-Derivat 653
- Scavenger-System 786
- Schwermetallstreß 791
- Glutathion-Peroxidase (GPX) 544, 784^A
- Glutathion-Reductase (GR) 784^A
- Glutathion-S-Transferase 794^A
- Gly s. Glycerin
- Glycerat 282^A
- Glycerin 16^A, 23^A
- Alkohol 14
- Diffusion 65^A
- Substanz, osmoprotektive 780f.
- Triglycerid 22f., 326
- Bildung 324
- Glycerin-3-phosphat 324^A, 326
- Glycerin-3-phosphat-Dehydrogenase 324f.
- Glycerin-Kinase 326
- Glycerinaldehyd 15f.
- Glycerinaldehydphosphat-Dehydrogenase
 - Calvin-Zyklus 280^A
 - Glykolyse 334f., 787
 - Hypoxie 787
 - Lichtaktivierung 310
- Glycerinether 146
- Glycerinphosphat 140
- Glycerinsäure, Strukturformel 282^A
- Glycerolipid 22f.
- Biomembran 59f., 129, 146^A
- Detergentienwirkung 62
- Glycin (G, Gly) 24f., **378**
- Glycinbetain 780f.
- Glycine max* (Sojabohne)
 - Actin 57
 - Cellulose-Synthase 91^A
 - Ernte 775
 - Genomgröße 385
 - Herbizidabbau 796
 - Nitrat-Reductase 700
 - Photoperiode 694
 - Same 321, 761
 - Speicherorgan 760
 - Störlichteinfluß 696^A
 - transgene 434f.
 - Wurzelknöllchen 820
 - Wurzelzelle 821^A
 - Zelle 70^A
- Glykan 37, 68

- Glykogen 40, 139, 143f.
 Glykolaldehyd 20
 Glykolat s. Glykolsäure
 Glykolat-Oxidase 73
 Glykolipid 22f., 59f., 64
 Glykolsäure 73, 282^A
 Glykolyse 281, 325^A, 333f., 342^A
 Glykoprotein 36, 566f.
 – Biomembran 59
 – extrazelluläres 746
 – Hydroxyprolin-haltiges 545
 – im ER 569^A
 – morphogenes 723
 – Pollenentwicklung 743
 – Pollenschlauchwachstum 752
 – Reifung 567f.
 – Syntheseort 68
 – Zelloberfläche 466
 – Zellwand, 146, 149, 463
 – Transport 568
 Glykosid 18f., 27
 – Anthocyanidin 356
 – aromatisches 349
 – Betalain 367
 – Bildung 20^A
 – cyanogenes 370f.
 – Herzglykosid 364
 – Wasserlöslichkeit 41
 Glykosidase 543
 Glykosylierung, Protein 364, 543, 566f.
 Glykosyltransferase 93, 543, 568^A
 Glyoxylat 282^A, 328^A
 Glyoxylat-Zyklus 73, 327f.
 Glyoxylsäure s. Glyoxylat
 Glyoxylsäure-Zyklus s. Glyoxylat-Zyklus
 Glyoxysom 73f.
 – Biomembran 47, 66
 – Fettsäurestoffwechsel 326f.
 – Leitenzym 283
 – Sonnenblume-Kotyledone 327^A
 – Triglyceridumwandlung 326
 – Umwandlung 328f.
 Glyphosat s. N-Phosphono-methylglycin
 GMP s. Guaninmonophosphat
 Gnetopsida 187
 GO-Protein 726
 Goldener Reis 435
 Golgi-Apparat 68
 – Glykoproteinreifung 567f.
 – Proteinimport 557^A
 – Vesikeltransport, Protein 563f.
 – Zellplatte 400f.
 Golgi-Filament 68f.
 Golgi-Vesikel 49, 66, 68^A, 73, 401^A
 Gonan (Steran) 363^A
Gossypium hirsutum (Baumwolle) 68, 111, 609
 – transgene 434f.
 – Verbreitung 765
 GPX (Glutathion-Peroxidase) 544, 784^A
 GR (Glutathion-Reductase) 784^A
 GR24 811
Gracillaria 455
 Gram-Färbung 136
 Grana 84
 Granathylakoid
 – Aufbau 84^A
 – Photosystem II 269, 276f., 582
 – *Plagiomnium* 256^A
 – Protothyt 149
 Grapefruit s. *Citrus paradisi*
 GRAS-Protein 703f.
 Gravidimorphose 703, 712
 Gravidperzeption 171, 196, 704f.
 Gravitationskonstante 211
 Gravitaxis 141
 Gravitropismus 201, 701f.
 – *Helianthus annuus* 708
 – Keimlingswurzel 800f.
 – Mechanismus 703f..
 – Störung 624
 Grenzdextrin 322f.
 Grenzplasmolyse 214f., 779^A
 Griffel 480f., 746
 GroE-Operon 503, 552
 GroEL-Protein 550
 GroEL/GroES-Maschine 552f.
 GroES-Protein 550
 GRP7-Protein 512
 Grünalgen s. Chlorophyceen
 Grundgewebe 102, 107, 757
 Grundmembran 63, 66f., 75^A
 Grundspirale 185
 Grundzustand 260
 Grüne Flexibakterien
 s. Chloroflexaceae
 Grüne Revolution 615f.
 Grüner Knollenblätterpilz
 s. *Amanita phalloides*
 Grünlichtrezeptor 673f.
 GST (Glutathion-S-Transferase) 794^A
 GTP s. Guanosintriphosphat
 Guanin (G) 23f., 27f., 375
 Guanosin 27
 Guanosindiphosphat (GDP) 27
 Guanosinmonophosphat (GMP) 27
 – cyclisches (cGMP)
 – – Gerstenkeimung 617^A
 – – NO-Wirkung 651^A, 653, 825
 – – Signaltransduktion 655^A, 657
 – – Stomataverschluß 640
 – – Strukturformel 657^A
 Guanosintriphosphat (GTP)
 – Bindeprotein 314^A, 558^A
 – Hydrolyse 538f.
 – – Mikrotubuli 54
 – – Elongationsfaktor 539^A
 – Kernimport 525, 527^A
 – Nucleotid 27
 – Proteinfunktion 544
 – Proteinimport 560f.
 – Translation 558^A
 Guanylcyclase 657
 Guayule s. *Parthenium argentatum*
 Guide-RNA 506, 508
 – plastidencodierte 578
 – Spleißosom 510f.
 – snoRNA 533f.
 Gularonsäure 39, 451, 454f.
 Gummibaum s. *Ficus elastica*,
Hevea brasiliensis
Gunnera 301
 Gurke s. *Cucumis*
 Gurkenmosaik-Virus 843
 GUS s. β -Glucuronidase
 Guttapercha 364f.
 Guttaperchabaum
 s. *Palaquium gutta*
 Guttation 241, 246^A, 249
 Gymnospermen (Nacktsamer)
 – Anemogamie 747
 – Bernstein 124
 – Endomykorrhiza 814
 – Holz 174
 – Initialzelle 162
 – Kalyptra 163
 – Kambium 172
 – Keimblatt 186
 – Knospe 179
 – Leitbündel 169f.
 – Lignin 41
 – Samenanlage 481
 – Schließhaut 98
 – Seitenwurzel 199
 – Siebzelle 113
 – Tunica 714
 Gynoeceum 481, 742, 747, 751^A
 – Entwicklung 753
 – Reifung 645
 Gyrase 136, 389, 494^A
 Gyrase-Hemmstoff 136
- ## H
- H s. Histidin
 H⁺-ATPase 295, 679, 745, 800
 Haar 109f.
 Haber-Bosch-Verfahren 299f.
 Habichtskraut s. *Hieracium*
 HAC (Histon-Acetyltransferase) 381^A
 Hafer s. *Avena sativa*
 Haferkoleoptile
 s. *Avena*-Koleoptile
 Haferstärke 88^A
 Haftwasser 238
 Haftwurzel 204
 Hahnenfußgewächse
 s. Ranunculaceae
 Halbacetal 17f., 20^A
 Halbketal 17f., 20^A
 Halbparasit 809^A
 Halbzwerghorn, Getreide 615f.
Halicystis ovalis 85^A, 449f.
 Hallimasch s. *Armillaria*
 Halluzinogen 367
Halobacterium 145f.
Halobacterium halobium 153
 Halogene 7
 Halophyten (Salzpflanzen) 3, 181, 239, 283f., 783
 Häm 271, 584^A, 596, 652^A
 Hämatoxylin 379f.
 Hammerhead-Ribozym 837
 Hämoglobin 651, 653, 878
 Hanf s. *Cannabis sativa*
 Haplo-Diplont 442
 – *Cladophora* 448f.
 – *Cutleria* 451f.
 – Entwicklung 441^A
 – *Polysiphonia* 456f.
 – *Saccharomyces* 462f.
 haploid 391, 439
 Haplont 441^A, 445, 470
 Haplospore 466
 Harn 602
 Harnstoff 299, 549
 Hartbast 176
 Hartheugewächse s. Clusiaceae
 Harz 124
 Harzkanal 123f.
 – Conifere 177
 – Nadelblatt 192^A
 – *Pinus sylvestris* 173^A
 – Sekretionsgewebe 102
 Hasel s. *Corylus*
 Hauptvalenz 7, 34
 Haushaltsgen 503, 776, 778^A
 Hausschwamm
 s. *Serpula lacrimans*
 Haustorium 809f.
 – Arbuskel s. Arbuskel
 – *Arum maculatum* 407
 – *Cuscuta europaea* 810^A
 – *Viscum album* 809^A
 Hautgewebe 102
Haworthia leightonii 104^A
 HDAC (Histondeacetylase) 381^A
 HD-Genfamilie 423^A
 HD-ZIP-Protein 521
 – GL2 728, 730
 – Leitbündel 721^A, 723
 – Mikro-RNA 721
 – Sproßapikalmeristem 716^A
 – Transkriptionsfaktor 719f., 757
 Hechtscher Faden 214^A
Hedera helix (Efeu) 104^A, 204
 HeLa-Zelle 509, 511
 Helferprotein s. Chaperone
Helianthus annuus
 (Sonnenblume) 58^A, 415
 – AHAS-Mutante 795
 – Gravitropismus 707f.

- Phototropismus 201
- Same 321
- Wasserabgabe 243
- Zelle 327^A
- Helianthus tuberosus*
(Topinambur) 694
- Helikase 389
- Heliobacteriaceae 290
- Helium 12
- α-Helix
 - DNA
 - Protein 33f.^A, 35^A, 62, 224^A
- Helix pomatia* 92
- Helix-Loop-Helix-Protein
 - ALC 764^A
 - BEP 740^A
 - BES1 626^A
 - BZR1 626^A
 - Calmodulin 655f.
 - GL3 729
 - IND 764^A
 - Transkriptionsfaktor 522, 729
 - TT8 729
- Helix-Turn-Helix-Motiv 502
- Helix-Turn-Helix-Protein 521f.
- Helleborus niger* (Christrose) 68^A, 188f.
- Helm-Knabenkraut
s. Orchis militaris
- Hemerocallis fulva* (Tagililie) 202, 703
- Hemicellulose 88, 90^A, 607
- Hemikryptophyten 167
- Hemiterpen 359^A
- Hemmstoff, Gibberellinsynthese 613f.
- Hemmung, kompetitive 228
- Hemmzone 729
- Hepaticae (Lebermoose)
 - foliose 161
 - Fortpflanzung, vegetative 443
 - Organisation 160^A, 474
 - Pyrenoid 83
- Hepatitis-Virus 835
- Heptose 280
- HER (Hermaphroditic) 478^A
- Herbivore 347
- Herbizid 270, 792f.
 - Abbau 796
 - Elektronentransport, Blockade 270
 - Entgiftung 794^A
 - Glyphosat 350, 352
 - Phosphinotricin 433, 435
 - Streß, chemischer 791f.
 - Superauxin 610, 630
 - Transport 790
 - Wirkung 610
- Herbizidresistenz 792f.
 - gentechnische 352
 - Gen 434f.
 - Nutzung, züchterische 795^A
- Herbstzeitlose
s. Colchicum autumnale
- Hermaphroditic (HER) 478^A
- Heroin 369
- Herzglykosid 349, 364f.
- Herzinsuffizienz, Therapie 364
- Herzstadium 754f.^A, 757^A
- Heteroauxin 602
- Heterochromatin 379, 382, 520, 573, 722
- Heterochromatisierung 756
- Heterocyclus 9
- Heterocyste 134, 148^A, 302
- Heteroglykan 37, 39, 90
- Heterophyllie 186^A, 720
- Heteropolymer 26
- Heteropolysaccharid 141, 146
- Heterorhizie 202
- Heterosis 415, 415
- Heterosom 749
- heterotroph 251
- Heterozygotie 391
- Heterozyklus 23
- Heuschnupfen 750
- Hevea brasiliensis* (Gummibaum) 116, 364
- Hexit 14
- Hexokinase 216^A, 228^A, 334^A
- Hexose 17f.
 - Calvin-Zyklus 280f.
 - Dissimilation 333^A
 - Mykorrhiza 813
 - Transport 223^A
- Hexosephosphat-Isomerase 334^A
- HFR1-Transkriptionsfaktor 683f.
- Hieracium* (Habichtskraut) 482
- Hill-Reaktion 255f.
- Hirse *s. Sorghum bicolor*
- His s. Histidin
- HIS3-Gen 418
- Histidin (H, His) 25^A
 - Auxotrophie 418
 - Codon 378
 - Extensin 93
 - Metabolit, protektiver 791
 - Triade, katalytische 574
- Histon 129, 378f., 385
 - Modifikation 381f.
 - – Methylierung 756^A
 - – Monoubiquitinierung 573
- Histon-Acetylase 543
- Histon-Acetyltransferase 381f., 514, 519f., 734
- Histoncode 381f., 734
- Histon-Deacetylase (HDAC) 381f., 543, 734, 738
- Histon-Demethylase 382
- Histon-Kinase 382
- Histon-Methyltransferase 382, 573, 756^A
- Histon-Phosphatase 382
- Hitzestreß 503f.
 - Behandlung 492
 - Proteinfaltung 555
 - Reaktivierung, Retrotransposons 385
 - Hitzestreß(hs)-mRNA 492, 537
 - Hitzestreß-Transkriptionsfaktor *s. Hsf-Protein*
 - Hitzestreßantwort 492, 776f., 786
 - Anschalten 504
 - Chaperon, molekulares 550, 555
 - Kontrollebene 777^A
 - Modell 777^A
 - Superaktivator 530
 - Transkriptionsfaktor 522
 - Transkriptionskontrolle 529
 - Triade, funktionelle 778^A
 - Hitzestreßgen 504
 - Hitzestreßprotein (Hsp-Protein) 492f., 550f., 554f.
 - Hsp70 550
 - – Nanomaschine *s. Hsp70-Maschine*
 - – Proteinfaltung 554f.
 - – Proteinhomöostase 555^A
 - – Proteinimport 561f.
 - – Synthese 504^A, 530, 542, 776
 - Hitzestreßregulon 504
 - HI-Virus (HIV) 428
 - HLH-Genfamilie 423^A
 - HO-Endonuclease 464f.
 - HO-Gen 465f.
 - Hoaglandsche Nährlösung 4
 - Hochblatt 183, 187, 749
 - Hoftüpfel 97f., 115^A, 173
 - Höhere Pflanzen *s. Kormophyten*
 - Holliday junction 404^A
 - Holoenzym 226
 - Holoprotein 36
 - Holunder *s. Sambucus nigra*
 - Holz 172f., 176
 - Lignin 41f.
 - Wurzel 202f.
 - Holzabbau 808
 - Holzfaser 112, 172f., 176
 - Holzparenchym 172f.
 - Holzstoff *s. Lignin*
 - Holzstrahl 172f., 173, 176, 203^A
 - Holzstrahlparenchym 173f., 176
 - Holzverzuckerung 92
 - Homeobox-Protein 521, 715, 719, 757
 - Homogalacturonan 89^A
 - Homoglykan 37
 - homolog 181
 - Homopolymer 26
 - Homorhizie 200^A
 - Homozygotie 391, 394
 - Honigtau 319
 - Hopfen 336, 749
 - Hordeum vulgare* (Gerste) 434
 - Benennung 133
 - Bierherstellung 336
 - Chromosomensatz 391
 - Epiphyt 816
 - Endomizelle 108
 - Ernte 775
 - Hypoxie 787
 - Keimung 615, 617^A
 - Same 761
 - Samenkeimung 766
 - Säuregrad 235
 - Temperaturbereich, Wachstum 774^A
 - Transformation 434
 - Hormoncocktail 659, 661
 - Hormoneinfluß 660
 - Hormonhomöostase 591
 - Hormonnetzwerk 659f.
 - Hormonrezeptor 592
 - Hornmoose *s. Anthocerotopsida*
 - HR-Antwort 659
 - HSE-Element 530
 - Hsf-Protein (Hitzestreß-Transkriptionsfaktor) 522, 530f.
 - Hitzestreßantwort 776f.
 - HsfA1 526, 777f.
 - HsfA2 492f.
 - – Anatomie, funktionelle 524^A
 - – Hitzestreßantwort 777^A
 - – Kernin-/export 527^A
 - – Superaktivator 530, 778
 - – Transkriptionskontrolle 526^A
 - – Triade, funktionelle 778^A
 - HsfA4 786^A
 - HsfA5 786^A
 - HsfA9 761
 - HsfB1 530, 777f.
 - Hsp-Protein *s. Hitzestreßprotein*
 - Hsp70-Maschine 552^A, 556
 - Hsp100-Maschine 556^A
 - Hückel-Regel 10
 - Hüllprotein 836^A, 838f.
 - Hülse 762
 - HY5-Transkriptionsfaktor 681f.
 - Hybride 391f.
 - Hybridorbital 6f.
 - Hybridsaatgut 415, 748
 - Hydathode
 - aktive 124, 246, 783
 - passive 246
 - Hydratation 42f., 43
 - Hydrathülle 35f., 42f., 48, 215
 - hydraulic lift 239
 - Hydrenchym *s. Wasserspeicher- gewebe*
 - Hydrochinon 355^A
 - Hydrochorie 759, 765
 - Hydrogencarbonat 284, 342
 - Hydrogenomonas* 294
 - Hydroid 161f.
 - Hydrojuglon 346^A
 - Hydrojuglonglucosid 346

- Hydrolase 228
 Hydrolyse **15**
 – ATP s. Adenosintriphosphat, Hydrolyse
 – GTP s. Guanosintriphosphat, Hydrolyse
 – Protein 37
 Hydromorphose 712
 Hydronium-Ion **8^A**, 11, 43
 hydrophil **11**, 22
 hydrophob **10**, 22
 Hydrophyten 181
 Hydroponik **4^A**
 hydrostatischer Druck 211f., 239, 246
 Hydroxy-Abscisinsäure 636, 638f.
 Hydroxybenzaldehyd **371^A**
 Hydroxybenzamid **825^A**
 Hydroxyecdysol 363
 Hydroxyferulasäure **351^A**
 Hydroxy-Jasmonsäure
 s. Tuberonsäure
 Hydroxylapatit 313
 Hydroxylase, mischfunktionelle **596**
 Hydroxylgruppe 13f., 22
 Hydroxylradikal 784
 Hydroxymethylbutenol 597
 Hydroxynitril-Lyase **371^A**
 Hydroxy-2-oxo-indol-3-essigsäure **605^A**
 Hydroxy-2-oxo-indol-3-essigsäure-Glucosid **605^A**
 Hydroxyprolin
 – Aminosäure 26, **545**
 – O-Glykosylierung 568
 – Struktur **93^A**
 – Systemin 650
 – Zellwandprotein **93^A**, 566
 Hydroxysäure 22, 118
 Hygrophyten 181
Hymenaea courbaril 124
 Hymenium **468**, 471^A
Hyoscyamus niger 109^A, 733, 735
Hypericum calycinum (Niedriges Johanniskraut), Blattstellung **185^A**
Hypericum perforatum (Tüpfel-Johanniskraut) **123^A**
 Hyperoxie s. Streß, oxidativer
 Hyperpolarisation, Zellmembran **607**
 Hyperthermie 776
 hypertensisch 215
 Hyphe, ascogene 467f.
 Hypodermis 121
 Hypokotyl **179**, 186^A, 204
 – Gravotropismus 708
 – Streckung **687^A**
 – Wachstum 679
 Hyponastie 686f., 787
 Hypophyse **755^A**, 757
 hypostomatisch 189
 hypotonisch 214
 Hypoxie **786f.**
 – Hämoglobinsynthese 651
 – Nitratatmung 300
 – Stickstoff-Fixierung 820
- I**
- I s. Isoleucin
 IAA (Indol-3-essigsäure) s. Auxine
 IAA-Oxidase **605^A**
 Ibuprofen (IBP) **641^A**, **643^A**, **645^A**
 Idioblast **101**
 IFT-Vehikel (Transport) **447^A**
 Ile s. Isoleucin
Illicium religiosum (Japanischer Sternanis) 349f.
Illicium verum (Echter Sternanis) 349f.
 Imazapyr 793, 795^A
 Imbibition 617, **768**
 Imidazolinon-Herbizid 795
 Immunität **822f.**, **827f.**
Impatiens parviflora (Rühr-mich-nicht-an), Leitbündel **191^A**
Impatiens 764
 Impermeabilität 529
 Importin 525, 527, 559
 Imprinting 756
 In-situ-Färbung 432
 In-vitro-Kultivierung 434
 In-vitro-Transkription 511
 Indican **781^A**
 Indigo **367f.**, **781^A**
Indigofera tinctoria 368
 Indikatorpflanze 236
 Indol **9^A**, **368^A**, **432**, **601**, **603^A**
 Indolacetaldehyd **603^A**
 Indolacetaldoxim **603^A**
 Indolacetamid **603^A**
 Indolacetonitril **603^A**
 Indol-3-acetyl-L-alanin **604^A**
 Indol-3-acetyl-L-aspartat **604**
 Indol-3-acetyl-myo-inositol **604^A**
 Indolalanin s. Tryptophan
 Indolalkaloid **351^A**, **368f.**
 Indol-3-buttersäure **601^A**, **603^A**, **667^A**
 Indol-3-carbonsäure **605^A**
 Indoleninepoxid **605^A**
 Indol-3-essigsäure s. Auxine
 Indolglycerinphosphat **603^A**
 Indol-3-methanol **605^A**
 Indolpropionsäure **825^A**
 Indolpyruvat **603^A**
 Indolyl- β -glucuronid 432
 Indolylessigsäure s. Auxine
 Indoxyl **368^A**, **781^A**
 Indoxylglykosid **368^A**
 Induced-fit-Modell 229
 Induktor **500^A**
 Indusium 476
 Infektionsschlauch 820f.
 Influenza-Virus 835
 Informationsverarbeitung 487, **489^A**
 Infrarot 258f., 291, 342
 Inhibitor 453
 Initialzelle 162f.
 – Kambium 172
 – Wurzelapikalmeristem 725
 – – Transkriptionsfaktor **725^A**
 – Wurzelscheitel 163, 195
 Initiation
 – interne 840
 – Transkription 496, 515
 – Translation **538^A**
 Initiationsfaktor **538^A**
 – eukaryotischer 540f., 841
 – Transkription 491
 Initiator-tRNA 538
 Inka-Lilie s. *Alstroemeria*
 Inkompatibilität 440, 468
 Inkrustierung 110, 116f., 121
 Insektenresistenz 435
 Insektizid 369, **792**
 Insertion 410f.
 Insertionsmutagenese **417**, **418f.**, **420^A**
 Integratorgen 732
 Integument 481
 Intein **37**
 Interkalation 412
 Interkinese 405
 Internodium **179**, 185
 Interphase **398^A**, **400f.**, **403^A**
 Interzellulare 188f.
 – CO₂-Partialdruck 243f.
 – Kollenchymgewebe 110
 – Laubblatt 188f.
 – Mittellamelle 94
 – Parenchymzelle 107^A
 – schizogene **94**, 107^A
 Intine 120f., **480^A**
 Intracytose 76
 Intron **490**
 – Chondriom 388
 – Genexpression 489f.
 – Genstruktur 385, 422
 – Plastom 388, 577
 – Retention **513^A**
 – RNA-Molekül 30
 – Spleißen 508f.
 – Verteilung 129
 Inulin 19, 40
 Invagination 80, **83^A**, 139
 Inversion **409^A**
 Invertase 317f., 321, 567
 Ion 50, 233, 235
 Ionenaufnahme 198, 233f.
 Ionenaustausch 235
 Ionenbalance, Störung 783
 Ionenbindung 7
 – Protein **34^A**
 Ionengradient 211, 217
 Ionenkanal 62, 222, 235
 Ionenmotor 275
 Ionenprodukt 44
 Ionenpumpe **780^A**
 Ionenverteilung 236
 IPA (Isopentenyladenin) 594f.
 IPAR (Isopentenyladeninribosid) **595^A**, 597
 IPT (Isopentenyltransferase) **595f.**, **596^A**
 IPTG (Isopropyl-thiogalactosid) **499^A**, 501
 Iridaceae 202
Iris (Schwertlilie) **189^A**, **198^A**
 Irritabilität 205
Isatis tinctoria (Färberwaid) 368
 iso-Jasmonsäure (iso-JA) **641^A**, **642^A**
 – Methyl ester **641^A**
 Isoamylase **322f.**
 isobar **210**
 Isocitrat-Dehydrogenase **337^A**
 Isocitrat-Lyase 73, 327f.
 Isocitronensäure **328^A**, **337^A**
 Isocyclus 9
 Isodityrosin **93^A**
 isoelektrischer Punkt 24, 37
 Isogamie **439**, **440^A**, **446**, **462**
 Isolation
 – geographische 424
 – sexuelle 425
 Isoleucin (I, Ile) **25^A**, **378**, 795
 Isomaltase 323
 Isomaltose 323
 Isomethion-8-thiol **360^A**
 Isomerase 228
 Isomerie, cis/trans- 11
 Isomerisierung, Isopentenylpyrophosphat **359^A**
 Isopentenyladenin (IPA) 594f.
 Isopentenyladeninribosid (IPAR) **595^A**, 597
 Isopentenylidiphosphat
 s. Isopentenylpyrophosphat
 Isopentenylpyrophosphat **357f.**, **596^A**
 Isopentenyltransferase (IPT) 595f.
 Isopeptidase 543, **571^A**
 Isopeptidbindung 570
Isoplexis 364
 Isopren **9^A**, **357^A**, **359**, 595
 Isoprenoid s. Terpenoid
 Isoprenoid-Cytokinin 595f.
 Isopropylthiogalactosid (IPTG) **499^A**, 501
 isotherm **210^A**
 Isothiocyanat 370
 Isotonisch 88, 214
 Isotop 257, 278
 Isotopendiskriminierung **257**
 Isotopeneffekt, kinetischer 257
 Isotyp 53, 57
 Isoxadifenethyl **796^A**

