

(12) NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES
PATENTWESENS (PCT) VERÖFFENTLICHTE INTERNATIONALE ANMELDUNG

(19) Weltorganisation für geistiges
Eigentum

Internationales Büro

(43) Internationales
Veröffentlichungsdatum
30. Mai 2014 (30.05.2014)



(10) Internationale Veröffentlichungsnummer
WO 2014/079957 A1

- (51) Internationale Patentklassifikation:
C12N 15/82 (2006.01) *C07K 14/415* (2006.01)
- (21) Internationales Aktenzeichen: PCT/EP2013/074428
- (22) Internationales Anmeldedatum:
22. November 2013 (22.11.2013)
- (25) Einreichungssprache: Deutsch
- (26) Veröffentlichungssprache: Deutsch
- (30) Angaben zur Priorität:
12194024.1 23. November 2012 (23.11.2012) EP
- (71) Anmelder: **BAYER CROPSCIENCE AG** [DE/DE];
Alfred-Nobel-Str. 50, 40789 Monheim (DE).
- (72) Erfinder: **BISSON, Dr. Melanie M. A.**; Wetzlarer Weg
26a, 40229 Düsseldorf (DE). **GROTH, Prof. Dr. Georg**;
Hasenpfad 8, 52428 Jülich (DE).
- (74) Anwalt: **GILLE HRABAL**; Brucknerstr. 20, 40593
Düsseldorf (DE).
- (81) Bestimmungsstaaten (soweit nicht anders angegeben, für
jede verfügbare nationale Schutzrechtsart): AE, AG, AL,
AM, AO, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BH, BN, BR, BW,
BY, BZ, CA, CH, CL, CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DK,
DM, DO, DZ, EC, EE, EG, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM,
GT, HN, HR, HU, ID, IL, IN, IR, IS, JP, KE, KG, KN, KP,

KR, KZ, LA, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LY, MA, MD,
ME, MG, MK, MN, MW, MX, MY, MZ, NA, NG, NI,
NO, NZ, OM, PA, PE, PG, PH, PL, PT, QA, RO, RS, RU,
RW, SA, SC, SD, SE, SG, SK, SL, SM, ST, SV, SY, TH,
TJ, TM, TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VC, VN, ZA,
ZM, ZW.

(84) Bestimmungsstaaten (soweit nicht anders angegeben, für
jede verfügbare regionale Schutzrechtsart): ARIPO (BW,
GH, GM, KE, LR, LS, MW, MZ, NA, RW, SD, SL, SZ,
TZ, UG, ZM, ZW), eurasisches (AM, AZ, BY, KG, KZ,
RU, TJ, TM), europäisches (AL, AT, BE, BG, CH, CY,
CZ, DE, DK, EE, ES, FI, FR, GB, GR, HR, HU, IE, IS, IT,
LT, LU, LV, MC, MK, MT, NL, NO, PL, PT, RO, RS, SE,
SI, SK, SM, TR), OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA,
GN, GQ, GW, KM, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

Veröffentlicht:

- mit internationalem Recherchenbericht (Artikel 21 Absatz 3)
- vor Ablauf der für Änderungen der Ansprüche geltenden Frist; Veröffentlichung wird wiederholt, falls Änderungen eingehen (Regel 48 Absatz 2 Buchstabe h)
- mit dem Sequenzprotokollteil der Beschreibung (Regel 5 Absatz 2 Buchstabe a)

(54) Title: SELECTIVE INHIBITION OF ETHYLENE SIGNAL TRANSDUCTION

(54) Bezeichnung : SELEKTIVE INHIBITION DER ETHYLENSIGNALTRANSDUKTION

(57) Abstract: The invention relates to a peptide, a peptidomimetic, an antibody and/or fragments thereof, an aptamer as well as small molecules, an agent and a method for influencing the ripening process, the senescence process and/or the stress tolerance of plants and/or the fruits thereof by the inhibition of the interaction of the protein EIN2 (Ethylene Insensitive 2) or an orthologous protein thereof with the receptor protein ETR1 (Ethylene Resistant 1) of its isoforms ERS1, ETR2, ERS2, EIN4 or the homologous or orthologous proteins thereof by a compound inhibiting the interaction.

(57) Zusammenfassung: Die Erfindung betrifft ein Peptid, Peptidmimetikum, einen Antikörper und/oder dessen Fragmente, ein Aptamer sowie kleine Moleküle, ein Mittel und ein Verfahren zur Beeinflussung des Reifungsprozesses, des Seneszenzprozesses und/oder der Stresstoleranz von Pflanzen und/oder ihrer Früchte, durch die Hemmung der Interaktion des Proteins EIN2 (Ethylene Insensitive 2) oder eines orthologen Proteins davon mit dem Rezeptorprotein ETR1 (Ethylene resistant 1) seiner Isoformen ERS1, ETR2, ERS2, EIN4 oder homologen oder orthologen Proteinen davon durch eine die Interaktion hemmende Verbindung.



WO 2014/079957 A1

SELEKTIVE INHIBITION DER ETHYLENSIGNALTRANSDUKTION

5

Beschreibung

- Die vorliegende Erfindung betrifft ein Verfahren zur Beeinflussung des Reifungsprozesses, des Seneszenzprozesses und/oder der Stresstoleranz von
- 10 Pflanzen und/oder ihrer Früchte durch die Hemmung der Interaktion des Proteins EIN2 (Ethylene Insensitive 2) oder eines orthologen Proteins davon mit dem Rezeptorprotein ETR1 (Ethylene resistant 1) oder seiner Isoformen ERS1, ETR2, ERS2, EIN4 oder homologen oder orthologen Proteinen davon.
- 15 Das Phytohormon Ethylen beeinflusst zahlreiche pflanzliche Wachstums- und Entwicklungsprozesse. Transkriptomanalysen zeigen, dass etwa 7 % aller Gene eines pflanzlichen Genoms durch Ethylen reguliert werden (G. van Zhong, J.K. Burns, Profiling ethylene regulated gene expression in *Arabidopsis thaliana* by microarray analysis, *Plant Mol. Biol.* 53: 117-131; 2003). Ethylen kann in der Pflanze in allen
- 20 Geweben aus der Aminosäure Methionin gebildet werden (S. F. Yang, N. E. Hoffman, Ethylene biosynthesis and its regulation in higher-plants. *Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol.* 35: 155–189; 1984; G. E. Schaller, J. J. Kieber, Ethylene. In CR Somerville, EM Meyerowitz, eds, *The Arabidopsis Book*. American Society of Plant Biologists, Rockville, MD; 2002; B. S. Chauhan, *Principles of Biochemistry and*
- 25 *Biophysics*, Laxmi Publications, p370; 2008), wobei die Syntheserate in Abhängigkeit von Entwicklungszustand und Gewebetyp oder unter dem Einfluss von Stress stark variieren kann. Neben der Anpassung der Pflanze an wechselnde Umweltbedingungen als Antwort auf Trockenheit, Hitze, Kälte, Überflutung, mechanischen Reiz, Verletzung oder Pathogen-Infektion steuert das Phytohormon auch zahlreiche physiologische
- 30 Prozesse wie beispielsweise die Zellstreckung, Blütenentwicklung, Blattfall, Apoptose, Seneszenz und Frucht- oder Samenreifung. Von diesen vielfältigen Prozessen, die durch das Phytohormon vermittelt werden, ist die kontrollierte Reifung von Früchten aus agrarökonomischer Sicht für biologisch angebaute Nahrungsmittel der
- 35 Blühpflanzen eine bedeutende Rolle. Durch Unterdrückung der Ethylenbildung lässt

sich beispielsweise die Blühdauer von Schnittblumen deutlich verlängern (M. S. Reid, M-J. Wu, Ethylene and flower senescence. Plant Growth Regulation 11, 31-43; 1992).

- Der natürliche Reifungsprozess findet in der Pflanze durch das in ihnen endogen gebildete Ethylen statt. Allerdings kann der Reifungsprozess auch gezielt von außen durch exogene Ethylenzufuhr ausgelöst werden oder durch die Unterdrückung der natürlichen Ethylenbildung oder der Ethylenwahrnehmung durch die Pflanze verzögert werden. Die Kontrolle der Ethylenexposition wird insbesondere dazu genutzt, die vollständige Reifung bzw. das Verderben geernteter Früchte während ihres Transportes und ihrer Lagerung zu verhindern. Da Ethylen auch für das Verwelken von Blühpflanzen, insbesondere von Schnittblumen verantwortlich ist, kann durch eine Steuerung der Ethylenexposition oder Ethylenwahrnehmung auch die Blühdauer dieser Pflanzen verlängert werden.
- Eine Kontrolle der Ethylenexposition erfolgt üblicherweise durch den Transport von nicht vollständig ausgereiften Früchten, sowie deren Lagerung und Transport bei tiefen Temperaturen und/oder unter Schutzgas wie Stickstoff oder Kohlendioxid oder ihrer Behandlung mit Inhibitoren der Ethylenbildung oder Ethylenwahrnehmung. Auf diesem Wege kann Obst und Gemüse auch über große Distanzen ohne vollständige Ausreifung transportiert werden. Kurz vor dem Verkauf an den Abnehmer oder Verbraucher wird die Reifung der Früchte durch ihre Behandlung mit Ethylen oder Ethylenanaloga gezielt induziert. Mit diesem Verfahren sind in Abhängigkeit von Produktionsland, Produktionsstandards und Fruchtspezies allerdings immer noch erhebliche Nachernteverluste von 10 bis 30 % zu verzeichnen. Dies liegt zum einen daran, dass die Unterdrückung der Reifung durch tiefe Temperaturen und Schutzgasatmosphäre nicht bei allen Früchten möglich ist. Selbst wenn dieses jedoch möglich ist, ist dieses Verfahren mit einem hohen Energieaufwand für Transport und Lagerung und entsprechend hohen Kosten verbunden. Dies gilt ebenso für den Transport und die Lagerung von Schnittblumen (Umweltaspekte im Blumenhandel, Studie zur Klimaverträglichkeit der Schnittblumenproduktion, Blumen Rosinski; Dokumentation von Myclimate; J. van der Hulst, Kühlkettenmanagement für Schnittblumen, www.flowerwatch.com).

Zur Untersuchung der Wirkung eines Verfahrens auf die Ethylenantwort einer Frucht kann zunächst das Ausmaß der Verzögerung der Reifung betrachtet werden. Ebenso ist als Screening-System auch die Bestimmung der Änderung der Dreifachantwort von Keimlingen bekannt, die von ihnen bei Ethylenexposition im Dunkeln gezeigt werden
5 (P. Guzmán, J. R. Ecker, Exploiting the Triple Response of Arabidopsis To Identify Ethylene-Related Mutants, Plant Cell 2: 13-523; 1990). Bei Behandlung mit Ethylen kommt es zu einer Verdickung und Verkürzung des Hypokotyls, einer Verkürzung der Wurzel und einer starken Krümmung des Apikalhakens. Mit Hilfe von veränderten Dreifachantworten in Mutanten konnten auch die an der Ethylensignalkette beteiligten
10 Rezeptoren und weitere Signalproteine identifiziert werden. Diese Erkenntnisse wurden bereits genutzt, um weitere Verfahren zur Kontrolle der Ethylenexposition zu entwickeln.

So kann die Ethylenbiosynthese in Pflanzen beispielsweise über die Inaktivierung von
15 an der Ethylenbiosynthese beteiligten Genen in transgenen Pflanzen gehemmt werden (Beispiele für solche transgenen Pflanzen sind zu finden in N. A. Kahn, Ethylene Action in Plants, Springer Berlin, Heidelberg, New York, 2006, Tabelle 8.1 a) auf Seite 168). Die Ethylenwahrnehmung kann ebenso durch genetische Veränderungen der Rezeptoren in transgenen Pflanzen gehemmt werden (Beispiele für solche transgenen
20 Pflanzen sind zu finden in N. A. Kahn, Ethylene Action in Plants, Springer Berlin, Heidelberg, New York, 2006, Tabelle 8.1 b) auf den Seiten 168-169). Eine weitere Möglichkeit zur Hemmung der Ethylenwahrnehmung besteht in der Verwendung von Ethylenantagonisten. Als erste Ethylenanaloga, welche ebenso wie das Phytohormon in Keimlingen eine Dreifachantwort auslösen, wurden Propylen, Acetylen und
25 Kohlenmonoxid sowie Alkene und Alken-verwandte Verbindungen identifiziert (S. P. Burg, E. A. Burg, Molecular requirement for the biological activity of ethylene, Plant Physiol 42: 144-152). Später konnte auch für Isocyanide nachgewiesen werden, dass diese eine Rolle als Ethylenantagonisten spielen können (E. C. Sisler, Ethylene activity of some π -acceptor compounds, Tob Sci 21: 43-45; 1977). Verschiedene zyklische
30 Alkene (Beispiele hierfür sind zu finden in N. A. Kahn, Ethylene Action in Plants, Springer Berlin, Heidelberg, New York, 2006, Tabelle 1.1) und natürlich vorkommende Terpene (Beispiele hierfür sind zu finden in N. A. Kahn, Ethylene Action in Plants, Springer Berlin, Heidelberg, New York, 2006, Tabelle 1.2) hemmen die Ethylenantwort und wirken als Ethylenantagonisten. Ebenso sind Silber-Ionen wie beispielsweise

Silbernitrat, Silbersulfat und Silberthiosulfat wirksame Ethylenantagonisten. Sehr wirksame Ethylenantagonisten sind Cyclopropene (Beispiele hierfür sind zu finden in N. A. Kahn, Ethylene Action in Plants, Springer Berlin, Heidelberg, New York, 2006, Tabelle 1.3). Beispielsweise wird die Verbindung 1-Methylcyclopropen (1-MCP) unter dem Handelsnamen Ethylbloc für Blumen und Smartfresh für essbare Produkte vertrieben.

Allen diesen Ethylenantagonisten mit der Ausnahme von Silbersulfat und Cyclopropen ist es jedoch gemeinsam, dass sie eine kontinuierliche Applikation und Einwirkung benötigen, um ihre Wirksamkeit zu entfalten. Die Verwendung einiger Stoffe wie Norbornadien oder trans-Cycloocten ist zudem mit einer starken Geruchsbelästigung verbunden. Die praktische Anwendbarkeit von 1-MCP ist eingeschränkt, da es in flüssiger Form oder in Lösung – außer bei tiefen Temperaturen – instabil ist und nur im gasförmigen Zustand unter Inertgasatmosphäre stabil ist. Aus dieser Tatsache der Applikation in gasförmigen Zustand resultiert jedoch, dass eine Exposition der Früchte oder Blumen nur in geschlossenen, gasdichten Räumen erfolgen kann. Zudem ist die Wasserlöslichkeit von 1-MCP unzureichend. Außerdem ist die Wirkung von 1-MCP bei niedrigen Temperaturen, die bei der Lagerung und dem Transport von Früchten oder Blumen Anwendung finden, geringer als bei Raumtemperatur, so dass effektiv eine größere Menge 1-MCP unter Anwendungsbedingungen verwendet werden muss. In einigen Fällen wie bei Petersilie oder Birnen beschleunigt 1-MCP sogar die Ethylenproduktion und hat somit einen negativen Effekt auf die Reifung. In verschiedenen Steinfrüchten wird nur ein begrenzter Effekt mit 1-MCP erzielt und Narzissen sind sogar insensitive gegenüber 1-MCP. Eine weitere Möglichkeit der Kontrolle der Ethylenexposition stellt die Hemmung von ethylen-induzierten Zielproteinen da. Diese Möglichkeit ist derzeit nur auf die Hemmung zellwandmodifizierender Enzyme in transgenen Pflanzen beschränkt (Beispiele sind zu finden in N. A. Kahn, Ethylene Action in Plants, Springer Berlin, Heidelberg, New York, 2006, Tabelle 8.1 c) auf den Seite 169).

Insgesamt stellt die Kontrolle der Ethylenexposition von Pflanzen und deren Früchten ebenso wie von Blühpflanzen derzeit ein Verfahren dar, welches insbesondere mit hohen Kosten verbunden ist.

Damit stellt sich die vorliegende Erfindung ausgehend vom Stand der Technik insbesondere die Aufgabe, ein Verfahren zur Kontrolle des Reifungsprozesses, des Seneszenzprozesses und/oder der Stresstoleranz von Pflanzen und/oder deren Früchten bereit zu stellen, welche vorzugsweise mindestens einen der vorstehend diskutierten Nachteile der aus dem Stand der Technik bekannten Verfahren behebt. Insbesondere stellt sich der vorliegenden Erfindung die Aufgabe, ein Verfahren bereit zu stellen, in dem Nachernteverluste, das heißt das Verderben von Lebensmitteln nach der Ernte, insbesondere bevor der Verbraucher erreicht wird, gegenüber den im Stand der Technik beschriebenen Verfahren zu reduzieren. Zudem soll ein Verfahren bereitgestellt werden, welches vorzugsweise eine wirksame Kontrolle des Reifungsprozesses, des Seneszenzprozesses und/oder der Stresstoleranz gegenüber einer Vielzahl an unterschiedlichsten Pflanzen, Früchten und Blühpflanzen aufweist.

Gelöst wird mindestens ein Teil dieser Aufgaben, bevorzugt alle dieser Aufgaben durch die Bereitstellung einer Verbindung, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus einem Peptid, einem Peptidmimetikum und einem Aptamer, einem Mittel und/oder eines Verfahrens zur Beeinflussung des Reifungsprozesses, des Seneszenzprozesses und/oder der Stresstoleranz von Pflanzen und/oder ihrer Früchte, wie nachstehend näher erläutert.

20

Insbesondere werden diese Aufgaben gelöst durch die Bereitstellung einer Verbindung, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus einem Peptid, einem Peptidmimetikum und einem Aptamer, dadurch gekennzeichnet, dass das Peptid aus einer Aminosäuresequenz besteht, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 1, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 2, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, einer Permutation einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, einem Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, dass das Peptidmimetikum aus einer am Peptidrückgrat modifizierten Aminosäuresequenz besteht, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 1, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 2, der

Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, einer Permutation einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, einem Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 1 bis

5 SEQ ID NO: 3 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3 oder dass das Aptamer auf Basis der Zielstruktur eines Peptids hergestellt wird, wobei das Peptid ausgewählt wird, aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 1, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 2, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, einer Permutation einer der

10 Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, einem Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3. Dabei sind Verbindungen

15 ausgenommen, bei denen das Peptid aus einer Aminosäuresequenz der SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 101 oder SEQ ID NO: 102, und/oder aus einem Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 98 bis SEQ ID NO: 102, welcher mindestens 6 der in SEQ ID NO: 98 bis SEQ ID NO: 102 genannten Aminosäuren umfasst und/oder aus einem Derivat der Aminosäuresequenzen SEQ ID

20 NO: 98 bis 102 besteht und/oder bei denen ein Peptidmimetikum aus einer am Peptidrückgrat modifizierten Aminosäuresequenz besteht, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 101 und SEQ ID NO: 102, und/oder bei denen ein Aptamer auf Basis der Zielstruktur eines Peptids hergestellt wird, wobei das Peptid ausgewählt wird aus der

25 Gruppe, bestehend aus SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 101 und SEQ ID NO: 102.

Ebenso werden diese Aufgaben gelöst durch die Bereitstellung einer Verbindung, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus einem Peptid, einem

30 Peptidmimetikum einem Antikörper und/oder seiner Fragmente und einem Aptamer, dadurch gekennzeichnet, dass das Peptid und/oder der Antikörper und/oder dessen Fragmente die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, oder einen Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 103 genannten Aminosäuren

- umfasst, oder ein Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103 umfasst oder dass das Peptidmimetikum die am Peptidrückgrat modifizierte Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103 oder einen Teil der am Peptidrückgrat modifizierten Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt
- 5 mindestens 6 der in SEQ ID NO: 103 genannten Aminosäuren umfasst, oder ein Derivat der am Peptidrückgrat modifizierten Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103 umfasst oder dass das Aptamer auf Basis der Zielstruktur eines Peptids hergestellt wird, wobei das Peptid ausgewählt wird, aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, einem Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, welcher mindestens 4,
- 10 bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 103 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, wobei, wenn die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103 an einer Position Alanin umfasst, keine der anderen Aminosäuren der SEQ ID NO: 103 Alanin ist.
- 15 Des Weiteren werden diese Aufgaben insbesondere gelöst durch die Bereitstellung eines Mittels zur Beeinflussung des Reifungsprozesses, des Seneszenzprozesses und/oder der Stresstoleranz von Pflanzen und/oder ihrer Früchte umfassend mindestens eine Verbindung, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus einem Peptid, einem Peptidmimetikum, einem Aptamer, einem Antikörper und/oder
- 20 seiner Fragmente, dadurch gekennzeichnet, dass das Peptid oder der Antikörper und/oder dessen Fragmente eine Aminosäuresequenz umfasst, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 1, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 2, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, einer Permutation einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, einem
- 25 Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, dass das
- 30 Peptidmimetikum mindestens eine am Peptidrückgrat modifizierte Aminosäuresequenz umfasst, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 1, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 2, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, einer Permutation einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, einem Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, welcher mindestens 4,

bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3 oder dass das Aptamer auf Basis der Zielstruktur eines Peptids hergestellt wird, wobei das Peptid ausgewählt wird, aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 1, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 2, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, einer Permutation einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, einem Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3. Dabei sind Verbindungen ausgenommen, bei denen das Peptid oder der Antikörper und/oder dessen Fragmente eine Aminosäuresequenz der SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 101 oder SEQ ID NO: 102, und/oder einen Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 98 bis SEQ ID NO: 102, welcher mindestens 6 der in SEQ ID NO: 98 bis SEQ ID NO: 102 genannten Aminosäuren umfasst und/oder ein Derivat der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 98 bis 102 umfasst und/oder bei denen ein Peptidmimetikum aus einer am Peptidrückgrat modifizierten Aminosäuresequenz besteht, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 101 und SEQ ID NO: 102, und/oder bei denen ein Aptamer auf Basis der Zielstruktur eines Peptids hergestellt wird, wobei das Peptid ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 101 und SEQ ID NO: 102.

Ebenso werden diese Aufgaben insbesondere gelöst durch die Bereitstellung eines Mittels zur Beeinflussung des Reifungsprozesses, des Seneszenzprozesses und/oder der Stresstoleranz von Pflanzen und/oder ihrer Früchte umfassend mindestens eine Verbindung, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus einem Peptid, einem Peptidmimetikum, einem Aptamer, einem Antikörper und/oder seiner Fragmente, dadurch gekennzeichnet, dass das Peptid oder der Antikörper und/oder dessen Fragmente die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, einen Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 103 genannten Aminosäuren

umfasst, oder ein Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103 umfasst, dass das Peptidmimetikum die am Peptidrückgrat modifizierte Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, einen Teil einer am Peptidrückgrat modifizierten Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 103 genannten Aminosäuren umfasst, oder ein Derivat einer am Peptidrückgrat modifizierten Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103 umfasst oder dass das Aptamer auf Basis der Zielstruktur eines Peptids hergestellt wird, wobei das Peptid ausgewählt wird, aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, einem Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 103, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 103 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, wobei, wenn die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103 an einer Position Alanin umfasst, keine der anderen Aminosäuren der SEQ ID NO: 103 Alanin ist.

Weiterhin werden diese Aufgaben gelöst durch die Bereitstellung eines Verfahrens zur Beeinflussung des Reifungsprozesses, des Seneszenzprozesses und/oder der Stresstoleranz von Pflanzen und/oder ihrer Früchte, dadurch gekennzeichnet, dass in den Pflanzen und/oder Früchten die Interaktion des Proteins EIN2 (Ethylene Insensitive 2) oder eines orthologen Proteins davon mit dem Rezeptorprotein ETR1 (Ethylene resistant 1), seiner Isoformen ERS1, ETR2, ERS2, EIN4 oder homologen oder orthologen Proteinen davon durch die Interaktion einer Verbindung, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus einem Peptid, einem Peptidmimetikum, einem Aptamer, einem Antikörper und/oder seiner Fragmente, kleinen Molekülen und Mischungen dieser Verbindungen mit einer Kontaktdomäne des Ethylenrezeptors ETR1 oder seiner Isoformen ERS1, ETR2, ERS2, EIN4 oder eines homologen oder orthologen Proteins davon gehemmt wird, wobei die Kontaktdomäne diejenige ist, welche mit EIN2 oder einem orthologen Protein davon interagiert und wobei das Peptid, der Antikörper und/oder seine Fragmente mindestens eine Aminosäuresequenz umfasst, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 1, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 2, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, einer Permutation einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, einem Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, welcher mindestens 4,

bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, das Peptidmimetikum mindestens eine am Peptidrückgrat modifizierte Aminosäuresequenz umfasst, welche

5 ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 1, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 2, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, einer Permutation einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, einem Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ

10 ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3 oder das Aptamer auf Basis der Zielstruktur eines Peptids hergestellt wird, wobei das Peptid ausgewählt wird, aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 1, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 2, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, einer Permutation einer der

15 Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, einem Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3. Dabei sind Verbindungen

20 ausgenommen, bei denen das Peptid oder der Antikörper und/oder dessen Fragmente eine Aminosäuresequenz der SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 101 oder SEQ ID NO: 102, und/oder einen Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 98 bis SEQ ID NO: 102, welcher mindestens 6 der in SEQ ID NO: 98 bis SEQ ID NO: 102 genannten Aminosäuren umfasst und/oder

25 ein Derivat der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 98 bis 102 umfasst und/oder bei denen ein Peptidmimetikum aus einer am Peptidrückgrat modifizierten Aminosäuresequenz besteht, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 101 und SEQ ID NO: 102, und/oder bei denen ein Aptamer auf Basis der Zielstruktur eines Peptids

30 hergestellt wird, wobei das Peptid ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 100 SEQ ID NO: 101 und SEQ ID NO: 102.

Ebenso werden diese Aufgaben gelöst durch die Bereitstellung eines Verfahrens zur Beeinflussung des Reifungsprozesses, des Seneszenzprozesses und/oder der Stresstoleranz von Pflanzen und/oder ihrer Früchte, dadurch gekennzeichnet, dass in den Pflanzen und/oder Früchten die Interaktion des Proteins EIN2 (Ethylene

5 Insensitive 2) oder eines orthologen Proteins davon mit dem Rezeptorprotein ETR1 (Ethylene resistant 1), seiner Isoformen ERS1, ETR2, ERS2, EIN4 oder homologen oder orthologen Proteinen davon durch die Interaktion einer Verbindung, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus einem Peptid, einem Peptidmimetikum, einem Aptamer, einem Antikörper und/oder seiner Fragmente,

10 kleinen Molekülen und Mischungen dieser Verbindungen mit einer Kontaktdomäne des Ethylenrezeptors ETR1 oder seiner Isoformen ERS1, ETR2, ERS2, EIN4 oder eines homologen oder orthologen Proteins davon gehemmt wird, wobei die Kontaktdomäne diejenige ist, welche mit EIN2 oder einem orthologen Protein davon interagiert und wobei das Peptid, der Antikörper und/oder seine Fragmente mindestens eine

15 Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, einen Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 103 genannten Aminosäuren umfasst, oder ein Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103 umfasst, das Peptidmimetikum mindestens eine am Peptidrückgrat modifizierte Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103,

20 einen Teil der am Peptidrückgrat modifizierten Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 103 genannten Aminosäuren umfasst, oder ein Derivat der am Peptidrückgrat modifizierten Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103 umfasst oder das Aptamer auf Basis der Zielstruktur eines Peptids hergestellt wird, wobei das Peptid

25 ausgewählt wird, aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, einem Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 103 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, wobei, wenn die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103 an einer Position Alanin umfasst, keine der

30 anderen Aminosäuren der SEQ ID NO: 103 Alanin ist.