- J**
- JA s. Jasmonsäure
- Jahresperiodizität 175
- Jahresring 173^A, 175
- Japanischer Sternanis s. *Illicium religiosum*
- Jasminum nudiflorum* 642
- Jasmon 642, 644^A
- Jasmonsäure (JA) 594^A, 641f., 644^A, 786
- ACC 644^A, 648
 - Autostimulation 660
 - Biosynthese 642f., 645, 660
 - – Hemmstoff 641^A
 - Blattalterung 645f.
 - Blütenentwicklung 645, 740^A
 - Metabolismus 644^A
 - Methylester 641^A
 - Mimetikum 648
 - nach Verwundung 799
 - Pathogenabwehr 825
 - Rezeptor 647
 - Samenruhe 645
 - Sekundärstoffwechselregulator 646
 - Signaltransduktion 647, 800
 - Streß 776
 - Streßhormon 646f.
 - Transkriptionskontrolle 647f.
 - Wirkung 644f.
 - – Mechanismus 647f.
 - Wurzelhaar 645^A
 - Zellzykluskontrolle 661^A
- Jod 4, 40, 92
- Jod-Stärke-Reaktion 277
- Jod-Stärketest 40
- Johanniskraut s. *Hypericum calycinum*, *Hypericum perforatum*
- J-Protein 552^A
- Juglans regia* (Walnuß) 345f., 765
- Juglon 346^A
- Allelopathicum 345f.
 - Naphthochinon 355
 - Synthese 346^A, 351^A
- Juniperus* (Wacholder) 178, 749
- Jute s. *Corchorus*
- Juvabion 364
- Juvenilhormon 364
- K**
- K s. Lysin
- Kaffeensäure 351^A
- Kaffeestrauch s. *Coffea arabica*
- Kairomon 591, 641, 659, 805
- Kaiserkrone s. *Fritillaria imperialis*
- Kakteen s. Cactaceae
- Kalanchoë blossfeldiana* (Flammendes Kästchen) 287, 694f.
- Kalifornischer Germer s. *Veratrum californicum*
- Kalium
- Grundplasma 50
 - Kanal 222f., 235, 244^A, 246^A
 - Konzentration 216
 - Makroelement 3, 5
 - Mangel 4
 - Potential, osmotisches 239, 243
 - Stomataöffnung 245f.
 - Vakuole 104
- Kaliumhexacyanoferrat-III 255
- Kalkstickstoff-Dünger 299
- Kallose 38, 77f., 114^A, 480
- Kallus 108
- Kalluswachstum 434
- Kalorie 207
- Kälteakklimatisation 776^A
- Kältebehandlung s. Vernalisation
- Kältestreß 778, 780f.
- ACC-Synthase 629^A
 - Akklimatisation 776^A
 - Ecodormanz 663
 - Samenreifung 638
 - Transkriptionsfaktor 523
- Kalyptra 163f., 195f.
- Dictyosom 68
 - Gravotropismus 800
 - Transkriptionsfaktor 725^A
 - Wurzelorientierung 239
- Kalyptrogen 196
- Kalyx (Kelch) 479
- Kambium 171f., 724^A
- faszikuläres 101, 169f., 172, 723
 - interfaszikuläres 172, 723
 - Leitbündel 169^A
 - Meristem, laterales 101, 723
 - Rübe, Dickenwachstum 204
 - Teilung 172^A, 175
 - *Tilia* 176
 - Waldkiefer 173^A
 - Wurzel 202f.
- KAN-Protein, TF 716^A, 719, 721
- Kanadische Wasserpest s. *Elodea canadensis*
- Kanal 219^A, 222
- Kanalprotein 65, 222
- Kanamycin 419, 585
- Kannenpflanze s. *Nepenthes*
- Kantenkollenchym 110f.
- Kappenbildung s. Capping
- Kapillarkraft 216
- Kapillarwasser 238f.
- Kapuzinerkresse s. *Tropaeolum majus*
- Karbolgentianaviolett 136
- Karies 135
- Karotte s. *Daucus carota*
- Karpogonium 456
- Karpospore 456
- Karposporophyt 456f.
- Kartoffel s. *Solanum tuberosum*
- Kartoffel-Spindelknollen-Viroid 837
- Kartoffelfäule 827
- Kartoffelstärke 88^A
- Karyogamie 440f., 471^A, 746^A
- *Neurospora* 467f.
- Karyogramm 381, 391^A
- Karyoplasma 70, 72
- Karyopse 76, 321f.
- Katabolismus 251
- Katabolit-Repression 500
- Katalase 282, 656^A
- Aktivierungsenergie 226
 - Enzymreaktion 282^A, 656^A
 - Kristall 327^A
 - Microbody 73^A, 282, 329
 - Scavenger-Reaktion 784^A
- Katalysator 226
- Katalyse, enzymatische 225f.
- Kation 7
- ent-Kauren 361^A, 612f.
- Kauren-Oxidase, Mutation 616
- ent-Kaurensäure 614
- ent-Kauren-Synthase 613^A
- Kautschuk 364f.
- Kautschukbaum
- s. *Hevea brasiliensis*
- Keimbahnpolyploidie 407, 409
- Keimblatt s. Kotyledonen
- Keimling 631
- mechanische Reizung 800f.
- Keimlingsentwicklung 630, 807
- Keimlingswurzel, Berührungsempfindlichkeit 801
- Keimung 767f.
- epigäische 186^A, 768f.
 - hypogäische 186^A, 768f.
- Keimzelle 402, 442
- Kelch 479
- Kelchblatt 742^A
- Kellerschwamm
- s. *Coniophora puteana*
- Kermesbeere
- s. *Phytolacca americana*
- Kern-Plasma-Relation 70
- Kernäquivalent s. Nucleoid
- Kernexport 525f., 532f.
- Kernexportsignal (NES) 524f.^A, 525, 527^A, 559
- Kerngenom s.a. Genom 381, 391
- Kernholz 176
- Kernhülle 70f.
- Barriere 527
 - Biomembran 47^A
 - Dichte 49
 - Evolution 130
 - Grundmembran 66
 - Leitenzym 73
 - Neubildung 399
 - Zerfall, 398, 405
- Kernimport 525, 527^A, 532
- Kernimportrezeptor 71
- Kernimportsignal (NLS) 524f.^A, 525, 527^A, 559
- VirE3 832
- Kernkörperchen s. Nucleolus
- Kernladungszahl 3
- Kernlokalisationssequenz 71
- Kernlokalisierungssignal
- s. Kernimportsignal
- Kernmembran 71^A
- Kernphasenwechsel 441f.
- Kerpore 64^A, 70f.
- Glykoprotein 567
 - Kernin-/export 527
 - Kernskelett s. Nuclearmatrix
- Kernspindel 407
- Kerntransport 525f.
- Ketal 18, 20^A, 42
- Ketobutytrat 795
- Keton 16, 17^A
- Ketose 17, 20
- Kiefern s. Pinaceae
- Kieselalgen s. Diatomeen
- Kieselsäure 110, 118
- Kinesin 52, 54f., 57, 447
- Kinetin 595^A
- Kinetochor 385, 398f., 401^A, 405f.
- Knappfalle 798^A
- Klasse 133
- Klasse-1-Protein s. Protein, Klasse 1
- Klasse-2-Protein s. Protein, Klasse 2
- Klebfalle 798
- Klebsiella pneumoniae* 301
- Klee s. *Trifolium*
- Kleeseide s. *Cuscuta europaea*
- Kleinstplankton 145
- Kletterpflanze 193
- Klon 425
- Knallgasbakterien 294
- Knoblauch s. *Allium sativum*
- Knock-down-Mutante 844
- Knock-out-Linie 386
- Knockout-Mutante 418
- Knöllchenbakterien
- s. Rhizobiaceae
- Knöllchenbildung (Nodulation) 138
- Knöllchenprimordium 820f.
- Knospe 162f.
- Entwicklung 597
 - Meristem 713
 - Winterruhe 663
- Knospenruhe 663f.
- Knospung 463f., 466
- Knospen s. Nodus
- KNOX-Transkriptionsfaktor 716f., 719f., 726, 757
- Kochsalz 7
- Kohäsion 43, 248

- Kohäsionstheorie des Wassertransportes 247f.
 Kohlendioxid 3, 233, **290**
 – Akzeptor 279f.
 – Aufnahme 240
 – Calvin-Experiment 278
 – Calvin-Zyklus 279f.
 – Evolution 12, 295
 – Fixierung 279f., **283f.**, 288
 – Freisetzung 336f.
 – Kohlenstoff-Assimilation 278f.
 – Kohlenstoff-Kreislauf 342
 – Oxidationsstufe 13^A
 – Partialdruck 243f.
 – Photosynthese 278, 284f., **288f.**
 – Photorespiration 282f.
 – Pumpe 286
 – Reduktion 253, 293, 296
 – Vorfizierung 283f., 287
 – Zellatmung 336
 Kohlenhydrat 73, 318
 – am Protein 566f.
 – aus Triglycerid 326f.
 – Bierherstellung 336
 – Biomembran 59
 – Carbonylverbindung 16f.
 – Cellulose s. Cellulose
 – Energiespeicher 208, 331
 – Extensine 93
 – Halbparasit 809
 – Hemicellulose s. Hemicellulose
 – Nachweis 20
 – Pektine s. Pektine
 – Speicherung 329
 – Stärke s. Stärke
 – Strukturformel 21
 – Synthese 280
 – Transport 284
 – verzweigtes 463
 – Zellwand 88f., 463
 Kohlenmonoxid 12, 130, 341, 785
 Kohlenstoff 3, 5f., 295
 – -Assimilation 277f., 290, 333
 – asymmetrisch substituierter 15^A
 – Isotope 257
 – Kreislauf 342^A
 Kohlenwasserstoff 9f., 808
 Kokospalme s. *Cocos nucifera*
 Koleoptile 76^A, **201**, 705
 – Krümmung 602^A
 – Streckung 687^A
 Koleorrhiza 76^A
 Kollenchym 102, 107, 110f.
 Kommunikation, interzelluläre 148
 Kompaß, magnetischer 678
 Kompartiment 45, **59**, 61, 65, 218
 – endoplasmatisches Reticulum 67
 – Golgi-Apparat 68f.
 – Microbody 73f.
 – Mitochondrion 79f.
 – pH-Wert 44
 – Plastide 81f.
 Kompartimentierung 424
 Kondensation **15**
 Konditionierung **775**
 Konidiospore 444f., 470
 Königskerze 695
 Konkavplasmolyse 214^A
 Kontrollzentrum,
 Sproßapikalmeristem 714f.
 Konvergenz **181**
 Konvexplasmolyse 214^A
 Konzentrationsgradient 211, 213
 Konzeptakel 452
 Kopal **124**
 Kopf-Schwanz-Addition, Terpene 358f.
 Köpfchenhaar 109^A
 Köpfchenschimmel
 s. *Mucor mucedo*
 Kopplung 210, 216f.
 Kopplungsgruppe 396, 402f., 406^A, 415
 Korallenwurz s. *Corallorrhiza trifida*
 Korbblütler s. Asteraceae
 Kork (Phellem) 122^A, 177
 Korkeiche s. *Quercus suber*
 Korkgewebe 102, 116, 741
 Korkkambium 177f.
 Korklamelle 121^A
 Korkwarze (Lenticelle) 177^A, 787
 Kormophyten 129, 162f.
 – Farne 476f.
 – Fortpflanzung, vegetative 443
 – Graviperzeption 196
 – Inhaltsstoff 366
 – Spermatophytina 479f.
 Kormus **162**, 165f.
 Kornblume s. *Centaurea cyanus*
 Kotyledonen 186^A, 757^A, 768
 – Speicherorgan 760f., 763
 – Transkriptionsfaktor 755^A
 – Triglycerid-Umwandlung 326
 Krampfplasmolyse 214^A
 Kranzanatomie 284f.
 Krapp s. *Rubia tinctorum*
 Kräuter 167, 171
 Krebs-Martius-Zyklus
 s. Citrat-Zyklus
 Kresse s. *Lepidium*
 Kreuzblume s. *Polygala myrtifolia*
 Kreuztoleranz 775, **780**, 784, 828
 Kreuzung
 – *Antirrhinum majus* 395
 – Mendel-Regeln 390f., 394
 – *Mirabilis jalapa* 392, 416^A
 – reziproke 390, 394
 – Rückkreuzung 394^A
 – *Triticum* 408
 – *Urtica* 393^A
 – *Zea mays* 415
 Kristalloid 119f.
 Kristallviolett 136
 Krokus s. *Crocus*
 Kronblatt 183, 742^A
 Krone 479
 Krückstockstadium 754^A
 Krummholz 796
 Krustenflechte 812
 Küchenzwiebel s. *Allium cepa*
 Kugelstadium 754f.^A, 757^A
 Kulturpflanze 415, 482, 760
 – Anbau 775
 – Entwicklung 408
 – Herbizidabbau 796
 – Leistungsfähigkeit 415
 – resistente 795
 – transgene 434f.
 – Vermehrung 424
 – Züchtung 347
 Kunstdünger 299f.
 Kupfer
 – Mikroelement 3, 5, 789
 – Phytochelatine 236
 – Cytochrom-*a/a*₃-Komplex 339^A
 Kürbis s. *Cucurbita pepo*
 Kurznachtspflanze 695
 Kurztagepflanze **694f.**
 Kurztrieb 180^A, 193
 Küstenmammutbaum s. *Sequoia sempervirens*
- L**
 L s. Leucin
 Lac-Operon 498f.
 – Expression 501f.
 Lac-Permease 499^A
 Lac-Promotor 498f., 503
 Lac-Repressor 499f., 503, 522
 Lachsreizker
 s. *Lactarius salmonicolor*
 β-Lactam-Antibiotikum 585
 β-Lactamase 425
Lactarius salmonicolor 814^A
 Lactat s. Milchsäure
 Lactat-Dehydrogenase 335^A
 Lacton 20
 Lactose 498f., 501
Lactuca sativa 676f.^A, 694
Laetiporus sulphureus (Schwefelporling) 808
 LAF1-Transkriptionsfaktor 683
 Lambert-Beer-Gesetz 262
 Lamiaceae (Lippenblütler) 360
 Lamin 72, 398
 Lamina **184**
Laminaria 454
 Laminariales 452
 Laminarin 40
 Landwirtschaft 347, 407
 Langnachtspflanze 695
 Langtagpflanze **694f.**, 732
 Langtrieb 180^A
 Lärche s. *Larix*
 Lariat 510f., 578
Larix 176, 416, 814
 Lateralmeristem 723
 Latrunculin B 704
 Laubblatt 187f., 320
 – Transpiration 241^A
 Laubkrone 188
 Laubmoose s. Musci
 Lauraceae 110^A
Lavandula officinalis, Haar 109^A
 LEA-Protein 782
 Lebermoose s. Hepaticae
Leccinum scabrum (Birkenpilz) 814
 Lecithin s. Phosphatidylcholin
 Lectin 566
 Leghämoglobin 302, 651, 820
 Legumin 762f.
 Leguminose 760f., 767
 – Symbiose 816f.
 Lein s. *Linum usitatissimum*
 Leinfaser 111
 Leistung **207**
 Leitbündel 168f.
 – Anlage 721^A
 – Anordnung 170^A, 191
 – *Convallaria majalis* 191^A
 – Dikotyledonen 169, 191^A
 – Entwicklung 721^A, 723
 – Gewebesystem 102
 – *Ginkgo biloba* 191^A
 – *Impatiens parviflora* 191^A
 – kollaterales 723
 – – Aufbau 169^A, 191
 – – Sproßachse 170^A
 – – Umordnung, Wurzelhals 199
 – Laubblatt 188^A
 – Monokotyledonen 169, 191
 – Nadelblatt 192
 – Polarität 720
 – Sproßachse 170^A, 199
 – triarches 195^A, 197^A
 Leitbündelscheide 112, 284f.
 Leitbündelzylinder 170^A, 171
 Leitenzym **73**
 – Glyoxysom 327
 Leitergefäß 115^A
 Leitsystem **168f.**, 199
 – radiales 170, 194, 198f.
 Leitungselement 168
 Leitungsgewebe 102
 Lektin **330**
 Lenticelle 177^A, **787**
Lepidium (Kresse) 68^A, 706
 Leptoid 161^A, **162**
 Leptomycin B 526^A, 585
 Leptotän 402, 404
 Leseraster 409f., 841
 – offenes 410, 489f., **490**, 518, 538
 – – AdoMetDC 546
 – – Blumenkohlmosaikvirus 839

- Leu s. Leucin
 Leu-Zipper 423^A, 522, 524
 Leucin (L, Leu) 25^A, **378**, 524, 795
 Leucin-Zipper s. Leu-Zipper
 Leukämie-Virus 835
 Leukoplast 81f., 87
 – Funktion 48
 – Glutamatsynthese 306^A
 – Nitrit-Reduktion 304
 – Stärkebildung 40, 321
 Leukosen 40
 LFY-Protein 738
 LHC (light harvesting complex)
 s. LHClI
 LHClI 269^A, 276^A
 – Protein 561, 563^A
 – Zustandsänderung 277^A
 LHY-Protein 691^A
 Liane 115
 Lichenen s. Flechten
 Licht **258**, 669f.
 – circadiane Uhr 691
 – Ergrünung 682f.
 – im Laubschatten 685^A
 – Nitrat-Reductase 700
 – Rotlichtschalter 675f.
 – Samenkeimung 676^A, 768
 – Sättigung, Photosynthese 289^A
 – Schattenvermeidungsreaktion 685
 – Signaltransduktion 675
 – Sonnenlicht 259
 – Translationskontrolle 582f.
 – Wachstum 680f.
 – Welle-Teilchen-Dualismus 259
 Lichtabsorption 263
 Lichtempfindlichkeit 695
 Lichtintensität **672**, 692
 Lichtkeimer 676
 Lichtkompensationspunkt 289
 Lichtnelke s. *Lychnis alpina*
 Lichtreaktionen **253**, 254f., 297
 – Aktionsspektrum 260f.
 – Anordnung 275f.
 – C₄-Photosynthese 284
 – Carotinoide 264^A
 – Cyanobakterium 340^A
 – Elektronentransport 266f., 340^A
 – Ferredoxinbildung 306, 311
 – Multiprotein-Komplexe 266f., 276^A
 – Regulation 276
 – Wirkungsgrad 279
 – Z-Schema 273f.
 Lichtrezeptor s. Photorezeptor
 Lichtsammelantenne, innere s. Antenne, innere
 Lichtsammelkomplex s. Photosystem II, Lichtsammelantenne
 – Chlorobiaceae 292
 Ligand 9^A, 11
 Ligase 228, 306
 Lignifizierung 764^A
 Lignin 40f., 646
 – Abbau 808
 – Endodermis 121
 – Kohlenstoff-Kreislauf 342^A
 – Nachweis 42, 117, 197^A
 – Polymer, aromatisches 349
 – Sklerenchymfaser 111
 – Verholzung 117
 – Vorstufe 16, 351^A
 – Zellwand 106
 Liliaceae 119^A, 363
 Liliengrün
 s. *Chlorophytum comosum*
Lilium martagon
 (Türkenbundlilie) 194^A
 Limonin 362f.
Limonium, Zentralzylinder 197^A
 Linaceae 111
 Lincomycin 585
 Linde s. *Tilia*
 Linienspektrum 260
 Linker 379f.
 Linolensäure 23, 326, 641f.
 Linolsäure 23, 326
Linum usitatissimum
 (Flachs, Lein) 111, 321, 326
 Lipase 77, 326, 828
 Lipid **22f.**, 129f., 146^A
 – A 140
 – Biomembran **59f.**, 63f., 66, 69
 – Energiespeicher 208
 – oxidiertes 786
 Lipid rafts 63
 Lipid-Transferprotein 64, 118
 Lipocholeoligosaccharid 817f.
 Liponsäure 310, 312f., 336
 lipophil 22
 Lipopolysaccharid 140, 143
 Lipoprotein 36
 Liposom **61^A**
 Lipoxygenase (13-LOX) 642^A
 Lippenblütler s. Lamiaceae
 lithotroph **251**
 Lockstoff 348, 642
 Locus
 – polymorpher 750
 – S- 750, 751^A
 – – Glykoprotein 566
 Lokomotion **141**
 – Eukaryoten, einzellige 150
 – flagellengetriebene 142
Lolium perenne
 (Englisches Raygras) 797, 816
Lolium temulentum
 (Taumellolch) 619
Lonicera (Geißblatt), Ringborke 178
Lonicera confusa 236
Lophophora williamsii 366
 lophotrich 141
 Lost-Verbindung 412f.
- Lotus-Effekt 120
 Lotusblume s. *Nelumbo nucifera*
 LOV-Domäne 673f., 679f.
 Low-fluence-Bereich 672, 677
 Löwenmäulchen s. *Antirrhinum majus*
 Löwenzahn s. *Taraxacum officinale*
 13-LOX (Lipoxygenase) 642^A
 LR-Repeat 626, 650^A
 LRR-Rezeptor 650f.
 – Pathogenantwort 822f.
 – Verwundung 799
 – Wurzelhaarbildung 730f.
 LSD (Lysergsäurediethylamid) 367
 Lsm-Protein 509
 LSU (large subunit) s. Ribosom, Untereinheit
 Luciferase 432, 526, 690^A
 Luciferin 432, 526^A, 690
 Luftfeuchtigkeit 240f., 246, 287
 Luftmycel 146f.
 Luftwurzel (Pneumatophore) 787
 Lugolsche Lösung 40
 Lutein 264^A, 269, 563
 Luteolin 818^A
 Luzerne s. *Medicago*
 Lyase 228, 306
Lychnis alpina (Lichtnelke) 236
 Lycopen, Fruchtreifung 632^A
Lycopersicon esculentum
 (Tomate) 84, 774^A
 – Chromosomensatz 391
 – Frucht 759^A
 – Fruchtreifung 632^A
 – Hitzestressantwort 777f.
 – HsfA2 524^A, 526
 – Mutante 720^A
 – Nitrat-Reductase 700
 Lycopin 264^A
 Lycopodiopsida (Bärlappgewächse) 199, 476
Lycopodium (Bärlapp) 179
 Lys s. Lysin
 Lysergsäure 359, 367^A
 Lysergsäurediethylamid (LSD) 367
 lysigen **107**, 123
 Lysin (K, Lys) 25^A, 366, 381
 – Codon **378**
 – Derivat 831^A
 – Extensin 93^A
 – Histon H1 379
 – Proteinnachweis 36
 – Speicherprotein 330
 Lysopin 831^A
- M**
 M s. Methionin
 M-Phase s. Mitose
 m⁷G-Kappe 489^A
Macrocystis 454
Macrocystis pyrifera 159
- Macrozamia* 301
 Macumar 349
 Madagaskar-Immergrün
 s. *Catharanthus roseus*
 MADS-Box-Transkriptionsfaktor 736f.
 – Blühinduktion 732^A
 – Blütenorganidentität 733
 – – Regulation 739
 – DNA-Bindung 522
 – FLC s. FLC-Repressor
 – FUL 764^A
 – PHE 756
 – SHP 764^A
 Magnesium 3, 5, 267, 584
 Magnesiummangel 4
 Magnetorezeptor 678
 Magnetosensor 678
 Magnetotaxis 141
 Magnoliopsida 133
 Maiglöckchen
 s. *Convallaria majalis*
 Mais s. *Zea mays*
 Maiszünsler 435
 Makrocyste 459
 Makroelement 3, **5**, 299
 Makrofibrille 90, 94
 Makrogamet 439, 450^A
 Makrogametophyt 742
 Makrokonidium 467^A
 Makromolekül 26, 49, **487f.**, 808
 Makroprothallium **476**, 478
 Makropore 481
 Malat s. Äpfelsäure
 Malat-Dehydrogenase
 – C₄-Photosynthese 286^A
 – CAM-Stoffwechsel 287^A
 – Citrat-Zyklus 337f.
 – Fettsäurestoffwechsel 328^A
 Malat-Synthase 327f.
 Malatenzym 285f.
 Malonsäure 628
 Malonyl-ACC 628^A
 Malonyl-Coenzym A 354f.
 Maltase 323
 Maltose 21^A, 322
Malus (Apfel)
 – Frucht 759^A
 – Periderm 177^A
 – Verbreitung 764
 Malvaceae 111
 Mammutbaum
 s. *Sequoia sempervirens*
 MAMP (microorganism-associated molecular pattern) **650**, 822f.
 MAN1-Protein 478
 Mandelsäurenitril 767^A
 Mangan 3, 5, 341, 789
 – Cluster 270
 Mangan stabilisierendes Protein (MSP) 270
 Mangelsymptom 4

- Mangrove 204
 Manilahanf s. *Musa textilis*
Manilkara zapota (Sapodillbaum) 365
 Mannan 38
 Mannit 14, 16^A, 215, 319, 780
 Mannitol 781^A
 Mannose 17, 37f., 567
 Mannosidase 568f.^A
 Mannuronsäure 39, 451, 454f.
 MAP-Kinase
 – ACC-Synthase, Regulation 629^A
 – Ethylenrezeption 633f.
 – Genexpresson 656
 – – Wassermangel 780^A
 – Kaskade 633f., 799
 – – Phytopathogenabwehr 825
 – Stimulation 629
 – Stressor 828^A
 – System 634^A
 MAP-Kinase-Kinase 633f.
 MAP-Kinase-Kinase-Kinase 633f.
Marchantia 160^A, 443
 Marienkäfer
 s. *Coccinella septempunctata*
 Mark 168^A, 171, 173^A
 Markgergen 833
 Markgewebe 102
 Markparenchym 107^A
 Markstrahl 42^A, 170^A
 Massenwirkungsgesetz 44
 Massenzahl 3, 15
 Masterregulator
 – Apikaldominanz 662, 664^A
 – HsfA1 778^A
 – Photomorphogenese 681
 – PIF3 681
 – Transkription 662
 MAT α -Protein 522
 MAT-Locus s. Paarungstyp, Locus
 MAT α -Protein 522
 Matrix
 – extrazelluläre 743, 746
 – – Proteinimport 557^A
 – Mitochondrion 80, 339^A
 – Primärwand 90, 96f.
 – Sekundärwand 97
 Matrixpotential 214f., 216
Matthiola incana, Haar 109^A
 Mäusedorn s. *Ruscus hypoglossum*
 Mazeration 90
 MCP (Methylcyclopropen) 632f., 788^A
 MCS s. Multiklonierungsstelle
 MDAR (Monodehydroascorbat-Reductase) 784^A
 Mediator 651, 655^A, 657
Medicago (Luzerne) 416, 765, 818^A, 820
 Medium, hyperosmotisches 431
 Meerrettich s. *Armoracia rusticana*
 Megagametophyt 482
 Mehlkörper s. Stärkeendosperm
 Mehrphasensystem 233
 Meiose 396, 402f.
 – Gametenbildung 407, 441
 – Generationswechsel 441^A
 – *Neurospora* 468f.
 – Polyploidie 406f.
 – Rekombination 405^A
 Meiospore 442, 450^A, 456f., 471^A
 – Musci 474^A
 – *Neurospora* 467f.
 – Pteridophyta 476f.
 Melde s. *Atriplex*
 Melibiose 527f.
 Membran s.a. Biomembran
 – äußere 140f., 144^A
 – bei Kältestreß 782
 – intracytoplasmatische 139, 291f.
 – periarbuskuläre 815
 – perisymbiotische 814
 Membrananker 565, 567
 Membranfluß 63, 74f.
 Membranfluidität 60
 Membranlipid 63, 326
 Membranpore 62
 Membranpotential 221, 223, 246
 Membranprotein
 – Biomembran 59, 63
 – EIN2- 633f.
 – Extraktion 62
 – integrales 61f., 66f.
 – komplementäres 565
 – peripheres 61f.
 – Plastide 580
 – Transport 69, 563, 565f.
 Membranproteinkomplex 340
 Membransteroid 59
 Membranvesikel 55f., 61, 63, 66, 74
 Menadion 777^A
 Mendel-Regel 375, 390, 394
Mentha piperita (Pfefferminze) 360^A
 Menthol 360^A
 Mentoreffekt 743
 β -Mercaptoethanol 549
 β -Mercaptoethanolamin 312^A
 Meristem 101f., 711, 713f., 716
 – *Arabidopsis thaliana* 196
 – Dikotyledonen 713^A
 – interkalares 183
 – Kormophyten 167
 – laterales 101, 177
 – Makroprothallium 476, 478
 – sekundäres 172, 177
 – Stabilität 597
 – Transkriptionsfaktor 521
 – Wurzelapikalmeristem 724f.
 Meristemhomöostase 597, 715
 Meristemidentitätsgen 732
 Meristemoid 101, 189
 Meristemzylinder 168^A, 179
 Merkmal 409, 415, 712
 Meskalin 366^A
 Mesophyll 188, 317f.
 – C₄-Pflanze 284
 – Chloroplast 285^A
 – Nitrat-Reduktion 304
 – Protoplast 662, 666^A
 Messenger-Ribonucleoprotein-Komplex (mRNP) 515, 540f.
 – Abbau 542
 – Export 517f.
 – freie 537
 – Gütekontrolle 517f.
 – Zell/Zell-Transport 726^A
 Messenger-RNA (mRNA) 30
 – am Ribosom 57f.
 – Blumenkohlmosaikvirus 839
 – Capping 507^A
 – Cytoplasmabestandteil 50^A
 – defekte 518
 – eukaryotische 541f., 841
 – Export 71, 493
 – Gütekontrolle 518
 – Hitzestreß s. Hitzestreß-mRNA
 – monocistronische 838
 – Nitrat-Reductase 699f.
 – Pflanzenvirus 836
 – polycistronische 497
 – – Blumenkohlmosaikvirus 839
 – – Lac-Operon 499^A
 – – Pararetroviren 841
 – – Prozessierung 577^A
 – Prä-
 – – Proteinbeladung 515
 – – Prozessierung 489f.
 – – Spleißen 507f.
 – – – alternatives 512f.
 – – Spleißosom 507f., 510^A
 – reife 490
 – RNAPII 506
 – Shine-Dalgarno-Sequenz 538
 – Spaltung 722
 – Spleißen s. Spleißen
 – Splicing 422
 – Stabilität 578
 – subgenomische 838
 – Transkription 377, 487f., 515f.
 – – *E. coli* 494f.
 – – reverse 428
 – Translation 538f.
 – virale 843
 Met s. Methionin
 meta-Topolin (mT) 595
 Metabolismus 251
 Metabolit 50^A, 104, 487f.
 Metabolon 338
 Metalloenzym 12, 236
 Metalloprotease 574
 Metamorphose 181
 – Blatt 193^A
 – Sproßachse 167, 180f.
 – Wurzel 203f.
 Metaphase
 – Chromosom 380^A
 – Mitose 398f., 401^A
 – Meiose 403^A, 405f.
 Metaphasegift 407
 Metaphloem 168^A
Metasequoia glyptostroboides (Urweltmammutbaum) 78^A
 metastabil 225
 Metaxylem 168^A
 Methan 8^A, 12, 341f.
 Methanol 14, 16^A
 Methionin (M, Met) 25f.
 – aktiviertes 507^A
 – Aktivierung 627
 – Codon 378
 – Ethylenbiosynthese 627f.
 – Formylierung 538
 – Polyamin 546f.
 – Proteinsynthese 538, 540
 – Speicherprotein 330
 – Synthese 311^A
 Methionin-Adenosyltransferase 547^A
 Methoxygruppe 41
 Methyl-di(2-chlorethyl)amin, Mutagen 413^A
 Methylarginin 382^A
 2-Methyl-1,3-butadien s. Isopren
 Methylcyclopropen (MCP) 632f., 788^A
 5-Methylcytosin 23f.
 Methylen-Iophenol 622^A
 Methylen-tetrahydrofolsäure, Derivat 414
 7-Methylguanosin-monophosphat 507^A
 Methylierung
 – Histon 756^A
 – Protein 543
 Methyllysin 382^A
 Methylmethansulfonat (MMS), Mutagen 413^A
 Methylnitrosoharnstoff (MNU), Mutagen 413^A
 Methyl-Selenocystein 545^A
 Methylselenol 545^A
 Methylthioadenosin 628^A
 Methyltransferase 534^A, 658^A, 734f.
 Methylumbelliferon (MU) 431^A
 Methylumbelliferyl- β -glucuronid (MUG) 431^A
 Metolachlor 793
 Mevalonsäure 358, 621f.
 Micellarstrang 90f., 94f.
 Micelle 62
 Michaelis-Menten-Konstante 225
Micrasterias, Cellulose-Synthase 91^A
 Microbody 66, 73f.
 – Biomembran 283^A
 – Dichte 49

- *Oocystis solitaria* 64^A
- β -Oxidation 327
- Photorespiration 253^A
- Umwandlung 329
- Microcystis aeruginosa* 59
- microorganism-associated molecular pattern (MAMP) 650, 822f.
- Mikro-RNA **31**
 - Blattanlage 718^A
 - Blühinduktion 732^A
 - HD-ZIP-Protein 721
 - Pflanzenentwicklung 722^A
 - sekundäre 722
 - Sproßapikalmeristem 719
 - VIGS 844
 - Wirkung 722
 - Zielgen 723
- Mikroarray 592
 - Analyse 493
 - Expressionsdatenbank 386
- Mikrocyste 459
- Mikroelement 3, **5**, 789f., 813
- Mikrofibrille 90, 92^A, 94f.
- Mikrofilament **55f.**
 - Chromosomenumverteilung 400
 - Cytoskelett 48, 51
 - Eigenschaften 52
- Mikrogamet 439, 450^A
- Mikrogametophyt 480, 742f., 751^A
- Mikrokallos 662, 666^A
- Mikrokonidium 467^A
- Mikroorganismus s. Prokaryoten 134f.
 - Auxinbiosynthese 603^A
 - Biofilm 135
 - biotropher **827**
 - denitrifizierender 4, 300, **341**
 - hemibiotropher **827**
 - heterotropher 822
 - MAMP 823
 - nekrotropher **827**
 - Pflanzenpathogen 822f.
 - Phytohormon 593
 - Samenkeimung 767
 - saprophytischer 805, 808
 - Wurzelwechselwirkung 806^A
- Mikroprothallium **476**, 478
- Mikroprozessor, biologischer 661f., **662**
- Mikropyle 480f., **481**, 744
- Mikrospore, Entwicklung 618
- Mikrotubulus 47^A, **53f.**
 - Anordnung 401^A
 - Bewegung 400
 - Cellulose-Ablagerung 91f.
 - Cytoskelett 48, 51, **400**
 - Depolymerisation 368
 - Eigenschaften 52
 - Eukaryotengeißel 150, 152
 - Instabilität 54
 - Paralleltextrur 97^A
 - Spindelapparat 398
 - Spindelgift 407
- Mikrotubulus organisierendes Zentrum (MTOC) 53f.
 - Basalkörper 151
 - Polkappe 400f.
- Mikrowellen 258^A
- Milchröhre 102, 112
 - gegliederte 116
 - ungegliederte 113
- Milchsaft 113
- Milchsäure 22^A, 244, 334f.
- Milchsäuregärung 335^A
- Milchzucker s. Lactose
- Mimikry, molekulare 535f., 540
- Mimosa* 191
- Mimosa pudica*, Thigmonastie 797^A
- Mimose s. *Mimosa*
- Mineraleinlagerung 100, 118
- Mineralsalzaufnahme 233f.
- Mineralstoffversorgung 4
- Mini-MYB-Protein 726, 729f.
- Miniature inverted repeat transposable element (MITE) 383, 385
- Minichromosom
 - Blumenkohlmosaikvirus 839
 - *Dictyostelium* 462
 - T-DNA 419, 433, 829
- Minuartia* 791
- Mirabilis jalapa* (Wunderblume) 392f.
 - Mutante, *albomaculatus* 415f.
- miRNA s. Mikro-RNA
- Mischaromat 349, 354f.
- Misense-Mutation 409f.
- Mistel s. *Viscum album*
- MITE (Miniature inverted repeat transposable element) 383, 385
- Mitochondrien-DNA 80f.
- Mitochondriengenom s. Chondriom
- Mitochondrion 47^A, 79f., 129
 - Abstammung 128, 131^A
 - Atmungskette 340
 - bei Hypoxie 787f.
 - Biomembran 48, 60f.
 - Dichte 49
 - Energiewandlung 208^A
 - Entstehung 422^A
 - Exon 578
 - Genomgröße 385
 - Importsignal 559
 - Leitenzym 73
 - Lipid 60
 - Photorespiration 282^A, 283^A
 - Proteinimport 557^A, 562
 - Ribosom 57f.
 - RNA-Editing 579
 - Vorläufer 130
 - Zellatmung 334, 336f.
- Mitomycin C 585
- Mitoribosom 51, 57f., 80
- Mitose 397f., 400f., 441^A
 - Mikrotubulianordnung 401^A
 - *Saccharomyces* 463
 - Mitospore 444^A, 457^A, 466
 - Mittellamelle 47^A, 94f.
 - Entstehung 401^A
 - Protopektin 89
- MMS (Methylmethansulfonat), Mutagen 413^A
- MNU (Methylnitrosoharnstoff), Mutagen 413^A
- Moco s. Molybdopterin, Cofaktor
- Modifikation 391, **712**
 - posttranslationale 541, 543
 - reversible 573
- Mohngewächse s. Papaveraceae
- Mohrenhirse s. *Sorghum bicolor*
- Mol 13
- molare Masse 13
- Molecular Farming 436
- Molekulare Systematik 125
- molekulare Uhr 421
- Molekülmasse 13
- Molekülorbital 7f., 10, 260, 263
- Molekülspektrum 260^A
- Molluginaceae 366
- Molvolumen, partielles 211
- Molybdän 3, 5, 789
- Molybdopterin 304, 636^A, 652
- Monensin 585
- Monocarbonsäure 22
- Monochasium **180^A**
- Monodehydroascorbat-Reductase (MDAR) 784^A
- Monoester 118
- Monogalactosyldiglycerid 23, 60
- Monohybride 391, 393f.
- Monokotyledonen 423
 - Blattstellung 185
 - Dickenwachstum 178
 - Endodermis 122
 - Epidermis 108
 - Expansin 607
 - Homorhizie 200
 - Initialzelle 164
 - Keimblatt 186
 - Leitbündel 169f., 191^A
 - Primärwand 97
 - ruhendes Zentrum 195
 - Scheitelgrube 171^A
 - Schließzelle 243
 - Siebröhre 114
 - Sproßachse 171
 - Tunica 714
- Monomer 1, 26
- Monooxygenase
 - ABA-Abbau 636
 - ABA-Synthese 636f.
 - Auxinabbau 604f.
 - Benzoesäure 658^A
- Brassinosteroidsynthese 622
- Cytochrom-P450-abhängige 67, 596
- Gibberellinsynthese 613f.
- Herbizidentgiftung 794^A
- Salicylsäure 658^A
- Tryptophan- 603^A
- monophyletisch 127
- Monopodium **180^A**, 664
- Monosaccharid 16f., 21^A, 37
- Monosom 537
- Monosomie 408
- Monoterpen 345f., **359f.**, 360^A
- monotrich **141**
- Monotropa hypopitys* (Fichtenspargel) 815
- monözisch **440**, 479, 749
- Monstera* 741
- Moose s.a. Hepaticae, Musci 474f.
- Moosfarn s. *Selaginella douglasii*
- Moraceae 111
- Morgenprotein 691
- Morphin 369f.
- Morphogen 461, 724
- morphogenetisches Feld **717**
 - Abgrenzung 717, 721
 - Blütenorgan 733, 737
 - – Begrenzung 738, 740
 - Embryogenese 757
 - Schotenreifung 764^A
 - Sproßapikalmeristem 716^A
 - Wurzelapikalmeristem 725
- Mot-Protein 141^A
- Motorgewebe 105, 191
- Motorprotein 52, 54f., 66, 400
- Motorzelle 191
- Mougeotia*, Chromatophor 84^A
- Movement-Protein s. Bewegungsprotein, virales
- mRNA s. Messenger-RNA
- mRNP s. Messenger-Ribonucleoprotein-Komplex
- MSP (Mangan stabilisierendes Protein) 270
- mT (meta-Topolin) 595^A
- mtDNA s. Mitochondrien-DNA
- MTOC (Mikrotubulus organisierendes Zentrum) 53
- MU (Methylumbelliferron) 431^A
- Mucor mucedo* (Köpfchenschimmel) 444f.
- MUG (Methylumbelliferyl- β -glucuronid) 431^A
- Muginsäure 237^A
- MukBEF-Protein 494^A
- Multienzymkomplex 336, 338, 839
- Multifiden 451^A
- Multigenfamilie 423
- Multiklonierungsstelle (MCS) **425**, 432, 833
- Multinetzwachstum 106

- multiple cloning site (MCS) s.
 Multiklonierungsstelle
 MultiproteinKomplex 266, 268
 Multiproteinfamilie 423
 Multiproteinkanal 832
 Multiresistenzplasmid 587
 multizellulär 148
 Mungbohne s. *Vigna radiata*
 Murein s. Peptidoglykan,
 Sacculus
Musa textilis (Manilahanf) 111
 Musaceae 111
 Musci (Laubmoose) 160f., 474
 – Cytokininwirkung 597
 – Differenzierung 161
 – Entwicklung 474f.
 – Generationswechsel 474f.
 Musterbildung 727, 729
 Mutagen 411f., 413^A
 – Aneuploidie 409
 – Cumarine 354
 Mutagenese 411
 Mutagentest 412
 Mutante 391f.
 Mutanten-Screeningsystem 631,
 683
 Mutantenpromotor, LacUV5 503
 Mutation
 – Chromosomenmutation 409
 – Frameshift-Mutation 410f.
 – Genmutation 409f.
 – Genommutation 406f.
 – negative 424
 – neutrale 410^A, 421, 424
 – Punktmutation 410^A
 – stille s. Mutation, neutrale
 Mutationsrate 411, 420f.
 Mutterkornalkaloid 366f.
 Mutterkornpilz s. *Claviceps
 purpurea*
 Mutualismus 815f.
 MYB-Transkriptionsfaktor 522
 – APL 719
 – AS 717f., 723
 – – Wirkung 719
 – CCA1 691^A
 – circadiane Uhr 691^A
 – CPC 728f.
 – Gerstenkeimung 617^A
 – GL1 729, 730^A
 – GA-spezifischer 617^A, 619f.
 – LHY 691^A
 – Musterbildung 729
 – MYB33 732^A
 – MYB61 729
 – MYB98 746
 – PAP 729
 – Phloem-spezifischer 724
 – TT2 729
 – W 729
 – WER 730^A
 – Zellspezialisierung 729f.
- Mycel 157^A, 470, 814
 – *Streptomyces* 146f.
 Mycetozoa s. Acrasiomycota
 Mycobiont 811f.
 Mykoplasmen 135, 667
 Mykorrhiza 127, 813f.
 Mykorrhizapilz (Glomeromycota)
 814f., 828
 Mykotoxin 470
 myo-Inosit 14, 16^A
 Myosin 56f.
 – *Dictyostelium* 461
 – Mikrofilament 52
 – Statolith 704
 Myrmekochorie 765
 Myrosinase 371^A
 Myxobakterien 135, 147
Myxococcus xanthus 147^A
 Myxomyceten (Schleimpilze) 129
 Myxospore 147^A
 Myxotesta 759
- N**
- N s. Asparagin
 NAA s. Naphthyllessigsäure
 Na⁺/H⁺-Antiporter 790
 Na⁺/K⁺-ATPase 364f.
 Nachtlänge 695^A
 Nachtschattengewächse
 s. Solanaceae
 Nachtsamer s. Gymnospermen
 NAC-Transkriptionsfaktor 523,
 719
 NAD s. Nicotinsäureamid-
 adeninucleotid
 Nadelblatt 180^A, 192^A
 NADH s. Nicotinsäureamid-
 adeninucleotid
 NADH-Dehydrogenase
 – Atmungskette 340^A, 399^A,
 – – Cyanobakterium 340^A
 – externe 341
 – Purpurbakterien 292^A
 – Untereinheit 579^A
 NADP, NADPH s. Nicotinsäure-
 amidadeninucleotid-
 phosphat
 NADPH-Oxidase 656, 816, 825,
 843
 Nährelemente 5
 Nährlösung 4
 Nährstoffmangel 4, 775
 – Myxobakterien 147^A
 – *Streptomyces* 146f.
 Nährstoffversorgung, Embryo
 758
 Nahrungskette 135
 Nalidixinsäure 585
 Nanomaschine, biologische
 552f., 570, 832
 – RNA-Polymerase II 513f.
- Naphthalin 9^A
 Naphthochinon 355^A
 Naphthyllessigsäure (NAA) 601^A,
 606
 – Pflanzenregeneration 666^A
 – Volumenzunahme, Protoplast
 609^A
 Naphthylphthalamsäure 609^A
 Narbe 481
 – Oberfläche 747, 749
 – Pollenentwicklung 742f.
 – Samenpflanze 480^A
 – Selbstinkompatibilität 750f.
Narcissus spec. (Schalennarzisse)
 87^A, 119^A
 Naringenin 357
 Naringeninchalkon 357^A
 Naringin 357
 Nastie 191, 201, 243, 689
 Natrium 3, 783
 Natriumchlorid 7
 Natriumdodecylsulfat (SDS) 62
 Natriumhydrogencarbonat 278
 natürliche Auslese s. Selektion
 NB-LRR-Bindungsprotein 826
 NCED (Epoxy-carotinoid-
 Dioxygenase) 636f., 664
 Nebenblatt (Stipel) 181^A, 183^A
 Nebenblattdorn 193^A
 Nebenzelle 189^A, 191
 Nektarium 124, 750
Nelumbo nucifera (Lotusblume)
 120^A
 Nematizid 792
 Neomycin 585
 Neomycin-Phosphotransferase
 419, 833
Nectria nidus-avis
 (Vogelnestwurz) 815
 Neoxanthin 636f., 639^A
Nepenthes (Kannenvpflanze) 193
Nerium 364
Nerium oleander (Oleander) 113
 NES s. Kernexportsignal
 Netzgefäß 116^A
Neurospora crassa 466f.
 – Ascospore 468
 – circadiane Uhr 692f.
 – Entwicklung 467f.
 – Mitochondrion 79^A
 – Mutante 692
 – Zellwand 463
 – Zn-Finger-Proteine 523
 Nexin 150
Nia-Gen 699f.
 Nicht-Haarzelle s. Atrichoblast
 Nicht-Wirts-Resistenz 823^A, 843
 Nichtschwefelpurpurbakterien
 s. Rhodospirillaceae
 Nickel 3, 789
 Nickelsulfid 130
- Nicotiana glutinosa* 35, 843
Nicotiana tabacum (Tabak)
 – Alkaloid, echtes 366^A
 – Chondriom 386
 – Pflropfexperiment 369^A, 698
 – Photoperiode 694
 – Plastom 387^A, 575
 – Regeneration 666^A
 – Sekundärmetabolit 345
 – Sprossachse 114^A
 – TMV-Infektion 834^A
 – Transformation 431
 – Wurzelhalstumor 829^A
 – Zelltod 843
 Nicotianamin 237^A
 Nicotin 366^A, 369f.
 Nicotinsäure 366
 Nicotinsäureamidadeninucleo-
 tid (NAD, NADH) 227^A
 – Bakterienphotosynthese 291f.
 – bei Hypoxie 787f.
 – cADPR-Bildung 657
 – Citrat-Zyklus 333^A, 337f.
 – Gärung 335f.
 – Glykolyse 334f.
 – Nitrat-Reductase 304^A
 – Pyruvat-Dehydrogenase-
 Reaktion 336^A
 – Stickstoff-Fixierung 302^A
 – Zellatmung 336f., 341
 Nicotinsäureamidadeninucleo-
 tidphosphat (NADP, NADPH)
 227^A
 – Bedarf 268
 – C₄-Photosynthese 286^A
 – Calvin-Zyklus 279f.
 – Elektronentransport 266^A
 – Hillreaktion 255f.
 – Lichtreaktion 274^A
 – Monooxygenase 596
 – Nitrat-Reductase 304, 652^A
 – NO-Synthase 652^A
 – Reduktionsmittel 273, 305f.
 – Streiß, oxidativer 786
 – Synthese 256
 Niederblatt 187, 194^A
 Niedere Pflanzen 442
 – Fortpflanzung, vegetative 444
 – Phytohormone 593
nif-Gene 138
 Nif/Fix-Protein 819^A
 Nitrat 297
 – Atmung 341
 – Aufnahme 303
 – Mykorrhiza 813
 – Reduktion 304^A, 652
 – Speicherung 103
 – Stickstoff-Kreislauf 299f.
 – Substratinduktion 700
 – Transport 303
 – Verwertung 652
 Nitrat-Assimilation 699f.

- Nitrat-Reductase 304f.
 – Expression 700
 – Moco 636
 – NO-Synthese 652f.
 – Regulation 699f.
 Nitrat-Reductase-Kinase 699f.
 Nitratatmung 300, 341
 Nitratbakterien 293f., 300f.
 Nitrifikation 300f.
 Nitrit 299f.
 – Atmung 341
 – NO-Synthese 652
 – Reduktion 304f.
 – Toxizität 700
 Nitrit-Reductase 304f., 652
 Nitritbakterien 293f., 300f.
Nitrobacter 294, 300f.
 Nitrogenase 301f., 651, 817
Nitrosomonas 135, 294, 300f.
Nitrospira 135
 Nitrosylierung, Protein 543, **653**
 NLS s. Kernimportsignal
 NMD (Nonsense-mediated decay)
 s. RNA, Abbau
 NOS (Stickstoffmonoxid-Synthase) 652f.
 NO-Scavenger 651, 654^A
 Nod-Faktor 817f.
 nod-Gene 138
 Nodulation **138**
 Nodulationsfaktor s. Nod-Faktor
 Nodulin 820
 Nodus **179^A**, 185
 Nomenklatur 392
 – cis/trans- 11
 – E/Z- 11
 – R/S- 11, 15
 Nonsense-Codon 377
 nonsense-mediated decay s. RNA, Abbau
 Nonsense-Mutation 409f.
 Nopalin 831^A
 NOR s. Nucleolus organisierende Region
 Norflurazon 792
 Nori 455
 Northern-Blot-Analyse 492
Nostoc 145, 148, 301, 811
 Notchless (NOT) 478^A
 Novobiocin 585
 NPA (Naphthylphthalamsäure) 609^A
 NPA-Bindungsprotein 609
 N-Protein 843
NptII-Gen 419
 Nußfrucht 765
 Nucellus 481, 760
 Nuclearlamina 72
 Nuclearmatrix 72, 398f.
 Nuclease 618
 Nucleinsäure 27f.
 – Absorption 537
 – Molekulentstehung 12
 – Nachweis 29
 – Pflanzenvirus 835
 – seltene Base 23
 Nucleofilament 379f.
 Nucleoid 72, **134**, 137^A
 – kondensiertes 136
 – Protein 379, 575
 Nucleolus 47^A, 70^A, **72**, 84^A, 611^A
 – Ribosomensynthese 532^A, 533^A
 – RNAPI 506
 – Ultrastruktur 532^A
 Nucleolus organisierende Region (NOR) 72, 384^A, 531f.
 Nucleom 70
 Nucleomorph 133
 Nucleonemen 72
 Nucleoplasma 136, 506
 Nucleoporin 71
 Nucleosid 27^A
 Nucleosom 378f., **379**
 – Acetylierung 520
 – Auflösung 520
 – Chromatinumwandlung 519^A
 – Modifikation 385
 – Monoubiquitinierung 573
 – Vorkommen 129, 146
 Nucleotid **27^A**, 313, 315
 – cyclisches 655, 657
 Nucleotidaustauschfaktor 552^A
 Nucleotidexzisionsreparatur 413
 Nucleotidsequenz 29
 Nucleus s. Zellkern
 NUP-Protein 567
Nuphar lutea (Teichrose) 335
 Nutzpflanze, herbizidresistente 352
 Nyktinastie 689, **798**
 Nylon 13,13 326
Nymphaea (Seerose) 189, 765
- O**
- Oberblatt 179^A, 183f.
 Oberflächenspannung 215
 Ochratoxin 470^A
Ochrobactrum 796
 Octopin 831^A
 2-Octulose 250
 Octylglucosid 563
Oedogonium 261f.
Oedogonium spec.,
 Chromatophor 84^A
Oenothera 80, 416
 Okazaki-Fragment 389
 ökologische Nische **424**
 Ökotyp 733, 735
 Oktandenstadium 754^A, 757
 Öl 22
 – etherisches 123, 359f.
 – fettes 123
 Ölbaum s. *Olea europaea*
 Ölbehälter 102, 123^A, 360
Olea europaea, Same 321
 Oleaceae 319
 Oleander s. *Nerium oleander*
 Oleosin 77^A, 326
 Oleosom 47^A, **77^A**, 326f., 762
 – Membranaufbau 48, 75^A
 Oligogalactomannan 463
 Oligomannan 463
 Oligomer 12, 26
 Oligomerisierungsdomäne 524
 Oligomycin 585
 Oligopeptid 32
 Oligosaccharid 19, 68, 567^A
 Oligosaccharyltransferase 543, 567
 Oligoterpen 358f., 364
 Olive 321
 Ölsäure 22, 325
 onc-Gene 833
 Ontogenese 205
 Ontogenie 442^A
Oocystis solitaria 64^A, 97^A
 Oocyte 154
 Oogametogamie 456
 Oogamie 439f.
 – *Dictyota* 451
 – *Fucus* 453
 – Oomycten 462
 Oogonium **439**, 451f., 456
 Oomyceten (Cellulosepilze) 38, 47, 129, 462, 827
 OPDA-Reductase (OPR) 642^A
 Open reading frame s. Leseraster, offenes
 Operon 129, 497f.
 Opine 829^A, 831^A
 Opinsynthetase 831
 OPR (OPDA-Reductase) 642^A
 Opsine 671^A, 673
 Orchidaceae 238, 749
 – Epiparasitismus 815
 – Samennachreifung 767
 – Verbreitung (Samen) 765
Orchis militaris (Helm-Knabenkraut) 749
 Ordnung 133
 Ordnungszahl 3, 15, 257
 Organelle 47f., 59, 86
 – Eucyte 64^A
 – Grundmembran 66f.
 – Leitenzym 73
 – Membranmodell 61
 – Photorespiration 73
 – Photosynthese 83
 – semiautonome 57, 61, 79f., 384, **575**
 – Triglycerid speichernde 75, 77
 – Umwandlung 329
 organische Säuren, Benennung 244
 organotroph 251^A
 Ornithin 366
 Ornithin-Decarboxylase 547^A
Orobanch (Sommerwurz) 810
 orthogravitrop 200
 Orthogravitropismus **701^A**
 Orthostiche **161**, 184f.
 Orthotropismus 201
Oryza sativa (Reis) 335, 434, 786
 – Biotest 625
 – Endophyt 816
 – goldener 435
 – Halbzwerghform 616
 – Mutante 625
 – nach Überflutung 787^A
Oscillatoria chalybea 144^A
 Oseltamivir 349
 Osmolarität 88
 Osmometer 213
 Osmoregulation 149
 Osmose 212f., **213**
 Osmotikum 243, 246
 osmotischer Druck 212
 osmotischer Hub 248
 osmotischer Wert 211, 213
 osmotisches Potential 214f.
 – Aufbau 218
 – Berechnung 779
 – Blatt-Zellsaft 240, 249
 – Bodenlösung 240^A
 – Gleichgewicht **241**
 – Makromolekül 27
 – Schließzelle 190f., 243
 – Streiß 779
 – Vakuole 105, 790
 – Wurzelparenchym 239
 Oxalacetat 284f., 326f., 337^A
 Oxallessigsäure s. Oxalacetat
 Oxalsäure 104f.
 Oxidase 73, 784^A
 – alternative (AOX) 784^A
 Oxidation **13**
 – β- 326f., **643^A**
 – – Glyoxysom 73
 – – Indol-3-buttersäure 603
 – – Salicylsäuresynthese 658^A
 – Protein 544
 Oxidationsmittel 259, 270
 Oxidationsstufe **13f.**
 Oxidationszahl s. Oxidationsstufe
 Oxidative burst 825
 Oxidoreductase 227f.
 2-Oxoglutarat 22^A
 – anaplerotische Reaktion 339
 – Citrat-Zyklus 337^A
 – Glutamatbildung 305f.
 – Translokator 222
 2-Oxoglutarat-Dehydrogenase 337^A
 2-Oxoglutarinsäure s. 2-Oxoglutarat
 Oxogruppe 13^A, 16f.
 Oxohydroxygruppe
 s. Carboxylgruppe