Es wurde überraschenderweise gefunden, dass die erfindungsgemäße Verbindung, das erfindungsgemäße Mittel und das erfindungsgemäße Verfahren eine wirksame Kontrolle des Reifungsprozesses, des Seneszenzprozesses und/oder der

Stresstoleranz in einer Vielzahl an unterschiedlichsten Pflanzen, Früchten und Blühpflanzen ermöglicht. Dadurch können erhebliche Energiekosten eingespart werden, welche insbesondere durch die Kühlung von Früchten oder aber auch den erhöhten Verbrauch von Blühpflanzen bei einer kürzeren Blühdauer entstehen.

5

Im Sinne der vorliegenden Erfindung wird der Begriff „Kontrolle der Ethylenexposition“ äquivalent zur Beeinflussung von Reifungsprozessen, Seneszenzprozessen und/oder Stresstoleranz von Pflanzen und/oder ihrer Früchte verwendet. Hierbei schließen Reifungsprozesse insbesondere die vollständige Unterdrückung und/oder

- 10 Verzögerung der Reifung von Pflanzen und/oder deren Früchten ein. Eine Unterdrückung und/oder Verzögerung der Reifung liegt insbesondere dann vor, wenn die Pflanzen und/oder deren Früchte zum Zeitpunkt der Abnahme durch den Endverbraucher, das heißt nach Transport und gegebenenfalls anschließender Lagerung, noch nicht verdorben sind im Vergleich zu der gleichen Pflanze und/oder
- 15 deren Früchte, welche nicht erfindungsgemäß behandelt wurde. In Bezug auf Blühpflanzen bedeutet dies insbesondere, dass der Seneszenzprozess verzögert wird. Im Sinne der vorliegenden Erfindung ist unter der Verzögerung des Seneszenzprozesses insbesondere die Verlängerung der Blühdauer der mit dem erfindungsgemäßen Verfahren behandelten Pflanze im Vergleich zu der gleichen
- 20 Pflanze, welche nicht erfindungsgemäß behandelt wurde, zu verstehen. Des Weiteren wird unter der „Beeinflussung der Stresstoleranz“, wie es im Sinne der Erfindung verwendet wird, vorzugsweise eine verbesserte Anpassung des morphologischen, physiologischen und biochemischen Zustandes der Pflanzen und/oder ihrer Früchte in Bezug auf Stressfaktoren, wie insbesondere Trockenheit, Hitze, Kälte, Überflutung,
- 25 Salinität, mechanischen Reiz, Verletzung oder Pathogen-Infektion verstanden.

Der Begriff „Pflanze“ wird in der vorliegenden Erfindung synonym für die Früchte der Pflanze sowie insbesondere auch für Blühpflanzen verwendet. Insbesondere schließt dieser Begriff alle oberirdischen und unterirdischen Teile und Organe der Pflanze mit

30 ein, wie Spross, Blatt, Blüte und Wurzel, wobei beispielhaft Blätter, Nadeln, Stengel, Stämme, Blüten, Fruchtkörper, Früchte und Saatgut sowie Wurzeln, Knollen und Rhizome. Entsprechend den obigen Ausführungen gehört zu den Pflanzenteilen auch Erntegut sowie vegetatives und generatives Vermehrungsmaterial, beispielsweise Stecklinge, Knollen, Rhizome, Ableger und Saatgut.

Die Interaktion hemmende Verbindung

Im erfindungsgemäßen Verfahren wird die Interaktion des Proteins EIN2 oder eines orthologen Proteins mit dem Rezeptorprotein ETR1 oder seiner Isoformen ERS1, ETR2, ERS2, EIN4 oder eines homologen oder orthologen Proteins durch eine Verbindung gehemmt, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus einem Peptid, einem Peptidmimetikum, einem Aptamer, einem Antikörper und/oder seiner Fragmente, kleinen Molekülen und Mischungen dieser Verbindungen. Mischungen dieser Verbindungen umfassen bevorzugt zwei der genannten Verbindungen, können aber auch mehr als zwei der Verbindungen umfassen. Im Folgenden wird die Verbindung, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus einem Peptid, einem Peptidmimetikum, einem Aptamer, einem Antikörper und/oder seiner Fragmente, kleinen Molekülen und Mischungen dieser Verbindungen, auch als „die Interaktion hemmende Verbindung“ bezeichnet.

In einer bevorzugten Ausführungsform der vorliegenden Erfindung bedeutet der Begriff „umfassen“ „bestehend aus“.

Gemäß der vorliegenden Erfindung wird der Begriff „Peptid“ insbesondere für eine Aminosäuresequenz von bis zu 100 Aminosäuren, bevorzugt bis zu 50 Aminosäuren, ganz besonders bevorzugt bis zu 12, weiterhin bevorzugt bis zu 10, am meisten bevorzugt bis zu 8 Aminosäuren verwendet. Dabei fallen unter den Begriff Peptide vorzugsweise L-Peptide, welche eine Sequenz von L-Aminosäuren umfassen.

Der Begriff „Peptidmimetikum“ beschreibt eine niedermolekulare Verbindung, deren wesentliche strukturelle Elemente denen eines Peptids nachempfunden sind und die dadurch ähnliche biologische Aktivität wie Peptide aufweisen können. Bevorzugt weist die niedermolekulare Verbindung eine Molmasse von bis zu 11000 g/mol auf.

Besonders bevorzugt weist die niedermolekulare Verbindung eine Molmasse zwischen 500 bis 5000 g/mol, ganz besonders bevorzugt von 1000 bis 1500 g/mol auf.

Bevorzugt schließen Peptidmimetika D-Peptide ein, welche eine Sequenz von D-Aminosäuren umfassen. Dabei werden diese insbesondere so designed, dass sie die biologische Aktivität der entsprechenden natürlichen L-Peptide aufweisen. Weiterhin bevorzugt schließen Peptidmimetika Peptide ein, deren Rückgrate chemisch modifiziert sind. Vorzugsweise weisen diese am Rückgrat chemisch modifizierten

Peptide eine ggf. modifizierte Aminosäuresequenz von bis zu 100 Aminosäuren, bevorzugt bis zu 50 Aminosäuren, ganz besonders bevorzugt bis zu 12, weiterhin bevorzugt bis zu 10, am meisten bevorzugt bis zu 8 Aminosäuren auf. Besonders bevorzugt ist dabei die Peptidbindung durch eine bioisostere Gruppe ersetzt. Ganz besonders bevorzugt weisen Peptidmimetika eine Aminosäuresequenzstruktur auf, in welcher mindestens eine der Peptidbindungen (*NHCO*) des Peptidrückgrats durch eine isostere Gruppe, welche ausgewählt werden, aus der Gruppe bestehend aus *CH₂-CH₂*, *CO-O*, *CHOH-CH₂*, *CH₂-O*, *CH₂-NH*, *CH₂-S*, *CS-NH* und N-modifiziertes *NRCO*- ersetzt ist. Ebenso bevorzugt kann eine Modifizierung des Peptidrückgrats gegebenenfalls zusätzlich auch eine Zyklisierung umfassen. Unter den Begriff Peptidmimetikum fallen gemäß der vorliegenden Erfindung auch „Peptoide“ (N-substituiertes Polyglycin), welche eine Aminosäuresequenzstruktur aufweisen, in der mindestens eine der Peptidbindungen (*NHCO*) des Peptidrückgrats durch eine N-modifizierte *NRCO* Gruppe ersetzt ist und dabei R der Aminosäureseitenkette entspricht, welche in einem entsprechenden Peptid an das α-Kohlenstoffatom gebunden ist. Hierbei ist es bevorzugt, dass die Peptoide eine Aminosäuresequenzstruktur aufweisen, welche einer Aminosäuresequenz von bis zu 100 Aminosäuren entsprechen, bevorzugt bis zu 50 Aminosäuren, ganz besonders bevorzugt bis zu 12, weiterhin bevorzugt bis zu 10, am meisten bevorzugt bis zu 8 Aminosäuren. Ganz besonders bevorzugt weisen Peptoide ausschließlich eine einem Peptid analoge Struktur auf, in welcher alle Peptidbindungen durch N-modifizierte *NRCO* Gruppen ersetzt sind und R jeweils der Aminosäureseitenkette entspricht, welche in einem analogen Peptid an das α-Kohlenstoffatom gebunden ist.

In einer Ausführungsform ist das Peptidmimetikum ein Peptoid.

Der Begriff „Aptamer“, so wie er im Sinne der Erfindung verwendet wird, bezeichnet einzel- oder doppelsträngige DNA- oder RNA-Oligonukleotide, welche insbesondere dadurch gekennzeichnet sind, dass sie über ihre 3D-Struktur spezifisch an ein Molekül binden können. Im vorliegenden Fall können sie spezifisch an die Kontaktdomäne des ETR1 binden. Die Identifizierung von DNA- und RNA-Aptameren kann über SELEX (Systematische Evolution von Liganden durch exponentielle Anreicherung) erfolgen (C. Tuerk, L. Gold, Systematic evolution of ligands by exponential enrichment: RNA ligands to bacteriophage T4 DNA polymerase. Science 249, 505-510; 1990; D. W.

Drolet, R. D. Jenison, D. E. Smith, D. Pratt, B. J. Hicke, A high throughput platform for systematic evolution of ligands by exponential enrichment (SELEX) Comb. Chem. High Throughput Screen. 2, 271-278, ; 1999). Als Zielstruktur kann hier vorzugsweise ein Peptid, welches ausgewählt wird, aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 1, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 2, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 4, einer Permutation einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 4, einem Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 4, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 4 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 4, vorgelegt werden. Dabei sind Verbindungen ausgenommen, bei denen das Peptid aus einer Aminosäuresequenz der SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 101 oder SEQ ID NO: 102, und/oder aus einem Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 98 bis SEQ ID NO: 102, welcher mindestens 6 der in SEQ ID NO: 98 bis SEQ ID NO: 102 genannten Aminosäuren umfasst und/oder aus einem Derivat der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 98 bis 102 besteht.

In einer anderen Ausführungsform ist die Zielstruktur ein Peptid, welches ausgewählt wird aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, einem Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 103 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, wobei, wenn die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103 an einer Position Alanin umfasst, keine der anderen Aminosäuren der SEQ ID NO: 103 Alanin ist. Besonders bevorzugt wird die Zielstruktur ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus einer Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 106, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 108, einem Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 106, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 108, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 103 bis SEQ ID NO: 108 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat einer der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 106, SEQ ID NO: 107 und SEQ ID NO: 108, wobei, wenn eine der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 105,

SEQ ID NO: 106, SEQ ID NO: 107 oder SEQ ID NO: 108 an einer Position Alanin umfasst, keine der anderen Aminosäuren der entsprechenden SEQ ID NO: Alanin ist. Ganz besonders bevorzugt handelt es sich bei der Zielstruktur um eine

Aminosäuresequenz, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der

5 SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 115, SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 121, SEQ ID NO: 122, SEQ ID NO: 123 und SEQ ID NO: 124. Ebenso ist in H. Kawaki, S. Kubota, E. Aoyama, N. Fujita, H. Hanagata, A. Miyauchi, K. Nakai, M. Takigawa, Desgin and
10 utility of CCN2 anchor peptide aptamers, Biochimie 92 (2010) 1010-1015 und in C. J. Brown et al., Rational design and biophysical characterization of thioredoxin-based aptamers: insights into peptide grafting, J. Mol. Biol 295 (2012) 871-883 die Herstellung von Aptameren beschrieben. Auch hier können bevorzugt die oben genannten Peptide als Grundlage für die Aptamerherstellung verwendet werden.

15 Ein „Antikörper und/oder dessen Fragmente“ bezeichnet ein Protein und/oder dessen Teilsequenz aus der Klasse der Globuline. Vorzugsweise ist dieser monoklonale Antikörper und/oder dessen Fragmente gegen die Domäne des EIN2 oder eines orthologen Proteins gerichtet, welche mit der Kontaktdomäne des ETR1 wechselwirkt.

20 Ganz besonders bevorzugt ist der Antikörper und/oder dessen Fragment auf Basis eines Peptids, welches ausgewählt wird, aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 1, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 2, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 4, einer Permutation einer der

Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 4, einem Teil einer der

25 Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 4, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 4 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat einer der

Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 4, hergestellt. Dabei sind

Verbindungen ausgenommen, bei denen der Antikörper und/oder dessen Fragment

30 eine Aminosäuresequenz der SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 101 oder SEQ ID NO: 102, und/oder einen Teil einer der

Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 98 bis SEQ ID NO: 102, welcher mindestens 6

der in SEQ ID NO: 98 bis SEQ ID NO: 102 genannten Aminosäuren umfasst und/oder eine Derivat der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 98 bis 102 umfasst.

In einer anderen Ausführungsform ist der Antikörper und/oder dessen Fragment auf Basis eines Peptids hergestellt, welches ausgewählt wird aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, einem Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, welcher

5 mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 103 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, wobei, wenn die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103 an einer Position Alanin umfasst, keine der anderen Aminosäuren der SEQ ID NO: 103 Alanin ist. Besonders bevorzugt ist der Antikörper und/oder dessen Fragment

10 auf Basis eines Peptids hergestellt, welches ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus einer Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 106, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 108 einem Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 106, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 108, welcher mindestens 4, bevorzugt

15 mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 103 bis SEQ ID NO: 108 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 106 SEQ ID NO: 107 und SEQ ID NO: 108, wobei, wenn eine der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 105, SEQ ID

20 NO: 106, SEQ ID NO: 107 oder SEQ ID NO: 108 an einer Position Alanin umfasst, keine der anderen Aminosäuren der entsprechenden SEQ ID NO: Alanin ist. Ganz besonders bevorzugt ist der Antikörper und/oder dessen Fragment auf Basis einer Aminosäuresequenz hergestellt, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO:

25 111, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 115, SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 121, SEQ ID NO: 122, SEQ ID NO: 123 und SEQ ID NO: 124.

Gemäß der vorliegenden Erfindung sind „kleine Moleküle“ solche chemischen

30 Verbindungen, welche geeignet sind, mit der Kontaktdomäne des ETR1 oder einem homologen oder orthologen Protein davon zu interagieren und eine Molmasse von bevorzugt höchstens 1500 g/mol aufweisen. Bevorzugt weisen kleine Moleküle ähnliche physikochemische Eigenschaften wie das Peptid SEQ ID NO: 4 auf. Ganz besonders bevorzugt weisen kleine Moleküle ähnliche physikochemische

Eigenschaften auf wie ein Peptid, welches ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 115, SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 121, SEQ ID NO: 122, SEQ ID NO: 123 und SEQ ID NO: 124. Besonders bevorzugt weisen die kleinen Moleküle eine positive Partialladung oder Ladung auf. Ganz besonders bevorzugt weisen die kleinen Moleküle eine Nettoladung von +3 bis +7, am bevorzugsten von +4 bis +6 auf. Ebenso bevorzugt weisen kleine Moleküle einen isoelektrischen Punkt bei 25 °C von pH = 10 bis 14, besonders bevorzugt von 11 bis 13 auf. Weiterhin bevorzugt weisen sie eine Hydrophobizität von + 12 bis + 18 Kcal/mol, besonders bevorzugt von +13 bis +17 Kcal/mol auf. Ganz besonders bevorzugt weisen die kleinen Moleküle eine Nettoladung von + 5 auf. Weiterhin ganz besonders bevorzugt weisen die kleinen Moleküle einen isoelektrischen Punkt von pH = 12.2 auf. Ebenso ganz besonders bevorzugt weisen sie eine Hydrophobizität von + 15, 7 Kcal/mol auf.

Dem Fachmann sind Methoden bekannt, um die oben genannten wirksamen Verbindungen zu identifizieren. Vorzugsweise kann er die strukturellen und elektrostatischen Anforderungen auf Basis des folgenden Homologiemodells bestimmen, das über vergleichende Modellierung mit dem Programm MODELLER 9.11 (A. Sali & T.L. Blundell. Comparative protein modelling by satisfaction of spatial restraints. J. Mol. Biol. 234, 779-815, 1993) auf der Basis der Kristallstruktur der RNA-gerichteten RNA polymerase (RCSB Protein Data Bank: 4f5x.pdb) erstellt wurde, die im Sequenzabschnitt 160-167 eine 87.5 prozentige Übereinstimmung mit SEQ ID NO: 4 besitzt (siehe auch Figur 8):

Tabelle 1: Homologiemodell

EXPDTA	T	HEORET	ICAL	MODE						
HELIX	8	8 LY	S	2	ARG	7	1			6
ATOM	1	N	LEU	1	335.645	5.917	372.542	0.20	168.39	N
ATOM	2	H	LEU	1	335.545	5.839	373.574	1.00	168.39	H
ATOM	3	CA	LEU	1	334.308	6.055	371.927	0.20	168.39	C
ATOM	4	HA	LEU	1	334.446	6.100	370.858	1.00	168.39	H
ATOM	5	CB	LEU	1	333.403	4.874	372.313	0.20	168.39	C
ATOM	6	HB3	LEU	1	333.869	3.928	371.961	1.00	168.39	H

ATOM	7	HB2	LEU	1	333.314	4.827	373.421	1.00	168.39	H
ATOM	8	CG	LEU	1	331.998	5.000	371.686	0.20	168.39	C
ATOM	9	HG	LEU	1	331.994	3.888	371.650	1.00	168.39	H
ATOM	10	CD1	LEU	1	331.914	4.904	370.156	0.20	168.39	C
ATOM	11	HD11	LEU	1	332.484	4.020	369.802	1.00	168.39	H
ATOM	12	HD12	LEU	1	332.345	5.816	369.692	1.00	168.39	H
ATOM	13	HD13	LEU	1	330.857	4.801	369.834	1.00	168.39	H
ATOM	14	CD2	LEU	1	330.776	4.753	372.583	0.20	168.39	C
ATOM	15	HD21	LEU	1	331.025	4.040	373.397	1.00	168.39	H
ATOM	16	HD22	LEU	1	330.430	5.708	373.035	1.00	168.39	H
ATOM	17	HD23	LEU	1	329.945	4.327	371.979	1.00	168.39	H
ATOM	18	C	LEU	1	333.646	7.305	372.394	0.20	168.39	C
ATOM	19	O	LEU	1	333.063	8.040	371.603	0.20	168.39	O
ATOM	20	H2	LEU	1	336.112	5.063	372.174	1.00	168.39	H
ATOM	21	H3	LEU	1	336.218	6.752	372.310	1.00	168.39	H
ATOM	22	N	LYS	2	333.734	7.576	373.708	0.20	101.11	N
ATOM	23	H	LYS	2	334.221	6.977	374.340	1.00	101.11	H
ATOM	24	CA	LYS	2	333.097	8.723	374.282	0.20	101.11	C
ATOM	25	HA	LYS	2	332.038	8.658	374.081	1.00	101.11	H
ATOM	26	CB	LYS	2	333.381	8.818	375.791	0.20	101.11	C
ATOM	27	HB3	LYS	2	334.482	8.833	375.934	1.00	101.11	H
ATOM	28	HB2	LYS	2	332.964	9.763	376.200	1.00	101.11	H
ATOM	29	CG	LYS	2	332.806	7.638	376.582	0.20	101.11	C
ATOM	30	HG3	LYS	2	333.070	6.697	376.052	1.00	101.11	H
ATOM	31	HG2	LYS	2	331.698	7.721	376.608	1.00	101.11	H
ATOM	32	CD	LYS	2	333.351	7.533	378.012	0.20	101.11	C
ATOM	33	HD3	LYS	2	334.440	7.321	377.968	1.00	101.11	H
ATOM	34	HD2	LYS	2	332.852	6.679	378.515	1.00	101.11	H
ATOM	35	CE	LYS	2	333.140	8.797	378.851	0.20	101.11	C
ATOM	36	HE3	LYS	2	333.676	9.663	378.404	1.00	101.11	H
ATOM	37	HE2	LYS	2	333.503	8.641	379.890	1.00	101.11	H
ATOM	38	NZ	LYS	2	331.702	9.130	378.918	0.20	101.11	N
ATOM	39	HZ1	LYS	2	331.571	9.998	379.478	1.00	101.11	H
ATOM	40	HZ2	LYS	2	331.344	9.283	377.954	1.00	101.11	H
ATOM	41	HZ3	LYS	2	331.182	8.348	379.363	1.00	101.11	H
ATOM	42	C	LYS	2	333.654	9.957	373.642	0.20	101.11	C
ATOM	43	O	LYS	2	332.907	10.831	373.203	0.20	101.11	O
ATOM	44	N	ARG	3	334.991	10.049	373.552	0.20	999.99	N
ATOM	45	H	ARG	3	335.601	9.332	373.882	1.00	999.99	H
ATOM	46	CA	ARG	3	335.611	11.211	372.987	0.20	999.99	C
ATOM	47	HA	ARG	3	335.199	12.076	373.487	1.00	999.99	H
ATOM	48	CB	ARG	3	337.142	11.195	373.104	0.20	999.99	C
ATOM	49	HB3	ARG	3	337.412	11.048	374.172	1.00	999.99	H
ATOM	50	HB2	ARG	3	337.553	10.346	372.515	1.00	999.99	H
ATOM	51	CG	ARG	3	337.765	12.507	372.636	1.00	999.99	C

ATOM	52	HG3	ARG	3	337.297	13.336	373.210	1.00	999.99	H
ATOM	53	HG2	ARG	3	337.545	12.664	371.560	1.00	999.99	H
ATOM	54	CD	ARG	3	339.276	12.562	372.855	1.00	999.99	C
ATOM	55	HD3	ARG	3	339.523	12.421	373.929	1.00	999.99	H
ATOM	56	HD2	ARG	3	339.807	11.809	372.234	1.00	999.99	H
ATOM	57	NE	ARG	3	339.744	13.917	372.445	1.00	999.99	N
ATOM	58	HE	ARG	3	339.086	14.584	372.096	1.00	999.99	H
ATOM	59	CZ	ARG	3	341.064	14.251	372.562	1.00	999.99	C
ATOM	60	NH1	ARG	3	341.958	13.338	373.038	1.00	999.99	N
ATOM	61	HH11	ARG	3	340.826	16.172	371.871	1.00	999.99	H
ATOM	62	HH12	ARG	3	342.453	15.740	372.280	1.00	999.99	H
ATOM	63	NH2	ARG	3	341.485	15.498	372.204	1.00	999.99	N
ATOM	64	HH21	ARG	3	342.924	13.582	373.129	1.00	999.99	H
ATOM	65	HH22	ARG	3	341.647	12.423	373.297	1.00	999.99	H
ATOM	66	C	ARG	3	335.249	11.250	371.544	0.20	999.99	C
ATOM	67	O	ARG	3	335.080	12.313	370.949	0.20	999.99	O
ATOM	68	N	TYR	4	335.115	10.051	370.954	0.20	102.96	N
ATOM	69	H	TYR	4	335.245	9.201	371.459	1.00	102.96	H
ATOM	70	CA	TYR	4	334.794	9.910	369.568	0.20	102.96	C
ATOM	71	HA	TYR	4	335.560	10.407	368.991	1.00	102.96	H
ATOM	72	CB	TYR	4	334.672	8.428	369.178	0.20	102.96	C
ATOM	73	HB3	TYR	4	335.637	7.897	369.319	1.00	102.96	H
ATOM	74	HB2	TYR	4	333.882	7.929	369.779	1.00	102.96	H
ATOM	75	CG	TYR	4	334.289	8.321	367.747	0.20	102.96	C
ATOM	76	CD1	TYR	4	335.236	8.417	366.755	0.20	102.96	C
ATOM	77	HD1	TYR	4	336.271	8.581	367.015	1.00	102.96	H
ATOM	78	CD2	TYR	4	332.973	8.117	367.401	0.20	102.96	C
ATOM	79	HD2	TYR	4	332.226	8.041	368.177	1.00	102.96	H
ATOM	80	CE1	TYR	4	334.870	8.312	365.435	0.20	102.96	C
ATOM	81	HE1	TYR	4	335.622	8.388	364.664	1.00	102.96	H
ATOM	82	CE2	TYR	4	332.602	8.011	366.082	0.20	102.96	C
ATOM	83	HE2	TYR	4	331.565	7.849	365.827	1.00	102.96	H
ATOM	84	CZ	TYR	4	333.556	8.105	365.096	0.20	102.96	C
ATOM	85	OH	TYR	4	333.194	7.997	363.738	0.20	102.96	O
ATOM	86	HH	TYR	4	334.000	8.027	363.216	1.00	102.96	H
ATOM	87	C	TYR	4	333.472	10.564	369.324	0.20	102.96	C
ATOM	88	O	TYR	4	333.285	11.247	368.320	0.20	102.96	O
ATOM	89	N	LYS	5	332.517	10.365	370.245	0.20	82.96	N
ATOM	90	H	LYS	5	332.678	9.844	371.079	1.00	82.96	H
ATOM	91	CA	LYS	5	331.205	10.923	370.105	0.20	82.96	C
ATOM	92	HA	LYS	5	330.793	10.603	369.159	1.00	82.96	H
ATOM	93	CB	LYS	5	330.286	10.548	371.279	0.20	82.96	C
ATOM	94	HB3	LYS	5	330.838	10.748	372.222	1.00	82.96	H
ATOM	95	HB2	LYS	5	329.390	11.202	371.263	1.00	82.96	H
ATOM	96	CG	LYS	5	329.819	9.092	371.282	0.20	82.96	C

ATOM	97	HG3	LYS	5	330.675	8.420	371.052	1.00	82.96	H
ATOM	98	HG2	LYS	5	329.052	8.965	370.487	1.00	82.96	H
ATOM	99	CD	LYS	5	329.233	8.694	372.639	0.20	82.96	C
ATOM	100	HD3	LYS	5	330.058	8.714	373.384	1.00	82.96	H
ATOM	101	HD2	LYS	5	328.477	9.449	372.948	1.00	82.96	H
ATOM	102	CE	LYS	5	328.581	7.308	372.660	0.20	82.96	C
ATOM	103	HE3	LYS	5	329.287	6.532	372.298	1.00	82.96	H
ATOM	104	HE2	LYS	5	328.247	7.051	373.688	1.00	82.96	H
ATOM	105	NZ	LYS	5	327.386	7.287	371.785	0.20	82.96	N
ATOM	106	HZ1	LYS	5	326.968	6.335	371.789	1.00	82.96	H
ATOM	107	HZ2	LYS	5	327.659	7.539	370.813	1.00	82.96	H
ATOM	108	HZ3	LYS	5	326.686	7.972	372.136	1.00	82.96	H
ATOM	109	C	LYS	5	331.289	12.414	370.118	0.20	82.96	C
ATOM	110	O	LYS	5	330.610	13.075	369.335	0.20	82.96	O
ATOM	111	N	ARG	6	332.130	12.982	371.007	0.20	91.69	N
ATOM	112	H	ARG	6	332.721	12.454	371.610	1.00	91.69	H
ATOM	113	CA	ARG	6	332.121	14.407	371.176	0.20	91.69	C
ATOM	114	HA	ARG	6	331.141	14.696	371.527	1.00	91.69	H
ATOM	115	CB	ARG	6	333.218	14.896	372.136	0.20	91.69	C
ATOM	116	HB3	ARG	6	334.208	14.595	371.729	1.00	91.69	H
ATOM	117	HB2	ARG	6	333.192	16.006	372.180	1.00	91.69	H
ATOM	118	CG	ARG	6	333.105	14.356	373.562	0.20	91.69	C
ATOM	119	HG3	ARG	6	333.991	14.706	374.133	1.00	91.69	H
ATOM	120	HG2	ARG	6	333.124	13.244	373.541	1.00	91.69	H
ATOM	121	CD	ARG	6	331.850	14.823	374.299	0.20	91.69	C
ATOM	122	HD3	ARG	6	331.778	15.932	374.305	1.00	91.69	H
ATOM	123	HD2	ARG	6	330.928	14.386	373.858	1.00	91.69	H
ATOM	124	NE	ARG	6	331.961	14.361	375.713	0.20	91.69	N
ATOM	125	HE	ARG	6	332.323	14.981	376.410	1.00	91.69	H
ATOM	126	CZ	ARG	6	331.581	13.099	376.058	0.20	91.69	C
ATOM	127	NH1	ARG	6	331.093	12.244	375.112	0.20	91.69	N
ATOM	128	HH11	ARG	6	330.830	11.315	375.367	1.00	91.69	H
ATOM	129	HH12	ARG	6	331.004	12.546	374.162	1.00	91.69	H
ATOM	130	NH2	ARG	6	331.699	12.693	377.354	0.20	91.69	N
ATOM	131	HH21	ARG	6	332.065	13.321	378.041	1.00	91.69	H
ATOM	132	HH22	ARG	6	331.420	11.770	377.619	1.00	91.69	H
ATOM	133	C	ARG	6	332.399	15.078	369.872	0.20	91.69	C
ATOM	134	O	ARG	6	331.567	15.827	369.364	0.20	91.69	O
ATOM	135	N	ARG	7	333.574	14.815	369.281	0.20	272.70	N
ATOM	136	H	ARG	7	334.255	14.196	369.666	1.00	272.70	H
ATOM	137	CA	ARG	7	333.886	15.423	368.025	0.20	272.70	C
ATOM	138	HA	ARG	7	334.541	14.573	367.905	1.00	272.70	H
ATOM	139	CB	ARG	7	335.256	16.084	367.760	0.20	272.70	C
ATOM	140	HB3	ARG	7	335.614	16.579	368.688	1.00	272.70	H
ATOM	141	HB2	ARG	7	335.973	15.277	367.497	1.00	272.70	H

ATOM	142	CG	ARG	7	335.265	17.115	366.624	0.20	272.70	C
ATOM	143	HG3	ARG	7	336.329	17.321	366.381	1.00	272.70	H
ATOM	144	HG2	ARG	7	334.776	16.689	365.721	1.00	272.70	H
ATOM	145	CD	ARG	7	334.638	18.470	366.976	0.20	272.70	C
ATOM	146	HD3	ARG	7	335.088	18.887	367.901	1.00	272.70	H
ATOM	147	HD2	ARG	7	334.773	19.190	366.141	1.00	272.70	H
ATOM	148	NE	ARG	7	333.174	18.322	367.209	0.20	272.70	N
ATOM	149	HE	ARG	7	332.713	17.460	367.003	1.00	272.70	H
ATOM	150	CZ	ARG	7	332.468	19.392	367.683	0.20	272.70	C
ATOM	151	NH1	ARG	7	333.108	20.558	367.986	0.20	272.70	N
ATOM	152	HH11	ARG	7	332.587	21.341	368.328	1.00	272.70	H
ATOM	153	HH12	ARG	7	334.098	20.631	367.872	1.00	272.70	H
ATOM	154	NH2	ARG	7	331.117	19.299	367.854	0.20	272.70	N
ATOM	155	HH21	ARG	7	330.602	20.087	368.192	1.00	272.70	H
ATOM	156	HH22	ARG	7	330.642	18.450	367.628	1.00	272.70	H
ATOM	157	C	ARG	7	333.109	14.928	366.860	0.20	272.70	C
ATOM	158	O	ARG	7	332.702	15.685	365.979	0.20	272.70	O
ATOM	159	N	LEU	8	332.877	13.605	366.858	0.20	101.17	N
ATOM	160	H	LEU	8	333.188	13.024	367.604	1.00	101.17	H
ATOM	161	CA	LEU	8	332.225	12.944	365.772	0.20	101.17	C
ATOM	162	HA	LEU	8	332.296	11.881	365.950	1.00	101.17	H
ATOM	163	CB	LEU	8	330.759	13.354	365.549	0.20	101.17	C
ATOM	164	HB3	LEU	8	330.169	13.168	366.475	1.00	101.17	H
ATOM	165	HB2	LEU	8	330.716	14.440	365.320	1.00	101.17	H
ATOM	166	CG	LEU	8	330.141	12.560	364.384	0.20	101.17	C
ATOM	167	HG	LEU	8	330.778	12.715	363.488	1.00	101.17	H
ATOM	168	CD1	LEU	8	330.138	11.062	364.716	0.20	101.17	C
ATOM	169	HD11	LEU	8	329.503	10.864	365.606	1.00	101.17	H
ATOM	170	HD12	LEU	8	331.170	10.714	364.935	1.00	101.17	H
ATOM	171	HD13	LEU	8	329.742	10.475	363.860	1.00	101.17	H
ATOM	172	CD2	LEU	8	328.728	13.061	364.047	0.20	101.17	C
ATOM	173	HD21	LEU	8	328.049	12.930	364.915	1.00	101.17	H
ATOM	174	HD22	LEU	8	328.321	12.488	363.188	1.00	101.17	H
ATOM	175	HD23	LEU	8	328.752	14.137	363.775	1.00	101.17	H
ATOM	176	C	LEU	8	333.014	13.303	364.520	0.20	101.17	C
ATOM	177	O	LEU	8	332.412	13.866	363.567	0.20	101.17	O
ATOM	178	OXT	LEU	8	334.242	13.022	364.505	1.00	101.17	O
END										

Eine Interaktion kann vorzugsweise so erfolgen, dass die die Interaktion hemmende Verbindung mit dem ETR1 oder seiner Isoformen ERS1, ETR2, ERS2, EIN4 oder einem homologen oder orthologen Protein davon wechselwirkt. Besonders bevorzugt bindet die die Interaktion hemmende Verbindung an ETR1 oder eine seiner Isoformen

ERS1, ETR2, ERS2, EIN4 oder an ein homologes oder orthologes Protein davon.

Dadurch wird insbesondere die Interaktion mit der nachgerichteten Signalkomponente EIN2 oder einem orthologen Protein davon verhindert. Methoden zur Bestimmung, ob

eine Verbindung mit ETR1 oder seiner Isoformen ERS1, ETR2, ERS2, EIN4 oder

5 einem homologen oder einem orthologen Protein davon interagiert, vorzugsweise bindet, sind dem Fachmann bekannt. Insbesondere ist dazu die isotherme

Titrationsskalorimetrie geeignet, wie sie beispielsweise in J. B. Chaires, *Calorimetry and thermodynamics in drug design*, *Ann. Rev. Biophys.*, 37, 125-151 (2008) beschrieben

ist. Weiterhin bevorzugte Methoden sind in M. A. Cooper, *Label-free screening of*

10 *biomolecular interactions*, *Anal. Bioanal. Chem.*, 337, 834-842 (2003) und oder M.

Jerabek-Willemsen et al, *Molecular interaction studies using microscale*

thermosphoresis, *ASSAY and drug Development Technologies*, 9 (2011) 342-353 zu

finden. Eine weitere bevorzugte Methode stellt die Thermophorese dar.

15 In einer weiteren bevorzugten Ausführungsform weist die die Interaktion hemmende Verbindung eine Wasserlöslichkeit bei pH = 7 und 20 °C von mindestens 1 g/L,

besonders bevorzugt mindestens 10 g/L, ganz besonders bevorzugt mindestens 50 g/L auf. In den bekannten Verfahren des Standes der Technik der kompetitiven

Hemmung der Rezeptoren durch Ethylenantagonisten, die an die

20 Ethylenbindungsstelle in der Membrandomäne der Rezeptoren binden, müssen die verwendeten Antagonisten hydrophobe Eigenschaften aufweisen. Dadurch sind die bekannten Ethylenantagonisten meist schlecht in Wasser löslich, was insbesondere

die Formulierung von Lösungen zur Behandlung von Pflanzen und/oder deren Früchten erschwert (Beispiel: Wasserlöslichkeit von 1-MCP: 137mg/L bei pH = 7 und

25 20 °C). Es hat sich überraschenderweise herausgestellt, dass beim

erfindungsgemäßen Verfahren die Verwendung von Verbindungen mit einer

Wasserlöslichkeit von mindestens 1 g/L vorteilhaft ist. Dadurch ist insbesondere die Formulierung der Behandlungslösung wesentlich erleichtert, da auch Formulierung auf

Wasser-Basis realisiert werden können.

30 In einer besonders bevorzugten Ausführungsform wird die die Interaktion hemmende Verbindung ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus einem Peptid, einem

Peptidmimetikum, einem Antikörper und/oder seinen Fragmenten und Mischungen

dieser Verbindungen. Ganz besonders bevorzugt wird die die Interaktion hemmende

Verbindung ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus einem Peptid, einem Peptidmimetikum und Mischungen dieser Verbindungen.

Dabei ist es weiterhin bevorzugt, dass das Peptid, der Antikörper und/oder seine
5 Fragmente eine isolierte Teilsequenz des Proteins EIN2 oder eines orthologen Proteins davon oder eine Permutation dieser Teilsequenz umfasst oder dass das Peptidmimetikum eine am Peptidrückgrat modifizierte, isolierte Teilsequenz des Proteins EIN2 oder eines orthologen Proteins davon oder eine Permutation dieser Teilsequenz oder eine Permutation davon umfasst.

10 Dabei bedeutet der Begriff „isoliert“ im Sinne dieser Erfindung insbesondere, dass die Teilsequenz des EIN2 oder des orthologen Proteins davon zwar natürlich in diesem Protein vorkommt, jedoch in einer aus dieser natürlichen Umgebung veränderten Form bereitgestellt wird. Dies bedeutet insbesondere, dass die Teilsequenz im Wesentlichen
15 frei von anderen Substanzen ist, welche sie natürlicherweise umgeben. Dabei ist die Teilsequenz insbesondere frei von anderen Proteinen. Besonders bevorzugt wird die gegebenenfalls am Peptidrückgrat modifizierte isolierte Teilsequenz oder Permutation davon in einer hoch reinen Form von höher als 95 % Reinheit, besonders bevorzugt höher als 99 % Reinheit bereitgestellt.

20 Unter einer „Permutation“ der Aminosäuresequenz im Sinne der Erfindung wird eine Permutation verstanden, welche nur bis zu dem Grad ausgeprägt ist, dass die resultierende Aminosäuresequenz die gleiche biologische Aktivität aufweist wie die Ursprungssequenz. Als Ursprungssequenz wird im vorliegenden Fall die betrachtete
25 Teilsequenz des EIN2 oder eines orthologen Proteins davon, beziehungsweise auf die später Bezug genommenen Sequenzen SEQ ID NO: 1 bis 4 angenommen. Bevorzugt wird als Ursprungssequenz eine der Sequenzen der SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 115, SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 118, SEQ ID
30 NO: 119, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 121, SEQ ID NO: 122, SEQ ID NO: 123 oder SEQ ID NO: 124 angenommen. Bevorzugt bedeutet eine Permutation einer Sequenz, dass die Hälfte, besonders bevorzugt 2/3, ganz besonders bevorzugt 3/4 und am bevorzugsten 90 % der Aminosäuren gegenüber der Ursprungssequenz nicht vertauscht sind.

In einer besonders bevorzugten Ausführungsform umfasst das Peptid, der Antikörper und/oder seine Fragmente eine isolierte Teilsequenz oder eine Permutation davon, welche der Domäne des EIN2 entspricht, welche mit dem Rezeptorprotein ETR1 interagiert oder dass das Peptidmimetikum eine am Peptidrückgrat modifizierte, isolierte Teilsequenz oder eine Permutation davon umfasst, welche der Domäne des EIN2 entspricht, welche mit dem Rezeptorprotein ETR1 interagiert.

Weiterhin bevorzugt umfasst das Peptid, der Antikörper und/oder seine Fragmente mindestens eine Aminosäuresequenz, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 1, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 2, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, einer Permutation einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, einem Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3 oder dass das Peptidmimetikum mindestens eine am Peptidrückgrat modifizierte Aminosäuresequenz umfasst, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 1, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 2, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, einer Permutation einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, einem Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3. Dabei sind Verbindungen ausgenommen, bei denen das Peptid oder der Antikörper und/oder dessen Fragment eine Aminosäuresequenz der SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 101 oder SEQ ID NO: 102, und/oder einen Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 98 bis SEQ ID NO: 102, welcher mindestens 6 der in SEQ ID NO: 98 bis SEQ ID NO: 102 genannten Aminosäuren umfasst und/oder eine Derivat der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 98 bis 102 umfasst. Ebenso sind Verbindungen ausgenommen, bei denen das Peptidmimetikum aus einer am Peptidrückgrat modifizierten Aminosäuresequenz besteht, welche ausgewählt wird aus

der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 101 und SEQ ID NO: 102. Besonders bevorzugt sind auch Verbindungen ausgenommen, bei denen das Peptidmimetikum aus einer am Peptidrückgrat modifizierten Aminosäuresequenz besteht, welche ausgewählt wird aus einem Teil

5 einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 98 bis SEQ ID NO: 102, welcher mindestens 6 der in SEQ ID NO: 98 bis SEQ ID NO: 102 genannten Aminosäuren umfasst. Besonders bevorzugt sind auch Verbindungen ausgenommen, bei denen das Peptidmimetikum aus einer am Peptidrückgrat modifizierten Aminosäuresequenz besteht, welche ausgewählt wird aus einem Derivat der Aminosäuresequenzen SEQ

10 ID NO: 98 bis 102 besteht.

Ebenso bevorzugt umfasst das Peptid, der Antikörper und/oder seine Fragmente mindestens eine Aminosäuresequenz, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, einem Teil der

15 Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 103 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, wobei, wenn die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103 an einer Position Alanin umfasst, keine der anderen Aminosäuren der SEQ ID NO: 103 Alanin ist.

20

Des Weiteren bevorzugt umfasst das Peptid, der Antikörper und/oder seine Fragmente mindestens eine Aminosäuresequenz, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, einem Teil der

Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5,

25 besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 103 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, unter der Voraussetzung, wobei, wenn die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103 an einer Position Alanin umfasst, keine der anderen Aminosäuren der SEQ ID NO: 103 Alanin ist und unter der Voraussetzung, dass, wenn die in der SEQ ID NO: 103 mit Nr. 6 und

30 Nr. 7 gekennzeichneten Positionen vorhanden sind, diese entweder beide Arginin oder beide Histidin sind.

Im Sinne der vorliegenden Erfindung bedeutet die „Position“ einer Aminosäure, die Stelle, welche sich beim Lesen der Sequenz von links nach rechts unter Abzählung

der Aminosäuren ergibt. So umfasst beispielsweise ein Oktapeptid von links nach rechts die Positionen 1 bis 8. Wenn im Sinne der vorliegenden Erfindung von Alanin an einer Position gesprochen wird, so bedeutet dies, dass in der angegebenen SEQ ID gemäß ihrer Definition mindestens eine Aminosäure Alanin sein kann. Enthält die

5 Sequenz aber an einer Stelle Alanin, so enthält sie an keiner anderen der gemäß der SEQ ID möglichen Stellen als Aminosäure Alanin. Dies bedeutet, dass von den definierten Auswahlmöglichkeiten die Aminosäure Alanin bevorzugt nur einmal ausgewählt werden kann.

- 10 Ebenso bevorzugt umfasst das Peptid, der Antikörper und/oder seine Fragmente mindestens eine Aminosäuresequenz, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 104, einem Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 104, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 104 genannten Aminosäuren
- 15 umfasst, und einem Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 104, wobei, wenn die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 104 an einer Position Alanin umfasst, keine der anderen Aminosäuren der SEQ ID NO: 104 Alanin ist.

Des Weiteren bevorzugt umfasst das Peptid, der Antikörper und/oder seine Fragmente

20 mindestens eine Aminosäuresequenz, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 104, einem Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 104, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 104 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 104, unter der

25 Voraussetzung, wobei, wenn die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 104 an einer Position Alanin umfasst, keine der anderen Aminosäuren der SEQ ID NO: 104 Alanin ist und unter der Voraussetzung, dass, wenn die in der SEQ ID NO: 104 mit Nr. 6 und Nr. 7 gekennzeichneten Positionen vorhanden sind, diese entweder beide Arginin oder beide Histidin sind.

30

Ebenso bevorzugt umfasst das Peptid, der Antikörper und/oder seine Fragmente mindestens eine Aminosäuresequenz, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 105, einem Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 105, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5,

besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 105 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 105, wobei, wenn die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 105 an einer Position Alanin umfasst, keine der anderen Aminosäuren der SEQ ID NO: 105 Alanin ist.

5

Ebenso bevorzugt umfasst das Peptid, der Antikörper und/oder seine Fragmente mindestens eine Aminosäuresequenz, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 106, einem Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 106, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 106 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 106, wobei, wenn die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 106 an einer Position Alanin umfasst, keine der anderen Aminosäuren der SEQ ID NO: 106 Alanin ist.

10

Ebenso bevorzugt umfasst das Peptid, der Antikörper und/oder seine Fragmente mindestens eine Aminosäuresequenz, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 107, einem Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 107, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 107 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 1067, wobei, wenn die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 107 an einer Position Alanin umfasst, keine der anderen Aminosäuren der SEQ ID NO: 107 Alanin ist.

20

Ebenso bevorzugt umfasst das Peptid, der Antikörper und/oder seine Fragmente mindestens eine Aminosäuresequenz, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 108, einem Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 108, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 108 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 108, wobei, wenn die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 108 an einer Position Alanin umfasst, keine der anderen Aminosäuren der SEQ ID NO: 108 Alanin ist.

25

30

Am bevorzugsten umfasst das Peptid, der Antikörper und/oder seine Fragmente mindestens eine Aminosäuresequenz, welche ausgewählt wird aus der Gruppe,

bestehend aus SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 115, SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 121, SEQ ID NO: 122, SEQ ID NO: 123 und SEQ ID NO: 124, einer Permutation einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 115, SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 121, SEQ ID NO: 122, SEQ ID NO: 123 und SEQ ID NO: 124, einem Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 115, SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 121, SEQ ID NO: 122, SEQ ID NO: 123 und SEQ ID NO: 124, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 109 bis SEQ ID NO: 124 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 115, SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 121, SEQ ID NO: 122, SEQ ID NO: 123 und SEQ ID NO: 124.

20

Ebenso bevorzugt wird das Aptamer auf Basis der Zielstruktur eines Peptids hergestellt, wobei das Peptid ausgewählt wird, aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 1, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 2, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, einer Permutation einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, einem Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3. Dabei sind Verbindungen ausgenommen, bei denen ein Aptamer auf Basis der Zielstruktur eines Peptids hergestellt wird, wobei das Peptid ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 101 und SEQ ID NO: 102. Bevorzugt sind auch Verbindungen ausgenommen, bei denen ein Aptamer auf Basis der Zielstruktur eines Peptids hergestellt wird, wobei das Peptid aus einem Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 98 bis SEQ ID NO: 102, welcher

mindestens 6 der in SEQ ID NO: 98 bis SEQ ID NO: 102 genannten Aminosäuren umfasst, besteht. Bevorzugt sind auch Verbindungen ausgenommen, bei denen ein Aptamer auf Basis der Zielstruktur eines Peptids hergestellt wird, wobei das Peptid aus einem Derivat der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 98 bis 102 besteht.

5

Ebenso bevorzugt wird das Aptamer auf Basis der Zielstruktur eines Peptids hergestellt, wobei das Peptid ausgewählt wird, aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, einem Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt

10 mindestens 6 der in SEQ ID NO: 103 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, wobei, wenn die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103 an einer Position Alanin umfasst, keine der anderen Aminosäuren der SEQ ID NO: 103 Alanin ist.

15

Ebenso bevorzugt wird das Aptamer auf Basis der Zielstruktur eines Peptids hergestellt, wobei das Peptid ausgewählt wird, aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, einem Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt

20 mindestens 6 der in SEQ ID NO: 103 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, unter der Voraussetzung, wobei, wenn die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103 an einer Position Alanin umfasst, keine der anderen Aminosäuren der SEQ ID NO: 103 Alanin ist und unter der Voraussetzung, dass, wenn die in der SEQ ID NO: 103 mit Nr. 6 und Nr. 7 gekennzeichneten Positionen vorhanden sind, diese entweder beide Arginin oder

25 beide Histidin sind.

Ebenso bevorzugt wird das Aptamer auf Basis der Zielstruktur eines Peptids hergestellt, wobei das Peptid ausgewählt wird, aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 104, einem Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID

30 NO: 104, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 104 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 104, wobei, wenn die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 104 an einer Position Alanin umfasst, keine der anderen Aminosäuren der SEQ ID NO: 104 Alanin ist.

Ebenso bevorzugt wird das Aptamer auf Basis der Zielstruktur eines Peptids hergestellt, wobei das Peptid ausgewählt wird, aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 104, einem Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 104, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 104 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 104, unter der Voraussetzung, wobei, wenn die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 104 an einer Position Alanin umfasst, keine der anderen Aminosäuren der SEQ ID NO: 104 Alanin ist und unter der Voraussetzung, dass, wenn die in der SEQ ID NO: 104 mit Nr. 6 und Nr. 7 gekennzeichneten Positionen vorhanden sind, diese entweder beide Arginin oder beide Histidin sind.

Ebenso bevorzugt wird das Aptamer auf Basis der Zielstruktur eines Peptids hergestellt, wobei das Peptid ausgewählt wird, aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 105, einem Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 105, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 105 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 105, wobei, wenn die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 105 an einer Position Alanin umfasst, keine der anderen Aminosäuren der SEQ ID NO: 105 Alanin ist.

Ebenso bevorzugt wird das Aptamer auf Basis der Zielstruktur eines Peptids hergestellt, wobei das Peptid ausgewählt wird, aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 106, einem Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 106, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 106 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 106, wobei, wenn die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 106 an einer Position Alanin umfasst, keine der anderen Aminosäuren der SEQ ID NO: 106 Alanin ist.

Ebenso bevorzugt wird das Aptamer auf Basis der Zielstruktur eines Peptids hergestellt, wobei das Peptid ausgewählt wird, aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 107, einem Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID

NO: 107, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 107 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 107, wobei, wenn die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 107 an einer Position Alanin umfasst, keine der anderen Aminosäuren der SEQ ID NO: 107 Alanin ist.

Ebenso bevorzugt wird das Aptamer auf Basis der Zielstruktur eines Peptids hergestellt, wobei das Peptid ausgewählt wird, aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 108, einem Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 108, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 108 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 108, wobei, wenn die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 108 an einer Position Alanin umfasst, keine der anderen Aminosäuren der SEQ ID NO: 108 Alanin ist.

15

Am bevorzugsten wird das Aptamer auf Basis der Zielstruktur eines Peptids hergestellt, wobei das Peptid ausgewählt wird, aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 115, SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 121, SEQ ID NO: 122, SEQ ID NO: 123 und SEQ ID NO: 124, einer Permutation einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 115, SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 121, SEQ ID NO: 122, SEQ ID NO: 123 und SEQ ID NO: 124, einem Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 115, SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 121, SEQ ID NO: 122, SEQ ID NO: 123 und SEQ ID NO: 124, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 109 bis SEQ ID NO: 124 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 4, 1 SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 115, SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 118,

SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 121, SEQ ID NO: 122, SEQ ID NO: 123 und SEQ ID NO: 124.

Ganz besonders bevorzugt wird das Aptamer auf Basis der Zielstruktur eines Peptids hergestellt, wobei das Peptid ausgewählt wird, aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NO: 4, einer Permutation der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 4, einem Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 4, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 4 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 4.

Dabei ist es insbesondere bevorzugt, dass das Peptid, der Antikörper und/oder seine Fragmente zusätzlich zu der mindestens einen genannten Aminosäuresequenz mindestens 4 weitere, bevorzugt mindestens 3 weitere, ganz besonders bevorzugt mindestens 2 weitere natürliche Aminosäuren umfasst. Bevorzugt bedeutet der Begriff „umfassen“, dass die Sequenz aus 4 weiteren Aminosäuren, bevorzugt mindestens 3 weiteren, ganz besonders bevorzugt mindestens 2 weiteren, am bevorzugsten 2 weiteren natürlichen Aminosäuren zu denen in der entsprechenden Aminosäuresequenz angegeben.

Als Derivat einer Aminosäuresequenz wird vorzugsweise eine Verbindung angesehen, welche an mindestens einem Terminus, also ihrem C- und/oder N-Terminus der Sequenz eine organische Gruppe, welche verschieden von einer Aminosäure ist, aufweist. Diese organische Gruppe kann vorzugsweise RY- sein, wobei R ein hydrophober Rest ist und Y ein Spacer, der an den C- und/oder N-Terminus gebunden ist. Dabei ist es besonders bevorzugt, dass das resultierende Derivat der Aminosäuresequenz eine Löslichkeit von mindestens 1 g/L bei 20 °C und pH = 7 aufweist. Y ist vorzugsweise ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus -O-, -C(=O)- oder -C(=O)-NH-. R ist vorzugsweise ein aliphatischer oder aromatischer, linearer, verzweigter oder zyklischer Kohlenwasserstoffrest, der gegebenenfalls Alkenyl- oder Alkynylgruppen aufweisen kann. Besonders bevorzugt umfasst der Kohlenwasserstoffrest 2 bis 12 Kohlenstoffatome. Dabei ist die Gruppe RY- je nachdem, wo sie vorhanden ist, am C-Terminus gleich oder verschieden zu der Gruppe R-Y am N-Terminus sein.

In einer Ausführungsform stellt das Peptidmimetikum insbesondere ein Peptoid oder D-Peptid dar, welche eine ähnliche biologische Aktivität wie eine Aminosäuresequenz aufweisen, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 1, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 2, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, einer Permutation einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, einem Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3. Dabei sind Verbindungen ausgenommen, bei denen das Peptidmimetikum aus einer am Peptidrückgrat modifizierten Aminosäuresequenz besteht, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 101 und SEQ ID NO: 102. Bevorzugt sind auch Verbindungen ausgenommen, bei denen das Peptidmimetikum aus einer am Peptidrückgrat modifizierten Aminosäuresequenz besteht, welche ausgewählt wird aus einem Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 98 bis SEQ ID NO: 102, welcher mindestens 6 der in SEQ ID NO: 98 bis SEQ ID NO: 102 genannten Aminosäuren umfasst. Bevorzugt sind auch Verbindungen ausgenommen, bei denen das Peptidmimetikum aus einer am Peptidrückgrat modifizierten Aminosäuresequenz besteht, welche ausgewählt wird aus einem Derivat der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 98 bis 102.

In einer anderen Ausführungsform stellt das Peptidmimetikum insbesondere ein Peptoid oder D-Peptid dar, welche eine ähnliche biologische Aktivität wie eine Aminosäuresequenz aufweisen, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, einem Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 103 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, wobei, wenn die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103 an einer Position Alanin umfasst, keine der anderen Aminosäuren der SEQ ID NO: 103 Alanin ist.

Bevorzugt stellt das Peptidmimetikum insbesondere ein Peptoid oder D-Peptid dar, welche eine ähnliche biologische Aktivität wie eine Aminosäuresequenz aufweisen,

welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, einem Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 103 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, unter der Voraussetzung, wobei, wenn die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103 an einer Position Alanin umfasst, keine der anderen Aminosäuren der SEQ ID NO: 103 Alanin ist und unter der Voraussetzung, dass, wenn die in der SEQ ID NO: 103 mit Nr. 6 und Nr. 7 gekennzeichneten Positionen vorhanden sind, diese entweder beide Arginin oder beide Histidin sind.

10

Ebenso bevorzugt stellt das Peptidmimetikum insbesondere ein Peptoid oder D-Peptid dar, welche eine ähnliche biologische Aktivität wie eine Aminosäuresequenz aufweisen, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 104, einem Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 104, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 104 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 101, wobei, wenn die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 101 an einer Position Alanin umfasst, keine der anderen Aminosäuren der SEQ ID NO: 101 Alanin ist.

15

Ebenso bevorzugt stellt das Peptidmimetikum insbesondere ein Peptoid oder D-Peptid dar, welche eine ähnliche biologische Aktivität wie eine Aminosäuresequenz aufweisen, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 104, einem Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 104, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 104 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 104, unter der Voraussetzung, wobei, wenn die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 104 an einer Position Alanin umfasst, keine der anderen Aminosäuren der SEQ ID NO: 104 Alanin ist und unter der Voraussetzung, dass, wenn die in der SEQ ID NO: 104 mit Nr. 6 und Nr. 7 gekennzeichneten Positionen vorhanden sind, diese entweder beide Arginin oder beide Histidin sind.