- 2-Oxo-IAA 605^A
 Oxoluciferin 526^A
 Oxo-phytodiensäure 642f., 800
 Oxosäure 22, 118, 244
 Oxygenase, Fe²⁺-haltige 628
 Oxylinin 591, 642, 786
 Ozon 784f.
 Ozonolyse 326^A
 Ozonschicht 259
- P**
- P s. Prolin
 P-body 542
 P-TEFb-Protein 514
 Paarkernmycel 470
 Paarkernphase 440^A, 467^A, 470
 Paarungstyp
 – Basidiomycetes 470, 472
 – Locus 465f.
 – *Saccharomyces* 463f.
 Paarungstyp-Gen, Regulator 522
 Paarungstypwechsel 646f.
 Paarungsverhalten 439f.
Pachystachys lutea (Dichtähre),
 Pollen 121^A
 Pachytän 403f.
 Paclobutrazol (PB) 613f., 619
 PAL (Phenylalanin-Ammoniak-
 Lyase) 350f., 658^A
 Paläodiploidisierung 423
 Paläopolyploidisierung 407, 423
Palaquium gutta (Guttapercha-
 baum) 365
 Palindrom 427, 502, 524
 Palisadenparenchym 107, 188^A,
 241^A
 Palmitinsäure 22f., 325
 PAMP (pathogenesis-associated
 molecular pattern) 823
Pandorina morum 154^A
Panicum 482
 Pantethein 312^A
 Pantoinsäure 312^A
 Pantotheinsäure 312^A
 Papain 574
Papaver somniferum (Schlafmohn)
 – Alkaloid 349, 369f.
 – Gravitropismus 702^A
 – Milchröhre 116
 Papaveraceae (Mohngewächse)
 366, 765
 – gametophytische Selbst-
 inkompatibilität 752f.
 Papier, holzfreies 117
 Pappel s. *Populus*
 Pappus 765
 PAPS (3-Phosphoadeno-
 sinphosphosulfat) 309f.
 Parabiose 294, 808
 Paradormanz 663
 Paralleltexur 97^A
 Paramylon 40, 83
 Paraphyse 467f., 468
 Paraquat 777^A, 792
 Pararetrovirus 836, 839, 841
 Parasit s. Pflanzenparasit
 Parenchym 107f.
 – Leitbündel 169^A, 721^A
 – Untergliederung 102
 Parenchymstrahl 170f., 173^A
 Parietin 812^A
Parthenium argentatum
 (Guayule) 364
 Parthenogenese 482
 Parvoviren 835
Paspalum 482
Passiflora, Sproßranke 181^A
 Passionsblume s. *Passiflora*
 pathogenesis-associated molecu-
 lar pattern (PAMP) 823
 PAT (Phosphotricin-Acetyl-
 transferase) 435, 833
 PAT-Gen 433f.
 Pathogen 805f.
 – Abwehr 823f.
 – – Endophyt 816
 – – Gentranskription 634
 – – RNA 722
 – – ROS 784, 826
 – – Unterdrückung 823^A
 – biotrophes 825, 827
 – Containment 659
 – hemibiotrophes 827
 – Infektion 638, 657
 – Isolierung 824f.
 – nekrotrophes 827
 – pflanzliches s. Phytopathogen
 – Resistenz 658^A, 824^A, 826^A, 828^A
 – Virus 834
 PB (Paclobutrazol) 613f., 619
 PC s. Phytochelatine
 PCNA-Komplex 573^A
 PCR s. Polymerasekettenreaktion
 PCR-Amplifikation 418f., 428^A, 492
 PCR-Cycler 428
 PDE (cAMP-Phosphodiesterase)
 459f.^A
 Pectinsäure 235
Pediastrum granulatum 154^A
 Pektine 89f., 607
 – Bestandteile 39
 – Pollenschlauch 745^A
 – Primärwand 97
 Pektinase 90
 – Pflanzenparasit 809
 – Zellwandverdau 431, 799
 Pektinesterase 745
 Pektinmethylester 745^A
 Pektinmethylesterase 745
 Pelargonidin 356^A
Pelargonium 416
Pelargonium zonale 110^A, 810^A
 Pelargonsäure 326^A
 Penicillin 585, 587^A
Penicillium 470
Penicillium chrysogenum
 (Pinselschimmel) 444^A
Pennisetum 482
 pentaploid 391
 Pentit 14
 Pentose 17^A, 17, 27, 280
 Pentosephosphatzyklus,
 oxidativer 306, 311
 PEP s. Phosphoenolpyruvat
 PEP-Carboxykinase 327f.
 PEP-Carboxylase 257, 284f.
 Peptid 12
 Peptidase 37, 463
 Peptidbindung 32^A
 Peptidhormon 591, 648f., 715
 Peptidoglykan 137^A
 – AUX-Transport 665^A
 – Bestandteil 26, 143
 – Flagellarmotor 141^A
 – Sacculus 86, 135, 139f.
 – – Gram-Farbstoff 136
 – – *Synechocystis spec.* 144^A
 Peptidrezeptor 650^A
 Peptidsignal 648f., 719, 724, 799
 – Pollenschlauchwachstum 744
 Peptidyltransferase 57, 540
 Perianth 479
 Peribakteroidmembran 820f.
 Periderm 177, 203
 Perigon 479
 Perikambium 199
 – AUX-Transport 665
 – SHR-Protein 725^A
 – Transkriptionsfaktoren 725^A
 – Wurzel 101, 196, 197^A
 – – Dickenwachstum 203f.
 – – Scheitelmeristem 163^A
 – – Zentralzylinder 198f.
 periklin 162, 172^A
 perimitochondrialer Raum 80
 Perinuclearzisterne 70
 periplasmatischer Raum 139f.
 Peristom 474f.
 Perithecium 468
 peritrich 141
 Perizykel s. Perikambium
 Permeabilität 59, 65^A
 – Biomembran 218
 – Chloroplastenmembran 84
 – Mitochondrienmembran 79
 – selektive 103, 130
 Permease
 – Galactose 528^A
 – Lactose 499
 Peroxidase 41^A, 567, 656, 828
 Peroxin 559
 Peroxiredoxin (PR) 784^A
 Peroxisom 73f.
 – Biomembran 47, 60, 66
 – Entstehung 74f., 327f.
 – Importsignal 559
 – Jasmonsäuresynthese 642f.
 – Leitenzym 73, 283
 – β -Oxidation 643
 – Photorespiration 282f.^A
 – Proteinimport 557^A
 Peroxynitrit 651^A
 Petiolus (Blattstiel) 183f., 184
 – Leitbündel 191
 – Phyllodium 193^A
 – Streckung 687^A
 – Torsion 187
 – Tropismus 201
Petunia, Apikaldominanz 664
 Pfefferminze s. *Mentha piperita*
 Pfeffersche Zelle 213
 Pflanze
 – fleischfressende 798
 – frostintolerante 782
 – frosttolerante 782
 – haploide 711
 – männlich sterile 748
 – polyandrische 750
 – sommerannuelle 733
 – tagneutrale 694
 – transgene s. transgene Pflanze
 – überflutungstolerante 787
 – Verbreitung (Samen) 764f.
 – winterannuelle 733, 735
 Pflanzenentwicklung 101, 671,
 709f., 797
 – im Schatten 685f.
 – lichtinduzierte 681f.
 – Mikro-RNAs 722
 – Modulation 712
 – Regulation 722
 Pflanzenfaser 111f.
 Pflanzen genom s. Genom, Pflanze
 Pflanzenhormon s. Phytohormon
 Pflanzeninfektion 823, 826, 829
 Pflanzenkrankheit 30
 Pflanzenparasit 805f., 809f., 815
 – obligater 471
 Pflanzenpathogen
 s. Phytopathogen
 Pflanzenregeneration 662, 665f.
 – Floral-dip-Methode 433^A, 833
 – Reembryonalisierung 711
 Pflanzenschutz 347, 370
 Pflanzenstoff, sekundärer
 s.a. Sekundärmetabolit 104, 123
 Pflanzensystematik 731
 Pflanzenstransformation
 s. Transformation, Pflanze
 Pflanzentumor 603^A, 828f.
 Pflanzenverbreitung
 – geographische 695
 – Samen 764f.
 Pflanzenvirus 667
 – Ausbreitung 148, 842^A
 – Erkrankung 834^A, 837
 – – Resistenz 843

- Genom 835f.
- Infektion 841
- RNP 842
- Übertragung 841f.
- Vermehrung 836^A
- Pflanzenzüchtung 407, 430, 482, 775
- PH (Prohexadioncalcium) 613f.^A
- pH-Wert **44**
- Aminosäure 24
- Apoplast 220
- Cytoplasma 220, 285
- Protein 37
- Speichervakuole 288
- vakuolärer 356
- Phaeophyceen (Braunalgen) 4, 39, 81, 159^A
- Generationswechsel 451f.
- Gewebethallus 159
- Photosynthesepigment 263f.
- Zellwand 450
- Phaeophytin 263, 269f.
- Phaeoplast 81f., 159^A, 264
- Phage s. Bakteriophage
- Phagocyt 459
- Phagus sylvatica*, Blatt 685^A
- Phalloidin 52, 56
- Phänotyp **390**, 392, 394
- Phäophytin 582^A
- Pharbitis nil* (Prunkwinde) 694f.
- Phaseinsäure 636, 638^A
- Phaseolus*, Trockenstreß 639^A
- Phaseolus coccineus* (Feuerbohne) 689^A
- Keimung 186^A
- Polyploidie 407
- Samen 761
- Schlafbewegung 689^A
- Phaseolus multiflorus* 769^A
- Phaseolus vulgaris* (Gartenbohne) 566, 769^A, 820
- PHB-Protein, TF 719f., 723
- Phe s. Phenylalanin
- Phellem 122^A, **177**
- Phellinus* (Feuerschwamm) 808
- Phellogerm **177**
- Phellogen 122^A, **177**
- Meristem, laterales 101, 177^A
- Wurzel 203
- Phenolcarbonsäure 351
- Phenole 15f., **349f.**, 357, 807
- Suberin 118
- Phenylalanin (F, Phe) 25^A
- Alkaloid 366
- Biosynthese 350^A, 351^A
- Codon **378**
- Salicylsäure 657f.
- Phenylalanin-Ammonium-Lyase (PAL) 350f., 658^A
- Phenylpropan, Stoffwechsel 596
- Derivat 825
- Gen 682^A
- Pheromon 476, **591**, 641
- *Cutleria* 451
- *Dictyota* 451
- *Fucus* 453
- Phaeophyceen 451
- Pteridophyta 476
- *Saccharomyces cerevisiae* s. α -Faktor
- Phloem 168f.
- Assimilattransport 315
- Elemente 113^A
- Laubblatt 188^A
- Leitbündel 168f., 721^A, 723
- primäres 168, 197^A, 203
- sekundäres 172f., 203^A
- Transport 726
- Wasserfluß 320f.
- Wurzel 170, 197
- – Spitze 195^A
- – Zentralzylinder 199
- Phloemelemente 113^A
- Phloementwicklung 721f.
- Transkriptionsfaktoren 522, 721^A
- Phloemparenchym 114, 168, 320
- Phloemprimanen 168
- Phloroglucin 40f.
- Phobotaxis **141f.**
- Phosphan 313
- Phosphat 8^A, 27, 297, 313f., 813
- Phosphatase 655, 798
- BSU1- 626f.
- Phytochrom 676^A
- S2- s. Fcp1-Protein
- S5- s. Ssu72-Protein
- saure 73
- Phosphatidylcholin 22, 60
- Biomembran 63, 65^A
- Kalottenmodell 62
- Strukturformel 23^A
- Vesikel 61^A
- Phosphatidylethanolamin 60, 63, 65^A
- Phosphatidylserin 60, 63, 65^A
- Phosphinotricin 433f., 793
- Phosphinotricin-Acetyltransferase (PAT) 435, 833
- Phosphit 313
- Phosphoanhydridbindung 216f.
- Phosphodiesterase 459, 657
- Phosphoenolpyruvat (PEP) 328^A
- anaplerotische Reaktion 339
- C₄-Photosynthese 284f.
- Gluconeogenese 327^A
- Glykolyse 334f.
- Phosphorelais 501
- Shikimat-Weg 350^A
- Triglyceridumwandlung 326
- Phosphoenolpyruvat-Carboxykinase 327f.
- Phosphofruktokinase 334^A
- Phosphoglucomutase 334^A
- 3-Phosphoglycerat 229, 282^A, 284
- C₃-Pflanze 284
- Calvin-Experiment 278
- Calvin-Zyklus 280^A
- Glykolyse 334^A
- Phosphoglycerat-Kinase 229, 280^A, 334^A
- Phosphoglycerat-Mutase 334^A
- D-3-Phosphoglycerinaldehyd 280f., 358
- D-3-Phosphoglycerinsäure s. D-3-Phosphoglycerat
- 3-Phosphoadenosinphosphosulfat (PAPS) 309f.
- Phosphoglykolat 282^A
- Phosphoglykolsäure s. Phosphoglykolat
- Phospholipase A (PLA) 642^A, 646
- Phospholipid 22f., 59, 65^A
- Adsorption 235
- Biomembran 59f., 63^A
- – Mitochondrion 79
- – Plastide 642^A
- Murein 140
- Phasenwechsel 782^A
- Phospholipid 22f., 59, 65^A
- Adsorption 235
- Biomembran 59f., 63^A
- – Mitochondrion 79
- – Plastide 642^A
- Murein 140
- Phasenwechsel 782^A
- N-Phosphonomethylglycin 352^A, 793^A
- Angriffsort 350, 793
- Resistenzen 793
- spaltendes Enzym 796
- Wirkung 352, 793
- Phosphoprotein 314^A, 501, 598, 640
- Phosphor 313
- Makroelement 3, 5
- Stoffwechsel 314^A
- Tetraeder 8
- Phosphorelais 501, **598^A**
- Cytokinintransduktion 600^A
- Ethylentransduktion 633, 635^A
- Vir-Operon 830^A, 832
- Phosphorhaushalt 313
- Phosphormangel 4
- Phosphorsäure 8^A, 22, 217^A
- Phosphorylierung
- oxidative 80
- Protein 228, 314, 543
- Phosphoserin 382^A
- 3-Phosphoshikimat 352^A
- Phosphotransferase-System 501^A
- Phosphotransferprotein 598f.
- Photoautotrophie 128
- Photobiont **811f.**
- photoelektrischer Effekt 259^A
- Photoinhibition 582
- Photokonversion 677
- Photolyase 414^A, 678
- Photolyse, Wasser 255, 267f., 271, 282
- Photometrie 262
- Photomorphogen, Senf 682
- Photomorphogenese 624, **671**, 681f., 685
- Transkriptionsfaktoren 522
- Photomorphose 671, 679
- Photon **259**, 672
- Photonastie **191**
- Photonenfluß **672**
- Photonenstromdichte **672**
- Photooxidation, Chlorophyll 263
- Photoperiodismus **689**, 693f.
- Knollenbildung 698
- Steuerung 674
- photophile Phase 695f.
- Photophosphorylierung 253, **274**, 313
- Photoreaktivierung 414
- Photorespiration 282^A
- C₄-Pflanze 286
- Organelle 73, 283^A
- Photorezeptor 673f.
- Augenapparat 151f.
- Blaulichtrezeptor 677, 679f.
- Chlamyopsin 153
- Cryptochrome 678
- Dunkelrotrezeptor 677
- Komplex 684
- Phototropine 679f.
- Pilze 692
- Protonenzähler 672
- Rhodopsin 153^A
- Schattenvermeidungssyndrom 686f.
- Photorezeptormembran 151f.
- Photosynthese 253f.
- Aktionsspektrum 261^A
- anoxygene 128, **135**
- – Charakteristika 254
- – Evolution 295f.
- Archaea, halophile 293
- Bakterienphotosynthese 290f.
- C₄-Pflanze 283f.
- CAM-Pflanze 283
- Cyanobakterium 59, 143, 255, 291
- Cytochrome 271
- Effektivität 265
- Elektronentransport 266f.
- Energiequelle 259
- Energiewandlung 207f.
- Evolution 294f.
- Herbizide 792
- intensive 282, 700
- Lichtreaktionen 225f., 582
- – Aktionsspektrum 260f.
- Lichtsättigung 289^A
- limitierender Faktor 283
- natürliche 288
- Optimierung 679f.
- Organell 83
- oxygene **135**
- – betreibende Gruppen 128^A
- – Charakteristika 254

- - Cyanobakterien 143, 290f.
- - Evolution 271, 294
- - pflanzliche s. Photosynthese
- - Prochlorobakterien 145
- - Photonenstromdichte 672
- Pigment 291, 685
- - akzessorisches 673
- - Bakteriochlorophylle s. Bakteriochlorophylle
- - Carotinoide s. Carotinoide
- - Chlorophylle s. Chlorophylle
- - Cyanobakterien 143, 291
- - Cytochrom s. Cytochrom
- - Lokalisation 139
- Primärprozeß 266
- Prinzip 254^A
- Reaktionszentrum 266
- - PS I s. Photosystem I, Reaktionszentrum
- - PS II s. Photosystem II, Reaktionszentrum
- Rhodophyceen 454
- Schutz 582
- Schattenvermeidungssyndrom 685f.
- Stomataöffnung 243
- Sukkulente 181
- Temperatur 290
- Unterwasserblatt 787
- Wirkungsgrad 207
- Photosynthesegewebe 102, 107
- Photosyntheseparenchym 192^A
- Photosystem I 272f., 581f.
- Anregungsenergie, Verteilung 277^A
- Elektronentransport 266f., 269^A
- Evolution 296
- Reaktionszentrum 272f., 578
- - Regulation Lichtreaktion 276f.
- Superoxidradikal 656
- Übersicht 266^A
- Verteilung in Thylakoide 276^A
- Z-Schema 274^A
- Photosystem II 268f., 582^A
- Anregungsenergie, Verteilung 277^A
- Circadianrhythmus 690
- D-Protein 269^A, 576^A, 580f., 583^A
- Elektronentransport 266f., 271
- Evolution 296
- Inhibition 270, 582
- Lichtsammelkomplex 268f., 561f., 672f.
- Phaeophytine 263
- Phycobilisom 291^A
- Reaktionszentrum 268f., 561, 563, 582^A
- Regulation 276f., 581
- Schwermetall-Toxizität 791
- Singulettauerstoff 263, 583
- Superkomplex 269f.
- Übersicht 266^A
- Verteilung in Thylakoide 276^A
- Z-Schema 274^A
- Phototaxis **141**, 151f.
- Phototopotaxis **141**
- phototroph 251
- Phototropine 244f., 673f., **679f.**
- Absorptionsbereich 671^A
- Photozyklus 680^A
- Phototropismus **201**, 624, 679, 686
- Photozyklus 680
- Phragmoplast **400f.**
- PHV-Protein, TF 521, 719f.
- Phycobilin 254, 263
- Phycobiliprotein 81f., 143
- Phycobilisom 254, **291^A**
- Cyanelle 86
- Lichtsammelantenne 143f.
- Rotalgen 454
- Phycocyanin 143, 291^A
- Absorptionsbereich 671^A
- Cyanelle 86
- Rotalgen 454, 673
- Phycocyanobilin 291
- Phycocerythrin 143, 291^A
- Absorptionsbereich 671^A
- Rotalgen 454, 673
- Phycocerythrobilin 291
- Phycomyceten 155
- Phyllochinon (Vitamin K1) 273^A, 351^A, 355, 364
- Phylloidium 193^A
- Phylloid 450, 454
- Phyllokladium **181^A**
- Phyllosphäre **805**
- Phylogenie 125, 133
- Physarum* 746
- Physcomitrella* 419
- Phytase 313
- Phytinsäure 313f.
- Phytoalexin **347**, 824f.
- Phytochelatine **235f.**, 313, 791
- Phytochrom 583, **674f.**
- A 672f., 675f., 683, 685
- - Brassinosteroidsynthese 624^A
- - im Schatten 685f., 687^A
- - Photomorphogenese 681f.
- Absorptionsbereich 671^A
- aktives 675f., 678, 685
- Antwort 672
- B 673, 675^A, 686
- - Deetiolierung 677
- Blühinduktion 695
- C 675
- Chromophor 673
- Constans-Abbau 695, 696^A
- Cyanobakterien 291
- circadiane Uhr, Lichtkontrolle 691^A
- D 675, 686
- DR s. Phytochrom, aktives
- E 675, 686
- HR s. Phytochrom, inaktives
- inaktives 675f., 685
- Photonenfluenz 672
- Regulation, TF 522
- Rotlichtschalter 675f.
- Synthese 584
- Wirkung 673, 676^A
- Phytochromobilin 584^A, 673, 675^A
- Phytoën 358f., 361f.
- Phytoën-Synthase 634
- Phytoextraktion 236
- Phytohämagglutinin 330
- Phytohormon 589, **591**, 593f.
- Assimilatstrom 319
- bei Hypoxie 788^A
- bei Streß 828^A
- Geschlechtsbestimmung 749
- Gewebekultur 667
- Hormoneinfluß 660
- In-vitro-Kultivierung 434
- Konzentration 591
- Leitbündel 721^A, 723
- Mikroorganismus 593
- Netzwerk 591, 659f.
- Sproßapikalmeristem 716^A, 718^A
- Transport 605f.
- Wurzelapikalmeristem 725
- Wurzelknöllchen 820
- Zellzyklus 397
- - Kontrolle 660f.
- Phytol 262^A, 361
- Phytolacca americana* (Kermesbeere) 367
- Phytopathogen 822f., 826f.
- Abwehr 823f., 826
- Ascomyceten 470
- Basidiomyceten 471
- Eliminierung 667
- Potyvirus 840
- Resistenz 826^A
- Sekundärmetabolit-Induktion 345, 347
- Virus 834
- Phytopestizid **345**, 354, 361
- Phytopharmaka 349, 616, **792**, 794
- Phytophthora infestans* 827
- Phytoplasmen 667
- Phytoprospektion 236
- Phytosanierung 236, 791
- Phytosiderophor **236f.**, 357
- Phytosulfokin 649f., 743
- Rezeptor 650^A
- Pi-Bindung 6, **7**, 8
- Picea* (Fichte) 180, 814f.
- Picloram (Trichloraminopyridin-carbonsäure) 610^A
- Picoplankton 145
- Picornavirus 840
- PIE-Protein 734
- PIF3-Transkriptionsfaktor 522, 681f.
- Pilzalkaloid 366
- Pilze 806^A, 808
- ABA-Synthese 636f.
- Circadianrhythmus 674
- Echte s. Eumycota 462
- Fortpflanzung, vegetative 444^A
- holzzerstörende 808^A
- Niedere 73, 462
- Photorezeptor 692
- phytopathogene 120, 827
- Pilzhyphe 109, 813, 815
- Pilzmantel 814^A
- Pilzwurzel s. Mykorrhiza
- PIN-Code **608**
- PIN-Efflux-Translokator 608f., 718
- Auxintransport 605f.
- Embryogenese 757^A
- nach Gravistimulation 707^A
- Verteilung 608^A, 708
- PIN-Expression 523
- PIN-Protein s. PIN-Efflux-Translokator
- Pinaceae (Kiefer) 124
- Pinitol 780f.
- Pinselschimmel s. *Penicillium chrysogenum*
- Pinus* (Kiefer) 98^A, 112^A, 178, 416, 479
- Pinus silvestris* (Waldkiefer) 42, 180^A
- Ektomykorrhiza 814
- Holz 174^A
- Nadelblatt 192^A
- Stamm 173^A
- Piperidin 10^A
- Piriformospora indica* 816
- Pirus malus* s. *Malus* 759
- Pistill 481, 743f.
- Pisum sativum* (Erbsen)
- Blattfielerranke 193^A
- Chromosomensatz 391
- Ethylenwirkung 627
- Speicherorgan 761
- Stengelstreckung 609
- Transferzelle 108^A
- Wurzelknöllchen 820
- Wurzelspitze 195^A
- Pisum*-Mutante
- *Ps*- 613^A
- *Ps-le*- 615
- *rms1*- 664
- PKA (Proteinkinase A) 460^A
- PLA (Phospholipase A) 642^A, 646
- Placenta 481
- Plagiogravitropismus 200f., **701^A**, 703
- Plagiomnium spec.* (Sternmoos), Chloroplast 256^A