20

25

30

Ebenso bevorzugt stellt das Peptidmimetikum insbesondere ein Peptoid oder D-Peptid dar, welche eine ähnliche biologische Aktivität wie eine Aminosäuresequenz aufweisen, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 105, einem Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 105, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 105 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 105, wobei, wenn die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 105 an einer Position Alanin umfasst, keine der anderen Aminosäuren der SEQ ID NO: 105 Alanin ist.

10

Ebenso bevorzugt stellt das Peptidmimetikum insbesondere ein Peptoid oder D-Peptid dar, welche eine ähnliche biologische Aktivität wie eine Aminosäuresequenz aufweisen, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 106, einem Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 106, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 106 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 106, wobei, wenn die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 106 an einer Position Alanin umfasst, keine der anderen Aminosäuren der SEQ ID NO: 106 Alanin ist.

15

20

Ebenso bevorzugt stellt das Peptidmimetikum insbesondere ein Peptoid oder D-Peptid dar, welche eine ähnliche biologische Aktivität wie eine Aminosäuresequenz aufweisen, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 107, einem Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 107, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 107 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 107, wobei, wenn die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 107 an einer Position Alanin umfasst, keine der anderen Aminosäuren der SEQ ID NO: 107 Alanin ist.

25

30

Ebenso bevorzugt stellt das Peptidmimetikum insbesondere ein Peptoid oder D-Peptid dar, welche eine ähnliche biologische Aktivität wie eine Aminosäuresequenz aufweisen, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 108, einem Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID

NO: 108, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 108 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 108, wobei, wenn die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 108 an einer Position Alanin umfasst, keine der anderen Aminosäuren der SEQ ID NO: 108 Alanin ist.

Am bevorzugsten stellt das Peptidmimetikum insbesondere ein Peptoid oder D-Peptid dar, welche eine ähnliche biologische Aktivität wie eine Aminosäuresequenz aufweisen, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 115, SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 121, SEQ ID NO: 122, SEQ ID NO: 123 und SEQ ID NO: 124, einer Permutation einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 115, SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 121, SEQ ID NO: 122, SEQ ID NO: 123 und SEQ ID NO: 124, einem Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 115, SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 121, SEQ ID NO: 122, SEQ ID NO: 123 und SEQ ID NO: 124, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 109 bis SEQ ID NO: 124 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 115, SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 121, SEQ ID NO: 122, SEQ ID NO: 123 und SEQ ID NO: 124.

Die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 1 kann ebenso dargestellt werden als Sequenz

xx[PLVIF][KR][RKW]x[RK][RK][RK][PL]xx

In diesem Fall steht jedes x für eine beliebige natürliche Aminosäure. Zusätzlich zu den proteinogenen Aminosäuren umfasst x vorzugsweise auch natürliche, nicht-

proteinogene in Pflanzen vorkommende Aminosäuren. Bevorzugt kann jedes x unabhängig voneinander ausgewählt werden, aus der Gruppe bestehend aus Alanin, Arginin, Asparagin, Asparaginsäure, Cystein, Glutamin, Glutaminsäure, Glycin, Histidin, Isoleucin, Leucin, Lysin, Methionin, Phenylalanin, Prolin, Serin, Threonin,

5 Tryptophan, Tyrosin, Valin, Citrullin, Ornithin, ϵ -Acetyl-lysin, 3-Aminopropionsäure (β -Alanin), Aminobenzoessäure, 6-Aminocapronsäure, Aminobuttersäure, Hydroxyprolin, Mercaptopropionsäure, 3-Nitro-tyrosin, Norleucin und Pyroglutaminsäure. Die eckigen Klammern der genannten Sequenz bedeuten, dass die tatsächliche Aminosäure ausgewählt werden kann aus den in der eckigen Klammer genannten Aminosäuren.

- 10 Damit sind die in einer eckigen Klammer genannten Aminosäuren als mit einem „oder“ verknüpft zu verstehen. Die genannten Aminosäuren entsprechen dem Einbuchstabencode für Aminosäuren, in dem P für Prolin, L für Leucin, V für Valin, I für Isoleucin, F für Phenylalanin, K für Lysin, R für Arginin und W für Tryptophan steht. Dabei umfasst die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 1 keine Aminosäuresequenz,
- 15 welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 101 und SEQ ID NO: 102.

Demgemäß kann die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 2 auch dargestellt werden als

20 $x[PLVIF][KR][RKW]x[RK][RK][RK][PL]x$

und die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3 auch als

25 $[PLVIF][KR][RKW]x[RK][RK][RK][PL]$

Dabei umfassen die Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 2 und/oder 3 keine Aminosäuresequenz, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 101 und SEQ ID NO: 102.

- 30 Besonders bevorzugt umfasst das Peptid, der Antikörper und/oder seine Fragmente mindestens eine Aminosäuresequenz, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, einer Permutation der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, einem Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6

- der in SEQ ID NO: 3 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 3 oder dass das Peptidmimetikum mindestens eine am Peptidrückgrat modifizierte Aminosäuresequenz umfasst, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, einer
- 5 Permutation der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, einem Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 3 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 3. Dabei umfasst die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3 keine Aminosäuresequenz, welche ausgewählt
- 10 wird aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 101 und SEQ ID NO: 102. Bevorzugt umfasst die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3 auch keinen Teil einer Aminosäuresequenz, welcher mindestens 6 der in SEQ ID NO: 98 bis 102 genannten Aminosäuren umfasst. Weiterhin bevorzugt umfasst das Peptid, der Antikörper und/oder seine Fragmente
- 15 auch kein Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 98 bis 102. Ebenso bevorzugt wird das Aptamer auf Basis der Zielstruktur eines Peptids hergestellt, wobei das Peptid ausgewählt wird, aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, einer Permutation einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 3, einem Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 3, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt
- 20 mindestens 6 der in SEQ ID NO: 3 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 3. Dabei umfasst die Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 3 keine Aminosäuresequenz, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 101 und SEQ ID NO: 102. Dabei ist es bevorzugt, dass die
- 25 Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103 auch keinen Teil einer Aminosäuresequenz umfasst, welcher mindestens 6 der in SEQ ID NO: 98 bis 102 genannten Aminosäuren umfasst. Weiterhin bevorzugt umfasst die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3 auch kein Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 98 bis 102.
- 30 Ganz besonders bevorzugt besteht das Peptid aus einer Aminosäuresequenz, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, einer Permutation der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, einem Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 3 genannten Aminosäuren

- umfasst, und einem Derivat der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 3 oder dass das Peptidmimetikum aus einer am Peptidrückgrat modifizierten Aminosäuresequenz besteht, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, einer Permutation der Aminosäuresequenz
- 5 SEQ ID NO: 3, einem Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 3 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 3. Dabei umfasst die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3 keine Aminosäuresequenz, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend
- 10 aus SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 101 und SEQ ID NO: 102 und/oder auch keinen Teil einer Aminosäuresequenz, welcher mindestens 6 der in SEQ ID NO: 98 bis 102 genannten Aminosäuren umfasst und/oder kein Derivat der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 98 bis 102.
- 15 In einer ganz besonders bevorzugten Ausführungsform weist die die Interaktion hemmende Verbindung die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 4, einem Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 4, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 4 genannten Aminosäuren umfasst auf. Analog zu den Ausführungen oben kann die Aminosäuresequenz SEQ
- 20 ID NO: 4 auch dargestellt werden durch die Sequenz

LKRYKRRL.

- Ebenso können die Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 103 bis 124 wie folgt
- 25 dargestellt werden:

[LA] [KHRA] [RVHA] [KYA] [NKLFHA] [RHA] [RHA] [LA]	SEQ ID NO: 103
[LA] [KA] [RVHA] [KYA] [NKLFHA] [RHA] [RHA] [LA]	SEQ ID NO: 104
[LA] [KA] [RVHA] [KYA] [NKLFHA] [RA] [RA] [LA]	SEQ ID NO: 105
[LA] [KA] [RVA] [KYA] [NKLFHA] [RA] [RA] [LA]	SEQ ID NO: 106
30 [LA] [KA] [RA] [KA] [NKLFHA] [RA] [RA] [LA]	SEQ ID NO: 107
[LA] [KA] [RA] [KA] [NKA] [RA] [RA] [LA]	SEQ ID NO: 108
LKRKNRRL	SEQ ID NO: 109
LKRKKRRL	SEQ ID NO: 110
LKVYKRRL	SEQ ID NO: 111

- | | | |
|----|-----------|-----------------|
| | LKRKLRRRL | SEQ ID NO: 112 |
| | LKRKFRRL | SEQ ID NO: 113 |
| | LHRYHRRL | SEQ ID NO: 114 |
| | LRHYKHHL | SEQ ID NO: 1145 |
| 5 | KRYKRR | SEQ ID NO: 116 |
| | AKRYKRRL | SEQ ID NO: 127 |
| | LARYKRRL | SEQ ID NO: 128 |
| | LKAYKRRL | SEQ ID NO: 129 |
| | LKRAKRRL | SEQ ID NO: 120 |
| 10 | LKRYARRL | SEQ ID NO: 121 |
| | LKRYKARL | SEQ ID NO: 122 |
| | LKRYKRAL | SEQ ID NO: 123 |
| | LKRYKRRRA | SEQ ID NO: 124 |
- 15 In einem weiteren Aspekt der vorliegenden Erfindung wird eine Verbindung bereitgestellt, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus einem Peptid, einem Peptidmimetikum und einem Aptamer, dadurch gekennzeichnet, dass das Peptid aus einer Aminosäuresequenz besteht, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 1, der
- 20 Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 2, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, einer Permutation einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, einem Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat
- 25 einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, dass das Peptidmimetikum aus einer am Peptidrückgrat modifizierte Aminosäuresequenz besteht, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 1, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 2, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, einer Permutation einer der
- 30 Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, einem Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3 oder dass das Aptamer auf

Basis der Zielstruktur eines Peptids hergestellt wird, wobei das Peptid ausgewählt wird, aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 1, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 2, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, einer Permutation einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, einem Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3. Dabei sind Verbindungen ausgenommen, bei denen das Peptid aus einer Aminosäuresequenz der SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 101 oder SEQ ID NO: 102, und/oder aus einem Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 98 bis SEQ ID NO: 102, welcher mindestens 6 der in SEQ ID NO: 98 bis SEQ ID NO: 102 genannten Aminosäuren umfasst und/oder aus einem Derivat der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 98 bis 102 besteht und/oder bei denen ein Peptidmimetikum aus einer am Peptidrückgrat modifizierten Aminosäuresequenz besteht, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 101 und SEQ ID NO: 102, und/oder bei denen ein Aptamer auf Basis der Zielstruktur eines Peptids hergestellt wird, wobei das Peptid ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 100 SEQ ID NO: 101 und SEQ ID NO: 102.

Dabei ist die Verbindung bevorzugt isoliert. Ebenso ist die Verbindung im Wesentlichen gereinigt. Dies bedeutet insbesondere, dass die Verbindung in einer hoch reinen Form von höher als 95 % Reinheit, besonders bevorzugt höher als 99 % Reinheit bereitgestellt wird.

Ethylensignalkette

Die Ethylensignalkette wurde bisher in der Modelpflanze *Arabidopsis thaliana* näher untersucht. Hierbei konnte das Membranprotein „Ethylene insensitive 2“ (EIN2) als ein zentrales Element dieser Kette identifiziert werden (J. M. Alonso, T. Hiriyama, G. Roman, S. Nourizadeh, J. R. Ecker, EIN2, a bifunctional transducer of ethylene and stress responses in *Arabidopsis*, *Science*: 284, 2148-2152; 1999). Es konnten bisher direkte Wechselwirkungen zwischen den unterschiedlichen Ethylenrezeptoren und

dem in der Signalkette nachgeordneten Protein EIN2 nachgewiesen werden (M. M. A. Bisson, A. Bleckmann, S. Allekotte, G. Groth, EIN2, the central regulator of ethylene signalling, is localized at the ER membrane where it interacts with the ethylene receptor ETR1, *Biochem J*: 424, 1-6; 2009 und M. M. A. Bisson, G. Groth, New insight in ethylene signaling: autokinase activity of ETR1 modulates the interaction of receptors and EIN2, *Molecular Plant*: 5,882-889, 2010). Als Ethylenrezeptoren, welche in *Arabidopsis thaliana* identifiziert wurden, sind „Ethylene resistant 1“ (ETR1), „Ethylene resistant 2“ (ETR2), „Ethylene response sensor“ (ERS1), „Ethylene response sensor 2“ (ERS2) und „Ethylene insensitive 4“ (EIN4) bekannt (M. M. Bisson, G. Groth, New paradigm in ethylene signaling, *Plant Signal & Behav* 6: 164-166; 2011). Dennoch sind die genaue Rolle von EIN2 und der zu Grunde liegende molekulare Mechanismus der Signaltransduktion an der ER Membran noch unbekannt.

Es konnte gezeigt werden, dass das Verfahren der vorliegenden Erfindung zu einer Störung der für die Signaltransduktion wichtigen Interaktion des Rezeptorproteins ETR1 oder seiner Isoformen ERS1, ETR2, ERS2, EIN4 oder eines homologen oder orthologen Proteins davon mit dem Protein EIN2 oder eines orthologen Proteins davon führt. Durch die erfindungsgemäße Unterbrechung dieses Signalweges ist es gelungen, den Reifungsprozess, Seneszenzprozess und/oder die Stresstoleranz von Pflanzen und/oder ihrer Früchte zu beeinflussen.

Homologe und orthologe Proteine sind dadurch gekennzeichnet, dass sie die gleiche biologische Aktivität in einer anderen Spezies aufweisen wie ein spezielles Protein (beispielsweise ETR1) in einer speziellen Spezies (beispielsweise *Arabidopsis*).

Im Sinne dieser Erfindung wird unter einem „homologen Protein“ ein Protein mit signifikanter struktureller Homologie zu dem Protein ETR1 verstanden. Insbesondere wird hiermit eine Identität von über 70 %, bevorzugt über 75 %, besonders bevorzugt über 80 % und ganz besonders bevorzugt über 90 % mit dem Protein ETR1 verstanden. Methoden zur Bestimmung der Homologie von Proteinen sind dem Fachmann bekannt. Häufig erfolgt eine Identifizierung homologer Proteine anhand einer statistisch signifikanten Anzahl von Aminosäuren. Dabei kann insbesondere der BLAST(Basic Local Alignment Search Tool)-Algorithmus verwendet werden (S. F. Altschul, W. Gish, W. Miller, E. W. Myers, D. J. Lipman, Basic local alignment search

tool. J. Mol. Biol. 215, 403-410; 1990). Hierbei werden Regionen identifiziert, welche lokale Ähnlichkeiten zwischen Sequenzen aufweisen. Das Programm vergleicht die Proteinsequenz mit Sequenzen in Datenbanken und berechnet die statistische Signifikanz der Übereinstimmung.

5

Spezies, welche solche Identitäten aufweisen, sind in der folgenden Tabelle 1 dargestellt (siehe dazu auch Figur 1). Sie sind in bekannten Datenbanken (YDR PDR protein database, UniProt oder NCBI (National Center for Biotechnology Information)) unter den angegebenen Einträgen hinterlegt:

10

Tabelle 2: Homologe Proteine des ETR1

Organismus	% Identität zu Arabidopsis ETR1	Aminosäuresequenznummer	Hinterlegung (Datenbank Accession No.)
Arabidopsis thaliana	100	SEQ ID NO: 5	UniProtKB/Swiss-Prot P49333
Malus x domestica	83.33	SEQ ID NO: 6	GenBank: AAC31123.1
Brassica oleracea	96.46	SEQ ID NO: 7	UniProtKB/Swiss-Prot: O49230.1
Citrus hybrid cultivar	84.42	SEQ ID NO: 8	GenBank: ADB25217.1
Coffea canephora	81.98	SEQ ID NO: 9	GenBank: ABL63471.1
Cucumis sativus	82.25	SEQ ID NO: 10	UniProtKB/Swiss-Prot: Q9SSY6.1
Dimocarpus longan	86.18	SEQ ID NO: 11	GenBank: ACL81480.3
Diospyros kaki	80.08	SEQ ID NO: 12	GenBank: BAE46932.1
Pelargonium x hortum	81.03	SEQ ID NO: 13	UniProtKB/Swiss-Prot: Q9XH58.1
Hevea brasiliensis	81.71	SEQ ID NO: 14	GenBank: AAW31759.1
Actinidia deliciosa	84.15	SEQ ID NO: 15	GenBank: ABY28264.1

Organismus	% Identität zu Arabidopsis ETR1	Aminosäuresequenznummer	Hinterlegung (Datenbank Accession No.)
<i>Lactuca sativa</i>	78.83	SEQ ID NO: 16	GenBank: AAQ15122.1
<i>Mangifera indica</i>	82.79	SEQ ID NO: 17	GenBank;: AAF61919.1
<i>Cucumis melo</i> var. <i>cantalupensis</i>	82.79	SEQ ID NO: 18	GenBank: AAC99645.1
<i>Oryza sativa</i>	72.17	SEQ ID NO: 19	GenBank: ABF98411.1
<i>Passiflora edulis</i>	62.60	SEQ ID NO: 20	UniProtKB/Swiss-Prot: Q9ZWL6.1
<i>Prunus persica</i>	67.34	SEQ ID NO: 21	UniProtKB/Swiss-Prot: Q9M7M1.1
<i>Petunia x hybrida</i>	81.28	SEQ ID NO: 22	GenBank: AAL40902.1
<i>Prunus salicina</i>	84.82	SEQ ID NO: 23	GenBank: ABU68266.1
<i>Ricinus communis</i>	40.51	SEQ ID NO: 24	NCBI Reference Sequence: XP_002529316.1
<i>Glycine max</i>	81.02	SEQ ID NO: 25	GenBank: ABR67685.1
<i>Fragaria x</i>	84.01	SEQ ID NO: 26	GenBank: CAC48384.1
<i>Nicotiana tabacum</i>	81.79	SEQ ID NO: 27	UniProtKB/Swiss-Prot: O48929.1
<i>Solanum lycopersicum</i>	81.44	SEQ ID NO: 28	GenBank: AAC02213.1
<i>Vitis vinifera</i>	83.06	SEQ ID NO: 29	NCBI Reference Sequence: XP_002277460.1
<i>Zea mays</i>	37.80	SEQ ID NO: 30	GenBank: AAR25569.1

Besonders bevorzugt werden homologe Proteine des ETR1 ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 18,

SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 29 und SEQ ID NO: 30.

- 5 Unter einem "orthologen Protein" wird ein Protein verstanden, das das funktionelle Gegenstück eines anderen Proteins (ETR1 oder EIN2) in einer anderen Spezies darstellt. Sequenzunterschiede zwischen den Orthologen sind das Ergebnis von Artbildung. Methoden zur Identifizierung von orthologen Proteinen sind dem Fachmann bekannt. Häufig erfolgt eine Identifizierung orthologer Proteine anhand des
- 10 BLAST(Basic Local Alignment Search Tool)-Algorithmus. Weitere Methoden sind beschrieben in Chen,F., Mackey,A.J., Vermunt,J.K., Roos,D.S. (2007) Assessing Performance of Orthology Detection Strategies Applied to Eukaryotic Genomes, PLoS ONE, 2, e383; Tatusov,R.L., Fedorova,N.D., Jackson,J.D., Jacobs,A.R., Kiryutin,B., Koonin,E.V., Krylov,D.M., Mazumder,R., Mekhedov,S.L., Nikolskaya,A.N., et al. (2003)
- 15 The COG database: an updated version includes eukaryotes. BMC Bioinformatics, 4, 41; Tatusov,R.L., Koonin,E.V. and Lipman,D.J. (1997) A genomic perspective on protein families, Science, 278, 631; Altschul,S.F., Madden,T.L., Schaffer,A.A., Zhang,J., Miller,W. and Lipman,D.J. (1997) Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs, Nucleic Acids Res, 25, 3389;
- 20 Chen,F., Mackey,A.J., Stoeckert,C.J. Jr and Roos,D.S. (2006) OrthoMCL-DB: querying a comprehensive multi-species collection of ortholog groups,Nucleic Acids Res, 34, D363; Sonnhammer,E.L. and Koonin,E.V. (2002) Orthology, paralogy and proposed classification for paralog subtypes,Trends Genet, 18, 619; O'Brien,K.P., Remm,M. and Sonnhammer,E.L. (2005) Inparanoid: a comprehensive database of eukaryotic
- 25 orthologs,Nucleic Acids Res, 33, D476; Wheeler,D.L., Barrett,T., Benson,D.A., Bryant,S.H., Canese,K., Chetvernin,V., Church,D.M., DiCuccio,M., Edgar,R., Federhen,Set al.(2005) Database resources of the National Center for Biotechnology Information,Nucleic Acids Res, 33, D3; Wood,V. (2006) /Schizosaccharomyces pombe/ comparative genomics; from sequence to systems. In Sunnerhagen,P.,
- 30 Piskur,J. (eds.) /Comparative Genomics Using Fungi as Models (Series: Topics in Current Genetics). Vol. 15, pp.233 und S. Bandyopadhyay, R. Sharan, T. Ideker, Systematic identification of functional orthologs based on protein network comparison, Genome Res. 16, 428-435 (2006).

Besonders bevorzugt umfassen die orthologen Proteine des EIN2

Aminosäuresequenzen, welche ausgewählt werden aus der Gruppe, bestehend aus
 SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 34, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 36,
 SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 38, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 40, SEQ ID NO: 41,
 5 SEQ ID NO: 42, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 46,
 SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 51,
 SEQ ID NO: 52 und SEQ ID NO: 53.

Die genannten Aminosäuresequenzen sind in bekannten Datenbanken (YDR PDR
 10 protein database, UniProt oder NCBI (National Center for Biotechnology Information))
 unter den angegebenen Einträgen hinterlegt:

Tabelle 3: orthologe Proteine des EIN2

Organismus	Aminosäuresequenz- nummer	Hinterlegung (Datenbank Accession No.)
Arabidopsis thaliana	SEQ ID NO: 31	NCBI Reference Sequence: NP_195948.1
Arabidopsis lyrata subsp. lyrata	SEQ ID NO: 32	NCBI Reference Sequence: XP_002871021.1
Ricinus communis	SEQ ID NO: 33	NCBI Reference Sequence: XP_002519522.1
Populus trichocarpa	SEQ ID NO: 34	NCBI Reference Sequence: XP_002322882.1
Vitis vinifera	SEQ ID NO: 35	NCBI Reference Sequence: XP_002276399.1
Glycine max	SEQ ID NO: 36	NCBI Reference Sequence:

Organismus	Aminosäuresequenz- nummer	Hinterlegung (Datenbank Accession No.)
		XP_003542536.1
<i>Prunus persica</i>	SEQ ID NO: 37	GenBank: ACY78397.1
<i>Cucumis melo</i>	SEQ ID NO: 38	GenBank: ADV90799.1
<i>Medicago truncatula</i>	SEQ ID NO: 39	NCBI Reference Sequence: XP_003625647.1
<i>Petunia x hybrida</i>	SEQ ID NO: 40	GenBank: AAR08678.1
<i>Solanum lycopersicum</i>	SEQ ID NO: 41	NCBI Reference Sequence: NP_001234518.1
<i>Dianthus caryophyllus</i>	SEQ ID NO: 42	GenBank: ADR31357.1
<i>Sorghum bicolor</i>	SEQ ID NO: 43	NCBI Reference Sequence: XP_002457112.1
<i>Zea mays</i>	SEQ ID NO: 44	GenBank: AAR25570.1
<i>Oryza sativa Japonica Group</i>	SEQ ID NO: 45	GenBank: AAQ95276.1
<i>Oryza sativa Indica Group</i>	SEQ ID NO: 46	GenBank: EEC81537.1
<i>Brachypodium distachyon</i>	SEQ ID NO: 47	NCBI Reference Sequence: XP_003575571.1
<i>Triticum aestivum</i>	SEQ ID NO: 48	GenBank: ADP02171.1
<i>Malus x domestica</i>	SEQ ID NO: 49	GenBank: ABI33219.1
<i>Brassica rapa subsp. chinensis</i>	SEQ ID NO: 50	GenBank: ADD14032.1
<i>Hordeum vulgare subsp. vulgare</i>	SEQ ID NO: 51	GenBank: BAJ87351.1
<i>Chlamydomonas reinhardtii</i>	SEQ ID NO: 52	NCBI Reference Sequence: XP_001700793.1
<i>Nicotiana tabacum</i>	SEQ ID NO: 53	GenBank: AEI87996.1

Besonders bevorzugt umfassen die orthologen Proteine des ETR1 oder seiner Isoformen eine Aminosäuresequenz, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NO: 54, SEQ ID NO: 55, SEQ ID NO: 56, SEQ ID NO: 57, SEQ ID NO: 58, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 72, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 74, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 88, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 90, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 95 und SEQ ID NO: 96. Die genannten Aminosäuresequenzen sind in bekannten Datenbanken (YDR PDR protein database, UniProt oder NCBI (National Center for Biotechnology Information)) unter den angegebenen Einträgen hinterlegt:

Tabelle 4: orthologe Proteine des ETR1

Organismus	Aminosäuresequenz-nummer	Hinterlegung (Datenbank Accession No.)
<i>Arabidopsis lyrata</i> subsp. <i>lyrata</i>	SEQ ID NO: 54	NCBI Reference Sequence: XP_002887022.1
<i>Brassica oleracea</i>	SEQ ID NO: 7	UniProtKB/Swiss-Prot: O49230.1
<i>Dimocarpus longan</i>	SEQ ID NO: 11	GenBank: ACL81480.3
<i>Prunus domestica</i> subsp. <i>insititia</i>	SEQ ID NO: 55	GenBank: CAI64505.1
<i>Citrus sinensis</i>	SEQ ID NO: 8	GenBank: ADB25217.1
<i>Prunus salicina</i>	SEQ ID NO: 23	GenBank: ABU68266.1
<i>Prunus persica</i>	SEQ ID NO: 21	UniProtKB/Swiss-Prot: Q9M7M1.1

Organismus	Aminosäuresequenz- nummer	Hinterlegung (Datenbank Accession No.)
Populus trichocarpa ETR4	SEQ ID NO: 56	NCBI Reference Sequence: XP_002327419.1
Ricinus communis	SEQ ID NO: 57	NCBI Reference Sequence: XP_002533252.1
Fragaria x ananassa	SEQ ID NO: 26	GenBank: CAC48384.1
Pyrus communis	SEQ ID NO: 58	GenBank: AAL66191.1
Malus x domestica	SEQ ID NO: 6	GenBank: AAC31123.1
Pyrus pyrifolia	SEQ ID NO: 59	GenBank: BAD61001.1
Populus trichocarpa ETR 3	SEQ ID NO: 60	NCBI Reference Sequence: XP_002299688.1
Actinidia deliciosa ETR1	SEQ ID NO: 61	GenBank: ABY28264.1
Pyrus pyrifolia ETR3	SEQ ID NO: 62	GenBank: ABS57008.1
Coffea canephora	SEQ ID NO: 63	GenBank: ABL63474.1
Pelargonium x hortorum ETR2	SEQ ID NO: 64	UniProtKB/Swiss-Prot: Q9XH57.1
Coffea liberica var. dewevrei	SEQ ID NO: 65	GenBank: ABL63472.1
Mangifera indica	SEQ ID NO: 17	GenBank: AAF61919.1
Cucumis melo var. cantalupensis	SEQ ID NO: 18	GenBank: AAC99645.1
Passiflora edulis	SEQ ID NO: 66	UniProtKB/Swiss-Prot: Q9ZWL6.1
Pelargonium x hortorum	SEQ ID NO: 13	UniProtKB/Swiss-Prot: Q9XH58.1
Vitis vinifera	SEQ ID NO: 29	NCBI Reference Sequence: XP_002277460.1
Petunia x hybrida	SEQ ID NO: 67	GenBank: AAL40901.1