- Plagiotropismus 201, 701
 Plancksches Wirkungsquantum (= Plancksche Konstante) 259
 Planosporangium 444
 Planospore 444
Plantago (Wegerich) 179, 791
Plantago media, Blattrosette 185^A
 Plasmalemma 47^A, 69
 – bakterielles 62
 – Biomembran 59, 61^A
 – Cellulose-Synthase 91f.
 – Dichte 49
 – Fluid-mosaic-Modell 63^A
 – Lipid 60
 – Proteinimport 557^A
 – Proteinsynthese 58
 – Signalaufnahmesystem 66
 – Zellteilung 400
 Plasmaströmung 49f., 56f., 103
 Plasmatasche 103^A
 Plasmid 135, 138
 – binäres 433, 833^A
 – DNA-Klonierung 425f.
 – Expressionsvektor 432^A
 – PCR 428^A
 – Reporterassay 431f.
 – Resistenzgen 587
 – Ti- s. Ti-Plasmid
 plasmochrom 362
 Plasmodesmos 47^A, 77f.
 – Assimilattransport 318
 – Cyanobakterium 148
 – Grundmembran 66
 – Pflanze 148
 – Stoffaustausch 284
 – Virusausbreitung 842^A
 – Zell/Zell-Transport 725f.
 Plasmogamie 440f., 447, 468, 470
 Plasmolyse 214f.
 Plastide 81f.
 – ABA-Synthese 636f.
 – Abstammung 128
 – Biomembran 48, 61
 – Chaperonmaschine 580f.
 – Evolution 79, 86, 130f.
 – Funktion 48
 – Fettsäuresynthese 324f.
 – Gendosis 488
 – Genexpression 574f., 583
 – Isoprenoidsynthese 612f.
 – Jasmonsäuresynthese 642f.
 – *ent*-Kauren-Synthese 612f.
 – komplexe 132f., 451
 – Nitrit-Reduktion 304
 – Plastoribosom 57f.
 – Porphyrinsynthese 584
 – Promotor 576
 – Proplastide 83^A
 – Proteinimport 559f., 562^A
 – RNA-Editing 579^A
 – RNA-Polymerase 575
 – sekundäre 132
 – semiautonome 79
 – Verbreitung (Domäne) 129
 – Vererbung, extrachromosomale 415f.
 – Vorläufer 130, 424
 Plastiden-DNA 85^A, 87, 560
 Plastidengenom s. Plastom
 Plastidenimport s. Proteinimport, Plastide
 Plastidenprotein 560
 Plastidenvererbung 415f.
 Plastochinon (PQ) 267f.
 – Diffusion 276
 – Elektronentransport 266f., 340^A
 – Bildung 351^A, 355
 – Oligoterpen 364
 – Photosystem II 269^A, 270f., 582^A
 – Redoxzustand 277
 Plastocyanin 267
 – Cytochrom-b₆/f-Komplex 271f.
 – Diffusion 276
 – Elektronentransport 266f., 272, 340^A
 – Photosystem I 272f.^A
 Plastoglobulus 83f., 87, 256^A
 Plastohydrochinon (PQH₂) 267^A, 340
 Plastom 70, 86, 384, 575
 – *Arabidopsis thaliana* 381
 – Gene 388, 488
 – Genamplifikation 488
 – Größe 385
 – *Nicotiana tabacum* 386f.
 – Transkriptprozessierung 577^A
 – trans-Spleißen 578^A
 – Vererbung, extrachromosomale 415f.
 Plastoribosom 51, 57f., 85
 Platane s. *Platanus*
Platanus 178
 Plattenkollenchym 110f.
 Platykladium 181
 Pleiochasium 180
 Pleiotropie 390, 683
 Plektenchym 157^A
Pleurosigma angulatum, Chromatophor 84^A
 PLT-Protein, TF 523, 725, 757^A
 Plumbagin 354f.
 Plumbaginales 814
 pmf (proton motive force) s. protonmotorische Kraft
 PMK s. protonmotorische Kraft
 Pneumatophore 787
Poa 482, 738
Poa annua (Einjähriges Rispengras) 694
Poa pratensis (Wiesensispengras) 482, 694, 797
 Poaceae (Süßgräser) 3, 133
 – Agamospermie 482
 – Anemogamie 747
 – Blüte 739^A
 – C₃-Pflanze 288
 – C₄-Pflanze 288
 – Eisenaufnahme 237^A
 – Gibberelline 619
 – Inhaltsstoff 370
 – Lignin 41
 – Mutterkornalkaloid 367
 – Primärwand 97
 – Schließzelle 243
 – Speicherprotein 330
 – Speicherstoff 321
 – Tropismus 201
 Poales 133
Podospira 468
 pOH-Wert 44
 Pol-Mikrotubulus 400f.
 Polarität
 – DNA 29
 – Embryo 481
 – Fadenhallus 157
 – Kohlenstoffverbindung 10
 – Kohlenwasserstoff 10
 – Leitbündel 720, 723
 – Mikrofibrille 52, 56
 – Mikrotubulus 52f.
 – Polysaccharid 37
 – Transkriptionsfaktor 755^A
 – Wasser 42
 Polinarium 749
 Polkappe 53, 399f., 406
 Pollen
 – Absterben 748
 – Aufbau 480
 – Bestäubung 742f.
 – Erkennung 743, 746
 – Keimung 743f.
 – Oberflächenmerkmal 747
 – reifer 741
 – Selbstinkompatibilität 750f.
 – Übertragung 749
 Pollenanalyse 121
 Pollenentwicklung 742f., 744^A, 748
 Pollenormon 602
 Pollenkorn 120f., 481
 Pollenmutterzelle 480^A
 Pollenpaket 749
 Pollensack 479
 Pollenschlauch
 – Nahrungsquelle 746
 – Organisation 744^A
 – Samenpflanze 480^A
 – Spitzenwachstum 481, 745f.
 – – Führung, chemotaktische 743f.
 – – Hemmung 752
 – – unipolares 109
 Pollinarium 749
 poly(A)-Bindungsprotein 518^A, 541^A
 poly(A)-Polymerase 517f.
 poly(A)-Schwanz s. Polyadenylierung
 Poly-β-hydroxybuttersäure 139, 143, 821^A
 Polyacrylamidgel-Elektrophorese 493, 511
 Polyadenylierung 489f., 517f.
 Polyalkohol 14
 Polyamin 546f.
 – JA-Einwirkung 646
 – osmoprotektive Substanz 780
 – Schwermetallbindung 791
 Polyanion 379
 POLYCOMB-Protein 734
 polyenergid 155
 Polyester 118
 Polyethylenglykol 431^A, 779
Polygala myrtifolia (Kreuzblume), Pollen 121^A
 Polygalactan 456, 746
 Polygalacturonase
 – Fruchtreifung 630, 632^A, 634
 – Phytopathogen 148
 – Pollenentwicklung 743, 745
 Polygalacturonsäure, Baustein 89^A
 Polygenie 390
Polygonatum multiflorum (Salomonssiegel) 180, 182^A
 Polyhybride 394
 Polyhydroxycarbonyl 17
 Polyisopren 364
 Polyketid 349, 351^A, 354f., 366
 Polyketid-Weg 354
 Polykondensation 26
 Polymer s. Biopolymer
 Polymerasekettenreaktion 427^A, 492
 Polymerisation 26
 Polymyxin B 585
 Polynucleotid 27, 29
 Polypeptid s. Protein
 Polyphosphat 139, 143, 821^A
 polyphyletisch 127
 polyploid 391
 Polyploidie 406f.
 – somatische 407, 488
 Polyploidisierung 423
 Polypodiaceae 119^A
Polypodium vulgare (Tüpfelfarn) 363
 Polyporaceae 808
 Polyprotein 840f.
 Polyribosomen 58, 537
 – ER-gebundene 557^A
 – eukaryotische 554^A
 – freie 67, 86
 – Plastide 580
 Polysaccharid 19, 37f., 808
 – Alge 454
 – globuläres 40

- Lipid A 140
- saures 38, 68
- Syntheseort 68
- Zellwand 89f. 122^A
- Polysiphonia* 456f.
- Polysomen s. Polyribosomen
- Polysulfid 139, 292
- Polyterpen 364f.
- Kopf-Schwanz-Addition 358f.
- polytrich **141**
- Polyubiquitin 570f., 573
- Pooideae 133
- Population 421f., 424
- Populationsdichte (Quorum sensing) 817f.
- Populationsgenetik 421
- Populus* (Pappel) 176, 657, 749, 765
- POR (Protochlorophyllid-Oxidoreductase) 684^A
- Pore 219^A, 222f.
- Porenprotein 562
- Porine 223
- β -Faltblatt 62
- Selektivität 140
- Trimer 137^A
- Porphyra* 45f., 457^A
- Porphyrin 584^A, 651
- Porphyrinring 262f., 271, 296
- Positionseffekt 409
- Positionsinformation, Atrichoblast 730
- Positionssignal 711
- SHR-Protein 725^A
- Trichomentwicklung 728
- Wurzelapikalmeristem 726
- Wurzelhaarbildung 730f.
- Pospiviroidae 30, 837
- Postreduktion 469
- Potential
 - chemisches 210f., **211**
 - – Differenz 221, 274
 - – Diffusion 213, 218
 - – Gleichung 211
 - – Wasser s. Wasserpotential
 - elektrochemisches 221f., 273
 - osmotisches s. osmotisches Potential
- Potetometer 242f.
- Potyvirus 834, 840f.
- PPV-Vesikel 741^A
- PQ s. Plastochinon
- PQH₂ (Plastohydrochinon) 267^A, 340
- PR (Peroxiredoxin) 784^A
- Prä-mRNA s. Messenger-RNA, Prä-Prä-rRNA 532^A, 533f.
- prä-tRNA 30
- Präperoxisom 74f.
- Präprophaseband 400f.
- Präreduktion **469**
- Präribosom 72, 532f.
- Präsequenz 80
- Präsporenzelle 458^A, 461
- Prästielzelle 458^A, 461
- PRC2-Repressor 734f., 756^A
- Prephenat s. Prephensäure
- Prephensäure 350^A
- Primärblatt 186^A
- Primärstressor 775
- Primärstruktur
 - DNA 29
 - Protein 32f., **33**
- Primärverdickungsmeristem 171
- Primärvesikel 68f.
- Primärwand 47, 95f., 106^A
 - Endodermis 121^A
 - Kollenchym 107
 - Korkzelle 122^A
 - Struktur 96f.
 - Zellstreckung 607
- Primärwurzel 201
- Primase 389
- Primer 419, 427f., 492
- Primoplantae 474
- primordialer Stoffwechsel 295
- Primosom 389
- Priondomäne **551**
- Prionerkrankung 551f.
- Pro s. Prolin
- Pro-Caspase 825
- Prochlorobakterien 134f., 144f.
 - Photosynthese 290
 - Stammbaum 128
- Prochlorococcus marinus* 145
- Prochloron didemni* 145
- Prochlorothrix hollandica* 145
- Procyte 45
- Produktthemmung 228
- Programm, genetisches s. Pflanzenentwicklung, Programm
- Prohexadioncalcium (PH) 613f.
- Prokambium 168^A, 721^A, 723f.
- Prokaryoten 134f.
 - Abgrenzung 72, 125
 - Antibiotika 585
 - Archaea 145f.
 - Biomembran 59
 - Chaperon 550
 - Cyanobakterien 143f.
 - Eubakterien 136f.
 - Evolution 45, 130
 - Genexpression 493f.
 - Merkmal 134
 - Phosphorelais 598^A
 - Photosynthese 290f., 295
 - Prochlorobakterien 145
 - Ribosom 57f.
 - rRNA 31
 - Stammbaum 127f.
 - Stickstoff fixierende 4
 - Translation 538f.
 - vielzellige 146
- Prolamellarkörper 85^A, 683f.
- Prolamin 330
- Prolegumin 762f.
- Proliferation 662
- Prolin (P, Pro) 25^A
 - Codon **378**
 - Hydroxylierung 545
 - osmoprotektive Substanz 780f.
 - Zellwandprotein 93
 - Schwermetallbindung 791
- Prolinhydroxylierung 545
- Prolylhydroxylase 544f.
- Prometaphase 399^A
- Promitochondrion 79
- Promotor 489f., **490**
 - 35S- 839, 844
 - *Arabidopsis thaliana* 691
 - Consensussequenz 491
 - CRP-unabhängiger 503
 - *E. coli* 496
 - eukaryotischer 515
 - Grundtyp 503
 - *Lac*- s. *Lac*-Promotor
 - lichtregulierter 681f.
 - Plastide 576
 - rRNA-Gene 503, 532^A
 - Stärke 503
 - TA29- 748
 - Typ 503
- Promotorkontext **491**
- Propanol 16^A
- Prophase
 - Meiose
 - – I 402f., 405
 - – II 403, 406
 - Mitose 397f., 400f.
- Proplastide 47f., 82f.
- Prorocentrum micans* 283^A
- Prosenchym 106, 109f., 168
- prosthethische Gruppe 36, **226f.**
- Protease 37, 148
 - ATP-abhängige 574
 - Autophagie 741^A
 - FstH- 574
 - FtsH- 504^A
 - pflanzliche 574
 - Phytopathogen 148
 - vakuoläre 574
- Proteasom **570^A**, 592, 683f.
 - 26S- 37
 - ACC-Synthase 629^A
 - AXR-Abbau 611^A
 - Cyclinabbau 662
 - DELLA-Repressor 619f.
 - EIN3- 634f.
 - JA-Rezeptor 647f.
 - Struktur 571^A
 - Protein **32f.**, 37, 93, 487f.
 - Abbau 37, 570f., 592
 - actinassoziertes 56
 - aktives 489f.
 - AUX-bindendes 609
 - Ca²⁺-bindendes s. Calmodulin
- cotranslationale Translokation 558
- Cytoplasmastruktur 48f.
- cytoplasmatisches 58, 67
- DNA-bindendes 521f.
- Domäne **423**
- Evolution 12
- fibrilläres 35
- Genexpressionskette 489f.
- globuläres 35, 48, 53
- GTP-bindendes 453, 562, 565, 745
- GTP-spaltendes 563
- histonartiges 494^A
- Hitzestreß s. Hitzestreßprotein
- im Thylakoid 561
- integrales 80
- JA-induziertes 647
- kerncodiertes 557
- Klasse 1 557^A, 559f., 567
- Klasse 2 557f., 562, 574
- – Modifikationen 566f.
- – Protease 574
- – Topogenese 565
- – Transport 562f.
- Leseraster 410
- lösliches 140, 566
- Modifikation 541f.
- – Glykoprotein 68, 566f.
- – Nucleotidbindung 543
- – Phosphorylierung 314
- – reversible 543, 573
- multifunktionelles 840f.
- Nachweis 36
- oxidiertes 786
- peripheres 80
- Peroxisom 74
- pflanzliches 551
- Phosphorylierung 314
- porenbildendes 65
- Primärstruktur 32f., 548
- Quartärstruktur s. Raumstruktur
- Raumstruktur 35^A, 488, 548
- rekombinantes 427
- ribosomales 51, 57f.
- – S12 578
- – Synthese 72, 532f.
- – Transitsequenz 561
- RNA-bindendes 542
- sekretorisches 67
- Sekundärstruktur 33^A
- SH-Gruppen-haltiges 791
- Signalstruktur s. Signalpeptid
- Speicherprotein 762
- Stabilität 550
- Tertiärstruktur 34f.
- topogenes Signal 525, 558f.
- Verarbeitung 562, 564
- Verlängerung 30, 57f.
- Verteilung s. Proteintopogenese

- viruscodiertes 844
 - Zell/Zell-Transport 726^A
 - Protein-S-Acyl-Transferase 543
 - Proteinaggregation 555f.
 - Proteinase 798
 - Proteinase-Hemmstoff 330, 647
 - Proteinbiosynthese 58, 67, 535f.
 - Eukaryoten 540
 - Hemmstoff 419
 - Initiation 538^A
 - Klasse-1-Protein 557
 - Klasse-2-Protein 557
 - Plastide 583f.
 - Regulation 546f.
 - rProtein 532
 - Proteindemethylase 543
 - Proteinfaltung 548f., 551f.
 - Chaperonnetzwerk 554f., 580f.
 - Glykoprotein 567, 569
 - in vitro 549, 563
 - Krankheit 551
 - Proteinfunktion, Regulation 543
 - Proteinhomöostase 555^A
 - Störung 777^A
 - Proteinimport
 - Mitochondrion 559, 562
 - Plastide 559f.
 - TIC-System s. TIC-Proteinimport
 - TOC-System s. TOC-Proteinimport
 - Proteinkinase
 - A (PKA) 460^A
 - ARC-Aktivierung 657
 - Beispiele 543
 - BIN2- (brassinosteroid insensitive) 626f.
 - Ca²⁺-abhängige
 - – ACS-Kontrolle 629^A
 - – Aktivierung 640^A
 - – CaM-Domäne 655
 - – Sauerstoffmangel 788^A
 - – Wassermangelstreß 780^A
 - Cyclin-abhängige (CDK) 661f.
 - ERK2 460
 - ligandenabhängige 598
 - MAP- s. MAP-Kinase
 - Phototropin- 679
 - Reaktion 314
 - Serin-Threonin- 633f.
 - Streß, mechanischer 797
 - Stressoren 828^A
 - TIK 515
 - Proteinkörper 330
 - Proteinmethylase 543
 - Proteinnitrosylierung 651^A, 653^A
 - Proteinoplast 87
 - Proteinphosphatase 543
 - Proteinsekretion 74
 - Proteinspeichervakuole 564^A
 - Globuline 330
 - Legumin 726f.
 - Membranfluß 75^A
 - Samen 70, 330
 - Proteintopogenese 490, 556f., 565
 - Plastide 559f.
 - Proteintransport 562f., 565
 - cotranslationaler 67
 - Vesikel 562f., 564^A, 567
 - Proteinvakuolen 105
 - Proteom 383f., 384
 - Proteroandrie 747, 749
 - Proterogynie 747
 - Prothallium 476, 478
 - Protoalkaloid 366^A, 370
 - Protobiont 45, 127, 130, 146, 295
 - Protochlorophyllid 683f.
 - Protochlorophyllid-Oxidoreductase (POR) 683f.
 - Protoderm 163^A, 195^A, 730f.
 - Protoecyete 130f.
 - Protofilament 53^A
 - Protonema 474f., 704
 - Protonengradient 221
 - Protonenpumpe 217, 219f., 295
 - ATP-abhängige 607, 790
 - Auxintransport 605f.
 - Bakteriorhodopsin 293
 - Blattgelenk 800
 - Hemmung 245
 - redoxgetriebene 271
 - Schließzelle 244f.
 - protonmotorische Kraft (PMK) 211, 221f., 296
 - Assimilattransport 318
 - Abnahme 245
 - Aufbau 334, 340
 - Glucosetransport 323
 - Ionenaufnahme 235
 - Kalium-Ionen, Aufnahme 217
 - Photophosphorylierung 253
 - Schließzelle 244
 - Tonoplast 287
 - Transport, sekundär aktiver 220^A, 223^A
 - Zerstörung 305
 - Protopektin 68, 89f., 96^A, 108
 - Protoperithecium 466
 - Protophloem 168^A
 - Protophyt 149, 155
 - Protoplasma s. Cytoplasma
 - Protoplast 45, 47, 59, 138f.
 - Binnendruck 51, 70
 - Herstellung 666^A, 799
 - Mesophyll- 431^A, 666^A
 - nackter 88
 - Plasmolyse 214
 - Regeneration 666^A
 - Reporterassay 431f.
 - Schließzelle 190
 - Siebröhre 113f.
 - Siebzelle 113
 - Volumenzunahme 609^A
 - Wasserverlust 214
 - Protoplastid 86
 - Protoxylem 168^A, 665, 724^A
 - Provitamin A 153, 264, 362, 435
 - Prozessierung, Präribosom 72
 - Prozessosom 534
 - Prp8-Protein 509f.
 - Pr-Proteine 828
 - Gene 824f.
 - Pathogenresistenz, induzierbare 658f., 824^A
 - PRR-Protein 691^A
 - Prunkwinde s. *Pharbitis nil*
 - Prunus spinosa* (Schlehe), Sproßdorn 181^A
 - Psa*-Gene 581
 - PsaA*-Protein 578
 - Psb*-Gene 581
 - PsbA*-mRNA, Translationsaktivator 582f.
 - PsbB*-Operon 577f.
 - PsbD*-Gen 576^A
 - Pseudoalkaloid 366^A
 - Pseudoknot 840
 - Pseudomonas* 300
 - Phytopathogen 823^A, 658^A
 - Virulenzprotein 826
 - Pseudomonas syringae* 648, 824
 - Pseudomurein 146
 - Pseudoparenchym 157f., 454, 456
 - Pseudoplasmodium 459
 - Pseudopodium 461
 - Pseudotsuga menziesii* (Douglasie) 247
 - Pseudouridin 533f.
 - Pseudouridin-Synthetase 534
 - Pseudoviviparie 738
 - Psi-Phänomen 551
 - PSK-Peptid s. Phytosulfokin
 - ptDNA s. Plastiden-DNA
 - Pteridin 414^A
 - Pteridophyta (Farnpflanzen) 476f.
 - Endomykorrhiza 814
 - Homorhizie 200
 - Leitbündel 169
 - Organisation 162, 165
 - Scheitelzelle 162, 715
 - Seitenwurzel 196, 199
 - Siebzelle 113
 - Speicherprotein 762
 - Wachstum 183
 - Wurzelscheitel 163
 - Zeitleupe-Protein 674
 - PTS-System 501
 - Puccinia graminis* (Getreiderost) 472
 - Pulvinus 191, 797f., 800
 - Pumpe 66, 219^A
 - Punktmutation 409f., 410
 - Purin 23f., 27f., 593
 - Stickstoff, Ursprung 307^A
 - Purinbase 375
 - Puromycin 585, 587^A
 - Purpur 368^A
 - Purpur-Salbei s. *Salvia leucophylla*
 - Purpurbakterien 254, 291f., 296
 - Putrescin 546f.
 - Pyknidium 472
 - Pyran 17, 19^A
 - Pyranose 17
 - Pyrenoid 83f., 149
 - Pyridin 9^A
 - Pyridoxalphosphat 628
 - Pyrimidin 23f., 27f., 414
 - Stickstoff, Ursprung 307^A
 - Pyrimidinbase 375
 - Pyrit 307
 - Pyrococcus furiosus* 428
 - Pyrodicticum occultum* 145
 - Pyrophosphatase 219, 309, 495^A, 536^A
 - Pyrophosphorsäure 217^A
 - Pyruvat s. Brenztraubensäure
 - Pyruvat-Decarboxylase 325^A, 335^A, 787
 - Pyruvat-Dehydrogenase 336^A
 - Pyruvat-Kinase 334^A
 - Pyruvat-Phosphat-Dikinase 286^A
- ## Q
- Q s. Glutamin
 - Q-Zyklus 266^A, 268, 271f.
 - Q₁₀-Wert 290
 - Quant 259f., 266, 279
 - Quantärstruktur, Protein 35
 - Quecksilber 789
 - Quellung 215
 - Quellungswasser 238
 - Quercus* (Eiche) 176, 747
 - Ektomykorrhiza 814
 - Endozoochorie 765
 - Monopodium 180
 - Schuppenborke 178
 - Quercus suber* (Korkeiche) 178
 - Querteilung 79
 - Quertracheide 174^A
 - Quinlorac (Dichlorchlorinol-carbonsäure) 610^A
 - Quorum sensing 817f.
- ## R
- R s. Arginin
 - R-Plasmid 138
 - R/S-Nomenklatur 11, 15
 - Rab-Protein 565
 - Rab-Rezeptor 565
 - Radikal 7
 - radioaktive Strahlen 411
 - Radioisotop 257
 - Radiowellen 257f.
 - Raffinose 19, 21^A, 319
 - Transport 317f.

- RALF-Protein 649^A
RAM s. Wurzelapikalmeristem
Ranmie s. *Boehmeria nivea*
Ran-Protein 525, 527
random primer 419
Ranke 800^A
Ranunculaceae (Hahnenfußgewächse) 366, 747, 750
Ranunculus aquatilis (Wasserhahnenfuß), Heterophyllie 186^A, 720
Ranunculus repens, Sproßachse 114^A
Rapamycin 585
Raphide 104^A
Raps s. *Brassica napus*
Rasse 394, 424
Rattengift 353
Raygras, Englisches s. *Lolium perenne*
RB60-Protein 583^A
Reaktion 210
Reaktionsraum s. Kompartiment
Reaktionszentrum 268
– Chlorobiaceae 292
– Chlorophyll 266, 270^A, 276
– D-Protein s. D1-, D2-Protein
– Evolution 296
– Photosystem I 272f., 277^A
– Photosystem II 276f.
– Purpurbakterien 292
Realisatorgen 732, 740
Redox-Coenzym 786
Redoxenzym 636
Redoxkontrolle, Translation 582
Redoxpotential 273, 339f.
– CO₂-Reduktion 296
– Selenocystein 544
– Streß, oxidativer 786f.
– Sulfat-Reduktion 309
Redoxreaktion 273
Reduktion 13
– Protein 544
Reduktionsmittel 259, 273, 291, 295
Reduktionsteilung s. Meiose
Regeneration s. Pflanzenregeneration
Regulation, allosterische 228
Regulatorgen, *Lac*-Operon 499
Regulatorprotein
– 14-3-3- 699f.
– *Lac*-Operon 498f.
Regulierbarkeit 228
Reich s. Domäne
Reifungshormon 628, 630
Reis s. *Oryza sativa*
Reis-Verzweigungs-Virus 835
Rekombination
– homologe 418
– – *Saccharomyces* 465f.
– intrachromosomale 403
– meiotische 405^A, 468
Rekombinationskörperchen 403f., 404
Rekombinationsreparatur 414
Remineralisierung 806
Rentierflechte 812
Replikation s. DNA-Replikation
– Pospiviroidae 837^A
Replikon 138, 389
Replum 764^A
Reporterassay 431f.
Reportergen 432, 690, 742^A
Repressorkomplex, Gal-Regulon 528
reproduktives Gewebe s. Gewebe, reproduktives
Resistenz 843f.
– Frost 430
– Herbizid 430, 434, 794
– Insekt 435
– lokale 658
– Phosphinotricin 434
– Phytopathogen 38, 430, 823
– systemische 658, 824^A
Resistenzfaktor 138
Resistenzgen
– *Amp^r* 425
– Antibiotikum 417, 587
– N 843
– *PAT*-Gen 434f.
Response-Regulator 598f.
Restlichtspektrum 685^A
Restmeristem 101, 172^A
Restorer-Gen 748
Restriktion 427
Restriktionsendonuclease 425f., 432
Restriktionsenzym s. Restriktionsendonuclease
Resupination 187
Retinal 264, 362, 692
– Lichtrezeptor 453, 673f.
– Photoisomerisierung 153^A
– Struktur 153^A
Retinoblastoma-Protein 661f
retrograd 54f.
Retrotransposon 385
Retrovirus 428
REV-Protein, TF 521, 719f., 723
Rezeptor 59
– Abscisinsäure 640f.
– Auxin 609f.
– Brassinosteroid 626
– Calcium 655
– CLAVATA3 715^A
– Elicitor 66
– Ethylen 630f., 633, 635^A
– – Hemmstoff 632f.
– Gibberellin 618f.
– His-Kinase 599
– Jasmonsäure 647
– LRR- s. LRR-Rezeptor
– Phosphorelais 598
– Phytohormon 66
– Salicylsäure 658
Rezeptor-His-Kinase 598^A
rezessiv 392
Reziprozitätsregel 393f., 415
Rhamnogalacturonan 89^A
Rhamnopyranose 89^A
Rhamnose 17, 89
Rhapis excelsa, Leitbündel 170^A
rhexigen 107
Rhizobiaceae (Knöllchenbakterien) 816f.
Rhizobium 300f., 357
– Symbiose, Signalaustausch 817^A
– Symplasmid 819
Rhizodermis 164, 198
– Herkunft 198
– Absorptionsgewebe 102
– Wurzelbau 195f.
Rhizoid 450, 453f.
– Bryophyten 160
– Fadenthallus 156^A
– Gravitropismus 703f.
– Musci 161^A
Rhizom 181f., 182^A
Rhizophoraceae 766
Rhizosphäre 235, 805
– Agrobakterien 831^A
– Ausschnitt 233^A
– Ökosystem 805f., 822
– Signalaustausch 817f.
– Stickstoff-Fixierung 817f.
– Strigolacton 811, 814
Rhizostiche 199
Rho-Faktor 496f.
Rho-Komplex 497f.
Rho-Protein 453
Rhododendron 416
Rhodophyceen 442, 454f.
– Agar 39, 455
– Entwicklung 457^A
– Flechtthallus 157f.
– Photosynthesepigment 263, 673
– Phycobilisom 291
– Plastide 81
– Polysaccharid 455
Rhodophyta 128^A, 254
Rhodoplast 81f.
Rhodopsin 153^A, 264, 362
Rhodospirillaceae (Nichtschwefelpurpurbakterien) 291f., 422^A
Rhodospirillales 254, 290
Rhodospirillum rubrum 291^A
Ribes nigrum (Schwarze Johannisbeere) 360^A
Ribit 14, 16^A
Ribitphosphat 140
Riboflavin 227^A
Ribofuranose 27
Ribonuclease 35^A, 548f.
Ribonucleinsäure s. RNA
Ribonucleoprotein, SRP 557
Ribose 17^A, 27, 495
Ribose-5-phosphat 281
Ribosom 47f., 51, 57f., 531f.
– Bindungsstelle t-RNA 538f.
– Biosynthese 530f., 533^A
– Cytoplasmaeinschluß 48f.
– Elongation, Prokaryoten 539
– membrangebundenes 67
– Prä- 72, 532f.
– Proteinfaltung 554f.
– Reifung 533^A
– Translation 537
– Untereinheit 533^A, 538^A, 541
– Verbreitung 129
– Vorstufe 72
ribosomale RNA 31
– *Arabidopsis* 383
– Evolutionsgrundlage 421
– Gene 72, 531f.
– – *Dictyostelium* 462
– – DNA-Amplifikation 407, 488
– – plastidäres 386^A
– – Transkription 533^A
– Marker 537
– Peptidyltransferase 540
– Prä- 506, 532^A
– Ribosom 51, 57f.
– Sequenzdaten 421
– Synthese 531f., 534
– Verbreitung (Domäne) 129
ribosomales Protein s. Protein, ribosomales
ribosomales RNA-Gen s. ribosomale RNA, Gene
Ribozym 29f., 51, 540
– 23S-rRNA 58
– Biokatalysator 225
Ribulose 17^A
Ribulose-1,5-bisphosphat 279f.
Ribulose-1,5-bisphosphat-Carboxylase/Oxygenase s. RubisCO
Ribulose-5-phosphat 281
Ricin 330
Ricinosa 741^A
Ricinus communis (Rizinus) 769^A
– Same 321, 330, 761
– Wasserzirkulation 320
Riedgräser s. Cyperaceae
Riesenchromosom 407
Rieske-Protein 271f., 274^A
Rifampicin 585
Rifamycin 587^A
RIN-Protein 826
Rinde
– Sproßachse 168^A, 170f., 181^A
– Wurzel 196, 198f., 203^A
– – sekundäre 204
Rindenparenchym 163^A
Rindenwurzel 809^A
Rinderwahn (BSE) 551