Organismus	Aminosäuresequenz- nummer	Hinterlegung (Datenbank Accession No.)
<i>Coffea pseudozanguebariae</i>	SEQ ID NO: 68	GenBank: ABL63473.1
<i>Catharanthus roseus</i>	SEQ ID NO: 69	GenBank: AAQ10679.1
<i>Ziziphus jujuba</i>	SEQ ID NO: 70	GenBank: ABB77560.1
<i>Cucumis sativus</i>	SEQ ID NO: 10	UniProtKB/Swiss-Prot: Q9SSY6.1
<i>Nicotiana tabacum</i>	SEQ ID NO: 27	UniProtKB/Swiss-Prot: O48929.1
<i>Solanum lycopersicum</i>	SEQ ID NO: 71	UniProtKB/Swiss-Prot: Q41342.1
<i>Medicago truncatula</i>	SEQ ID NO: 72	NCBI Reference Sequence: XP_003605421.1
<i>Hevea brasiliensis</i>	SEQ ID NO: 14	GenBank: AAW31759.1
<i>Diospyros kaki</i>	SEQ ID NO: 12	GenBank: BAE46932.1
<i>Glycine max</i>	SEQ ID NO: 25	GenBank: ABR67685.1
<i>Lactuca sativa</i>	SEQ ID NO: 16	GenBank: AAQ15122.1
<i>Solanum lycopersicum</i> ETR2	SEQ ID NO: 73	NCBI Reference Sequence: NP_001234153.1
<i>Eriobotrya japonica</i>	SEQ ID NO: 74	GenBank : ACM89298.1
<i>Lilium formosum</i> x <i>Lilium longiflorum</i>	SEQ ID NO: 75	GenBank : ABD66593.1
<i>Musa acuminata</i> AAA Group	SEQ ID NO: 76	GenBank: AAQ13533.1
<i>Gladiolus</i> hybrid cultivar	SEQ ID NO: 77	GenBank: BAD20704.1
<i>Papilionanthe hookeriana</i> x <i>Papilionanthe teres</i>	SEQ ID NO: 78	GenBank: AEE69544.1
<i>Oncidium Gower Ramsey</i>	SEQ ID NO: 79	GenBank: AAQ14309.1
<i>Phalaenopsis</i> hybrid cultivar ERS	SEQ ID NO: 80	GenBank: AAD04949.1
<i>Dendrobium</i> hybrid cultivar	SEQ ID NO: 81	GenBank: ABJ91124.1

Organismus	Aminosäuresequenz-nummer	Hinterlegung (Datenbank Accession No.)
Phalaenopsis hybrid cultivar	SEQ ID NO: 82	GenBank: AAD26899.1
Phalaenopsis equestris	SEQ ID NO: 83	GenBank: CAD91247.1
Sorghum bicolor	SEQ ID NO: 84	NCBI Reference Sequence: XP_002464032.1
Dendrobium hybrid cultivar	SEQ ID NO: 85	GenBank: ACN22272.1
Oryza sativa Japonica Group	SEQ ID NO: 19	GenBank: ABF98411.1
Oryza sativa	SEQ ID NO: 86	GenBank: AAB72193.1
Hordeum vulgare subsp. vulgare	SEQ ID NO: 87	GenBank: BAJ87109.1
Zea mays	SEQ ID NO: 88	GenBank: AAR25566.1
Saccharum hybrid cultivar ROC20	SEQ ID NO: 89	GenBank: ADJ66722.1
Delphinium 'MagicFountains dark blue'	SEQ ID NO: 90	GenBank: BAB84569.1
Triticum aestivum ERS	SEQ ID NO: 91	GenBank: ADJ67795.1
Triticum aestivum ERS3	SEQ ID NO: 92	GenBank: ADK23798.2
Triticum aestivum ERS2	SEQ ID NO: 93	GenBank: ADK23797.2
Delphinium x belladonna	SEQ ID NO: 94	GenBank: BAD89291.1
Actinidia deliciosa ERS1	SEQ ID NO: 95	GenBank: ABY28263.1
Populus trichocarpa	SEQ ID NO: 96	NCBI Reference Sequence: XP_002302732.1

In der Ethylensignalkette wechselwirkt das Rezeptorprotein ETR1 oder seine Isoform ERS1, ETR2, ERS2, EIN4 oder ein homologes oder orthologes Protein davon mit dem EIN2 Protein. Der Bereich der Aminosäuresequenz des ETR1 oder seiner Isoformen ERS1, ETR2, ERS2, EIN4 oder eines homologen oder orthologen Proteins davon, welcher mit dem EIN2 oder einem orthologen Protein davon wechselwirkt, wird im

Folgenden gelegentlich auch als die Kontaktdomäne des ETR1, welche mit EIN2 oder einem orthologen Protein davon interagiert, oder auch nur als Kontaktdomäne des ETR1 bezeichnet.

5 Pflanzen und/oder deren Früchte

Die Pflanzen des erfindungsgemäßen Verfahrens werden vorzugsweise ausgewählt aus der Gruppe, bestehend aus Nutzpflanzen und Zierpflanzen. Deren Früchte werden entsprechend vorzugsweise ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus den Früchten
10 von Nutzpflanzen und Zierpflanzen.

Der Begriff Nutzpflanzen, wie hier verwendet, bezeichnet Kulturpflanzen, die als Pflanzen für die Gewinnung von Nahrungsmitteln, Futtermitteln, Treibstoffe oder für technische Zwecke eingesetzt werden. Unter Zierpflanzen werden insbesondere ein-
15 und mehrjährige Pflanzen wie Schnittblumen und/oder deren Pflanzenteile verstanden.

Bevorzugt werden die Nutzpflanzen ausgewählt aus der Gruppe der folgenden Pflanzenarten: Triticale, Durum (Hartweizen), Turf, Reben, Getreide, beispielsweise Weizen, Gerste, Roggen, Hafer, Reis, Mais und Hirse; Rüben, beispielsweise
20 Zuckerrüben und Futterrüben; Früchte, beispielsweise Kernobst, Steinobst und Beerenobst, beispielsweise Äpfel, Birnen, Pflaumen, Pfirsiche, Mandeln, Kirschen und Beeren, z. B. Erdbeeren, Himbeeren, Brombeeren oder auch Mango, Datteln und Feigen; Hülsenfrüchte, beispielsweise Bohnen, Linsen, Erbsen und Sojabohnen; Ölkulturen, beispielsweise Raps, Senf, Mohn, Oliven, Sonnenblumen, Kokos,
25 Castorölpflanzen, Kakaobohnen und Erdnüsse; Gurkengewächse, beispielsweise Kürbis, Gurken und Melonen; Fasergewächse, beispielsweise Baumwolle, Flachs, Hanf und Jute; Citrusfrüchte, beispielsweise Orangen, Zitronen, Pampelmusen und Mandarinen; Gemüsesorten, beispielsweise Spinat, (Kopf)-Salat, Spargel, Kohlarten, Möhren, Zwiebeln, Tomaten, Kartoffeln und Paprika; Lorbeergewächse, beispielsweise
30 Avocado, Cinnamomum, Kampfer, oder ebenso Pflanzen wie Tabak, Nüsse, Kaffee, Aubergine, Zuckerrohr, Tee, Pfeffer, Weinreben, Hopfen, Bananen, Naturkautschukgewächse sowie Zierpflanzen, beispielsweise Blumen und Sträucher. Diese Aufzählung stellt keine Limitierung dar.

Als besonders geeignete Zielkulturen für die Anwendung des erfindungsgemäßen Verfahrens sind folgende Pflanzen anzusehen: Hafer, Roggen, Triticale, Durum, Baumwolle, Aubergine, Turr, Kernobst, Steinobst, Beerenobst, Mais, Weizen, Gerste, Gurke, Tabak, Reben, Reis, Getreide, Birne, Pfeffer, Bohnen, Sojabohnen, Raps,

5 Tomate, Paprika, Melonen, Kohl, Kartoffel und Apfel.

Als Schnittblumen und/ oder deren Pflanzenteile, welche nach dem erfindungsgemäßen Verfahren behandelt werden können, können beispielsweise Rosen, Nelken, Gerbera, Lilien, Margeriten, Chrysanthemen, Tulpen, Narzissen,

10 Anemonen, Mohn, Amyrillis, Dahlien, Azaleen, Malven, aber auch z.B. Beetpflanzen, Topfpflanzen und Stauden, wie beispielsweise Rosen, Tagetes, Stiefmütterchen, Geranien, Fuchsien, Hibiscus, Chrysanthemen, Fleissige Lieschen, Alpenveilchen, Ursambaraveilchen, Sonnenblumen, Begonien verstanden werden.

15 In einer Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens handelt es sich bei den Pflanzen um transgene Pflanzen.

Besonders bevorzugt können die transgenen Pflanzen ausgewählt werden aus der Gruppe, bestehend aus herbizidtoleranten Pflanzen, insektenresistente Pflanzen,

20 Pflanzen mit erhöhter Stresstoleranz, Pflanzen, welche eine veränderte Menge, Qualität und/oder Lagerfähigkeit des Ernteproduktes und/oder veränderte Eigenschaften von bestimmten Bestandteilen des Ernteproduktes aufweisen, Pflanzen mit veränderten Fasereigenschaften und Pflanzen mit veränderter Ölzusammensetzung.

25

Pflanzen oder Pflanzensorten (die mit Methoden der Pflanzenbiotechnologie, wie der Gentechnik, erhalten werden), die im erfindungsgemäßen Verfahren Anwendung finden können, sind herbizidtolerante Pflanzen, d. h. Pflanzen, die gegenüber einem oder mehreren vorgegebenen Herbiziden tolerant gemacht worden sind. Solche

30 Pflanzen können entweder durch genetische Transformation oder durch Selektion von Pflanzen, die eine Mutation enthalten, die solch eine Herbizidtoleranz verleiht, erhalten werden.

Herbizidtolerante Pflanzen sind zum Beispiel glyphosatetolerante Pflanzen, d. h. Pflanzen, die gegenüber dem Herbizid Glyphosate oder dessen Salzen tolerant gemacht worden sind. So können zum Beispiel glyphosatetolerante Pflanzen durch Transformation der Pflanze mit einem Gen, das für das Enzym 5-Enolpyruvylshikimat-
5 3-phosphatsynthase (EPSPS) kodiert, erhalten werden. Beispiele für solche EPSPS-Gene sind das AroA-Gen (Mutante CT7) des Bakterium *Salmonella typhimurium* (Comai et al., Science (1983), 221, 370-371), das CP4-Gen des Bakteriums *Agrobacterium* sp. (Barry et al., Curr. Topics Plant Physiol. (1992), 7, 139-145), die Gene, die für eine EPSPS aus der Petunie (Shah et al., Science (1986), 233, 478-
10 481), für eine EPSPS aus der Tomate (Gasser et al., J. Biol. Chem. (1988), 263, 4280-4289) oder für eine EPSPS aus Eleusine (WO 01/66704) kodieren. Es kann sich auch um eine mutierte EPSPS handeln, wie sie zum Beispiel in EP-A 0837944, WO 00/066746, WO 00/066747 oder WO 02/026995 beschrieben ist. Glyphosatetolerante Pflanzen können auch dadurch erhalten werden, dass man ein Gen exprimiert, das für
15 ein Glyphosate-Oxidoreduktase-Enzym, wie es in US 5,776,760 und US 5,463,175 beschrieben ist, kodiert. Glyphosatetolerante Pflanzen können auch dadurch erhalten werden, dass man ein Gen exprimiert, das für ein Glyphosate-acetyltransferase-Enzym, wie es in z. B. WO 02/036782, WO 03/092360, WO 05/012515 und WO 07/024782 beschrieben ist, kodiert. Glyphosatetolerante Pflanzen können auch
20 dadurch erhalten werden, dass man Pflanzen, die natürlich vorkommende Mutationen der oben erwähnten Gene, wie sie zum Beispiel in WO 01/024615 oder WO 03/013226 beschrieben sind, enthalten, selektiert.

Sonstige herbizidresistente Pflanzen sind zum Beispiel Pflanzen, die gegenüber
25 Herbiziden, die das Enzym Glutaminsynthase hemmen, wie Bialaphos, Phosphinotricin oder Glufosinate, tolerant gemacht worden sind. Solche Pflanzen können dadurch erhalten werden, dass man ein Enzym exprimiert, das das Herbizid oder eine Mutante des Enzyms Glutaminsynthase, das gegenüber Hemmung resistent ist, entgiftet. Solch ein wirksames entgiftendes Enzym ist zum Beispiel ein Enzym, das für ein
30 Phosphinotricin-acetyltransferase kodiert (wie zum Beispiel das bar- oder pat-Protein aus *Streptomyces*-Arten). Pflanzen, die eine exogene Phosphinotricin-acetyltransferase exprimieren, sind zum Beispiel in US 5,561,236; US 5,648,477; US 5,646,024; US 5,273,894; US 5,637,489; US 5,276,268; US 5,739,082; US 5,908,810 und US 7,112,665 beschrieben.

Weitere herbizidtolerante Pflanzen sind auch Pflanzen, die gegenüber den Herbiziden, die das Enzym Hydroxyphenylpyruvatdioxygenase (HPPD) hemmen, tolerant gemacht worden sind. Bei den Hydroxyphenylpyruvatdioxygenasen handelt es sich um Enzyme, die die Reaktion, in der para-Hydroxyphenylpyruvat (HPP) zu Homogentisat umgesetzt wird, katalysieren. Pflanzen, die gegenüber HPPD-Hemmern tolerant sind, können mit einem Gen, das für ein natürlich vorkommendes resistentes HPPD-Enzym kodiert, oder einem Gen, das für ein mutiertes HPPD-Enzym gemäß WO 96/038567, WO 99/024585 und WO 99/024586 kodiert, transformiert werden. Eine Toleranz gegenüber HPPD-Hemmern kann auch dadurch erzielt werden, dass man Pflanzen mit Genen transformiert, die für gewisse Enzyme kodieren, die die Bildung von Homogentisat trotz Hemmung des nativen HPPD-Enzyms durch den HPPD-Hemmer ermöglichen. Solche Pflanzen und Gene sind in WO 99/034008 und WO 2002/36787 beschrieben. Die Toleranz von Pflanzen gegenüber HPPD-Hemmern kann auch dadurch verbessert werden, dass man Pflanzen zusätzlich zu einem Gen, das für ein HPPD-tolerantes Enzym kodiert, mit einem Gen transformiert, das für ein Prephenatdehydrogenase-Enzym kodiert, wie dies in WO 2004/024928 beschrieben ist.

Weitere herbizidresistente Pflanzen sind Pflanzen, die gegenüber Acetolactatsynthase (ALS)-Hemmern tolerant gemacht worden sind. Zu bekannten ALS-Hemmern zählen zum Beispiel Sulfonylharnstoff, Imidazolinon, Triazolopyrimidine, Pyrimidinyloxy(thio)benzoate und/oder Sulfonylaminocarbonyl-triazolinon-Herbizide. Es ist bekannt, dass verschiedene Mutationen im Enzym ALS (auch als Acetohydroxysäure-Synthase, AHAS, bekannt) eine Toleranz gegenüber unterschiedlichen Herbiziden bzw. Gruppen von Herbiziden verleihen, wie dies zum Beispiel bei Tranel und Wright, Weed Science (2002), 50, 700-712, jedoch auch in US 5,605,011, US 5,378,824, US 5,141,870 und US 5,013,659, beschrieben ist. Die Herstellung von sulfonylharnstofftoleranten Pflanzen und imidazolinontoleranten Pflanzen ist in US 5,605,011; US 5,013,659; US 5,141,870; US 5,767,361; US 5,731,180; US 5,304,732; US 4,761,373; US 5,331,107; US 5,928,937; und US 5,378,824; sowie in der internationalen Veröffentlichung WO 96/033270 beschrieben. Weitere imidazolinontolerante Pflanzen sind auch in z. B. WO 2004/040012, WO 2004/106529, WO 2005/020673, WO 2005/093093, WO 2006/007373, WO 2006/015376, WO 2006/024351 und WO 2006/060634 beschrieben. Weitere

sulfonylharnstoff- und imidazolinontolerante Pflanzen sind auch in z.B. WO 2007/024782 beschrieben.

Weitere Pflanzen, die gegenüber ALS-Inhibitoren, insbesondere gegenüber
5 Imidazolinonen, Sulfonylharnstoffen und/oder Sulfamoylcarbonyltriazolinonen tolerant sind, können durch induzierte Mutagenese, Selektion in Zellkulturen in Gegenwart des Herbizids oder durch Mutationszüchtung erhalten werden, wie dies zum Beispiel für die Sojabohne in US 5,084,082, für Reis in WO 97/41218, für die Zuckerrübe in US 5,773,702 und WO 99/057965, für Salat in US 5,198,599 oder für die Sonnenblume in
10 WO 2001/065922 beschrieben ist.

Pflanzen oder Pflanzensorten (die nach Methoden der pflanzlichen Biotechnologie, wie der Gentechnik, erhalten wurden), die ebenfalls im erfindungsgemäßen Verfahren Anwendung finden können, sind insektenresistente transgene Pflanzen, d.h. Pflanzen,
15 die gegen Befall mit gewissen Zielinsekten resistent gemacht wurden. Solche Pflanzen können durch genetische Transformation oder durch Selektion von Pflanzen, die eine Mutation enthalten, die solch eine Insektenresistenz verleiht, erhalten werden.

Der Begriff "insektenresistente transgene Pflanze" umfasst im vorliegenden
20 Zusammenhang jegliche Pflanze, die mindestens ein Transgen enthält, das eine Kodiersequenz umfasst, die für folgendes kodiert:

1) ein insektizides Kristallprotein aus *Bacillus thuringiensis* oder einen insektiziden Teil davon, wie die insektiziden Kristallproteine, die von Crickmore et al., *Microbiology and*
25 *Molecular Biology Reviews* (1998), 62, 807-813, zusammengestellt wurden, von Crickmore et al. (2005) in der *Bacillus thuringiensis*-Toxinomenklatur aktualisiert (online bei:

http://www.lifesci.sussex.ac.uk/Home/Neil_Crickmore/Bt/), oder insektizide Teile
30 davon, z.B. Proteine der Cry-Proteinklassen Cry1Ab, Cry1Ac, Cry1F, Cry2Ab, Cry3Ae oder Cry3Bb oder insektizide Teile davon; oder

2) ein Kristallprotein aus *Bacillus thuringiensis* oder einen Teil davon, der in Gegenwart eines zweiten, anderen Kristallproteins als *Bacillus thuringiensis* oder eines Teils

davon insektizid wirkt, wie das binäre Toxin, das aus den Kristallproteinen Cy34 und Cy35 besteht (Moellenbeck et al., Nat. Biotechnol. (2001), 19, 668-72; Schnepf et al., Applied Environm. Microb. (2006), 71, 1765-1774); oder

- 5 3) ein insektizides Hybridprotein, das Teile von zwei unterschiedlichen insektiziden Kristallproteinen aus *Bacillus thuringiensis* umfaßt, wie zum Beispiel ein Hybrid aus den Proteinen von 1) oben oder ein Hybrid aus den Proteinen von 2) oben, z. B. das Protein Cry1A.105, das von dem Mais-Event MON98034 produziert wird (WO 2007/027777); oder
- 10 4) ein Protein gemäß einem der Punkte 1) bis 3) oben, in dem einige, insbesondere 1 bis 10, Aminosäuren durch eine andere Aminosäure ersetzt wurden, um eine höhere insektizide Wirksamkeit gegenüber einer Zielinsektenart zu erzielen und/oder um das Spektrum der entsprechenden Zielinsektenarten zu erweitern und/oder wegen
- 15 Veränderungen, die in die Kodier- DNA während der Klonierung oder Transformation induziert wurden, wie das Protein Cry3Bb1 in Mais-Events MON863 oder MON88017 oder das Protein Cry3A im Mais-Event MIR 604; oder
- 20 5) ein insektizides sezerniertes Protein aus *Bacillus thuringiensis* oder *Bacillus cereus* oder einen insektiziden Teil davon, wie die vegetativ wirkenden insektentoxischen Proteine (vegetative insecticidal proteins, VIP), die unter folgendem Link angeführt sind, z. B. Proteine der Proteinklasse VIP3Aa:
http://www.lifesci.sussex.ac.uk/Home/Neil_Crickmore/Bt/vip.html oder
- 25 6) ein sezerniertes Protein aus *Bacillus thuringiensis* oder *Bacillus cereus*, das in Gegenwart eines zweiten sezernierten Proteins aus *Bacillus thuringiensis* oder *B. cereus* insektizid wirkt, wie das binäre Toxin, das aus den Proteinen VIP1A und VIP2A besteht (WO 94/21795); oder
- 30 7) ein insektizides Hybridprotein, das Teile von verschiedenen sezernierten Proteinen von *Bacillus thuringiensis* oder *Bacillus cereus* umfaßt, wie ein Hybrid der Proteine von 1) oder ein Hybrid der Proteine von 2) oben; oder

8) ein Protein gemäß einem der Punkte 1) bis 3) oben, in dem einige, insbesondere 1 bis 10, Aminosäuren durch eine andere Aminosäure ersetzt wurden, um eine höhere insektizide Wirksamkeit gegenüber einer Zielinsektenart zu erzielen und/oder um das Spektrum der entsprechenden Zielinsektenarten zu erweitern und/oder wegen

5 Veränderungen, die in die Kodier- DNA während der Klonierung oder Transformation induziert wurden (wobei die Kodierung für ein insektizides Protein erhalten bleibt), wie das Protein VIP3Aa im Baumwoll-Event COT 102.

Natürlich zählt zu den insektenresistenten transgenen Pflanzen im vorliegenden

10 Zusammenhang auch jegliche Pflanze, die eine Kombination von Genen umfasst, die für die Proteine von einer der oben genannten Klassen 1 bis 8 kodieren. In einer Ausführungsform enthält eine insektenresistente Pflanze mehr als ein Transgen, das für ein Protein nach einer der oben genannten 1 bis 8 kodiert, um das Spektrum der entsprechenden Zielinsektenarten zu erweitern oder um die Entwicklung einer

15 Resistenz der Insekten gegen die Pflanzen dadurch hinauszuzögern, dass man verschiedene Proteine einsetzt, die für dieselbe Zielinsektenart insektizid sind, jedoch eine unterschiedliche Wirkungsweise, wie Bindung an unterschiedliche Rezeptorbindungsstellen im Insekt, aufweisen.

20 Pflanzen oder Pflanzensorten (die nach Methoden der pflanzlichen Biotechnologie, wie der Gentechnik, erhalten wurden), die ebenfalls im erfindungsgemäßen Verfahren Anwendung finden können, sind gegenüber abiotischen Stressfaktoren tolerant. Solche Pflanzen können durch genetische Transformation oder durch Selektion von Pflanzen, die eine Mutation enthalten, die solch eine Stressresistenz verleiht, erhalten

25 werden. Zu besonders nützlichen Pflanzen mit Stresstoleranz zählen folgende:

a. Pflanzen, die ein Transgen enthalten, das die Expression und/oder Aktivität des Gens für die Poly(ADP-ribose)polymerase (PARP) in den Pflanzenzellen oder Pflanzen zu reduzieren vermag, wie dies in WO 2000/004173 oder EP 04077984.5

30 oder EP 06009836.5 beschrieben ist.

b. Pflanzen, die ein streßtoleranzförderndes Transgen enthalten, das die Expression und/oder Aktivität der für PARP kodierenden Gene der Pflanzen oder Pflanzenzellen zu reduzieren vermag, wie dies z.B. in WO 2004/090140 beschrieben ist;

c. Pflanzen, die ein streßtoleranzförderndes Transgen enthalten, das für ein in Pflanzen funktionelles Enzym des Nicotinamidadeninindinukleotid-Salvage-Biosynthesewegs kodiert, darunter Nicotinamidase, Nicotinatphosphoribosyltransferase,

- 5 Nicotinsäuremononukleotid-adenyltransferase, Nicotinamidadeninindinukleotidsynthetase oder Nicotinamidphosphoribosyl-transferase, wie dies z. B. in EP 04077624.7 oder WO 2006/133827 oder PCT/EP07/002433 beschrieben ist.

- 10 Pflanzen oder Pflanzensorten (die nach Methoden der pflanzlichen Biotechnologie, wie der Gentechnik, erhalten wurden), die ebenfalls im erfindungsgemäßen Verfahren Anwendung finden können, weisen eine veränderte Menge, Qualität und/oder Lagerfähigkeit des Ernteprodukts und/oder veränderte Eigenschaften von bestimmten Bestandteilen des Ernteprodukts auf, wie zum Beispiel:

15

1) Transgene Pflanzen, die eine modifizierte Stärke synthetisieren, die bezüglich ihrer chemisch-physikalischen Eigenschaften, insbesondere des Amylosegehalts oder des Amylose/Amylopektin-Verhältnisses, des Verzweigungsgrads, der durchschnittlichen Kettenlänge, der Verteilung der Seitenketten, des Viskositätsverhaltens, der

- 20 Gelfestigkeit, der Stärkekorngröße und/oder Stärkekornmorphologie im Vergleich mit der synthetisierten Stärke in Wildtypfpflanzenzellen oder -pflanzen verändert ist, so dass sich diese modifizierte Stärke besser für bestimmte Anwendungen eignet. Diese transgenen Pflanzen, die eine modifizierte Stärke synthetisieren, sind zum Beispiel in EP 0571427, WO 95/004826, EP 0719338, WO 96/15248, WO 96/19581, WO 96/27674, WO 97/11188, WO 97/26362, WO 97/32985, WO 97/42328, WO 97/44472, WO 97/45545, WO 98/27212, WO 98/40503, WO 99/58688, WO 99/58690, WO 99/58654, WO 2000/008184, WO 2000/008185, WO 2000/28052, WO 2000/77229, WO 2001/12782, WO 2001/12826, WO 2002/101059, WO 2003/071860, WO 2004/056999, WO 2005/030942, WO 2005/030941, WO 2005/095632, WO 2005/095617, WO 2005/095619, WO 2005/095618, WO 2005/123927, WO 30 2006/018319, WO 2006/103107, WO 2006/108702, WO 2007/009823, WO 2000/22140, WO 2006/063862, WO 2006/072603, WO 2002/034923, EP 06090134.5, EP 06090228.5, EP 06090227.7, EP 07090007.1, EP 07090009.7, WO 2001/14569, WO 2002/79410, WO 2003/33540, WO 2004/078983, WO 2001/19975, WO 95/26407,

WO 96/34968, WO 98/20145, WO 99/12950, WO 99/66050, WO 99/53072, US 6,734,341, WO 2000/11192, WO 98/22604, WO 98/32326, WO 2001/98509, WO 2001/98509, WO 2005/002359, US 5,824,790, US 6,013,861, WO 94/004693, WO 94/009144, WO 94/11520, WO 95/35026 bzw. WO 97/20936 beschrieben.

5

- 2) Transgene Pflanzen, die Nichtstärkekohlenhydratpolymere synthetisieren, oder Nichtstärkekohlenhydratpolymere, deren Eigenschaften im Vergleich zu Wildtyppflanzen ohne genetische Modifikation verändert sind. Beispiele sind Pflanzen, die Polyfructose, insbesondere des Inulin- und Levantyps, produzieren, wie dies in EP 10 0663956, WO 96/001904, WO 96/021023, WO 98/039460 und WO 99/024593 beschrieben ist, Pflanzen, die alpha-1,4-Glucane produzieren, wie dies in WO 95/031553, US 2002/031826, US 6,284,479, US 5,712,107, WO 97/047806, WO 97/047807, WO 97/047808 und WO 2000/14249 beschrieben ist, Pflanzen, die alpha-1,6-verzweigte alpha-1,4-Glucane produzieren, wie dies in WO 2000/73422 15 beschrieben ist, und Pflanzen, die Alternan produzieren, wie dies in WO 2000/047727, EP 06077301.7, US 5,908,975 und EP 0728213 beschrieben ist.

- 3) Transgene Pflanzen, die Hyaluronan produzieren, wie dies zum Beispiel in WO 06/032538, WO 2007/039314, WO 2007/039315, WO 2007/039316, JP 2006/304779 20 und WO 2005/012529 beschrieben ist.

Pflanzen oder Pflanzensorten (die nach Methoden der pflanzlichen Biotechnologie, wie der Gentechnik, erhalten wurden), die ebenfalls im erfindungsgemäßen Verfahren Anwendung finden können, sind Pflanzen wie Baumwollpflanzen mit veränderten 25 Fasereigenschaften. Solche Pflanzen können durch genetische Transformation oder durch Selektion von Pflanzen, die eine Mutation enthalten, die solche veränderten Fasereigenschaften verleiht, erhalten werden; dazu zählen:

- a) Pflanzen wie Baumwollpflanzen, die eine veränderte Form von 30 Cellulosesynthasegenen enthalten, wie dies in WO 98/000549 beschrieben ist,

- b) Pflanzen wie Baumwollpflanzen, die eine veränderte Form von rsw2- oder rsw3-homologen Nukleinsäuren enthalten, wie dies in WO 2004/053219 beschrieben ist;

c) Pflanzen wie Baumwollpflanzen mit einer erhöhten Expression der Saccharosephosphatsynthase, wie dies in WO 2001/017333 beschrieben ist;

5 d) Pflanzen wie Baumwollpflanzen mit einer erhöhten Expression der Saccharosesynthase, wie dies in WO 02/45485 beschrieben ist;

e) Pflanzen wie Baumwollpflanzen bei denen der Zeitpunkt der Durchlaßsteuerung der Plasmodesmen an der Basis der Faserzelle verändert ist, z. B. durch Herunterregulieren der faserselektiven β -1,3-Glucanase, wie dies in WO 2005/017157
10 beschrieben ist;

f) Pflanzen wie Baumwollpflanzen mit Fasern mit veränderter Reaktivität, z. B. durch Expression des N-Acetylglucosamintransferasegens, darunter auch nodC, und von Chitinsynthasegenen, wie dies in WO 2006/136351 beschrieben ist.

15

Pflanzen oder Pflanzensorten (die nach Methoden der pflanzlichen Biotechnologie, wie der Gentechnik, erhalten wurden), die ebenfalls im erfindungsgemäßen Verfahren Anwendung finden können, sind Pflanzen wie Raps oder verwandte Brassica-Pflanzen mit veränderten Eigenschaften der Ölzusammensetzung. Solche Pflanzen können
20 durch genetische Transformation oder durch Selektion von Pflanzen, die eine Mutation enthalten, die solche veränderten Öleigenschaften verleiht, erhalten werden; dazu zählen:

a) Pflanzen wie Rapspflanzen, die Öl mit einem hohen Ölsäuregehalt produzieren, wie
25 dies zum Beispiel in US 5,969,169, US 5,840,946 oder US 6,323,392 oder US 6,063,947 beschrieben ist;

b) Pflanzen wie Rapspflanzen, die Öl mit einem niedrigen Linolensäuregehalt produzieren, wie dies in US 6,270,828, US 6,169,190 oder US 5,965,755 beschrieben
30 ist.

c) Pflanzen wie Rapspflanzen, die Öl mit einem niedrigen gesättigten Fettsäuregehalt produzieren, wie dies z. B. in US 5,434,283 beschrieben ist.

Besonders nützliche transgene Pflanzen, die im erfindungsgemäßen Verfahren Anwendung finden können, sind Pflanzen, die Transformations-Events, oder eine Kombination von Transformations-Events, enthalten und die zum Beispiel in den Dateien von verschiedenen nationalen oder regionalen Behörden angeführt sind.

5

Besonders nützliche transgene Pflanzen, die im erfindungsgemäßen Verfahren Anwendung finden können, sind beispielhaft Pflanzen mit einem oder mehreren Genen, die für ein oder mehrere Toxine kodieren, sind die transgenen Pflanzen, die unter den folgenden Handelsbezeichnungen angeboten werden: YIELD GARD® (zum Beispiel Mais, Baumwolle, Sojabohnen), KnockOut® (zum Beispiel Mais), BiteGard® (zum Beispiel Mais), BT-Xtra® (zum Beispiel Mais), StarLink® (zum Beispiel Mais), Bollgard® (Baumwolle), Nucotn® (Baumwolle), Nucotn 33B® (Baumwolle), NatureGard® (zum Beispiel Mais), Protecta® und NewLeaf® (Kartoffel). Herbizidtolerante Pflanzen, die zu erwähnen sind, sind zum Beispiel Maissorten, Baumwollsorten und Sojabohnensorten, die unter den folgenden Handelsbezeichnungen angeboten werden: Roundup Ready® (Glyphosatetoleranz, zum Beispiel Mais, Baumwolle, Sojabohne), Liberty Link® (Phosphinotricintoleranz, zum Beispiel Raps), IMI® (Imidazolinontoleranz) und SCS® (Sylfonylharnstofftoleranz), zum Beispiel Mais. Zu den herbizidresistenten Pflanzen (traditionell auf Herbizidtoleranz gezüchtete Pflanzen), die zu erwähnen sind, zählen die unter der Bezeichnung Clearfield® angebotenen Sorten (zum Beispiel Mais).

10

15

20

25

Behandlung der Pflanzen und/oder ihrer Früchte

Besonders bevorzugt werden die Pflanzen und/oder ihre Früchte im erfindungsgemäßen Verfahren mit der die Interaktion hemmenden Verbindung zur Beeinflussung ihres Reifungsprozesses, ihres Seneszenzprozesses und/oder ihrer Stresstoleranz behandelt. Dabei schließt der Begriff "Behandlung" alle Maßnahmen ein, die zu einem Kontakt zwischen diesen Wirkstoffen und mindestens einem Pflanzen- beziehungsweise Fruchtteil führen.

Die erfindungsgemäßen die Interaktion hemmende Verbindung kann auf verschiedene Art formuliert werden, je nachdem welche biologischen und/oder chemisch physikalischen Parameter vorgegeben sind. Als Formulierungsmöglichkeiten kommen

beispielsweise in Frage: Spritzpulver (WP), wasserlösliche Pulver (SP), wasserlösliche Konzentrate, emulgierbare Konzentrate (EC), Emulsionen (EW), wie Öl in Wasser und Wasser in Öl Emulsionen, versprühbare Lösungen, Suspensionskonzentrate (SC), Dispersionen auf Öl oder Wasserbasis, ölmischbare Lösungen, Kapselsuspensionen (CS), Stäubemittel (DP), Beizmittel, Granulate für die Streuapplikation, Granulate (GR) in Form von Mikro , Sprüh , Aufzugs und Adsorptionsgranulaten, wasserdispergierbare Granulate (WG), wasserlösliche Granulate (SG), ULV Formulierungen, Mikrokapseln und Wachse.

- 10 Diese einzelnen Formulierungstypen sind im Prinzip bekannt und werden beispielsweise beschrieben in: Winnacker Küchler, "Chemische Technologie", Band 7, C. Hanser Verlag München, 4. Aufl. 1986; Wade van Valkenburg, "Pesticide Formulations", Marcel Dekker, N.Y., 1973; K. Martens, "Spray Drying" Handbook, 3rd Ed. 1979, G. Goodwin Ltd. London.

15

Die notwendigen Formulierungshilfsmittel wie Inertmaterialien, Tenside, Lösungsmittel, Hilfsstoffe und weitere Zusatzstoffe sind ebenfalls bekannt und werden beispielsweise beschrieben in: Watkins, "Handbook of Insecticide Dust Diluents and Carriers", 2nd Ed., Darland Books, Caldwell N.J., H.v. Olphen, "Introduction to Clay Colloid Chemistry"; 2nd Ed., J. Wiley & Sons, N.Y.; C. Marsden, "Solvents Guide"; 2nd Ed., Interscience, N.Y. 1963; McCutcheon's "Detergents and Emulsifiers Annual", MC Publ. Corp., Ridgewood N.J.; Sisley and Wood, "Encyclopedia of Surface Active Agents", Chem. Publ. Co. Inc., N.Y. 1964; Schönfeldt, "Grenzflächenaktive Äthylenoxidaddukte", Wiss. Verlagsgesell., Stuttgart 1976; Winnacker Küchler, 20 "Chemische Technologie", Band 7, C. Hanser Verlag München, 4. Aufl. 1986.

25

Spritzpulver sind in Wasser gleichmäßig dispergierbare Präparate, die neben der die Interaktion hemmenden Verbindung außer einem Verdünnungs- oder Inertstoff noch Tenside ionischer und/oder nichtionischer Art (Netzmittel, Dispergiermittel), z.B. polyoxyethylierte Alkylphenole, polyoxethylierte Fettalkohole, polyoxethylierte Fettamine, Fettalkoholpolyglykolethersulfate, Alkansulfonate, Alkylbenzolsulfonate, ligninsulfonsaures Natrium, 2,2' dinaphthylmethan 6,6' disulfonsaures Natrium, dibutyl-naphthalin sulfonsaures Natrium oder auch oleoymethyltaurinsaures Natrium enthalten. Zur Herstellung der Spritzpulver werden die die Interaktion hemmenden

30

Verbindungen beispielsweise in üblichen Apparaturen wie Hammermühlen, Gebläsemühlen und Luftstrahlmühlen feingemahlen und gleichzeitig oder anschließend mit den Formulierungshilfsmitteln vermischt.

- 5 Stäubemittel erhält man durch Vermahlen der die Interaktion hemmenden Verbindung mit fein verteilten festen Stoffen, z.B. Talkum, natürlichen Tonen, wie Kaolin, Bentonit und Pyrophyllit, oder Diatomeenerde.

- Suspensionskonzentrate können auf Wasser oder Ölbasis sein. Sie können
10 beispielsweise durch Nass Vermahlung mittels handelsüblicher Perlmühlen und gegebenenfalls Zusatz von Tensiden, wie sie z.B. oben bei den anderen Formulierungstypen bereits aufgeführt sind, hergestellt werden.

- Emulsionen, z.B. Öl in Wasser Emulsionen (EW), lassen sich beispielsweise mittels
15 Rührern, Kolloidmühlen und/oder statischen Mischern unter Verwendung von wäßrigen organischen Lösungsmitteln und gegebenenfalls Tensiden, wie sie z.B. oben bei den anderen Formulierungstypen bereits aufgeführt sind, herstellen.

- Granulate können entweder durch Verdüsen der die Interaktion hemmenden
20 Verbindung auf adsorptionsfähiges, granuliertes Inertmaterial hergestellt werden oder durch Aufbringen von Konzentraten mittels Klebemitteln, z.B. Polyvinylalkohol, polyacrylsaurem Natrium oder auch Mineralölen, auf die Oberfläche von Trägerstoffen wie Sand, Kaolinite oder von granuliertem Inertmaterial.

- 25 Wasserdispergierbare Granulate werden in der Regel nach den üblichen Verfahren wie Sprühtrocknung, Wirbelbett Granulierung, Teller Granulierung, Mischung mit Hochgeschwindigkeitsmischern und Extrusion ohne festes Inertmaterial hergestellt.

- Zur Herstellung von Teller , Fließbett , Extruder und Sprühgranulate siehe z.B.
30 Verfahren in "Spray Drying Handbook" 3rd ed. 1979, G. Goodwin Ltd., London; J.E. Browning, "Agglomeration", Chemical and Engineering 1967, Seiten 147 ff; "Perry's Chemical Engineer's Handbook", 5th Ed., McGraw Hill, New York 1973, S. 8 57.

Die erfindungsgemäßen Zubereitungen enthalten in der Regel 0.1 bis 99 Gew. %, insbesondere 0.1 bis 95 Gew. der die Interaktion hemmenden Verbindung. In Spritzpulvern beträgt die Konzentration z.B. etwa 10 bis 90 Gew. %, der Rest zu 100 Gew. % besteht aus üblichen Formulierungsbestandteilen. Bei emulgierbaren

5 Konzentraten kann die Konzentration der die Interaktion hemmenden Verbindung etwa 1 bis 90, vorzugsweise 5 bis 80 Gew. % betragen. Staubförmige Formulierungen enthalten 1 bis 30 Gew. % der die Interaktion hemmenden Verbindung, vorzugsweise meistens 5 bis 20 Gew. % der die Interaktion hemmenden Verbindung, versprühbare Lösungen enthalten etwa 0.05 bis 80, vorzugsweise 2 bis 50 Gew. % der die

10 Interaktion hemmenden Verbindung. Bei wasserdispergierbaren Granulaten hängt der Gehalt der die Interaktion hemmenden Verbindung zum Teil davon ab, ob die wirksame Verbindung flüssig oder fest vorliegt und welche Granulierhilfsmittel, Füllstoffe usw. verwendet werden. Bei den in Wasser dispergierbaren Granulaten liegt der Gehalt an der die Interaktion hemmenden Verbindung beispielsweise zwischen 1

15 und 95 Gew. %, vorzugsweise zwischen 10 und 80 Gew. %.

Daneben enthalten die genannten Formulierungen gegebenenfalls die jeweils üblichen Haft , Netz , Dispergier , Emulgier , Penetrations , Konservierungs , Frostschutz und Lösungsmittel, Füll , Träger und Farbstoffe, Entschäumer, Verdunstungshemmer und

20 den pH Wert und die Viskosität beeinflussende Mittel.

In einer bevorzugten Ausführungsform wird die die Interaktion hemmende Verbindung, in Form einer wässrigen Lösung in die Pflanzen und/oder Früchte auf die Oberfläche der Pflanzen und/oder Früchte aufgetragen.

25

Weiterhin bevorzugt wird die die Interaktion hemmende Verbindung auf die Oberfläche der Pflanzen und/oder Früchte aufgesprüht oder aufgetragen wird oder dass die Pflanzen und/oder Früchte in der wässrigen Lösung der die Interaktion hemmenden Verbindung eingetaucht. Besonders bevorzugt wird dabei die die Interaktion

30 hemmende Verbindung in Form einer wässrigen Lösung verwendet.

Die vorliegende Erfindung betrifft daher darüber hinaus auch eine Sprühformulierung der die Interaktion hemmenden Verbindung zur Beeinflussung des Reifungsprozesses,

des Seneszenzprozesses und/oder der Stresstoleranz von Pflanzen und/oder ihrer Früchte. Im Folgenden wird eine Sprühformulierung näher beschrieben:

Die Formulierungen zur Sprühapplikation werden in bekannter Weise hergestellt, z.B.
5 durch Vermischen der erfindungsgemäß zu verwendenden, die Interaktion hemmenden Verbindung mit Streckmitteln, also flüssigen Lösungsmitteln und/oder festen Trägerstoffen, gegebenenfalls unter Verwendung von oberflächenaktiven Mitteln, also Emulgiermitteln und/oder Dispergiermitteln und/oder schaum erzeugenden Mitteln. Weitere übliche Zusatzstoffe, wie zum Beispiel übliche Streckmittel sowie
10 Lösungs- oder Verdünnungsmittel, Farbstoffe, Netzmittel, Dispergiermittel, Emulgatoren, Entschäumer, Konservierungsmittel, sekundäre Verdickungsmittel, Kleber, Gibberelline und auch Wasser, können gegebenenfalls auch verwendet werden. Die Herstellung der Formulierungen erfolgt entweder in geeigneten Anlagen oder auch vor oder während der Anwendung.

15

Als Hilfsstoffe können solche Stoffe Verwendung finden, die geeignet sind, dem Mittel selbst oder und/oder davon abgeleitete Zubereitungen (z.B. Spritzbrühen) besondere Eigenschaften zu verleihen, wie bestimmte technische Eigenschaften und/oder auch besondere biologische Eigenschaften. Als typische Hilfsmittel kommen in Frage:

20

Streckmittel, Lösemittel und Trägerstoffe.

Als Streckmittel eignet sich insbesondere Wasser. Als Netzmittel, die in den erfindungsgemäß verwendbaren Formulierungen enthalten sein können, kommen alle zur Formulierung von agrochemischen Wirkstoffen üblichen, die Benetzung fördernden
25 Stoffe in Frage. Vorzugsweise verwendbar sind Alkyl-naphthalin-Sulfonate, wie Diisopropyl- oder Diisobutyl-naphthalin-Sulfonate.

30

Als Dispergiermittel und/oder Emulgatoren, die in den erfindungsgemäß verwendbaren Formulierungen enthalten sein können, kommen alle zur Formulierung von agrochemischen Wirkstoffen üblichen nichtionischen, anionischen und kationischen Dispergiermittel in Betracht. Vorzugsweise verwendbar sind nichtionische oder anionische Dispergiermittel oder Gemische von nichtionischen oder anionischen Dispergiermitteln. Als geeignete nichtionische Dispergiermittel sind insbesondere Ethylenoxid-Propylenoxid-Blockpolymere, Alkylphenolpolyglykoether sowie Tristyrylphenol-

polyglykoether und deren phosphatierte oder sulfatierte Derivate zu nennen. Geeignete anionische Dispergiermittel sind insbesondere Ligninsulfonate, Polyacrylsäuresalze und Arylsulfonat-Formaldehydkondensate.

- 5 Als Entschäumer können in den erfindungsgemäß verwendbaren Formulierungen alle zur Formulierung von agrochemischen Wirkstoffen üblichen schaumhemmenden Stoffe enthalten sein. Vorzugsweise verwendbar sind Silikonentschäumer und Magnesium-stearat.
- 10 Als Konservierungsmittel können in den erfindungsgemäß verwendbaren Formulierungen alle für derartige Zwecke in agrochemischen Mitteln einsetzbaren Stoffe vorhanden sein.
- Als sekundäre Verdickungsmittel, die in den erfindungsgemäß verwendbaren Formu-
15 lierungen enthalten sein können, kommen alle für derartige Zwecke in agrochemischen Mitteln einsetzbaren Stoffe in Frage. Vorzugsweise in Betracht kommen Cellulose-derivate, Acrylsäurederivate, Xanthan, modifizierte Tone und hochdisperse Kieselsäure.
- 20 Als Kleber, die in den erfindungsgemäß verwendbaren Formulierungen enthalten sein können, kommen alle üblichen in Beizmitteln einsetzbaren Bindemittel in Frage. Vorzugsweise genannt seien Polyvinylpyrrolidon, Polyvinylacetat, Polyvinylalkohol und Tylose.
- 25 Weitere Additive können Duftstoffe, mineralische oder vegetabilische gegebenenfalls modifizierte Öle, Wachse und Nährstoffe (auch Spurennährstoffe), wie Salze von Eisen, Mangan, Bor, Kupfer, Kobalt, Molybdän und Zink sein. Weiterhin enthalten sein können Stabilisatoren wie Kältestabilisatoren, Oxidationsschutzmittel, Lichtschutzmittel oder andere die chemische und / oder physikalische Stabilität verbessernde Mittel.
- 30 Die Formulierungen enthalten im Allgemeinen zwischen 0,01 und 98 Gew.-%, vorzugsweise zwischen 0,5 und 90 %, der die Interaktion hemmenden Verbindung.

In einem weiteren Aspekt der vorliegenden Erfindung wird ein Mittel zur Beeinflussung des Reifungsprozesses, des Seneszenzprozesses und/oder der Stresstoleranz von Pflanzen und/oder ihrer Früchte bereitgestellt, welches mindestens eine Verbindung umfasst, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus einem Peptid, einem

5 Peptidmimetikum, einem Aptamer, einem Antikörper und/oder seiner Fragmente, dadurch gekennzeichnet, dass das Peptid oder der Antikörper und/oder dessen Fragmente eine Aminosäuresequenz umfasst, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 1, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 2, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, einer

10 Permutation einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, einem Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, dass das

15 Peptidmimetikum mindestens eine am Peptidrückgrat modifizierte Aminosäuresequenz umfasst, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 1, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 2, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, einer Permutation einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, einem Teil einer der

20 Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3 oder dass das Aptamer auf Basis der Zielstruktur eines Peptids hergestellt wird, wobei das Peptid ausgewählt

25 wird, aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 1, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 2, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, einer Permutation einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, einem Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 1 bis

30 SEQ ID NO: 3 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3. Dabei sind Verbindungen ausgenommen, bei denen das Peptid und/oder der Antikörper und/oder dessen Fragmente eine Aminosäuresequenz der SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 101 oder SEQ ID NO: 102, und/oder einen Teil einer der

Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 98 bis SEQ ID NO: 102, welcher mindestens 6 der in SEQ ID NO: 98 bis SEQ ID NO: 102 genannten Aminosäuren umfasst und/oder eine Derivat der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 98 bis 102 umfasst und/oder bei denen ein Peptidmimetikum aus einer am Peptidrückgrat modifizierten

- 5 Aminosäuresequenz besteht, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 101 und SEQ ID NO: 102, und/oder bei denen ein Aptamer auf Basis der Zielstruktur eines Peptids hergestellt wird, wobei das Peptid ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 100 SEQ ID NO: 101 und SEQ ID NO:
10 102.

- Ebenso wird ein Mittel zur Beeinflussung des Reifungsprozesses, des Seneszenzprozesses und/oder der Stresstoleranz von Pflanzen und/oder ihrer Früchte bereitgestellt umfassend mindestens eine Verbindung, welche ausgewählt wird aus
15 der Gruppe, bestehend aus einem Peptid, einem Peptidmimetikum, einem Aptamer, einem Antikörper und/oder seiner Fragmente, dadurch gekennzeichnet, dass das Peptid oder der Antikörper und/oder dessen Fragmente die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, einen Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 102
20 genannten Aminosäuren umfasst, oder ein Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103 umfasst, dass das Peptidmimetikum die am Peptidrückgrat modifizierte Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, einen Teil einer am Peptidrückgrat modifizierten Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 103 genannten
25 Aminosäuren umfasst, oder ein Derivat einer am Peptidrückgrat modifizierten Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103 umfasst oder dass das Aptamer auf Basis der Zielstruktur eines Peptids hergestellt wird, wobei das Peptid ausgewählt wird, aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, einem Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 103, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders
30 bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 103 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, wobei, wenn die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103 an einer Position Alanin umfasst, keine der anderen Aminosäuren der SEQ ID NO: 103 Alanin ist.

Dieses Mittel kann auch die oben beschriebenen bevorzugten Ausgestaltungen der Verbindungen, welche ausgewählt werden aus der Gruppe, bestehend aus dem erfindungsgemäßen Peptid, dem erfindungsgemäßen Antikörper und/oder seiner Fragmente, dem erfindungsgemäßen Peptidmimetikum, dem erfindungsgemäßen Aptamer und Kombinationen dieser erfindungsgemäßen Verbindungen umfassen.

Dabei ist das Mittel insbesondere, dadurch gekennzeichnet, dass es die Interaktion des Proteins EIN2 (Ethylene Insensitive 2) oder eines orthologen Proteins davon mit dem Rezeptorprotein ETR1 (Ethylene resistant 1), seiner Isoformen ERS1, ETR2, ERS2, EIN4 oder homologen oder orthologen Proteinen davon durch die Interaktion mit einer Kontaktdomäne des Ethylenrezeptors ETR1 oder seiner Isoformen ERS1, ETR2, ERS2, EIN4 oder eines homologen oder orthologen Proteins davon hemmt.

In einer bevorzugten Ausführungsform umfasst das Mittel mindestens eine weitere Verbindung, welche dazu geeignet ist, den Reifungsprozess, den Seneszenzprozess und/oder der Stresstoleranz von Pflanzen und/oder ihrer Früchte zu beeinflussen. Dabei handelt es sich bevorzugt um einen Ethylenantagonisten.

In einer weiteren, bevorzugten Ausführungsform umfasst das Mittel zusätzlich mindestens ein Formulierungsmittel, welches ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus Inertmaterialien, Tensiden, Lösungsmitteln und Hilfsstoffen.

Bevorzugte Ausführungsformen

Ausführungsform 1: Verfahren zur Beeinflussung des Reifungsprozesses, des Seneszenzprozesses und/oder der Stresstoleranz von Pflanzen und/oder ihrer Früchte, dadurch gekennzeichnet, dass in den Pflanzen und/oder Früchten die Interaktion des Proteins EIN2 (Ethylene Insensitive 2) oder eines orthologen Proteins davon mit dem Rezeptorprotein ETR1 (Ethylene resistant 1) seiner Isoformen ERS1, ETR2, ERS2, EIN4 oder homologen oder orthologen Proteinen davon durch die Interaktion einer Verbindung, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus einem Peptid, einem Peptidmimetikum und Mischungen dieser Verbindungen mit einer Kontaktdomäne des Ethylenrezeptors ETR1 oder seiner Isoformen ERS1, ETR2, ERS2, EIN4 oder eines homologen oder orthologen Proteins davon gehemmt wird,

wobei die Kontaktdomäne diejenige ist, welche mit EIN2 oder einem orthologen Protein davon interagiert.

Beschreibung der Bilder

Figur 1: Darstellung von Spezies, welche ein zu ETR1 homologes Protein aufweisen teilweise mit Angabe des Grades der Übereinstimmung

5

Figur 2: Ergebnisse des Beispiels 1: Bestimmung der in vitro ETR1-EIN2 Interaktion auf Basis der Tryptophan-Fluoreszenz durch die Zugabe von NLSOP-1 (Peptid, welches in der Lage ist, mit der Kontaktdomäne des ETR1 zu interagieren) und ROP-1 (Peptid mit zufälliger Aminosäuresequenz, als Kontrolle)

10

Figur 3: Ergebnisse des Beispiels 2: Bestimmung der in planta FRET Effizienz eines GFP markierten EIN2 und mCherry markierten ETR1 unter Zugabe von NLSOP-1 (Peptid, welches in der Lage ist, mit der Kontaktdomäne des ETR1 zu interagieren) und ROP-1 (Peptid mit zufälliger Aminosäuresequenz, als Kontrolle)

15

Figur 4: Ergebnisse des Beispiels 3: der Bestimmung der Hypokotylllänge von Arabidopsis unter Verwendung von NLSOP-1 in unterschiedlichen Konzentrationen (Peptid, welches in der Lage ist, mit der Kontaktdomäne des ETR1 zu interagieren) und ROP-1 (Peptid mit zufälliger Aminosäuresequenz, Kontrolle); * bedeutet: $P < 0,005$ im Vergleich zur positiven Kontrolle (nur ACC)

20

Figur 5: Ergebnisse des Beispiels 5: Bestimmung der in vitro ETR1-EIN2 Interaktion auf Basis der FRET Effizienz eines Alexa Fluor 568 markierten EIN2⁴⁷⁹⁻¹²⁹⁷ und eines Alexa Fluor 488 markierten ETR1 unter Zugabe unterschiedlicher Peptide

25

Figur 6: Ergebnisse des Beispiels 6: Bestimmung der in vitro ETR1-EIN2 Interaktion auf Basis der FRET Effizienz eines Alexa Fluor 568 markierten EIN2⁴⁷⁹⁻¹²⁹⁷ und eines Alexa Fluor 488 markierten ETR1 unter Zugabe unterschiedlicher Sequenzvarianten des Peptids SEQ ID NO: 4

30

Figur 7: Ergebnisse des Beispiels 7: Bestimmung der in vitro ETR1-EIN2 Interaktion auf Basis der FRET Effizienz eines Alexa Fluor 568 markierten EIN2⁴⁷⁹⁻¹²⁹⁷ und eines Alexa Fluor 488 markierten ETR1 unter Zugabe unterschiedlicher Aptamervarianten des Peptids SEQ ID NO: 4

Figur 8: Darstellung des Homologiemodells nach 4f5x.pdb (vorhanden in RCSB Protein Data Bank) (siehe auch Tabelle 1)

5 Beispiele

Beispiel 1: In vitro Interaktionsstudie von EIN2 und ETR1

Zum Nachweis der Störung der Interaktion von EIN2 und ETR1 wurden zwei
10 unterschiedliche Peptide synthetisiert. Das Peptid, welches im Folgenden mit NLSOP-1 bezeichnet wird (nuclear localization signal octapeptide), umfasst einen Bereich, welcher zur Interaktion mit ETR1 geeignet ist. NLSOP-1 weist die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 4 auf, welche der Sequenz H₂N-LKRYKRRL-COOH entspricht. Das
zweite Peptid, welches im Folgenden als ROP-1 bezeichnet wird (random
15 octapeptide), beinhaltet eine zufällige Sequenz, welche bestimmt wurde durch ExPASy Random Protein Sequence Generator (<http://web.expasy.org/randseq>) und wurde als negative Kontrolle verwendet. ROP-1 weist die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 97 auf, welche der Sequenz H₂N-EFLYMSVN-COOH entspricht.