- RING-Finger-Protein 683
 Ringborke 178^A
 Ringgefäß 115f., 169^A
 Ringtextur 112^A
 RISC-Komplex 722^A, 843f.
 Rizinus s. *Ricinus communis*
 RNA (Ribonucleinsäure) 27, 29, 487, 511
 – Abbau 518
 – doppelsträngige 722
 – Modifikation 533
 – Potyvirus 840^A
 – Raumstruktur 488
 – ribosomale s. ribosomale RNA
 – single strand (ssRNA) 835
 – small nuclear (snRNA) 383, 510^A, 578
 – – Prä- 506
 – – Sekundärstruktur 508f.
 – – Trimethylkappe 507^A
 – – U5 509^A
 – small nucleolar (snoRNA) 383, 534^A
 – Synthese 496f., 515
 – TMV 838^A
 – Transfer- s. Transfer-RNA
 – Verarbeitung 506, 515
 – Verpackung 515
 – zirkuläre 29f.
 RNA-Bindeprotein, single strand 842
 RNA-Editing 579^A
 RNA-Helikase 533, 541f.
 RNA-Immunität 844
 RNA-Polymerase 30, 503f., 531
 – DNA-abhängige 129, 146, 495
 – *E. coli* 496f., 505f.
 – – *Lac*-Promotor 500^A
 – Eukaryoten 525
 – Holoenzym 496, 502f.
 – I 505f., 531f.
 – II 491, 505f., 511, 517, 734, 837
 – – Eukaryoten 513f., 516^A, 520
 – – Funktionszustand 517^A
 – III 505f.
 – Mitochondrion 506
 – Pflanze 505f.
 – Plastide 506, 575f.
 – Prokaryoten
 s. RNA-Polymerase, *E. coli*
 – Prozessivität 497
 – RNA-abhängige 722, 836^A
 – *Saccharomyces cerevisiae* 506
 – T-Phage 505f., 511
 RNA-Primer 389
 RNA-Prozessierung 72
 RNA-Virus 835, 841, 844
 RNA-Welt 30
 RNase 617^A, 798, 828
 – doppelstrangspezifische 31
 – P 30
 – Selbstinkompatibilität 752f.
Robinia pseudo-acacia (Robinie) 193^A
 Roggen s. *Secale cereale*
 Rohopium 370^A
 Röntgenstrahlen 258^A, 411
 ROP-Protein 745f.
 ROS s. Sauerstoff, reaktiver
 Rosa 177, 183^A
 Rosaceae (Rosengewächse) 319, 482, 750, 759
 – Inhaltsstoff 370
 – Samenruhe 767
 Rose s. *Rosa*
 Rose von Jericho 250
 Rostpilze s. Uredinales
 Rotalgen s. Rhodophyceen
 Rotationsmotor s. Flagellarmotor
 Rotaviren 835
 Rote Rübe s. *Beta vulgaris* ssp. *maritima*
 Roter Fingerhut
 s. *Digitalis purpurea*
 Rotlichtrezeptor 673
 Rotlichtschalter 675f.^A, 695
 Roundup 352
 RPF-Protein 748
 Rpn-Protein 571^A
RpoD-Gen 504
 rProtein s. Protein, ribosomales
 rRNA s. ribosomale RNA
 rRNA-Gen s. ribosomale RNA, Gen
 RT s. Transkriptase, reverse
 RT-PCR 428^A, 492
 Rub-Protein 573^A
 Rüben **204**
 Rübe s. *Beta vulgaris*
Rubia tinctorum (Krapp) 355
 RubisCO (Ribulosephosphat-Carboxylase/Oxygenase) 279f.
 – Aktivierung 267
 – CAM-Pflanze 288
 – Carboxysom 139, 143
 – Isotopendiskriminierung 257
 – K_M -Wert 283
 – Oxygenase-Reaktion 282^A, 286
 – Pyrenoid 83, 149
 – Quartärstruktur 35
 – Stromaprotein 85, 559
 – – Proteinimport 561
 – Schwermetallstreß 791
 – Sequenzdaten 421
 – Synthese 580f.
 – Verteilung 285^A
Rubus 482
 Rubylierung 683
 Rückkopplung, negative 715, 777^A
 Rückkreuzung 394^A
 ruhendes Zentrum (Wurzel)
 163f., 195f., **724f.**, 757
 Ruhezentrum
 s. ruhendes Zentrum
 Rühr-mich-nicht-an s. *Impatiens parviflora*
Rumex 749
Rumex palustris (Sumpf-Ampfer)
 786
 – bei Hypoxie 788^A
 – Blattstellung 686^A
 – Ethylenwirkung 687^A
Ruscus hypoglossum (Mäusedorn),
 Phyllokladium 181^A
 Rutaceae (Citrusgewächse) 360
- S**
- S s. Serin
 SA s. Salicylsäure
 S-Locus 750f.
 S-Locus-Glykoprotein 566
 S-Phase s. Mitose
Saccharomyces cerevisiae (Bäcker-,
 Bierhefe) 462f.
 – Bierherstellung 336
 – Gärung 335
 – Gal4 524^A
 – Galactose-Regulon 527f.
 – Galactoseverwertung 528^A
 – Gen-Knockout 418
 – Genomgröße 385
 – Glucoserepression 528
 – Helix-Turn-Helix-Protein 522
 – Intein 37
 – Intron 508
 – Lebenszyklus 464^A
 – mRNA-Abbau 542
 – Phosphorelais 598f.
 – Präribosom 533^A
 – Prä-rRNA 533
 – Psi-Phänomen 551
 – Rekombination, homologe 465
 – Ribosomensynthese 532
 – Ribosomenzahl 531
 – RNA-Polymerase 505f.
 – rRNA-Gen 532^A
 – Zellwand 463
 – Zellzykluskontrolle 661
 – Zn-Cluster-Transkriptionsfaktor 523
 Saccharose 21^A
 – Assimilattransport 317f.
 – Dichtegradient 49, 537
 – Inulin 40
 – Schutzmechanismus 250
 – Spaltung 318, 321
 – Speicherung 321
 – Synthese 317^A
 – Translokator 222^A
 – Transport-Kohlenhydrat 281^A,
 288, 760
 – Umwandlung 318
 – Zucker, nichtreduzierender 19
 Saccharose-Synthase 318
 Saccharosefructosid 19
 Saccharosegalactosid 19, 21^A,
 318
Saccharum officinalis
 s. *Saccharum officinarum*
Saccharum officinarum
 (Zuckerrohr)
 – C₄-Pflanze 284, 288
 – Isotopendiskriminierung 257
 – Photoperiode 694
 – Textur 112
 Sacculus, Murein 139f.
 Safener 794f., **795**
 Safranin 380
 SAGA-Komplex 514, 520, 529^A
 Sakkoderm 88
 Salbei s. *Salvia pratensis*
 Salicylhydroxamat (SHAM) 641^A,
 643^A
 Salicylsäure (SA) 351, 657f.
 – Allelopathie 807
 – Glucosid 658^A
 – Methyl ester 591, 657f.
 – Monooxygenase 658^A
 – Pathogenabwehr 824f.
 – Streßhormon 775f.
Salix (Weide)
 – Anemogamie 747
 – diözisch 479
 – Fäulnis 176
 – Polarität 602
 – Verbreitung (Samen) 765
Salmonella typhimurium 412
 Salomonssiegel s. *Polygonatum multiflorum*
 Salpetersäure 135
Salvia glutinosa, Epizoochorie 765
Salvia leucophylla (Purpur-Salbei)
 345f.
Salvia pratensis (Salbei) 109^A, 749
 Salzpflanzen s. Halophyten
 Salzstreß 778, 780^A, 783
 – Abscisinsäure 638
 – ACS-Muster 629
 – Streßantwort 790^A
 SAM s. Sproßapikalmeristem
Sambucus nigra (Holunder),
 Plattenkollenchym 111^A
 Samen
 – Glyoxysom 73
 – hitzeresistent 769
 – Kotyledonen 186^A
 – Proteinspeichervakuole 70, 105
 – *Salvia leucophylla* 346
 – Speicherorgan 760f.
 – Speicherprotein 329f.
 – Speicherstoff 321, 323, 762
 – Triglycerid-Umwandlung 326
 – Verbreitung 764
 – Wassergehalt 42, 758
 Samenanlage 481f., 747, 751^A
 Samenentwicklung 758f., 761f.,
767
 – Ablauf 760^A
 – Abscisinsäure 638

- Imprinting 756
- LEA-Protein 782
- Proteinspeichervakuole 564
- Speicherstoff 760^A, 763
- Transkriptionsfaktor 523, 758, 760f.
- Samenkeimung 766f., **768**
 - Abscisinsäure 636, 768^A
 - Einteilung 768
 - Feuer-Lacton 768^A
 - Gibberellin 615, 617f., 768^A
 - Glyoxysom 73
 - Hemmstoff 767^A
 - Lichteinwirkung 677
 - Stimulator 769
 - *Striga* 811
- Samenpflanzen
 - s. Spermatophytina
- Samenprotein 566
- Samenreifung
 - s. Samenentwicklung
- Samenruhe 766f., **767**
 - Abscisinsäure 617, 638, 768^A
 - Ende 636
 - Jasmonsäure 645
- Samenschale (Testa) 758, 767
- Sammelfrucht 759
- Sammelnußfrucht 759
- Sapodillbaum s. *Manilkara zapota*
- Sapogenin 362
- Saponin 362
- Saprophyt 806, **808**, 817, 827
- Sargassum* 454
- Satelliten-DNA 379, 385
- Saubohne s. *Vicia faba*
- Sauerstoff 783f.
 - Bildung 266^A, 268f.
 - - Kohlenstoff-Assimilation 279
 - - Lichtreaktion 255f.
 - - Evolution 294, 296
 - Diffusion 233
 - Makroelement 3, 5
 - Photorespiration 282
 - reaktiver 656, **784f.**
 - - Abscisinsäure 640
 - - Allelopathie 807
 - - Endophyt 816
 - - Homöostase 785
 - - hypersensitiver Zelltod 825
 - - Lichteinstrahlung 583f., 775
 - - Phytopathogenabwehr 825
 - - Pollenentwicklung 743
 - - Regelkreis 786^A
 - - Streß 776
 - Tetraeder 8
 - Transportprotein 651
 - Verbrauch 282
- Sauerstoffmangel s. Hypoxie
- Sauerstoffparadoxon 785
- Sauerstoffstreß
 - s. Streß, oxidativer
- Säugetiervirus 835
- Säuregrad 235
- Säurewachstumsreaktion 607, 615
- SBP2-Protein 544
- Scaffold protein (Gerüstprotein) 634^A, 729
- Scavengerenzym **656**, 780^A, 784f.
- SCF-Komplex 572f., 610, 647
 - JAR-Abbau 647
 - AXR-Abbau 611^A
 - CDF1-Abbau 697
 - CKI-Abbau 661^A
 - Constans-Abbau 697
 - CYCD-Abbau 661^A
 - Cyclin-Abbau 662
 - DELLA-Repressor 620^A
 - EIN3-Abbau 634f.
 - FRQ-Abbau 692^A
 - RJA-Abbau 648^A
- Schachtelhalme s. *Equisetum*
- Schalennarzisse s. *Narcissus spec.*
- Schattenblatt 188, 289, 685^A
- Schattenkräuter, Lichtsättigung 289^A
- Schattenpflanze 289, 685, 805
- Schattenvermeidungssyndrom 677, **685f.**
- Scheitelgrube 171^A
- Scheitelkante 183
- Scheitelmeristem 162
 - Sproßachse 163^A, 167f.
 - Wurzel 163^A
- Scheitelzelle 156f., 183
 - Cyanobakterium 148^A
 - dreischneidige 161
 - Phaeophyceen 159^A
 - zweischneidige 160^A
- Schimmelpilz 470
- Schirmalge s. *Acetabularia*
- Schizogen 94, 107
- Schlafmohn s. *Papaver somniferum*
- Schlauchalgen s. Siphonales
- Schlauchpilze s. Ascomycetes
- Schlehe s. *Prunus spinosa*
- Schleim, pflanzlicher 90
- Schleimbildung, trimerer Transkriptionsfaktor-Komplex 729^A
- Schleimpilze s. Myxomyceten
 - zelluläre s.a. *Dictyostelium* 458^A, 461
- Schließhaut 97f.
- Schließzelle 77, 188f.
 - osmotisches Potential 190f., 243f.
 - Protonenpumpe 244f.
 - Stomataverschluß 246
 - Turgorverlust 244f.
 - Wasseraufnahme 243
- Schließzellenmutterzelle 189
- Schnallenmycel 471^A
- Schneeball s. *Viburnum lantana*
- Schönmalve s. *Abutilon*
- Schote 762, 764^A
 - Entwicklung 522
- Schraubengefäß 115f., 169^A
- Schraubentextur 118^A
- Schreckstoff 347
- Schrittmotor 57
- Schulzesches Gemisch 90
- Schuppenborke 178^A
- Schutzstoff **348**
- Schwammparenchym 188f., 241^A
- Schwanz-Schwanz-Addition, Terpene 358, 361f.
- Schwärmzelle 154^A
- Schwarze Johannisbeere s. *Ribes nigrum*
- Schwefel 307f., 311^A, 341
 - Assimilation **297**, 308, 311
 - Kreislauf 308f.
 - Makroelement 3, 5
 - Photosynthese 292
 - säurelabiler 312f.
- Schwefel-Lost, Mutagen 413^A
- Schwefelbakterien 139, 308
 - grüne s. Chlorobiaceae
- Schwefeldioxid 308
- Schwefelhaushalt 307f.
- Schwefelporling s. *Laetiporus sulphureus*
- Schwefelpurpurbakterien
 - s. Chromatiaceae
- Schwefelsäure 135
- Schwefelwasserstoff 313
 - Biofilm 135
 - Elektronentransport 292f., 296
 - Fixierung 311^A
 - Oxidationsstufe 308
 - Sulfatreduktion 310^A, 341
 - Uratmosphäre 12, 130
- Schweizers Reagens 92
- Schwerkraft s.a. Gravitropismus 669, 703
- Schwermetall 777^A, 789f.
 - Entgiftung 235f.
 - Homöostase 790^A
 - Phytochelatin-Komplex 235^A
 - Toleranz 236
- Schwertlilie s. *Iris*
- Schwimblatt 189
- Scilla* 364
- Sclerotinia* 470
- Scopolamin 349
- SCR-Protein, TF 523
 - Expression 725^A
 - Selbstinkompatibilität 752^A
 - Wirkung 649
 - Transkriptionsfaktor 725f.
- Scrophulariales 810
 - Scrophulariaceae 250
 - - Blüte 739^A
- Scutellum 201
- SDS (Natriumdodecylsulfat) 62
- Secale cereale* (Roggen)
 - Heterosis 451
 - Mitose 398
 - Parasit 367
 - Photoperiode 694
 - Winterform 775f.
 - Wurzel 233, 729
- SECIS-Struktur 544
- Second messenger 657, 823^A
- Sec-Methylase 545^A
- Sec-Synthase 545^A
- Securin 399^A
- Sedimentationskoeffizient 30f.
- Seerose s. *Nymphaea*
- Seescheide s. *Didemnum*
- Segregation, unabhängige 394
- Seismonastie 191, 796, 798
- Seitenproß 180f., 702
- Seitenwurzel 199f.
 - Anlage 200^A, 607, 664f.
 - Bildungsgewebe 196
 - Cytokinin 660, 664f.
 - Gravitropismus 701f.
 - Jasmonsäure 645
- Sekret **123**
- Sekretionsgewebe 102
- Sekundärmeristem 711, 713f., 720
- Sekundärmetabolit **343**
 - Alkaloide 366f.
 - Allelopathie 805, 807
 - aromatischer 349
 - Flechte 812
 - Funktion
 - - ökochemische 345f.
 - - Speicher- 348
 - JA-induzierter 646
 - Kairomon **591**, 641, 659, 805
 - mikrobieller 585f.
 - Mischaromaten 354f., 362
 - Phenole 348
 - protektiver 791
 - Terpene 357f.
 - Transport 790
- Sekundärstoffwechsel 343, 345f.
 - Regulator 646
- Sekundärstressor 775
- Sekundärstruktur, Protein 33^A
- Sekundärwand 94f., **97**, 106^A, 108, 117^A
 - Bildung 115^A
- Selaginella douglasii* (Moosfarn) 179, 186^A
- Selaginella lepidophylla* 250
- Selbstbefruchtung 440, 743, 747
 - Vermeidung 478, 750
- Selbstinkompatibilität **747f.**, 750f.
- Selbstmordkeimung 811
- Selbstspießen 30
- Selektion 424, 426^A, 430
- Selektionsmarker 433
- Selektionsmarkergen 418f.

- Selektionswert 424
 Selen 4, 544f., 789
 Selenocystein 26, 32, 544f.
 Selenomethionin 26
 Semichinin 272, 678^A
 Senfgas, Mutagen 409, 412f.
 Senfkeimling,
 Photomorphogenese 682
 Senfölglycosid 370f.
 Sense-Mutation 410^A
 Sensorkinase (Vir-Protein) 830^A,
 832
 Sensorprotein 66
 Sensorrhodopsin 153
 Separin 399^A
 SEP-Protein 732^A, 736f.
 Sequenase 429
Sequoia sempervirens
 (Mammutbaum) 41, 247
 Ser s. Serin
 Serin (S, Ser) 25
 – Codon **378**
 – Mutation 410^A
 – O-Glykosylierung 568
 Serin-Protease 574
Serpula lacrimans (Haushalts-
 schwamm) 808
 Sesquiterpen 348, 359f., 636
 Sexchromosom 749
 Sexualität 422, **439f.**
 Sexualpheromon s. Pheromon
 SFB-Protein 753^A
 SHAM (Salicylhydroxamat) 641^A,
 643^A
 Shikimat-Kinase 352^A
 Shikimat-Weg 127, 349f.
 Shikimisäure 349f.
 Shikimisäure-3-phosphat 352^A
 Shine-Dalgarno-Sequenz 538
 SHR-Protein, TF 523, 725f.
 Shuttleprotein 526f.
 Siderophor 4, 236f.
 Siebplatte 113f., 169^A, 320
 Siebpore 113f.
 Siebröhre 102, 113f.
 – Assimilattransport 317f.
 – Bastelement 172^A, 176
 – Inhalt 319
 – Leitbündel 169^A
 – Protophloem 168
 – Wasserzirkulation 320
 – Zell/Zell-Transport 726
 Siebzelle 102, 113f.
 – Assimilattransport 317f.
 – Bastelement 176
 – Inhalt 319f.
 – Leitbündel 723
 Sigma-Bindung 6f.
 Sigmafaktor 522, 576^A
 – alternativer 503f.
 – *E. coli* 504f.
 – $\sigma 70$ 496f., 503f.
- Signal, systemisches 799
 Signalamplifikation 634
 Signalaufnahme 66
 Signalaustausch, Symbiose 817^A
 Signalerkennungskomplex (SRP)
 558, 561
 Signalpeptid 69, 648f.
 – Klasse-1-Protein 557, 559
 – Klasse-2-Protein 557f.
 – Legumin 763
 – Mitochondrion 80
 – Peroxisom 74
 – Plastidenimport 86, 559f.
 Signalpeptidase 80, 558
 Signalstoff 357, 589f.
 Signaltransduktion
 – Abscisinsäure 640^A
 – Auxin 609
 – – MikroRNA 723
 – Blockade 825
 – Brassinosteroid 626f.
 – Calcium 655^A
 – Chaperon 550
 – CLAVATA3 715
 – Cryptochrom 678
 – Cytokinin 599
 – Ethylen 630f., 633f.
 – Gibberellin 618, 620^A
 – Gravitropismus 705f.
 – Hypoxie 787f.
 – Jasmonsäure 647
 – Licht 675
 – MAP-Kinase-Kaskade 634
 – Mediator 657
 – Pathogenresistenz 826^A
 – Phosphorelais 598
 – Phototropin 679
 – Phytohormon 592, 660
 – Phytopathogen 824f.
 – ROS 784, 786^A
 – Salicylsäure 658
 – Sauerstoffmangel 788^A
 – Stickstoffmonoxid 651^A, 653
 – Streß 828^A
 – Verwundung 799^A
 – Wassermangelstreß 780^A
 Signalweg, retrograder 583f.
 Silberthiosulfat 633^A
 Silencer 466
 Silencing 749, 756
 – posttranskriptionelles 722
 – – antivirales 844
 – transkriptionelles 722
 – virusinduziertes 836^A, 843f.
Silene 749, 791
 Silicium 3, 104
 Simultanfäule **808**
 Sinapinsäure 351^A
Sinapis alba (Weißer Senf) 694f.
 Sinapylalkohol 40f., 351
 Singuletsauerstoff 263, 582f.,
 784
- Sinigrin 371^A
 sink 315
 – Assimilattransport 317f.
 – – Sproßspitze 320^A
 – Autophagie 741
 – Cytokinin 597
 – Hormonstatus 321
 – Meristem 352
 – Samenanlage 760
Sinorhizobium, Symplasmid 819
Sinorhizobium meliloti 818^A
 Siphonales (Schlauchalgen) 73,
 155
 Sir-Komplex 466
 Sirenin 348^A, 360
 siRNA 843f.
 Sirohäm 305, 311
 Sisalhanf s. *Agave sisalana*
 Sitosterin 22, 59, 362f.
 Sitosterol s. Sitosterin
 Sklerenchym 102, 106
 – Nadelblatt 192
 – Leitbündel 169^A, 171
 – Steinzelle 109
 – Wurzel 203^A
 Sklerenchymfaser 111f.
 – Leitbündelzylinder 171
 – Holzfaser 174
 Skleroprotein **35**
 Sklerotium **367**
 Skotomorphogenese **671**, 681,
 683f.
 Skotomorphose 671
 Skotonastie **798**
 skotophile Phase 695f.
 SLN1-Protein 617^A
 Sm-Protein 509
 Smogalarm 785
 SMS-Hormon 663f.
 SNARE-Protein 565
 snoRNA s. Ribonucleinsäure, small
 nucleolar
 Snorp **533f.**
 snRNA s. Ribonucleinsäure, small
 nuclear
 Snurp **508f.**
 SOC1-Protein 732^A
 SOD s. Superoxiddismutase
 Sojabohne s. *Glycine max*
 Sol 48f.
 Solanaceae (Nachtschatten-
 gewächse)
 – Alkaloide 366
 – Leitbündel 169
 – S-RNase 566
 – Tomate 759^A
Solanum tuberosum (Kartoffel) 30
 – Deetiolierung 681^A
 – Ernte 775
 – Etiolierung 681^A
 – Floral-dip-Methode 433
 – Gravitropismus 702
- Hypoxie 787
 – Knollenbildung 697f.
 – Pathogen 827
 – Photoperiode 694
 – Pflropfexperiment 369^A
 – Säuregrad 235
 – Sproßknolle 182^A
 – – Bildung 646
 – Stärkeabbau 322
 – Viroid 30
 Solasodin 363
 Solenoid 379f.
 Solitärkristall 104
 Somatogamie **440^A**, 462
 Sommerwurz s. *Orobanch*
 Sonnenblatt 188, 289, 685^A
 Sonnenblume s. *Helianthus annuus*
 Sonnenkräuter, Lichtsättigung
 289^A
 Sonnenlicht 259, 279
 – Energiefluß 289^A
 – Intensität 258^A
 – Spektrum 259
 Sonnenpflanze 289
 Sonnentau s. *Drosera rotundifolia*
 Sorbit 215, 319
Sorbus 482
Sordaria 468
Sorghum bicolor (Mohrenhirse)
 – Alkaloid 370f.
 – C₄-Pflanze 284, 288
 – Ernte 775
 – Etioplast 85^A
 – Transformation 434
 source 315, 317, 319f., 760
 source to sink-Transport 315
 Spaltöffnung 189f.
 – blaulichtinduzierte Öffnung
 244f.
 – CO₂-Aufnahme 240, 283
 – Entwicklung 189^A
 – Kontrolle 654^A
 – Laubblatt 188^A
 – lichtinduzierte 243, 679
 – Transpiration 240f.
 – trimerer Transkriptionsfaktor-
 Komplex 729^A
 – Verschluß
 – – ABA-kontrollierter 638, 640
 – – hydroaktiver 244, 640
 – – hydropassiver 244
 – – molekulare Prozesse 245^A
 – – NO-Einfluß 654^A
 – – Sauerstoffmangel 788^A
 – Zustand 242
 Spaltöffnungsapparat 189^A
 Spaltöffnungsbewegung 191
 – Mechanismus 243
 Spaltöffnungsinitiale 189^A
 Spaltungsregel 393f.
 Spargel s. *Asparagus officinalis*
 Spätholz 173f.