20 Die Synthese beider Peptide erfolgte durch Festphasenpeptidsynthese mit dem Gerät „Peptide Synthesizer 433A“ von Applied Biosystems.

Der Effekt dieser beiden Peptide auf die EIN2-ETR1 Interaktion wurde durch ein
quantitatives Verfahren, basierend auf der Fluoreszenz des Tryptophans, mit den
25 gereinigten, rekombinanten Proteinen untersucht. Hierbei werden von einem Protein, welches an der Interaktion beteiligt ist, alle endogenen Tryptophan-Reste entfernt. Durch die Zugabe von diesem tryptophanfreien Protein zum Wechselwirkungspartner wird dessen intrinsische Fluoreszenz lokal an der Stelle der Wechselwirkung
gequencht, da sich hier die Umgebung des Wechselwirkungspartners ändert. Dieses
30 Quenching kann genutzt werden, um die Stabilität der Wechselwirkung und die Dissoziationskonstante des Komplexes zu bestimmen.

Dieses Verfahren wie auch das Verfahren zur Herstellung des ETR1
Expressionsvektors wird in M. M. A. Bisson, A. Bleckmann, S. Allekotte, G. Groth,

EIN2, the central regulator of ethylene signalling, is localized at the ER membrane where it interacts with the ethylene receptor ETR1, Biochem J: 424, 1-6; 2009 und M. M. A. Bisson, G. Groth, New insight in ethylene signaling: autokinase activity of ETR1 modulates the interaction of receptors and EIN2, Molecular Plant: 5,882-889, 2010
5 beschrieben. Ebenso wird in erst genannter Publikation das Verfahren zur Expression und Aufreinigung des rekombinanten ETR1 in voller Länge (amino acid 1-738) und EIN2⁴⁷⁹⁻¹²⁹⁴ΔW, welches tryptophanfrei ist und den carboxyterminalen Bereich des Proteins aufweist (amino acid 479-1294), beschrieben. Beide rekombinanten Proteine wurden aus Arabidopsis thaliana isoliert, geklont und in Escherichia coli exprimiert.

10

Zu einer Mischung aus dem Protein ETR1 und entweder dem Peptid NLSOP-1 oder ROP-1 in jeweils unterschiedlichen Konzentrationen wurde das gereinigte tryptophanfreie EIN2⁴⁷⁹⁻¹²⁹⁴ΔW schrittweise titriert. Dabei wurde die Tryptophan-Fluoreszenz des ETR1 bei 348 nm mit einer Anregungswellenlänge von 295 nm
15 betrachtet. Die resultierende Quenchung der Fluoreszenz wurde gegen die Konzentration des entsprechenden Peptids aufgetragen und die Dissoziationskonstante mit dem Programm GraFit (Erithacus Software Ltd.) berechnet. Dabei wurde eine Kurvenanpassung verwendet, welche das Model zu Grunde legte, dass eine einzige Bindungsstelle pro Wechselwirkungspartner vorhanden ist. Die in
20 Figur 2 angegebenen Dissoziationskonstanten wurden durch drei unabhängige Messungen bestimmt und die Fehlerbalken zeigen die Standardabweichung dieser drei Messungen.

In Figur 2 ist die Dissoziationskonstante des Komplexes EIN2⁴⁷⁹⁻¹²⁹⁴ΔW mit ETR1 in
25 Abhängigkeit von der Konzentration der Peptide NLSOP-1 und ROP-1 gezeigt. Es ist zu sehen, dass ROP-1 selbst bei hohen Konzentrationen des Peptids nahezu keinen Effekt auf die Dissoziationskonstante des Komplexes ausübt. Im Gegensatz dazu, ist eine stark ausgeprägte Reduzierung der Affinität von ETR1 zu EIN2 unter Verwendung von NLSOP-1 zu beobachten. Die Inhibierung der EIN2-ETR1 Komplexbildung ist
30 proportional zur NLSOP-1 Konzentration. Die Dissoziationskonstanten werden vervierfacht bei 10 μM NSLOP-1 und verdreißigfacht bei 200 μM NLSOP-1, wodurch eine kompetitive Verdrängung des EIN2 durch NLSOP-1 nahegelegt wird.

Diese Ergebnisse zeigen, dass durch die Interaktion einer Verbindung, welche mit der Kontaktdomäne des ETR1 interagieren kann (NLSOP-1), die Interaktion des ETR1 mit EIN2 gehemmt wird.

5 Beispiel 2: In planta Interaktionsstudie von EIN2 und ETR1

Hierzu wurden die Peptide, welche in Beispiel 1 näher beschrieben wurden, verwendet. Die Interaktion eines GFP-markierten EIN2 als Donor und einem mCherry-markierten ETR1 (siehe Shaner, Nathan C; Campbell, Robert E; Steinbach, Paul A; Giepmans, Ben N G; Palmer, Amy E; Tsien, Roger Y (2004). "Improved monomeric red, orange and yellow fluorescent proteins derived from *Discosoma* sp. Red fluorescent protein". *Nature Biotechnology* 22 (12): 1567–72) als Akzeptor wurde über den Fluoreszenz-Resonanz-Energie-Transfer (FRET) mittels konfokalen Mikroskops gemessen. Dabei wurde das Akzeptorfluorophor an das C-terminale Ende des EIN2 gebunden und der Donor an das C-terminale Ende des ETR1. Die transiente Expression in Epidermiszellen der Blätter von *Nicotiana benthamiana* wurde verfolgt, wie in M. M. A. Bisson, A. Bleckmann, S. Allekotte, G. Groth, EIN2, the central regulator of ethylene signalling, is localized at the ER membrane where it interacts with the ethylene receptor ETR1, *Biochem J*: 424, 1-6; 2009 und M. M. A. Bisson, G. Groth, New insight in ethylene signaling: autokinase activity of ETR1 modulates the interaction of receptors and EIN2, *Molecular Plant*: 5,882-889, 2010 beschrieben. Die Blätter wurden 1 h bevor mit der Messung begonnen wurde mit 100 µM NLSOP-1 oder 100 µM ROP-1 inkubiert. Ein Tandemkonstrukt von GFP und mCherry an EIN2 (Δ SEQ ID NO: 4) (d. h. ein EIN2, welches die SEQ ID NO: 4 nicht aufweist) wurde als positive Kontrolle verwendet. Die Ergebnisse stellen Mittelwerte mit Standardabweichungen, wobei n = 15 Zellen war, dar.

Die Ergebnisse der FRET Studie sind in Figur 3 gezeigt. Die FRET Effizienz zwischen EIN2 und ETR1, welche in Anwesenheit von ROP-1 erhalten wird, beträgt $12,0 \pm 2,1$ %. Sie ähnelt damit dem Wert der positiven Kontrolle (16.9 %) und dem Wert, welcher in Abwesenheit eines Peptids erhalten wird. Damit weist ROP-1 nahezu keinen Effekt auf die EIN2-ETR1 Komplexbildung auf. Im Gegensatz dazu wird der Energietransfer auf $2,2 \pm 1,0$ % reduziert, wenn NLSOP-1 verwendet wird. Dieser Wert ist nur unwesentlich über dem Wert des Hintergrundrauschens (1,9 %).

Diese Ergebnisse zeigen, dass durch die Interaktion einer Verbindung, welche mit der Kontaktdomäne des ETR1 interagieren kann (NLSOP-1), die Interaktion des ETR1 mit EIN2 auch in planta gehemmt wird.

5

Beispiel 3: Hemmung der Ethylenantwort in Arabidopsis

Zur Bestimmung der Ethylenantwort in lebenden Pflanzen wurde die Dreifachantwort von im Dunkeln aufgezogenen Arabidopsis thaliana untersucht. Dazu wurden
10 Wildtyppflanzen von Arabidopsis thaliana (Ökotyp Columbia) verwendet, wie sie in M. M. A. Bisson, G. Groth, New insight in ethylene signaling: autokinase activity of ETR1 modulates the interaction of receptors and EIN2, Molecular Plant: 5,882-889, 2010 beschrieben sind. Die Peptide des Beispiels 1 wurden zum Agar in unterschiedlichen Konzentrationen gegeben, bevor die Samen gepflanzt wurden. Als Ethylenprecursor
15 wurde 1-Aminocyclopropan-1-carboxylsäure (ACC) verwendet. Das Hypokotylwachstum der Pflanzen wurde bestimmt als ein charakteristisches Merkmal der Dreifachantwort. Dazu wurde die Hypokotyllänge einer Pflanze, welche in Abwesenheit von ACC wuchs auf 100 % gesetzt (negative Kontrolle; erste Spalte von links in Figur 4, bezeichnet mit „Air“) und alle anderen gemessenen Längen auf diese
20 Länge bezogen. Die Ergebnisse werden als Mittelwert von 40 Messungen mit Standardabweichung in Figur 4 dargestellt.

Die maximale Dreifachantwort wurde bei Pflanzen, welche in Anwesenheit von ACC gezogen wurden, beobachtet, welche als positive Kontrolle gesetzt wurde (zweiter
25 Balken von links in Figur 4, bezeichnet mit „ACC“). Die Pflanzen, welche mit ansteigender Konzentration von NLSOP-1 und ACC behandelt wurden, zeigten eine inhibierte Ethylenantwort (Balken 3 bis 8 von links in Figur 4, wobei die Konzentration an NLSOP-1 jeweils angegeben ist). Der Grad der Inhibierung korreliert mit der Konzentration des angewendeten NLSOP-1. Die Länge des Hypokotyls einer Pflanze,
30 welche in Anwesenheit von 200 µM ROP-1 und ACC gezogen wurde, entspricht der positiven Kontrolle (Balken 9 von links in Figur 4).

Die Ergebnisse zeigen, dass unter Verwendung des Proteins NLSOP-1 die Dreifachantwort inhibiert werden konnte.

Beispiel 4: Hemmung der Ethylenantwort in Tomaten

Der Einfluss des in Beispiel 1 beschriebenen Peptids NLSOP-1 auf die Hemmung der
5 Ethylenantwort wurde an Hand der Reifung von Tomaten untersucht. Dazu wurden
grüne, unreife Tomaten durch zwei verschiedene Behandlungsmethoden mit dem
Peptid inkubiert. Die behandelten Tomaten und auch unbehandelte Kontrolltomaten
wurden in Probenröhrchen, welche mit einer Alufolie verschlossen wurden, bis zu 20
10 Tage bei Raumtemperatur in einem fensterlosen, dunklen Raum gelagert. Der
Reifungsprozess wurde zu unterschiedlichen Zeitpunkten mit einer Digitalkamera
dokumentiert.

Zur Applikation von NLSOP-1 auf die Tomaten wurden die folgenden Verfahren
verwendet:

15

Applikation 1: Oberflächenbehandlung

Eine Tomate wurde mit Hilfe eines Pinsels mit einer 200 μ M NLSOP-1-Lösung (gelöst
in Reinstwasser) einmalig bestrichen.

20

Applikation 2: Inkubation

Eine Tomate wurde etwa 30 Minuten in eine 200 μ M NLSOP-1-Lösung (gelöst in
Reinstwasser) eingetaucht.

25

Es wurden insgesamt zwei Messreihen durchgeführt. Die visuell ermittelten
Ergebnisse einer Messreihe (Farbe der Tomaten) mit den unterschiedlichen
Applikationsarten zu unterschiedlichen Zeitpunkten wurden gemittelt und diese
Ergebnisse können wie folgt zusammengefasst werden (visuelle Beschreibung der
30 Farbe der Tomate; Skala von grün über gelb bis rot, wobei rot eine reife Tomate
darstellt):

Tabelle 5: Ergebnisse der visuellen Beschreibung der Farbe der behandelten Tomaten

Inkubationszeit in Tagen nach der Inkubation	Applikation 1 NLSOP-1	Applikation 2 NLSOP-1	Kontrolle Kein NLSOP- 1
0	grün	grün	grün
5	grün	grün	grün bis gelb
10	grün	grün	gelb bis hellrot
15	grün	grün	rot
20	hellgelb	gelb	rot

Diese Ergebnisse zeigen, dass durch die Applikation des Peptids NLSOP-1 bei jeder Art der Applikation die Reifung der Tomaten verzögert werden kann. Dabei ist insbesondere die äußerliche Behandlung der Tomate (Applikation 1) vorteilhaft.

Beispiel 5: In vitro Interaktionsstudie von EIN2 und ETR1 – unterschiedliche Peptide

Zum Nachweis der Störung der Interaktion von EIN2 und ETR1 wurden zusätzlich zum Beispiel 1 weitere Peptide synthetisiert, welche einen Bereich umfassen, der zur Interaktion mit ETR1 geeignet ist.

Die folgende Tabelle fasst die Daten der synthetisierten Peptide zusammen:

Tabelle 6: in Beispiel 5 verwendete Peptide

Name	Sequenz	SEQ ID NO:	Anzahl Aminosäure n	Mw (g/mol)	GRAV Y	Iso- elektrischer Punkt (pH)
RKIOP*-1	H ₂ N- LRKYRKKL- COOH	102	8	1105	-1,800	11,17
SHOP* ² -1	H ₂ N- LHRYHRRL- COOH	114	8	1150,5	-1,700	11,71
SHOP-2	H ₂ N- LRHYKHHL- COOH	115	8	1103,7	-1,462	9,99
YSOP* ³ -1	H ₂ N- LKRKKRRL-	110	8	1098,5	-2,200	12,31

	COOH					
YSOP-2	H ₂ N- LKRKFRRRL- COOH	113	8	1116,8	-1,363	12,31
YSOP-3	H ₂ N- LKRKNRRL- COOH	109	8	1084,4	-2,150	12,31
YSOP-4	H ₂ N- LKRLSRRL- COOH	100	8	1041,7	-0,850	12,3
YSOP-5	H ₂ N- LKRKLRRRL- COOH	112	8	1083,4	-1,238	12,31
YSOP-6	H ₂ N- LKRKTRRL- COOH	99	8	1070,7	-1,800	12,31
YSOP-7	H ₂ N- LKRRKRRL- COOH	101	8	1126,1	-2,275	12,48
AOP* ⁴ -1	H ₂ N- LDEYDEEL- COOH	98	8	1025,5	-1,400	3,39
NLSOP* ⁵ /NOP -1	H ₂ N- LKRYKRRL- COOH	4	8	1131,8	-1,875	11,73
NLSOP/NOP-2	H ₂ N- LKVYKRRL- COOH	111	8	1075,6	-0,787	11,1
NLSHP* ⁶ /NHP- 1	H ₂ N- KRYKRR- COOH	116	6	906,6	-3,767	11,73

* **R-K-Inversion-Octapeptide**

*² **Substitution-against-H-Octapeptide**

*³ **Y-Substitution-Octapeptide**

*⁴ **acidic Octapeptide**

5 *⁵ **nuclear localization signal Octapeptide**

*⁶ **nuclear localization signal Hexapeptide**

Die Synthese der Peptide erfolgte durch Festphasenpeptidsynthese (Fmoc-Strategie) und wurden kommerziell von Thermo Scientific (Deutschland) erworben. .

10

Wie in Voet van Vormizeele J & Groth G (2003) Heterologous expression and single-step purification of the ethylene receptor protein ETR1 from *Arabidopsis thaliana*. Protein Expr. Purif. 32; 89-94 und Scharein B, Voet van Vormizeele J & Groth G (2008) Ethylene signaling: identification of a putative ETR1-AHP1 phosphorelay

complex by fluorescence spectroscopy. Anal. Biochem. 377; 72-76 beschrieben, wurde rekombinantes ETR1 (in voller Länge) aus *Arabidopsis thaliana* isoliert, geklont, in *Escherichia coli* heterolog exprimiert und isoliert. Ebenso wurde rekombinantes EIN2⁴⁷⁹⁻¹²⁹⁴, welches den carboxyterminalen Bereich des Proteins aufweist (amino acid 479-1294) gemäß Bisson MMA, Bleckmann A, Allekotte S & Groth G (2009) EIN2, the central regulator of ethylene signaling, is localized at the ER membrane where it interacts with ethylene receptor ETR1. Biochem. J. 424; 1-6 aus *Arabidopsis thaliana* isoliert, geklont, in *Escherichia coli* heterolog exprimiert und isoliert.

- 10 Das ETR1 Protein wurden mit Alexa Fluor 488 als Donorfarbstoff und das EIN2⁴⁷⁹⁻¹²⁹⁴ mit Alexa Fluor 568 als Akzeptorfarbstoff markiert (beide Farbstoffe sind kommerziell von Molecular Probes, Inc. erhältlich und dem Fachmann bekannt). Die Proteinmarkierung wurde in einem Puffersystem gemäß den Angaben des Herstellers durchgeführt (50 mM Kaliumphosphat pH 8,0; 300 mM NaCl; 0,1 % β -Dodecylmaltosid; 15 0,002 % PMSF).

Im Anschluss wurde der Grad der Markierung (DOL; degree of labeling) photometrisch berechnet. Die markierten Proteine wurden für den folgenden FRET-Test verwendet, wenn ein Protein:Farbstoff-Verhältnis von 1:1 erreicht wurde.

- 20 Die markierten ETR1 und EIN2⁴⁷⁹⁻¹²⁹⁴ Proteine wurden zu einem funktionalen Proteinkomplex vermischt. Die Proteinkomplexlösung wurde in eine weiße 384 Mikrotiterplatte gegeben und die Fluoreszenz wurde unter Verwendung eines Infinite M200pro Mikrotiterplattenlesers (Tecan Deutschland GmbH, Crailsheim, Deutschland) bestimmt. Die Donorfluoreszenz wurde bei 455 nm angeregt und die Akzeptoremission 25 wurde bei einer Wellenlänge zwischen 570 nm und 650 nm gemessen. Die Bildung des ETR1-EIN2-Komplexes führte zu einem Förster-Transfer zwischen dem Donor- und dem Akzeptorfarbstoff. Dadurch konnte eine gesteigerte Akzeptoremission beobachtet werden.

- 30 Bei der Vermessung des Effekts der oben gezeigten Peptide der Tabelle 5 wurde der ETR1-EIN2-Protein-Komplex zunächst mit der jeweiligen Verbindung bei einer Endkonzentrationen von 0,1 mM für 10 min bei Raumtemperatur inkubiert. Die Inhibierung der ETR1-EIN2-Komplexbildung wurde durch Vermessung der

Akzeptorfluoreszenz bestimmt. Je niedriger die Emission war, desto weniger Komplexbildung konnte beobachtet werden.

Figur 5 zeigt die Ergebnisse der Vermessung der unterschiedlichen Verbindungen bei einer Endkonzentration von 0,1 mM des jeweiligen Peptids (dargestellt ist die prozentuale Abnahme der Akzeptorfluoreszenz im Vergleich zu einer Lösung ohne Zusatz eines Peptids).

Die Ergebnisse zeigen, dass die Verbindungen der SEQ ID NO: 109 bis 116 die Interaktion des ETR1 mit EIN2 hemmen. Hierbei konnte insbesondere gezeigt werden, dass auch ein erfindungsgemäßes Hexapeptid (SEQ ID NO: 116) die genannte Interaktion hemmt. Des Weiteren zeigen auch die unterschiedlichen erfindungsgemäßen Oktapeptide, dass sie besonders geeignet sind als Wirkmolekül, die Komplexbildung zwischen ETR1 und EIN2 zu hemmen.

Beispiel 6: In vitro Interaktionsstudie von EIN2 und ETR1 – Sequenzvarianten

Zur Untersuchung des Einflusses einer bestimmten Aminosäure des Peptids der SEQ ID NO. 4 (NLSOP-1) auf die Inhibierung der ETR1-EIN2-Komplexbildung wurde eine systematische Alanin Scanning Mutagenese durchgeführt und jeder der Reste des Peptids der SEQ ID NO. 4 jeweils gegen die Aminosäure Alanin ausgetauscht (siehe beispielsweise Morrison KL, Weiss GA (June 2001). "Combinatorial alanine-scanning". *Curr Opin Chem Biol* 5 (3): 302–7; die Methode gehört zum Wissen des Fachmanns.)

Dabei wurden die folgenden Peptide erhalten:

Tablle 7: Peptide der Alanin Scanning Mutagenese

Name	Sequenz	SEQ ID NO:
NLSOP-1	H ₂ N-LKRYKRRL-COOH	4
AP1_L	H ₂ N-AKRYKRRL-COOH	117
AP2_K	H ₂ N-LARYKRRL-COOH	118
AP3_R	H ₂ N-LKAYKRRL-COOH	119

AP4_Y	H ₂ N-LKRAKRRL-COOH	120
AP5_K	H ₂ N-LKRYARRL-COOH	121
AP6_R	H ₂ N-LKRYKARL-COOH	122
AP7_R	H ₂ N-LKRYKRAL-COOH	123
AP8_L	H ₂ N-LKRYKRRA-COOH	124
ROP-1	H ₂ N-EFLYMSVN-COOH	97

Zur Analyse der Inhibierung der ETR1-EIN2-Komplexbildung wurde das in Beispiel 5 beschriebene FRET-basierte in vitro Verfahren verwendet. Die Peptide wurden im Assay in einer Konzentration von 100 µM eingesetzt, da diese dem IC₅₀-Wert für die Hemmung der ETR1-EIN2 Interaktion durch das Ausgangspeptid NLSOP-1 (SEQ ID NO: 4) entsprach. Als Negativkontrolle diente das Peptid ROP-1 (SEQ ID NO: 97).

Die Ergebnisse sind in Abbildung 6 dargestellt. Alle Alanin-Substitutionspeptide zeigen ähnliche Wirkungen wie das Peptide der SEQ ID NO: 4. Daher ist es ersichtlich, dass der Austausch einzelner Reste gegen Alanin die Gesamtwirkung des Peptids nicht beeinflusst.

Beispiel 7: In vitro Interaktionsstudie von EIN2 und ETR1 – Aptamervarianten

Es wurden zwei Aptamervarianten des Peptids der SEQ ID NO: 4 hergestellt und mit Hilfe des in Beispiel 5 beschriebenen FRET-basierten in vitro Testsystems auf ihren Effekt auf die Interaktion von ERT1 und EIN2 untersucht. (Hierbei wurde bei der Vermessung des Effekts der Aptamere der ETR1-EIN2-Protein-Komplex zunächst mit der jeweiligen Verbindung bei einer Endkonzentrationen von 0,03 mM für 10 min bei Raumtemperatur inkubiert). Als Basis für das Aptamer wurde Thioredoxin A aus E. coli mit der Sequenz (MSDKIIHLTD DSFDTDVLKA DGAILVDFWA EWCGPCKMIA PILDEIADEY QGKLTVAKLNIDQNPGTAPK YGIRGIPTLL LFKNGEVASA TKVGALSKGQ LKEFLDANLA; SEQ ID NO: 125) genutzt. Die Aptamersequenzen wurden nach dem Aminosäurerest P35 eingefügt.

Die folgenden Aptamere wurden hergestellt:

Aptamer 1 (SEQ ID NO: 126)

MSDKIIHLTDDSFDTDLKADGAILVDFWAEWCGPPNLASVLKRYKRRLSENGPCKM
IAPILDEIADEYQGKLTVAKLNIDQNPGTAPKYGIRGIPTLLLFKNGEVASATKVGALSK
GQLKEFLDANLA

5

Aptamer 2 (SEQ ID NO: 127):

MSDKIIHLTDDSFDTDLKADGAILVDFWAEWCGPPSVLKRYKRRLSNGFQFENGPC
KMIAPILDEIADEYQGKLTVAKLNIDQNPGTAPKYGIRGIPTLLLFKNGEVASATKVGAL
SKGQLKEFLDANLA

10

Beide Aptamervarianten wurden heterolog in *E. coli* exprimiert und aus dem bakteriellen Expressionssystem gereinigt. Als Negativkontrolle diente Thioredoxin A (Trx) ohne NLS-Sequenz. Zunächst wurden die Aptamere 1 und 2 und bei der Negativkontrolle Trx in einer festen Konzentration von 30 μ M bei den Messungen eingesetzt. Wie aus der Figur 6 ersichtlich, kommt es in Gegenwart der Aptamere zu einer verringerten Energieübertragung und somit zu einer Störung der ETR1-EIN2 Interaktion, während Trx ohne NLS-Sequenz die Interaktion von ETR1 und EIN2 nicht beeinflusst.

15

In Messungen, in denen die Konzentration von Trx und der beiden Aptamere variiert wurde, konnte gezeigt werden, dass die Hemmung der ETR1-EIN2 Interaktion durch die beiden Aptamere konzentrationsabhängig ist.

20

Beispiel 8: Hemmung der Ethylenantwort in Tomaten – weitere Peptide

25

Der Einfluss der in Beispiel 5 und 6 beschriebenen Peptide auf die Hemmung der Ethylenantwort wurde an Hand der Reifung von Tomaten untersucht. Dazu wurden, wie in Beispiel 4 beschrieben, grüne, unreife Tomaten durch die Applikationsmethode 1 mit dem Peptid inkubiert.

30

Es wurden insgesamt drei Messreihen durchgeführt. Die visuell ermittelten Ergebnisse einer Messreihe (Farbe der Tomaten) zu den unterschiedlichen Zeitpunkten wurden gemittelt und diese Ergebnisse können wie folgt zusammengefasst werden (visuelle Beschreibung der Farbe der Tomate; Skala von grün über gelb bis rot und dunkelrot, wobei rot eine reife Tomate darstellt):

Tabelle 8: Ergebnisse der visuellen Beschreibung der Farbe der behandelten Tomaten

Verbindung	Inkubationszeit in Tagen nach der Inkubation				
	0	4	8	12	15
Kontrolle (keine Behandlung)	grün	gelb	rot	rot	dunkelrot
ROP-1 (SEQ ID NO: 97)	grün	grün	rot	dunkelrot	dunkelrot
NLSOP-1 (SEQ ID NO: 4)	grün	grün	gelb	rot	dunkelrot
NLSOP-2 (SEQ ID NO: 111)	grün	grün	gelb	rot	dunkelrot
NLSHP-1 (SEQ ID NO: 116)	grün	grün	grün	hellrot	rot
AP-1 (SEQ ID NO: 117)	grün	grün	grün	hellrot	rot
AP-2 (SEQ ID NO: 118)	grün	grün	gelb	hellrot	rot
AP-3 (SEQ ID NO: 119)	grün	grün	gelb	hellrot	rot
AP-4 (SEQ ID NO: 120)	grün	grün	gelb	hellrot	rot
AP-5 (SEQ ID NO: 121)	grün	grün	gelb	hellrot	rot
AP-6 (SEQ ID NO: 122)	grün	grün	gelb	gelb	hellrot
AP-7 (SEQ ID NO: 123)	grün	grün	gelb	hellrot	rot
AP-8 (SEQ ID NO: 124)	grün	grün	gelb	gelb	rot
RKIOP-1 (SEQ ID NO: 102)	grün	gelb	rot	dunkelrot	dunkelrot
SHOP-1 (SEQ ID NO: 114)	grün	grün	hellrot	rot	dunkelrot
SHOP-2 (SEQ ID NO: 115)	grün	grün	hellrot	rot	dunkelrot
YSOP-1 (SEQ ID NO: 110)	grün	grün	grün	gelb	hellrot
YSOP-3 (SEQ ID NO: 109)	grün	grün	grün	hellrot	rot
YSOP-6 (SEQ ID NO: 99)	grün	gelb	rot	dunkelrot	dunkelrot
AOP-1 (SEQ ID NO: 98)	grün	grün	hellrot	rot	dunkelrot

- 5 Diese Ergebnisse zeigen, dass durch die Applikation der erfindungsgemäßen Peptide die Reifung der Tomaten verzögert werden kann.