- special pair 291f.
Species **133**
Spectinomycin 417, 585
Speichergewebe
– Entladung, apoplasmatische 318
– Grundgewebe 102, 107
– sink 320f.
Speicherkohlenhydrat s. Speicherpolysaccharid
Speicherlipid 315, **323**, 761
– Abbau 73, 77, 326f.
Speicherorgan 760f.
Speicherpolysaccharid 19, 39f., 315, 319, 321f.
Speicherprotein 315, 321, 329f.
– Abbau 618
– Glykoprotein 566f.
– Legumin 762f.
– Proteinspeichervakuole 70, 105, 564^A
– Speicherorgan 761
Speicherstoff 104, 348, 760f.
Speichervakuole
– Äpfelsäure 287f.
– Proteinimport 557^A
Spektrometrie 262
Spermatium 439, 472
Spermatogonium 451
Spermatophytina
– Brassinosteroide 621
– Cryptochrome 678
– Eisenaufnahme 237^A
– Ektomykorrhiza 814
– Entwicklung 480^A, 711f.
– Evolution 758
– Fortpflanzung, vegetative 444
– Generationswechsel 479
– Geschlechtsbestimmung 749
– Keimung 769^A
– Kormus 165f.
– Meristem 715
– Organisation 162f.
– Parasit s. Pflanzenparasit
– Photonenstromdichte 672
– Phytohormon s. Phytohormon
– Phytopathogen 822
– Pollenentwicklung 742
– Speicherprotein 762
– Taxa 133
– Vermehrung, vegetative 667
– Zeiltupe-Protein 674
– Zellpolarität 453
Spermatozoid
– *Fucus* 453
– Moose 474f.
– Oogamie 439
– *Volvox* 154f.
Spermazelle 481, 744
Spermidin 546f. 780f.
Spermidin-Synthetase 547^A
Spermin 546f.
Spermin-Synthetase 547^A
Spermogon 439
Sperrschicht 767
Sphäroprotein **35**
Sphingolipid 22
Spinacia oleracea (Spinat) 84^A, 749
Spindelapparat 398, 400f.
Spindelfaser 400
Spindelgift 407
Spindelknollenviroid 30
Spindelkontrollpunkt 398f.
Spirilloxanthin 254, 291
Spirogyra
– Cellulose-Synthase 91^A
– Chromatophor 84^A
– Fadenthallus 214^A
Spitzenwachstum 109
Spleißen 490, 508f., **511**
– alternatives 508, 511f.
– Biochemie 511
– cis- **509**, 578
– Fehler 518
– konstitutive 512
– Mechanismus 510^A
– reguliertes 512
– rProtein-mRNA 532
– Transkriptionselongationskomplex (TEK) 515
– trans- s. trans-Spleißen
Spleißfaktor 512f., 515
Spleißosom 508f., 578
Spleißregulatorprotein 512f., 518^A
Splintholz 176
Sporangiospore 444^A
Sporangium 444f., 476
Spore 120
Sporocyste 451
Sporoderm 120f.
Sporogon 474f.
Sporophyll 476
Sporophyt 441f., 450^A
– Musci 474f.
– Pteridophyta 476
– Spermatophytina 479f.
Sporopollenin 121, 366, **480**
Sporulation, *Bacillus* 504
Springbrunnentyp (Flechtthallus) 157f.
Spritzgurke s. *Ecballium* spec.
Sproßachse 167f.
– Assimilattransport 320^A
– Corpus 715
– Cycadeen 171
– Gasaustausch 177
– Getreide 179^A
– Gravitropismus 701f., 707
– Kormus 162, 165
– Metamorphose 180f.
– Monokotyledonen 171
– Morphologie 179
– *Nicotiana tabacum* 114^A
– primäre 170^A
– *Ranunculus repens* 114^A
– Scheitelmeristem
s. Sproßapikalmeristem
– sekundäre 171
– Streckung 686
– Triple response 631
– Verzweigung 179f.
– Wurzel 201
Sproßapikalmeristem (SAM) 162f., **167f.**, **714f.**, 757
– *Agave americana* 119^A
– Apikaldominanz 662f.
– Auxinverteilung 717f.
– Blattanlage 716f.^A
– dikotyles 168^A
– Hormonverteilung 716^A
– Kontrollfaktor 718f.
– Reaktivierung 738
– Transkriptionsfaktoren 716^A, 755^A
– Vernalisation 735
Sproßbildung 667
Sproßdorn 181^A
Sproßknolle, *Solanum tuberosum* 182^A
Sproßpol 755
Sproßranke 181^A
Spt6-Protein 514
Spurenelement s. Mikroelement
Squalen
– Brassinosteroidsynthese 622
– Schwanz-Schwanz-Addition 358, 361f.
– Terpen-Klassifizierung 359^A
Squalen-Cyclase 622
Squalenepoxid 622^A
SR-Protein 512f., 518^A
SRB-Komplex 514f., 529^A
SRK-Protein 750, 752^A
SRP (signal recognition particle) s. Signalerkennungskomplex
SRP-Rezeptor 558
SSU (small subunit) s. Ribosom, Untereinheit
Ssu72-Protein 514, 517
Stachel 181
Stamen s. Staubblatt
Stamm 133
Stammbaum 128^A, 422^A
Stammesgeschichte (Phylogenie) 125, 133
Stammzelle **711**, 713
– Homöostase 715
– Sproßapikalmeristem 714f.
– Wurzelapikalmeristem 724
Standardenthalpie, molare freie 210, 273
Standardpromotor 576
Standardredoxpotential, molares 273
Ständerpilze, Basidiomycetes
Stärke 39f., 132
– Abbau
– – hydrolytischer s. Stärke, Hydrolyse
– – phosphorolytischer 322, 334
– Amyloplast s. Amyloplast, Stärkespeicherung
– Biosynthese 322^A
– C₄-Photosynthese 284
– Chloroplast 83f.
– Endosperm 76
– Fruchtreifung 632^A
– Homopolymer 26
– Hydrolyse 322f., 334
– – α -Amylase 76^A
– – Bierherstellung 336
– – Maltose 21
– Malatbildung 243f.
– Nachweis 40, 277^A
– Proplastide 83^A
– Speicherpolysaccharid 321
– transitorische 277
Stärke-Phosphorylase 322
Stärke-Synthase 322^A
Stärkeendosperm 76^A, 323
Stärkescheide 171
Starrtracht 4
Startcodon 489f., 546
state transitions 277
Statenchym 163^A, 196, 705^A
Statocyte 196
Stalolith **196**
– Amyloplast 163^A, 705
– *Chara* 704^A
– Gravitropismus 704f., 801
Staubblatt 183, **479**, 742^A
Stauede 167
Stauosporin 585
steady state level **488**
Stearinsäure 22, 325
Stechapfel s. *Datura stramonium*
Stecklingsvermehrung 443
Steinfrucht 759
Steinkork 122
Steinpilz s. *Boletus edulis*
Steinzelle 109^A
Stelzwurzel 204
Stempel 481
Stengel, Streckung 609
Stephanopyxis palmeriana 70^A
Stern 362f.
Stereid 161f.
Stereoselektivität 228
Sterilität **748**
Sterin s. Sterol
Sternanis
– Echter s. *Illicium verum*
– Japanischer s. *Illicium religiosum*
Sternmoos s. *Plagiomnium* spec.
Steroid 362f.
– Arzneimittel 349

- Biomembran 22, 59
- Phytohormon 591, 620f.
- Steroidalkaloid 362f.
- Steroidhormon s. Steroid, Phytohormon
- Steroidrezeptor 523
- Steroidsapogenin 362
- Sterol 362, 621f.
- Stickoxid 4, 135, 341
- Stickstoff 297, 299f.
 - Assimilation **297**, 304f.
 - Einbau 305f.
 - elementarer 299f., 341
 - Fixierung
 - – biologische 299f.
 - – Cyanobakterien 145, 148^A
 - – symbiotische 138, 816f.
 - – Verbreitung (Domäne) 129
 - Kreislauf 299f.
 - Makroelement 3, 5
 - Mangelfaktor 307
 - Reduktion 816f.
 - Stoffwechsel 306f.
 - Tetraeder 8
- Stickstoff-Fixierer s. Bakterien, Stickstoff fixierende
- Stickstoff-Lost, Mutagen 412f.
- Stickstoffdüngung 811
- Stickstoffmangel 4, 299
- Stickstoffmonoxid (NO) 591, 650f., **651**
 - Entgiftung 651^A
 - hypersensitiver Zelltod 825
 - Mediator 655
 - Mikroorganismus 593
 - Oxidation 743
 - Phytopathogenabwehr 825
 - Pollenschlauchwachstum 744
 - Sauerstoffmangel 787f.
 - Signal, chemotaktisches 743
 - Smog 785
 - Speicher 653
 - Stomataverschluss 640
 - Synthese 652^A, 654
 - Synthese 651f.
 - Wirkung 651^A, 653f.
- Stickstoffmonoxid-Synthase (NOS) 652f.
- Stickstoffverbindung 306, 816
- Stiefmütterchen s. *Viola* × *wittrockiana*, *Viola tricolor*
- Stigma 151f.
- Stigmasterin s. Stigmasterol
- Stigmasterol 22, 59, 362
- Stipa pennata* (Federgras) 765
- Stipel 181^A, 183f.
- STM-Protein, TF 521, 716f., 726
- Stoffaustausch 59, 218, 284
- Stoffmengenanteil **211f.**
- Stofftransport 76, 168, 176, 249
- Stoffwechsel 130
 - chemoautotropher 130, 295
 - primordialer 295
 - Tagesrhythmus 689
- Stoffwechselformprodukt s. Metabolit
- Stolon **698**
 - *Aegopodium podagraria* 702
 - *Fragaria vesca* 182^A
 - Gravitropismus 702
 - *Solanum tuberosum* 697f.
- Stoma s. Spaltöffnung
- Stop-Codon 377f.
- Leseraster 489f.
- mRNA, defekte 518
- Nonsense-Mutation 410
- Proteinsynthese 540
- Psi-Stamm 551
- Selenocystein-Einbau 544
- Störlisch 695f.^A
- Strahlenpilze s. Actinomyceten
- Strahlung
 - elektromagnetische 257f., 262
 - radioaktive 257
- Strahlungsabsorption 257f.
- Strasburger-Zelle 114
- Strauch 167
- Strauchflechte s. *Cladonia rangiferina*
- Streß
 - Abscisinsäure 640^A
 - ACS-Genexpression 629^A
 - chemischer 791
 - *E. coli* 505
 - Gruppe 780^A
 - Hitze s. Hitzestreß
 - Hochlichtstreß 657f.
 - Hormone 776
 - Kulturpflanzenanbau 775
 - lichtinduzierter 583
 - MAP-Kinase-Kaskade 634
 - mechanischer 796f.
 - – Signaltransduktion 799^A
 - osmotischer 385, 599, 638, 779^A
 - oxidativer 783f.
 - – Hitzestreßantwort 777^A
 - – Scavenger-Reaktion 784^A
 - – Sensor 786
 - – Signal 584
 - – Stomatakontrolle 654
 - Signale 776
- Streßdosis **775**
- Streßhormon **775f.**, 828
 - Abscisinsäure (ABA) 638f.
 - Ethylen (ETH) 630
 - Jasmonsäure (JA) 644, 646f.
- Streßkonzept 773
- Streßmetabolit **775**
 - Polyamin 546
 - Substanz, osmoprotektive 780f.
 - Streßtoleranz, induzierte 775
- Streßprotein **775**
- Streßresistenz 797, 828
- Streßschutzprotein 761
- Streßsensor 779
- Streßsyndrom 773, 775
- Streßtoleranz **774**
 - Hitzestreßantwort 777
 - induzierte 774f.
 - konstitutive 773
 - Stressor 828^A
 - Wassermangel 780^A
- Streßvermeidung 773
 - Herbizidabbau 796
 - Sauerstoffmangel 787f.
 - Schwermetall 791
- Streckungswachstum 170, 787
 - bei Hypoxie 787f.
 - Ethylen 686f.
 - Gibberellin s. Zellstreckung, Gibberelline
 - Monokotyledonen 171
- Streifenborke 178^A
- Streptococcus oralis* 135
- Streptomyces* 146
- Streptomyces coelicolor* 147^A, 504
- Streptomyces griseus*, A-Faktor 148^A
- Streptomyces viridochromogenes* 435
- Streptomycin 417, 585, 587^A
- Stressor 775
 - abiotischer 771
 - – Genexpression 780^A
 - – Integration 828^A
 - – Kulturpflanzenanbau 775
 - biotischer 771, 803f.
 - – Genexpression 780^A
 - – Integration 828^A
 - chemischer 771, 776f., **788**
 - – Hsf-Aktivierung 530
 - – Wirkung 788, 794
 - physikalischer 771
- Streuungstextur 96f.
- Striga* 810f.
- Strigol 810f.
- Strigolacton 811, 814
- Stroma 83f.
 - H⁺-Ionen-Reservoir 256
 - pH-Wert 44
- Stromaprotein 561
- Stromathylakoid
 - Chloroplast 84^A, 256^A, 284
 - PSII-Verlagerung 582
 - Strukturmodell 276f.
- Stromatolith 295
- Struktur-RNA 383f., 390, 531
- Strukturpolysaccharid 38
- Strukturprotein, Prä-Ribosom 533
- Subepidermis, Vorläuferzelle 715
- Suberin 22, **118**, 350
- Suberinlamelle 122^A, 284
- Exodermis 198, 238^A
- Süßgräser s. Poaceae
- Subspecies 133, 424
- Substanz
 - anorganische 103
 - organische 104
 - osmoprotektive 779f., 790
- Substanzfluß **213**
- Substitut **14f.**, 24
- substomatische Kammer 188f.
- Substraterkennungskomplex s. E3-Ubiquitin-Ligase-Komplex
- Substratkettenphosphorylierung 217, 314, 335, 338
- Substratspezifität 226
- Subtilase 574
- Succinat s. Bernsteinsäure
- Succinat-Dehydrogenase 80, 339^A
 - Atmungskette 340
 - Citrat-Zyklus 337f.
 - prosthetische Gruppe 226f.
- Succinat-Thiokinase 337f.
- Succinyl-CoA 337^A
- Suchtdroge 369
- Sukkulenz **181**, 287
- Sulfat 103, 297, 307f., 313, 341
- Sulfatarmung 341
- Sulfid 307f.
- Sulfidschwefel s. Schwefelwasserstoff
- Sulfit 308f.
- Sulfit-Reductase 310^A
- Sulfitablauge 117
- Sulfit-Oxidase 636
- Sulfochinovosyldiglycerid 60
- Sulfolipid 313
- Sulfur-Transferase 636
- Sumo-Protein 573^A
- Sumpf-Ampfer s. *Rumex palustris*
- Sumpfpflanze 786
- SUP-Protein 740
- SUP35-Protein 551
- Superaktivator 778
- Superauxin **610**, 630, 666
- Supercoil 397
- Superoxid 784
- Superoxiddismutase (SOD) 584^A, 656, 784^A, 828
- Superoxidradikal 584, 656
- Suppressor-tRNA 841
- Suppressormutation 411f.
- suprazellulär 148
- Suspensor 480f., **755f.**
 - Autophagie 741
 - *Phaseolus coccineus* 407
 - Svedberg-Einheit 30
- SWI/SNF-Komplex 514f., 520
- Sym-Plasmid 138
- Symbiose 301f., **806**
 - Flechten 812f.
 - Genbatterie 819
 - *Lolium* 816
 - Mykorrhiza 813f.
 - Stickstoff fixierende Bakterien 301f., 815f.

- Symbiosom **820f.**
 Symploasmid **817**
 Symplast 77
 Sympodium **180^A**, 664
 Symporter 219f.^A, 222f., 244, 303, 318
 – Eisen 236
 – IAAH/H⁺ 605
 – Proton-Hexose 323
 – Sulfat 307
 synaptonemaler Komplex 402, **404^A**
 Syncytium **116**
Synechococcus lividus 144^A
Synechocystis spec. 144^A
 Synergide 453, 480f., **481**, 741, 744, 746
 Synthase 306
 Synthetase 306
Syringa vulgaris (Flieder), Dichasium 180
 System 208f., **209**
 Systematik 125, 133
 Systemin 319, 649f., 799
- T**
- T s. Threonin, Thymin
 Tabak s. *Nicotiana tabacum*
 Tabak-Ätz-Mosaik-Virus (TEV) 840
 Tabakmosaikvirus (TMV) 834^A, 838^A
 – Ausbreitung, systemische 842
 – Pathogenresistenz 658^A
 – RNP 842
 – ts-Mutante 842
 – Vermehrung 836^A
 TAF (TBP-associated factor) 514f.
 Tageslänge 693, 695^A
 Taglilie s. *Hemerocallis* spec.
 Talosaminuronsäure 146
 Tanne s. *Abies*
 Tapetum **479**, 741, 748
 Taq-Polymerase 427f.
Taraxacum 482
Taraxacum officinale (Löwenzahn) 73^A, 79^A, 116, 694
 – Blüte 739^A
 – Frucht 759^A
 – Modifikation 712^A
 – Verbreitung (Samen) 765
 TATA-Box 146, 489f., **490**, 515
 – Bindeprotein 514f., 523
 Taubildung 240
 Taumelolch s. *Lolium temulentum*
 Tautomycin 585
 TAV-Protein 839
 Taxis **141**
 Taxodiaceae 124
 Taxol 52, 54, 349, 361^A
 Taxon 125, 133
 Taxonomie s. Systematik
- Taxotère 361
Taxus 174, 479
Taxus baccata (Eibe) 247, 361, 749
Taxus brevifolia (Westpazifische Eibe) 54, 349, 361
 TBP-associated factor (TAF) 514f.
 TC (Tetacyclacis) 614^A
 T-DNA s. Tumor-DNA
 Teichonsäure 140^A
 Teichrose s. *Nuphar lutea*
 TEK s. Transkriptionselongationskomplex
 Teleutospore **472**, 473^A
 Telomer 383f.
 Telomerase 385
 Telophase
 – Mitose 397f.
 – Meiose 403^A, 405f.
 Temperatur 290, 774, 777^A
 – Wachstum 774^A
 Temperaturabhängigkeit 290
 Template 428f.
 terminal inverted repeats 417
 Termination
 – Transkription 498, 517
 – Translation 538, 540^A
 Terminationsfaktor 517, 538, 540, 551
 Terminator **490**
 Terpen 359f.^A
 – Allelopathie 346
 – aromatisches 349
 – Sporopollenin 121
 Terpen-Transferase 543
 Terpenether-Membranlipid 130
 Terpenoid 357f., 646
 – Archaeenmembran 60
 – Biosynthese
 – – DXP-Weg 358^A, 612f.
 – – Herbizid 794
 – – Mevalonat-Weg 358^A
 – Cytokinine 594
 – Rhizosphäre 810, 814
 Terpinen 360
 Tertiärstruktur, Protein 34f.
 Tertiärwand 94, 97
 Testa (Samenschale) 758, 767
 Tetacyclacis (TC) 613f.
 Tetracyclin 417, 585, 587^A
 Tetrade 403, 405^A
 Tetraeder 8, 15^A
 Tetrahydrobiopterin 652
 Tetrahydropterin 674^A, 678^A
 tetraploid 391
 Tetrapyrrol 262, 271, 291
 Tetrasporangium 456, 457^A
 Tetraterpen 264, 359^A, 361f.
 Terrose 17^A, 280
 Teufelszwirn s. *Cuscuta odorata*
 TEV (Tabak-Ätz-Mosaik-Virus) 840
 Textur 95^A, 112
 TF s. Transkriptionsfaktor
- Thallophyt 154
 Thallus **154**, 453^A
 – Evolution 154
 – Flechte 812^A
 – Hepaticae 160^A
 – mehrschichtiger 159
 Thaumatin 828
 Theka 479f.
Thermococcus litoralis 428
 Thermodynamik 208f.
 Thermomorphose **712**
 Thermonastie **191**
Thermophilus aquaticus 427
 Thermotoleranz 777^A
 Thiamin 312f.
 Thiaminpyrophosphat 336
 Thigmomorphose **712**, 797, 800
 Thigmonastie **191**, 796
 – *Arabidopsis* 801^A
 – *Bryonia dioica* 800^A
 – *Mimosa pudica* 797^A
 Thigmotropismus 201
Thiobacillus 294, 308
 Thioesterbindung 336f.
 Thiolgruppe 13^A, 26
 Thionin 828
 Thioredoxine 225, 310, 583^A
 Thioredoxin-Reductase 544
 Thr s. Threonin
 Threonin (T, Thr) 25^A, **378**, 568
 Threonin-Deaminase 647
 Thylakoid 84f., 152, 256^A, 266^A
 – ATP-Synthese 274f.
 – Cyanobakterium 143f., 291
 – Elektronentransport 266f.
 – Photosystem 268f., 272f.
 – pH-Wert 44
 – Prochlorobakterium 145
 – Strukturmodell 276^A
 Thyllen **176**
 Thymian s. *Thymus vulgaris*
 Thymidin 27
 Thymin (T) 23f., 27f., 375f.
 – Dimer 411, 414^A
 Thymol 360^A
Thymus vulgaris (Thymian) 360^A
 Thyroxin-Deiodinase 544
 TIBA (Trijodbenzoesäure) 609^A, 667^A
 TIC-Proteinimport 560f., 580^A
 Tiefwasserreis 787^A
 – Ethylenwirkung 687
 Tiefwurzler **195**
 Tierblütigkeit 747, 750
 TIK s. Transkriptionsinitiationskomplex
Tilia (Linde) 176
Tilia platyphyllos 70^A
 Tiliaceae 111
 TIM-Proteinimport 562
 Ti-Plasmid 138, 829f.
 – Gen-Silencing, virusinduziertes (VIGS) 844
- Gentransfer 831f.
 – Insertionsmutagenese 419
 TMK s. Transkriptionsterminationskomplex
 TMV s. Tabakmosaikvirus
 Tobacco rattle virus 844^A
 TOC(timing of *CAB1* expression)-Protein 688, 691^A
 TOC-Proteinimport 560f., 580^A
 Tochterkugel, *Volvox* 154f.
 Tocopherol 351^A, 355, 582
 Tollkirsche s. *Atropa belladonna*
 TOM-Proteinimport 562
 Tomate s. *Lycopersicon esculentum*
 Tomaten-Welke-Virus 835
 Tomatidin 363
 Tonoplast 61^A, **69**, **103^A**, 105
 – Phellogenzelle 122^A
 – Proteinimport 557^A
 – Transportsystem 790^A
 Topbinambur
 s. *Helianthus tuberosus*
 topogenes Signal 525, 558f.
 Topoisomerase 136, 389, 404
 Topolin, meta- (mT) 595^A
 Topotaxis **141**
 Torpedostadium 754^A
Tortula ruralis 250
 Torus 98^A
 Totipotenz 154, **666**
 Touch-Gen 797
 Toxin 347, 825
 T-Phage, RNA-Polymerase 505^A
 TRA (Transformer) 478^A
 Tracheen 168, 173, 723
 – Wassertransport 247
 Tracheide **112f.**, 168
 – Holzelement 172f.
 – Wassertransport 246f.
Tradescantia, Mitose 397
 Tragblatt 179, 181^A
 trans-Spleißen **509**, 578
 trans-Zeatin s. Zeatin, trans-Transacetylase 499^A
 Transaminierung 284
 Transfer-RNA 30, 50^A, 58, 71, 383
 – Beladung 535f.
 – Bindung 57, 539^A
 – Selenocystein 544
 – Struktur 30f., 535f.
 Transferase 228, 306
 Transferprotein 831
 Transferzelle 107f.
 – embryonale **760**
 Transformation
 – *E. coli* 425f.
 – Kulturgräser 434
 – Pflanze 430f., 433^A, 829, 831
 – – Vektor 833
 – transiente 431
 Transformer-Protein (TRA) 478
 Transformylase 538

- Transfusionsgewebe 192
 Transgen-Introgression 434
 transgene Pflanze **430f.**, 748, 833, 844
 – Anbau 434f.
 – *Arabidopsis* 690, 742^A
 – *Lycopersicon* 720
 Transglykosidase 607, 615
 Transitpeptid s. Signalpeptid
 Transkriptase, reverse (RT) 385, 428, 836, 839
 Transkription 58, 72, 377, 491
 – Biochemie 495^A
 – Chromatinumwandlung 519^A
 – *E. coli* 494f.
 – – Regulation 498f.
 – – Umprogrammierung 504
 – Effizienz 503
 – Elongation s. Transkriptions-elongationskomplex
 – Eukaryoten 515f.
 – – Regulation 520f., 526
 – Haushaltsgen 503
 – Hitzestreßantwort 529
 – Initiation s. Transkriptions-initiationskomplex
 – Initiationsfaktor 491
 – Operon 498
 – Organisation am Chromatin **519f.**
 – Pflanze 505f.
 – Plastom 575f.
 – Prokaryoten s. Transkription, *E. coli*
 – reverse 428f.
 – rRNA 531, 533
 – Stadien 516^A
 – Startpunkt 490f.
 – Termination s. Transkriptions-terminationskomplex
 – – Rho-abhängige 497^A
 Transkriptionsaktivator s. Transkriptionsfaktor
 Transkriptionselongationskomplex (TEK)
 – Eukaryoten 515f., 519f.
 – – Komponenten 514
 – Prokaryoten 497
 Transkriptionsfaktor 148, 514f., 521f., 797
 – abaxialer 719, 721
 – Anatomie 524f.
 – *Arabidopsis thaliana* 423^A
 – ARF 610f., 611^A
 – ARF7 624
 – ARR-B 600^A
 – B3 523
 – bei Streß 828^A
 – BES1- 626f.^A
 – Blattanlage 718f.
 – Blütenentwicklung 740^A
 – BZR1- 626f.
 – Constans s. Constans-Protein
 – E2F/DP 661f.
 – Embryogenese 755^A, 757^A
 – ETH-Antwort 633f.
 – Fruchtentwicklung 764^A
 – funktionelle Anatomie 524^A
 – Gal-Regulon 528
 – HAP 695f.
 – Hitzestreß 492f., 522, 524, **530**
 – – Tomate 778^A
 – homeotischer 736
 – HsfA2 492f.
 – JA-regulierte Gene 647f.
 – Komplex, trimerer 729f.
 – Leitbündelentwicklung 721^A, 723
 – lichtregulierter 692
 – Lokalisation 525f.
 – MYB- 617^A, 619f.
 – Samenentwicklung 758, 760f.
 – Schattenvermeidungssyndrom 687^A
 – Schotenreife 764^A
 – Sproßapikalmeristem 716^A, 718f.
 – Streß 780^A
 – Vernalisation 735
 – Wirkung, nicht-zellautonome 726
 – WRKY s. WRKY
 – Wurzelapikalmeristem 725^A
 Transkriptionsinitiationskomplex (TIK)
 – Eukaryoten 515f., 519f.
 – – Komponenten 514
 – Prokaryoten 496
 Transkriptionsmaschine s. Transkriptosom
 Transkriptionsstart 495^A
 Transkriptionsterminationskomplex
 – Eukaryoten 516^A
 – Prokaryoten 497
 Transkriptosom 490, 509, **514**, 516^A, 529^A
 Translation **58**, 377, 490
 – an Polyribosomen 558f.
 – eukaryotische 540f.
 – Gesetzmäßigkeiten 378
 – lichtkontrollierte 581f.
 – Plastiden-mRNA 580
 – prokaryotische 136, 494^A, 537f.
 – Proteintopogenese 557^A
 – Regulation 546f.
 – RISC-Komplex 722
 Translationsfaktor 535, 580
 Translocon 58, **80**, 86, 558
 Translokation 409^A, **409**, 423^A, 558^A
 Translokator 65, 219^A, 222f., 235, 339
 – ADP/ATP 339^A
 – ATP 306
 – Fructose 317f.
 – Glucose 317f.
 – Nitrat 307
 – organische Säure 285
 – Pyruvat 336
 – Saccharose 317f.
 – Sulfat 307
 Transmembranprotein 91
 Transmembransegment 62
 Transmission **262**, 705
 Transmissionstrakt 743, 746, 751^A
 Transpiration 240f., 246f., 288, 320^A
 Transpirationskoeffizient **286**
 Transpirationschutz 118f.
 Transpirationssoog 247f.^A
 Transpirationsstrom 240
 Transplantation 785
 Transport 52, 55f., 69^A, 218f., 790
 – aktiver 151, 219f., 223^A, 239
 – Anion 222f.
 – anterograder 54^A, 447^A, 564^A
 – apoplasmatischer 121, 317f.
 – Assimilate 317f.
 – ATP-abhängiger 814
 – durch Plasmodesmos 78, 725f.
 – elektrogener 220^A, 223^A
 – intranucleärer 72
 – intrazellulärer 66
 – Kernpore 71
 – Kohlenhydrat 317
 – Nucleinsäure 78
 – organische Substanz 113
 – Regulatorprotein 78
 – retrograder 54^A, 447^A, 564f., 569
 – selektiver 65, 79
 – symplasmatischer 317f., 726
 Transport-ATPase s. ATPase
 Transportmetabolit 20
 Transportprotein 59, 65, 218f., 222, 235
 Transportvehikel (IFT-Vehikel) 447^A
 Transposase 417
 Transposon 385, **417f.**, 587
 – *Arabidopsis thaliana* 383
 – Tagging 419
 Transversaltropismus 201
 Trehalose 780f.
 Treibhauseffekt 342
 TREX-Protein 518^A
 Tri-Snurps 509
 TRiC-Maschine 553f.
 Tricarbonsäure 22
 Trichloraminopyridin-carbonsäure 610^A
 Trichlorphenoxybuttersäure 610
 Trichoblast 67^A, 197f., **727**, 729f.
Trichoderma viride 92
 Trichogyne 456f., 467f., **468**
 Trichom 109f., 727, **728**, 730^A
 – Entwicklung 521, 728f.
 Trichomythethoden 124
 Trichostatin A 585
 Trifluralin 793
Trifolium (Klee), Wurzelknöllchen 820
 Triglycerid **22**, 77^A, 321
 – Bildung 23^A
 – Biosynthese 323f.
 – Umwandlung 326f.
 Trihydroxynaphthalin 346^A
 Trihydroxynaphthalinglucosid 346^A
 Trijodbenzoesäure (TIBA) 609^A, 667^A
 Trimethylkappe 507^A
 Triose **17**^A
 Triosephosphat 281f.
 Triosephosphat-Isomerase 280f., 334f.
 Triosephosphat-Phosphat-Translokator 281^A
 Tripeptid 32
 Triple response s. Ethylen, Triple response
 Triplettcode s. Code, genetischer
 triploid 391
 Triploidie 407
Tripsacum 482
 Trisaccharid 19
 Trisom 537^A
 Trisomie 408
 Triterpen 359^A, 361f.
 – Biosynthese 621
Triticum aestivum (Weizen) 385, 408, 434, 694
 – Blüte 739^A
 – Endophyt 816
 – Ernte 775
 – Ethylenwirkung 687^A
 – Guttation 246^A
 – Halbzwerghform 616
 – Hypoxie 787
 – Lichtsättigung 289^A
 – Same 761
Triticum monococcum (Einkorn) 408^A
Triticum searsii 408^A
Triticum turgidum (Emmer) 408^A
 Tritium 257
 tritrophe Beziehung 658f.
 tRNA s. Transfer-RNA
 Trockenstreß 636, 638f.
 – Ecodormanz 663
 – Transkriptionsfaktoren 523
 Trockensubstanz 3
Tropaeolum majus (Kapuzinerkresse), Chromoplast 87^A

- Tropismus 201
Tropophyten 181
Trp s. Tryptophan
Trypsin, Inhibitor 566
Tryptamin 603^A
Tryptophan (W, Trp) 25^A, 349f., 366
– Alkaloid 368
– Abbau 602
– Auxinsynthese 601, 603^A
– Codon **378**
– Derivat 825
Tryptophan-Synthase 603^A
TscA-RNA 578
Tuberonsäure 644f., 698
Tubulin 49, 51, 53f., 57
– Axonema 150^A, 447
Tulip-breaking-Virus 840
Tulpomania 835
Tumor-DNA 419, 433, 829f.
Tumorsuppressorprotein 662
Tumorzelle 511
Tunica 162, 163^A, 714^A
Tunicamin 587^A
Tunicamycin 585, 587^A
Tüpfel 47^A, 78^A, **97^A**
– verzweigter 109
Tüpfelfarn s. *Polypodium vulgare*
Tüpfelgefäß 116^A, 169^A, 175
Tüpfelkanal 97, 109^A
Turgeszenz 212^A, 214
Turgor 51, 70, 77, 98, **105**, 190f., 215, 218
– Siebelement 319^A
– Zugwurzel 202
Turgordruck 212^A, **213**
Türkenbundlilie s. *Lilium martagon*
Tyr s. Tyrosin
Tyrosin 25^A, 93, 349f., 355, 366, **378**
tZ s. Zeatin, trans-
- U**
- U s. Uracil
UAS-Element 528
Überflutung 786f.
Ubi-Konjugase 543
Ubichinon 350f., 355
– Atmungskette 339f.
– Bakterienphotosynthese 292
– Oligoterpen 364
Ubiquitin 570f.
– Proteinmodifikation 573^A
Ubiquitin-Isopeptidase 382
Ubiquitin-Konjugase 382
Ubiquitin/Proteasom-System s. Proteasom
Ubiquitinierung
– Histon 573
– Nucleosom 573
– Protein 37, 543, 611, 573
- UDP s. Uridindiphosphat
UDP-Glucose 528^A, 569
UDPG s. Uridindiphosphoglucose
Uhr
– circadiane 689f.
– – *Neurospora crassa* 692f.
– molekulare 512
Ulmaceae 319
Ulmus (Ulme) 176
Ulothrix zonata 156^A
ultraviolettes Licht s. UV-Licht
Umgebung **209**
unifaziales Blatt 187^A
Uniformitätsregel 394
Uniport 219^A, 222
Universum **209**
Unterabteilung 133
Unterart s. Subspecies
Unterblatt 179^A, 183^A, 184
Unterfamilie 133
Unterreich 133
Unterreplikation 407
UP-Element 496f.
Ur-Eukaryot 422^A
Ur-Prokaryot 422^A
Uracil (U) 23f., 27
Uratmosphäre 12
Urbohne s. *Vigna mungo*
Urease 299
Uredinales (Rostpilze) 471
Uredospore **472**, 473^A
Uridin 27, 533f.
Uridindiphosphat (UDP) 318
Uridindiphosphoglucose (UDPG) 91^A, 317f.
Uridintriphosphat (UTP) 495^A
Uridyltransferase 528^A
Urmark 168
Uronsäure 38
Urozean 43
Urrinde 168
Urstoffwechsel 130, 295
Ursuppe 130
Urtica dioica (Brennnessel) 109^A, 111
Urtica dodartii 391, 393^A
Urtica pilulifera 391, 393^A
Urticaceae 111
Urweltmammutbaum s. *Metasequoia glyptostroboides*
UV-Licht 109, 258f., 265, 411, 414
– Absorption 354, 357
– Schutz 348, 785
- V**
- V s. Valin
Vakuole 47^A, 70, 102f., 779
– Autophagie 741^A
– Biomembran 47, 66, 75^A
– Importsignal 559
– kontraktile 149
– Leitenzym 73
– pH-Wert 44
– Proteinimport 557^A
– Proteintransport 564^A
– Schließzelle 189^A
– Spezialisierung 105
– Streßantwort 790
– Transportsystem 790
Vakuom **103**
Val s. Valin
Valenzelektron 7f.
Valerianaceae (Baldringewächse) 360
Valin (V, Val) 25^A, 93, **378**, 795
Valinomycin 585
Valonia, Sekundärwand 95^A
Van't-Hoff-Beziehung 212
Van-der-Waals-Kraft 35
Vanilla planifolia (Vanille) 204
Vanillinsäure 825^A
VAP-Protein 839
Vaucheria sessilis 68
Vektor s. Plasmid
Velamen radicum 238^A
Vent-Polymerase 428
Venusfliegenfalle s. *Dionaea muscipula*
Veratrum californicum (Kalifornischer Germer) 363
Verbascum spec. 695, 735
Verbrauchsort s. sink
Verdauungssekret 798
Vererbung
– Chromosomentheorie 395, 397
– extrachromosomale 415f., 447
– Grundregel 391
Verholzung 100, 116f.
Verkernung 117
Vermehrung 422, 463, 470, 475
– Braunalgen 451f.
– Getreiderost 472f.
– Rotalgen 456f.
– vegetative 443f.
– – Ascomyceten 467
– – Basidiomyceten 470
– – *Chlamydomonas* 446^A
– – *Dictyostelium* 458f.
– – Fungi imperfecti 470
– – *Saccharomyces cerevisiae* 463f.
– – Spermatophytina 667, 711
Vernalisation 663, **733**, 735
Vernalisationsfaktor 523
Verseifung **15**, 22
Verticillium 470
Verwundung 780^A, 796f.
Very-low-fluence-Bereich 672, 676f.
Verzweigung 167, 179f.
– echte 148^A, 156^A
Verzweigungsenzym (Stärke) 322^A
Verzweigungspunkt, Spleißen 509f.
Vesikel 563, 565
– beschichteter 75f.
- Clathrin-beschichteter 75, 564^A, 745
– Pollenschlauch 745
Vesikeltransport 66, 75, 400, 453
– Modell 69^A
– Morphogenese 608
– Protein 562, 564^A, 567
Viburnum lantana (Schneeball), Pollen 121^A
Vicia faba (Saubohne) 105, 321^A, 566
– Leguminsynthese 762f.
– mechanische Reizung 801
– Temperaturbereich, Wachstum 774^A
– Zellzyklus 396f.
Vicia sativa (Wicke) 694
Vicillin 762f.
Vielzeller 45, 148, 154
Vielzelligkeit, *Dictyostelium* 458
Vigna mungo (Urbohne) 666f.
Vigna radiata (Mungbohne), Cellulose-Synthase 91^A
Vinblastin 349, 368f.
Vincristin 349, 368f.
Viola × *wittrockiana* (Stiefmütterchen) 118^A
Viola calaminaria (Galmeiveilchen) 236
Viola tricolor (Stiefmütterchen), Chromoplast 87^A
Violaxanthin, Strukturformel 264^A
Vir-Operon 829f., 832
Vir-Protein 830^A, 832
Virion **834**, 836^A, 838f.
Viroid 29f., 836f., **837**
Virola surinamensis 110^A
Virostaticum 349
Virulenz 826^A
Virus s. Pflanzenvirus
Virusübertragung, semipersistente 839
Viscum album (Mistel) 809^A
Vitamin
– A 153, 264, 362
– – Mangel 435
– K1 s. Phyllochinon
– schwefelhaltiges 312^A
Vitis vinifera (Weinrebe) 178, 180f.
Viviparie 766
VND-Protein, TF 523, 719
Vogelnebsturz s. *Neottia nidus-avis*
Vollparasit 809f.
Volutingranula 139, 143f.
Volvocales 445
Volvox 443, 673f.
Volvox globator 154f.
Vormännlichkeit (Proterandrie) **747**, 749
Vorweiblichkeit (Proterogynie) **747**

- W**
- W s. Tryptophan
 Wacholder s. *Juniperus*
 Wachse 22, 118f., 348
 Wackskürbis s. *Benincasa hispida*
 Wachsschuppen 120
 Wachstum **101f.**, 716, 789^A
 – akroplastes 183
 – basiplastes 183
 – Circadianrhythmus 688
 – interkalares 156, 179, 184f.
 – Kardinalpunkt 774^A
 – lichtgesteuertes 680f.
 – logarithmisches 136, 138
 – Pollenschlauch 743f.
 – – Hemmung 752
 – Sproßachse 167
 – Temperaturbereich 774^A
 Wachstumshormon 201
 Wachstumsoptimum 774^A
 Wachstumsreaktion, irreversible 201
 Wachstumswasser 248f., 320^A
 Waldmeister s. *Galium odoratum*
 Walnuß s. *Juglans regia*
 Wärmeenergie 207, 209
 Wärmestrahlung 259
 Wasser 3, 8^A, 42f., 48, 290, 342
 – Elektronenquelle 296
 – molare Masse 13, 212
 – Molvolumen 212
 – Osmose 213
 – schweres 255^A
 Wasserabgabe 240f., 243^A, 249, 280, 283
 Wasseraufnahme 237f., 249, 607
 – Bestimmung 242
 – Epiphyten 237f.
 – Keimung 768
 – Matrixpotential 215f.
 – Schließzelle 243
 – Schwierigkeit 767, 783
 – Turgor 105
 – Wasserbilanz 249
 – Wurzel 233f.
 Wasserfarn s. *Azolla*
 Wasserhahnenfuß s. *Ranunculus aquatilis*
 Wasserhaushalt 320
 Wasserkanal 224^A
 Wasserkreislauf 249
 Wasserleitfähigkeit 224
 Wassermangel 240, 385, 782
 – ABA-Metabolismus 639^A
 – Stomataverschluß 638
 – Streiß 778f., 782
 Wassernutzungseffizienz 286f.
 Wasserpest s. *Egeria densa*, *Elodea canadensis*
 Wasserpflanze 786
 Wasserpotential **211f.**, 239f., 778
 – Abnahme 248
 – Boden 250
 – Gewebe 249
 – Halophyten 239
 – Kapillarwasser 238
 – Kontrolle 790
 – matrikales 214f.
 – reines Wasser 238
 – Streißsensor 779
 – Transpiration 241
 – Zelle 212f., 218, 239
 Wasserpotentialdifferenz 213, **241**, 243
 Wasserspalte s. Hydathode
 Wasserspaltungszentrum 269f., 582^A
 Wasserspeichergewebe **107f.**, 194, 203
 Wasserstoff 3, 5, 12, 130
 – Ionenkonzentration 607
 – Ionentransport 266f., 340
 – Isotop 257
 – molekularer 303
 Wasserstoff-Ionengradient
 – Archaea, halophile 293
 – ATP-Synthase 217, 267, 274f., 295
 – Chlorobiaceae 293
 – elektrochemisches Potential 221
 – Energie 211
 – Purpurbakterien 292
 – Redoxsystem 296
 – Zerstörung 305
 Wasserstoff-Ionenpumpe, redoxgetriebene 271
 Wasserstoffbrückenbindung 11, **35**
 – Aminosäure 25
 – Cellulose 95^A
 – DNA 28f., 375
 – funktionelle Gruppe 43
 – Protein 33f.
 – Transfer-RNA 31^A
 – Wasser 42f., 248^A
 Wasserstoffperoxid 656
 – Mediator 655^A
 – Photorespiration 282^A
 – Signal 584
 – Stomataverschluß 654^A
 – Streiß, oxidativer 777^A, 784^A
 – Zelltod 659
 Wasserstreiß 245
 Wassertransport 176, 211, 246f.
 – apoplasmatischer 198, 234^A, 239, 241
 – Gefäße 115
 – symplasmatischer 234^A, 241
 – Tracheide 112, 175
 – Xylem 168
 Wassertransportprotein
 s. Aquaporine
 Wasserverlust 779
 Wasserzirkulation 320f.
 Watson-Crick-Modell 28f.
 WC-Komplex (WCC) 692
 WD-Domäne 683
 WD40-Protein 729, 735
 Wegerich s. *Plantago*
 Weißer Phosphor 313
 Weißer Senf s. *Sinapis alba*
 Weißes Waldvöglein s. *Cephalanthera damasonium*
 Weißfäule **808**
 Weichbast 176
 Weide s. *Salix*
 Weidenröschen s. *Epilobium spec.*
 Weinanbau 781
 Weinrebe s. *Vitis vinifera*
 Weitenwachstum 106
 Weizen s. *Triticum*
 Weizenstärke 88^A
 Welke 51, **212^A**, 239
 – permanente 250
 Welkpunkt 779
 Welle-Teilchen-Dualismus 259
 Welternährung 434
Welwitschia mirabilis (Welwitschie) 187, 720
 Western-Blot-Analyse 493
 Westpazifische Eibe
 s. *Taxus brevifolia*
 White collar-Transkriptionsfaktor 673, 692^A
 Wicke s. *Vicia sativa*
 Wiederauferstehungspflanze 778, 782
 Wiesenrispengras
 s. *Poa pratensis*
 Wildtyp 391f.
 Windblütigkeit 747
 Windflüchter **796**
 Wintergetreide 695, 735
 Winterruhe, Überwindung 713
 Wirkungsgrad 207
 Wirkungsspezifität 228
 Wirts-Resistenz 843
 Wolfsmilch s. *Euphorbia*
 Wolfsmilchgewächse
 s. Euphorbiaceae
 Wolliger Fingerhut
 s. *Digitalis lanata*
 Wortmannin 585
 WOX-Protein, TF 521, 719, 725^A, 757
 WRKY
 – Genfamilie 423^A
 – Transkriptionsfaktor 523, 825
 Wunderblume s. *Mirabilis jalapa*
 Wundverschluß, mikrobizider 124
 Wurmfarn s. *Dryopteris filix-mas*
 Wurzel 162f., 194f., 806^A
 – Apikaldominanz **664f.**
 – Auxintransport 608
 – blattbürtige 201
 – Cytokinin-Biosynthese 597
 – Dickenwachstum, sekundäres 202f.
 – Entwicklung 645, 702
 – Gravierperzeptionszentrum 706^A
 – Gravitropismus 701f., 706f.
 – Hormone 663f.
 – Ionenaufnahme 233f.
 – kontraktile 202
 – Krümmung 608
 – Leitsystem 170
 – Metamorphose 203
 – Mineralstoffaufnahme 233
 – Nitrat-Reduktion 303f.
 – Ökosystem 805f.
 – Orientierung 239
 – primärer Bau 196f.
 – Schattenvermeidungsreaktion 686f.
 – Scheitelmeristem 163^A
 – sproßbürtige 182, 201, 702
 – Streiß, mechanischer 800f.
 – Verzweigung 199
 – Wasseraufnahme 234^A, 238f.
 Wurzelapikalmeristem (RAM) 162f., 713f., **724f.**, 757^A
 Wurzeldorn 204
 Wurzelndruck 239, 246, 248
 Wurzelfäule s. *Fusarium*
 Wurzelhaar
 – Differenzierungszone 196
 – Entwicklung 522, 645^A, 729f.
 – Ionenaufnahme 233f.
 – Krümmung 820
 – Lebensdauer 198
 – Spitzenwachstum 109
 – trimerer Transkriptionsfaktor-Komplex 729^A
 – Wasseraufnahme 237f.
 – Wurzeloberfläche 194, 198
 Wurzelhaarzone 196
 Wurzelhals 199^A
 Wurzelhalstumor 138, 829f.
 Wurzelhaube s. Kalyptra
 Wurzelkambium 202f.
 Wurzelknöllchen 817f., 820f.
 – Symbiose 127, 301f., **816f.**
 – Transferzelle 108^A
 Wurzelknolle 203
 Wurzelmeristem 195, 807
 Wurzelmetamorphose 204
 Wurzelpol 755
 Wurzelprimordium 665^A
 Wurzelranke 204
 Wurzelraum s. Rhizosphäre
 Wurzelrinde 234, 238^A
 Wurzelscheitel 163^A, 195f.
 Wurzelsukkulente 203
 WUS s. WUSCHEL

WUSCHEL

- Gen
- – Expression 737f., 757
- – Kennzeichnung 392
- – Sproßapikalmeristem 715^A
- Protein
- – Blütenorganidentität 738^A
- – Embryogenese 757^A
- – Kennzeichnung 392
- – Sproßapikalmeristem 715^A
- – Wirkung 719
- – Zell/Zell-Kommunikation 726
- Wüstenroller 765

X

- Xanthin-Dehydrogenase 636
- Xanthium spec.*, Epizoochorie 765
- Xanthium strumarium* (Gewöhnliche Spitzklette) 694
- Xanthophyll 264^A, 269, 362
- Xanthoria parietina* (Gelbflechte) 812f.
- Xanthoxin 636f.
- Xanthoxin-Dehydrogenase 637^A
- Xenobiotikum 67, 95, 221, 790
- Xeromorphie 250
- Xeromorphose 181, **712**
- Xerophyten 119, 181, 241
- Xylan 38
- Xylem 168f.
 - Autophagie 741
 - Beladung 239
 - Differenzierung 523, 719, 723f.
 - Laubblatt 188^A
 - Morphogen 724
 - primäres 168, 197^A, 203
 - sekundäres 172f., 203^A
 - Transpirationsstrom 240
 - Wassertransport 246f.
 - – Zirkulation 320f.
 - Wurzel 170, 197^A
 - – Endodermis 198^A
 - – Spitze 195^A
 - – Zentralzylinder 199
- Xylemparenchym 168
- Xylemprimanen 168
- Xylemsaft 247, 249
- Xylogen 719, 724^A
- Xyloglucan 90^A, 96^A, 97, 607
- Xyloglycan-Transglycosylase 787
- Xylopyranose 90^A
- Xylose 17, 38, 567
- Xylose 17

Y

- Y s. Tyrosin
- Y-Kassette 465^A
- YAB-Protein, TF 719, 721
- Yang-Zyklus 627f.
- Yucca*, Auxinbiosynthese 603^A

Z

- Zäpfchenrhizoid 160^A
- ZAT12-Protein 786^A
- Zaunrübe s. *Bryonia dioica*
- Zea mays* (Mais)
 - AHAS-Mutante 795
 - Auxinverteilung 604^A
 - Blüte 479
 - C₄-Pflanze 284, 288
 - Dictyosom 68
 - Ernte 775
 - Genom 385
 - Geschlechtsbestimmung 749
 - Gravitropismus 701^A
 - Herbizidabbau 796
 - Heterosis 415
 - Homorhizie 200^A
 - Hypoxie 787
 - Insertionsmutagenese 420^A
 - Kranzanatomie 285^A
 - Lichtsättigung 289^A
 - Photoperiode 694
 - Samen 761
 - Temperaturbereich, Wachstum 774^A
 - transgen 434f.
 - – Anbau 435^A
 - Transposon 417
 - Transposon 417
- Zeatin
 - cis (cZ)- 595^A
 - trans- (tZ) 592, 595f., 666^A
- Zeatin-Glucosyltransferase (ZGT) 597^A
- Zeatinribosid 596f.
- Zeaxanthin 264^A, 362, 636f.
- Zeaxanthin-Epoxidase 637^A
- Zeigerpflanze 236
- Zeitlupe-Protein (ZTL) 673f., 688, 691^A
- Zell/Zell-Erkennung 743, 746
- Zell/Zell-Transport 726^A
- Zellatmung 336f.
 - Einteilung 334
 - Energiewandlung 208^A
 - Hexosen-Dissimilation 333^A
 - Kohlenstoff-Kreislauf 342^A
- Zellbewegung 57
- Zelldichte 148
- Zelldifferenzierung 102f., 106, 134, 605, 661
 - *Dictyostelium* 459, 461
- Zelle 132
 - Bestandteile 47^A
 - Charakteristika 132
 - Differenzierung s. Zelldifferenzierung
 - fossile 45
 - fusiforme 172
 - Größe 106
 - isodiametrische **106f.**, 110
 - motorische 798
 - Organelle s. Organelle
 - prosenchymatische s. Prosenchym
 - sklerenchymatische s. Sklerenchym
 - turgeszente 214^A
- Zellfraktionierung 49
- Zellfusion **113f.**, 116, 711
- Zellgift 56, 104, 305, 311
- Zellhomöostase 780
- Zellkern **47^A**, 64^A, 70f.
 - Evolution 130f.
 - Grundmembran 66
 - Proteinimport 557^A
 - Teilung 396
 - Verbreitung (Domäne) 129
- Zellkolonie 154f.
- Zellmembran s. Plasmalemma
- Zellorganelle s. Organelle
- Zellplatte 96^A, 400f.
- Zellpolarität 453
- Zellsaftvakuole 88, 103f., 172
- Zellspezialisierung 99f., 711
 - Epidermis 727f.
 - Regulation 729
 - Trichom 728^A
 - Wurzelhaar 729f.
 - Xylemzelle 724
- Zellstoff 117
- Zellstreckung 607, 711
 - Auxine 607f., 615
 - Blütenorgan 740^A
 - Brassinosteroide 624
 - CEZ 707^A
 - DEZ 707^A
 - Expansine 607
 - Gibberelline 609, **615**, 619, 686
 - Hemmung 707^A
 - Phototropine 679f.
 - Wurzel 706f.
- Zellstreckungszone 195f., 199
- Zellteilung 88, **400**, 711
 - antikline **172**, 714
 - bakterielle 139
 - Blütenorgan 740^A
 - Brassinosteroide 624
 - Embryogenese 754
 - Gene 600
 - Hormone 597
 - inäquale 724
 - perikline **172**, 714
 - radiale **172**
 - Regeneration 666^A
 - Stammzelle 715
 - Zellzyklus 396f., 661
- Zellteilungsgift 54
- Zelltod s. Apoptose
- Zellwachstum **102**, 105, 212, 624
- Zellwand 47, 88f., 132, 823
 - Archaeen 146
 - Aufbau 94f.
 - Bakterien 139
 - Chemie 88
 - Cyanobakterien 143
 - Dickenwachstum 97
 - Eukaryoten, einzellige 149
 - Eumycota 463
 - Expansine 607
 - gramnegative Eubakterien 137^A
 - Härtung 118
 - Lignineinlagerung 41, 117
 - mehrschichtige 135
 - *Oocystis solitaria* 97^A
 - pH-Wert 44
 - Polysaccharid 38
 - Rhodophyceen 39, 456
 - Veränderung 116f.
 - Verbreitung (Domäne) 129
 - Wachstum 102, 106^A
 - Zellwandpolymer 235
 - Zellwandprotein 93^A
 - Expansine 607
 - Extensine s. Extensine
 - Glykoproteine 566f.
 - Zellzyklus 396f., 597
 - Phytohormone 597, 660f.
 - *Saccharomyces* 463
 - Regulation 660f.
 - Repressor 661f.
- Zentralfadentyp s. Flechtthallus
- Zentralspalt 189f.
- Zentralzylinder 163^A, **194**, 197^A, 199
 - Epiphyt 238^A
 - *Iris* 198^A
 - Schicht 196
 - Transkriptionsfaktor 725^A
 - Wurzelspitze 195^A
- ZGT (Zeatin-Glucosyltransferase) 597^A
- Zimtalkohol 16, 40^A, 351^A
- Radikal 41^A
- Zimtsäure 350f., 355, 658^A
- Zink 3, 5, 236, 789
- Zinn 789
- Zinnia elegans* 724
- Z-Isomerie 11
- Zisterne 68f., 78
- Zn-Cluster-Transkriptionsfaktor 523
- Zn-Finger-Protein 523, 695, 740^A, 786^A
- Zoochorie 765^A
- Zoogamie 747, 750
- Zoosporangium 450^A
- Zoospore 154^A, 156^A, 444
- Z-Schema 273, 274^A
- ZTL s. Zeitlupe-Protein
- Zucker 16f., 39, 225
 - aktivierter 314
 - Nachweis 18, 20
 - Nucleinsäure 27
 - Transport 247, 317f.

- Zuckerahorn s. *Acer saccharum*
 Zuckeralkohol 319
 Zuckerphosphat 305, 314, 323
 Zuckerrohr
 s. *Saccharum officinarum*
 Zuckerrübe 204^A, 257, 407, 415
 Zuckersäure 21
 Zugwurzel 202
 Zunderschwamm
 s. *Fomes fomentarius*
- Zwei-Elektronen-Übergang 268,
 339^A
 Zweizellstadium 754f.
 Zwergwuchs
 – Brassinosteroide 621, 624f.,
 716
 – Grüne Revolution 615f.
 – Streß, mechanischer 796^A
 Zwiebel 193f.
 Zwitter 440
- Zwitterion 24^A
Zygnema spec., Chromatophor
 84^A
 Zygotän 402f.
 Zygote **439**, 440^A
 – *Arabidopsis* 755^A
 – *Chlamydomonas* 466^A
 – Entstehung 402
 – *Fucus* 453
 – Musci 474f.
- *Neurospora crassa* 467^A
 – tetraploide 407
 Zypressen
 s. Cupressaceae, Taxodiaceae