Ansprüche

1. Mittel zur Beeinflussung des Reifungsprozesses, des Seneszenzprozesses und/oder der Stresstoleranz von Pflanzen und/oder ihrer Früchte umfassend
- 5 mindestens eine Verbindung, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus einem Peptid, einem Peptidmimetikum, einem Antikörper und/oder seiner Fragmente und einem Aptamer, dadurch gekennzeichnet, dass
- das Peptid oder der Antikörper und/oder dessen Fragmente eine Aminosäuresequenz
- 10 umfasst, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 1, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 2, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, einer Permutation einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, einem Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, welcher mindestens 4,
- 15 bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, dass
- das Peptidmimetikum mindestens eine am Peptidrückgrat modifizierte
- 20 Aminosäuresequenz umfasst, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 1, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 2, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, einer Permutation einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, einem Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, welcher mindestens 4,
- 25 bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, oder dass
- das Aptamer auf Basis der Zielstruktur eines Peptids hergestellt wird, wobei das Peptid
- 30 ausgewählt wird, aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 1, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 2, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, einer Permutation einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, einem Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 1 bis

SEQ ID NO: 3 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3,

5 wobei Verbindungen ausgenommen sind, bei denen das Peptid oder der Antikörper und/oder dessen Fragmente eine Aminosäuresequenz der SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 101 oder SEQ ID NO: 102, und/oder einen Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 98 bis SEQ ID NO: 102, welcher mindestens 6 der in SEQ ID NO: 98 bis SEQ ID NO: 102 genannten Aminosäuren umfasst und/oder ein Derivat der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 98 bis 102
10 umfasst und/oder bei denen ein Peptidmimetikum aus einer am Peptidrückgrat modifizierten Aminosäuresequenz besteht, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 101 und SEQ ID NO: 102, und/oder bei denen ein Aptamer auf Basis der Zielstruktur eines Peptids hergestellt wird, wobei das Peptid ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend
15 aus SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 100 SEQ ID NO: 101 und SEQ ID NO: 102.

2. Mittel zur Beeinflussung des Reifungsprozesses, des Seneszenzprozesses und/oder der Stresstoleranz von Pflanzen und/oder ihrer Früchte umfassend
20 mindestens eine Verbindung, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus einem Peptid, einem Peptidmimetikum, einem Aptamer, einem Antikörper und/oder seiner Fragmente, dadurch gekennzeichnet, dass

das Peptid oder der Antikörper und/oder dessen Fragmente die Aminosäuresequenz
25 SEQ ID NO: 103, einen Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 103 genannten Aminosäuren umfasst, oder ein Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103 umfasst,

30 dass das Peptidmimetikum die am Peptidrückgrat modifizierte Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, einen Teil einer am Peptidrückgrat modifizierten Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 103 genannten Aminosäuren

umfasst, oder ein Derivat einer am Peptidrückgrat modifizierten Aminosäuresequenz SEQ ID NO:103 umfasst oder

- 5 dass das Aptamer auf Basis der Zielstruktur eines Peptids hergestellt wird, wobei das Peptid ausgewählt wird, aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, einem Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 103, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 103 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103,
- 10 wobei, wenn die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103 an einer Position Alanin umfasst, keine der anderen Aminosäuren der SEQ ID NO: 103 Alanin ist.
3. Mittel nach Anspruch einem der Ansprüche 1 oder 2, dadurch gekennzeichnet, dass das Mittel die Interaktion des Proteins EIN2 (Ethylene Insensitive 2) oder eines
- 15 orthologen Proteins davon mit dem Rezeptorprotein ETR1 (Ethylene resistant 1), seiner Isoformen ERS1, ETR2, ERS2, EIN4 oder homologen oder orthologen Proteinen davon durch die Interaktion mit einer Kontaktdomäne des Ethylenrezeptors ETR1 oder seiner Isoformen ERS1, ETR2, ERS2, EIN4 oder eines homologen oder orthologen Proteins davon hemmt.
- 20
4. Mittel nach einem der Ansprüche 1 bis 3, dadurch gekennzeichnet, dass das Mittel mindestens eine weitere Verbindung umfasst, welche dazu geeignet ist, den Reifungsprozess, den Seneszenzprozess und/oder der Stresstoleranz von Pflanzen und/oder ihrer Früchte zu beeinflussen.
- 25
5. Mittel nach Anspruch 4, dadurch gekennzeichnet, dass die mindestens eine weitere Verbindung ein Ethylenantagonist ist.
6. Verbindung, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus einem
- 30 Peptid, einem Peptidmimetikum und einem Aptamer, dadurch gekennzeichnet, dass das Peptid aus einer Aminosäuresequenz besteht, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 1, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 2, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, einer Permutation einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, einem

- Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, dass das
- 5 Peptidmimetikum aus einer am Peptidrückgrat modifizierten Aminosäuresequenz besteht, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 1, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 2, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, einer Permutation einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, einem Teil einer der
- 10 Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3 oder dass das Aptamer auf Basis der Zielstruktur eines Peptids hergestellt wird, wobei das Peptid ausgewählt
- 15 wird, aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 1, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 2, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, einer Permutation einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, einem Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 1 bis
- 20 SEQ ID NO: 3 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3,
- wobei Verbindungen ausgenommen sind, bei denen das Peptid aus einer Aminosäuresequenz der SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 100, SEQ ID
- 25 NO: 101 oder SEQ ID NO: 102, und/oder aus einem Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 98 bis SEQ ID NO: 102, welcher mindestens 6 der in SEQ ID NO: 98 bis SEQ ID NO: 102 genannten Aminosäuren umfasst und/oder aus einem Derivat der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 98 bis 102 besteht und/oder bei denen ein Peptidmimetikum aus einer am Peptidrückgrat modifizierten
- 30 Aminosäuresequenz besteht, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 101 und SEQ ID NO: 102, und/oder bei denen ein Aptamer auf Basis der Zielstruktur eines Peptids hergestellt wird, wobei das Peptid ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus

SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 100 SEQ ID NO: 101 und SEQ ID NO: 102.

7. Verbindung, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus einem
5 Peptid, einem Peptidmimetikum einem Antikörper und/oder seiner Fragmente und
einem Aptamer, dadurch gekennzeichnet, dass das Peptid und/oder der Antikörper
und/oder seine Fragmente die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, oder einen Teil
der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, welcher mindestens 4, bevorzugt
mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 103 genannten
10 Aminosäuren umfasst, oder ein Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103
umfasst oder dass das Peptidmimetikum die am Peptidrückgrat modifizierten
Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103 oder einen Teil der am Peptidrückgrat
modifizierten Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, welcher mindestens 4, bevorzugt
mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 103 genannten
15 Aminosäuren umfasst, oder ein Derivat der am Peptidrückgrat modifizierten
Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103 umfasst oder dass das Aptamer auf Basis der
Zielstruktur eines Peptids hergestellt wird, wobei das Peptid ausgewählt wird, aus der
Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, einem Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID
NO: 103, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt
20 mindestens 6 der in SEQ ID NO: 103 genannten Aminosäuren umfasst, und einem
Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, wobei, wenn die
Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103 an einer Position Alanin umfasst, keine der
anderen Aminosäuren der SEQ ID NO: 103 Alanin ist.

25 8. Verbindung nach Anspruch 7, dadurch gekennzeichnet, dass

das Peptid, der Antikörper und/oder seine Fragmente mindestens eine
Aminosäuresequenz, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID
NO: 4, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 112, SEQ ID
30 NO: 113, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 115, SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 117, SEQ
ID NO: 118, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 121, SEQ ID NO: 122,
SEQ ID NO: 123 und SEQ ID NO: 124, einer Permutation einer der
Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 110, SEQ ID
NO: 111, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 115, SEQ

- ID NO: 116, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 121, SEQ ID NO: 122, SEQ ID NO: 123 und SEQ ID NO: 124, einem Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 115, SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 121, SEQ ID NO: 122, SEQ ID NO: 123 und SEQ ID NO: 124, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 109 bis SEQ ID NO: 124 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 115, SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 121, SEQ ID NO: 122, SEQ ID NO: 123 und SEQ ID NO: 124, oder
- das Peptidmimetikum ein Peptoid oder D-Peptid darstellt, welche eine ähnliche biologische Aktivität wie eine Aminosäuresequenz aufweisen, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 115, SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 121, SEQ ID NO: 122, SEQ ID NO: 123 und SEQ ID NO: 124, einer Permutation einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 115, SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 121, SEQ ID NO: 122, SEQ ID NO: 123 und SEQ ID NO: 124, einem Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 115, SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 121, SEQ ID NO: 122, SEQ ID NO: 123 und SEQ ID NO: 124, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 109 bis SEQ ID NO: 124 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 115, SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO:

117, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 121, SEQ ID NO: 122, SEQ ID NO: 123 und SEQ ID NO: 124, oder

das Aptamer auf Basis der Zielstruktur eines Peptids hergestellt, wobei das Peptid
5 ausgewählt wird, aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 115, SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 121, SEQ ID NO: 122, SEQ ID NO: 123 und SEQ ID NO: 124, einer Permutation einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 4,
10 SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 115, SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 121, SEQ ID NO: 122, SEQ ID NO: 123 und SEQ ID NO: 124, einem Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 112, SEQ ID
15 NO: 113, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 115, SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 121, SEQ ID NO: 122, SEQ ID NO: 123 und SEQ ID NO: 124, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 109 bis SEQ ID NO: 124 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat einer der
20 Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 115, SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 121, SEQ ID NO: 122, SEQ ID NO: 123 und SEQ ID NO: 124.

25 9. Verfahren zur Beeinflussung des Reifungsprozesses, des Seneszenzprozesses und/oder der Stresstoleranz von Pflanzen und/oder ihrer Früchte, dadurch gekennzeichnet, dass in den Pflanzen und/oder Früchten die Interaktion des Proteins EIN2 (Ethylene Insensitive 2) oder eines orthologen Proteins davon mit dem Rezeptorprotein ETR1 (Ethylene resistant 1), seiner Isoformen ERS1,
30 ETR2, ERS2, EIN4 oder homologen oder orthologen Proteinen davon durch die Interaktion einer Verbindung, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus einem Peptid, einem Peptidmimetikum, einem Aptamer, einem Antikörper und/oder seiner Fragmente und Mischungen dieser Verbindungen mit einer Kontaktdomäne des

Ethylenrezeptors ETR1 oder seiner Isoformen ERS1, ETR2, ERS2, EIN4 oder eines homologen oder orthologen Proteins davon gehemmt wird,

wobei die Kontaktdomäne diejenige ist, welche mit EIN2 oder einem orthologen

5 Protein davon interagiert, und

wobei das Peptid, der Antikörper und/oder seine Fragmente mindestens eine Aminosäuresequenz umfasst, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 1, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 2, der
10 Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, einer Permutation einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, einem Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat einer der
15 Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3,

das Peptidmimetikum mindestens eine am Peptidrückgrat modifizierte Aminosäuresequenz umfasst, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 1, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 2, der
20 Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, einer Permutation einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, einem Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat einer der
25 Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, oder

das Aptamer auf Basis der Zielstruktur eines Peptids hergestellt wird, wobei das Peptid ausgewählt wird, aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 1, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 2, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, einer Permutation einer der
30 Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, einem Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 1 bis SEQ ID NO: 3,

wobei Verbindungen ausgenommen sind, bei denen das Peptid oder der Antikörper und/oder dessen Fragmente eine Aminosäuresequenz der SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 101 oder SEQ ID NO: 102, und/oder einen Teil einer der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 98 bis SEQ ID NO: 102, welcher mindestens 6 der in SEQ ID NO: 98 bis SEQ ID NO: 102 genannten Aminosäuren umfasst und/oder ein Derivat der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 98 bis 102 umfasst und/oder bei denen ein Peptidmimetikum aus einer am Peptidrückgrat modifizierten Aminosäuresequenz besteht, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 101 und SEQ ID NO: 102, und/oder bei denen ein Aptamer auf Basis der Zielstruktur eines Peptids hergestellt wird, wobei das Peptid ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 100 SEQ ID NO: 101 und SEQ ID NO: 102.

10. Verfahrens zur Beeinflussung des Reifungsprozesses, des Seneszenzprozesses und/oder der Stresstoleranz von Pflanzen und/oder ihrer Früchte, dadurch gekennzeichnet, dass in den Pflanzen und/oder Früchten die Interaktion des Proteins EIN2 (Ethylene Insensitive 2) oder eines orthologen Proteins davon mit dem Rezeptorprotein ETR1 (Ethylene resistant 1), seiner Isoformen ERS1, ETR2, ERS2, EIN4 oder homologen oder orthologen Proteinen davon durch die Interaktion einer Verbindung, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus einem Peptid, einem Peptidmimetikum, einem Aptamer, einem Antikörper und/oder seiner Fragmente, kleinen Molekülen und Mischungen dieser Verbindungen mit einer Kontakt-domäne des Ethylenrezeptors ETR1 oder seiner Isoformen ERS1, ETR2, ERS2, EIN4 oder eines homologen oder orthologen Proteins davon gehemmt wird, wobei die Kontakt-domäne diejenige ist, welche mit EIN2 oder einem orthologen Protein davon interagiert und

wobei das Peptid, der Antikörper und/oder seine Fragmente mindestens eine Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, einen Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 103 genannten Aminosäuren umfasst, oder ein Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103 umfasst,

das Peptidmimetikum mindestens eine am Peptidrückgrat modifizierte Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, einen Teil der am Peptidrückgrat modifizierten Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 103 genannten Aminosäuren umfasst, oder ein Derivat der am Peptidrückgrat modifizierten Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103 umfasst oder

das Aptamer auf Basis der Zielstruktur eines Peptids hergestellt wird, wobei das Peptid ausgewählt wird, aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, einem Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 103 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103,

wobei, wenn die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 103 an einer Position Alanin umfasst, keine der anderen Aminosäuren der SEQ ID NO: 103 Alanin ist.

11. Verfahren nach einem der Ansprüche 9 oder 10, dadurch gekennzeichnet, dass die Verbindung, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus einem Peptid, einem Peptidmimetikum, einem Aptamer, einem Antikörper und/oder seiner Fragmente und Mischungen dieser Verbindungen, eine Wasserlöslichkeit von bei pH = 7 und 20 °C von mindestens 1 g/L aufweist.

12. Verfahren nach Anspruch 9, dadurch gekennzeichnet, dass das Peptid aus einer Aminosäuresequenz besteht, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, einer Permutation der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, einem Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt mindestens 6 der in SEQ ID NO: 3 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 3 oder dass das Peptidmimetikum aus einer am Peptidrückgrat modifizierten Aminosäuresequenz besteht, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, einer Permutation der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, einem Teil der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3, welcher mindestens 4, bevorzugt mindestens 5, besonders bevorzugt

mindestens 6 der in SEQ ID NO: 3 genannten Aminosäuren umfasst, und einem Derivat der Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 3.

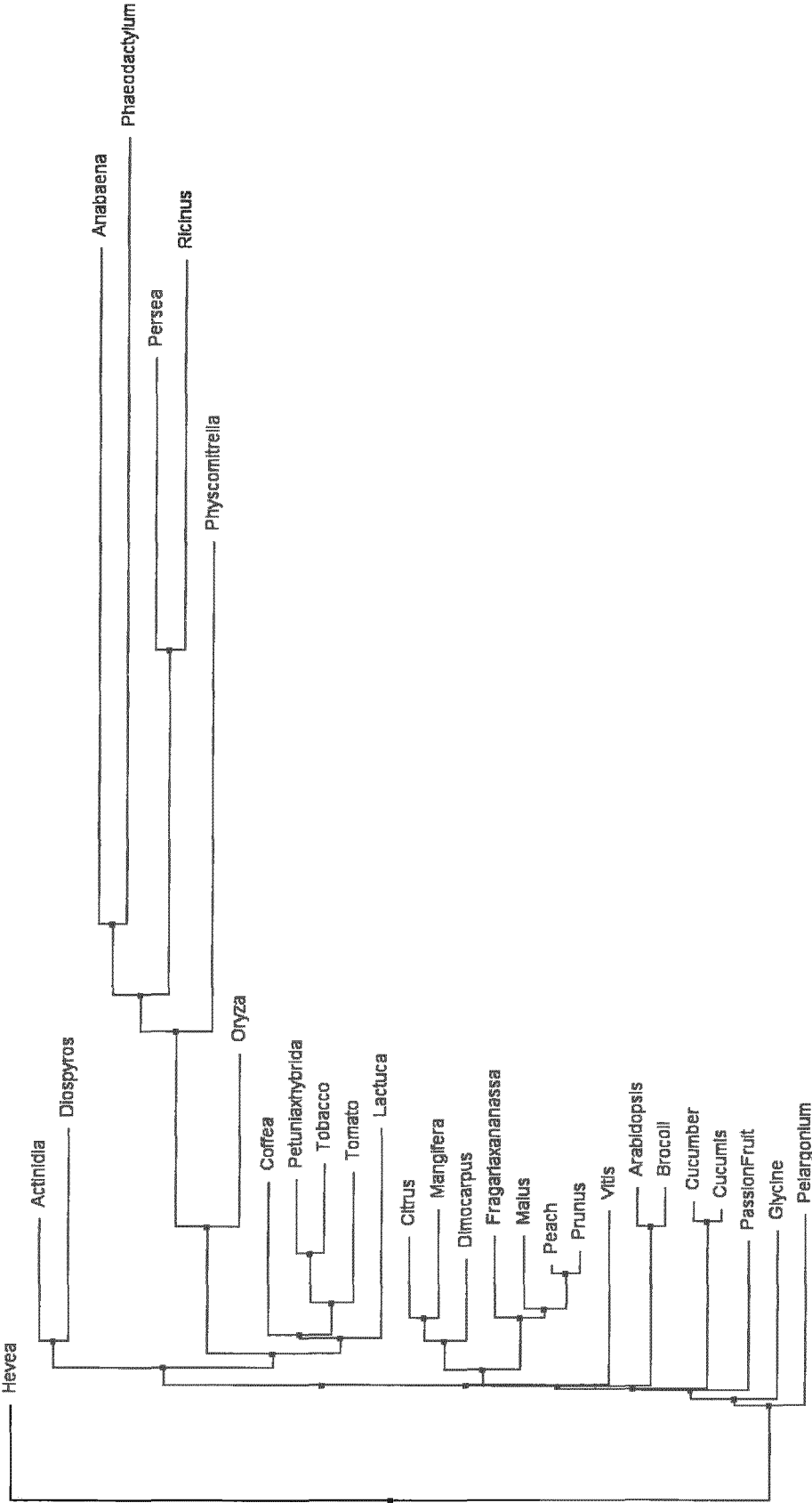
13. Verfahren nach einem der Ansprüche 10 bis 12, dadurch gekennzeichnet, dass
5 das orthologe Protein des EIN2 eine Aminosäuresequenz, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 34, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 36, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 38, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 40, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 42, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 46, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 48,
10 SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 52 und SEQ ID NO: 53 umfasst.

14. Verfahren nach einem der Ansprüche 10 bis 13, dadurch gekennzeichnet, dass
15 das orthologe Protein des ETR1 oder seine Isoformen eine Aminosäuresequenz, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NO: 54, SEQ ID NO: 55, SEQ ID NO: 56, SEQ ID NO: 57, SEQ ID NO: 58, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 72, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 74,
20 SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 88, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 90, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 95 und SEQ ID NO: 96 umfasst oder dass das homologe Protein des
25 ETR1 eine Aminosäuresequenz, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 24,
30 SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 28 SEQ ID NO: 29 und SEQ ID NO: 30 umfasst.

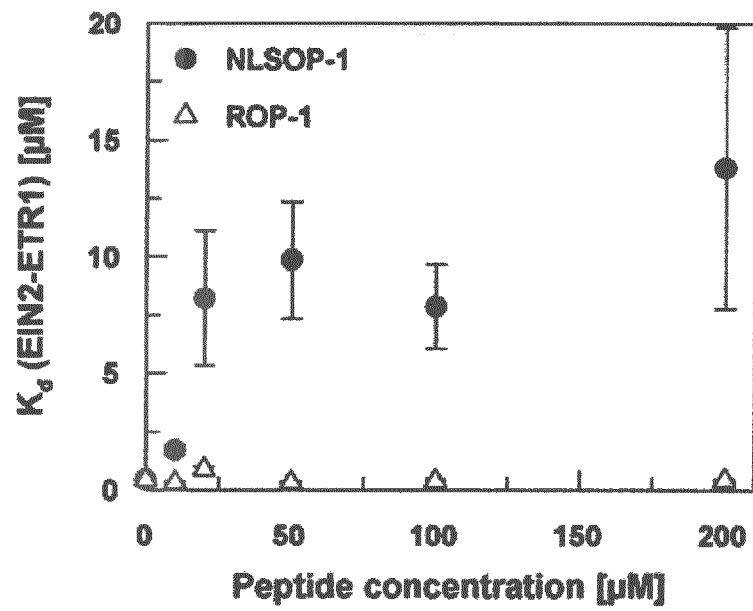
15. Verfahren nach einem der Ansprüche 10 bis 14, dadurch gekennzeichnet, dass die Pflanzen ausgewählt werden aus der Gruppe, bestehend aus Nutzpflanzen

und Zierpflanzen und deren Früchte ausgewählt werden aus der Gruppe, bestehend aus den Früchten von Nutzpflanzen und Zierpflanzen.

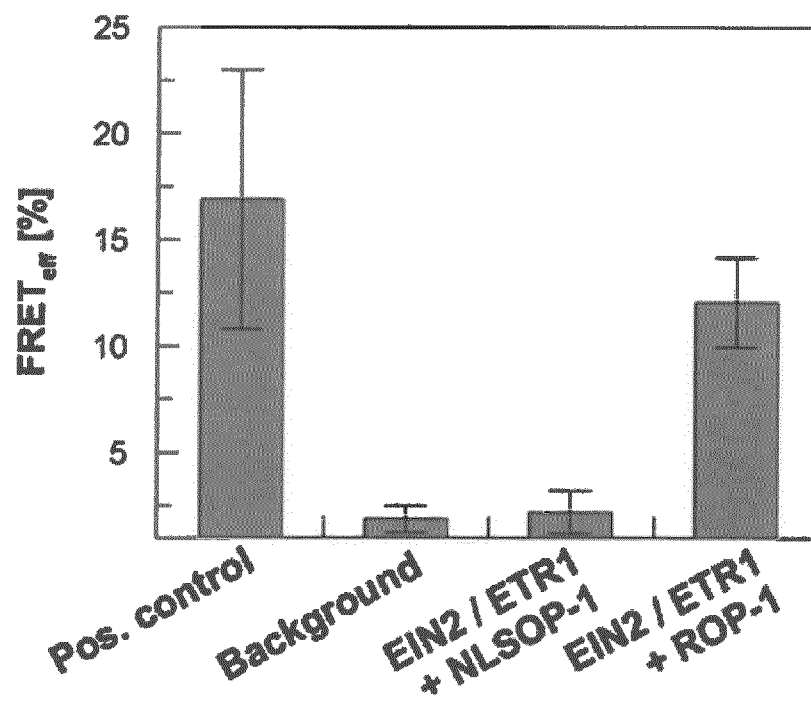
Figur 1



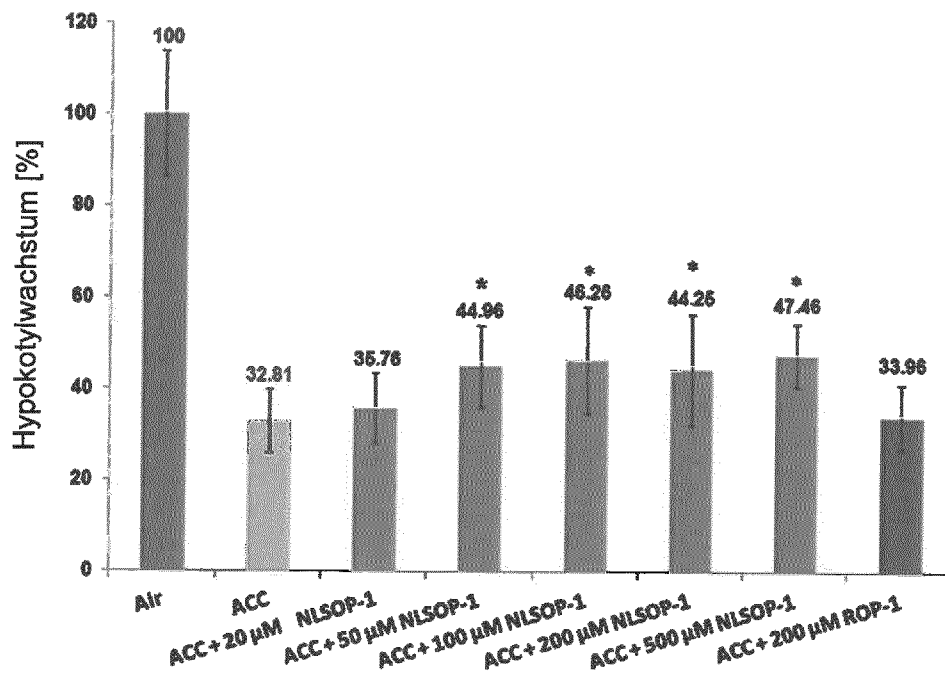
Figur 2



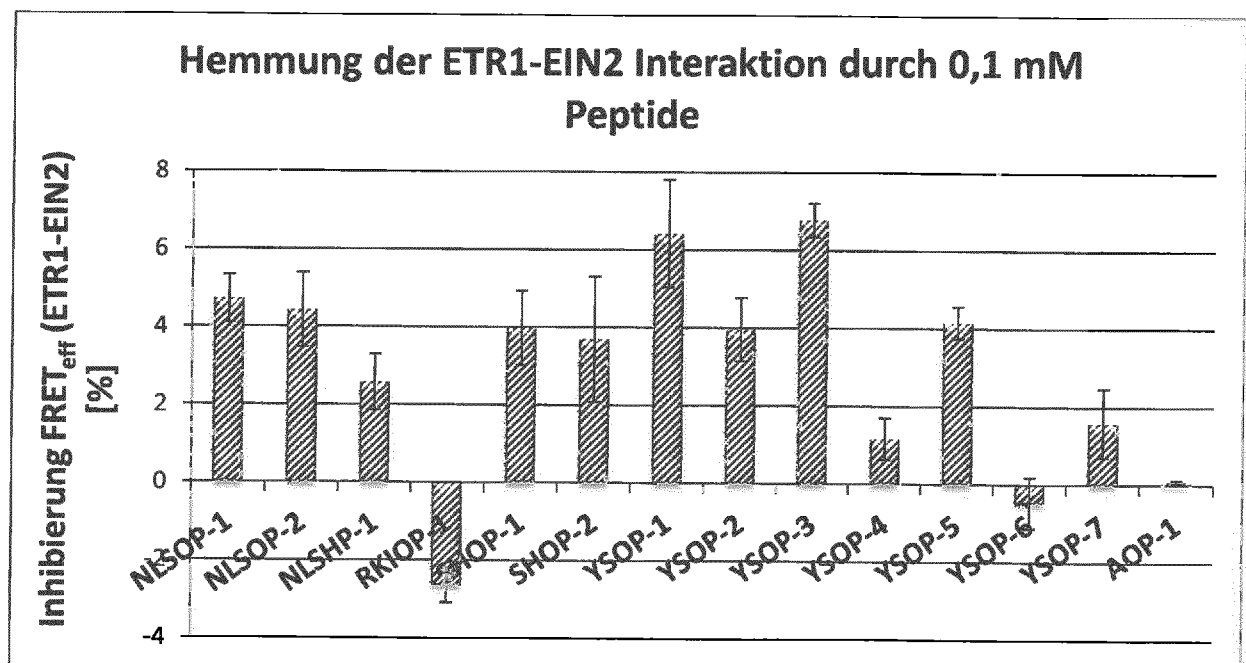
Figur 3



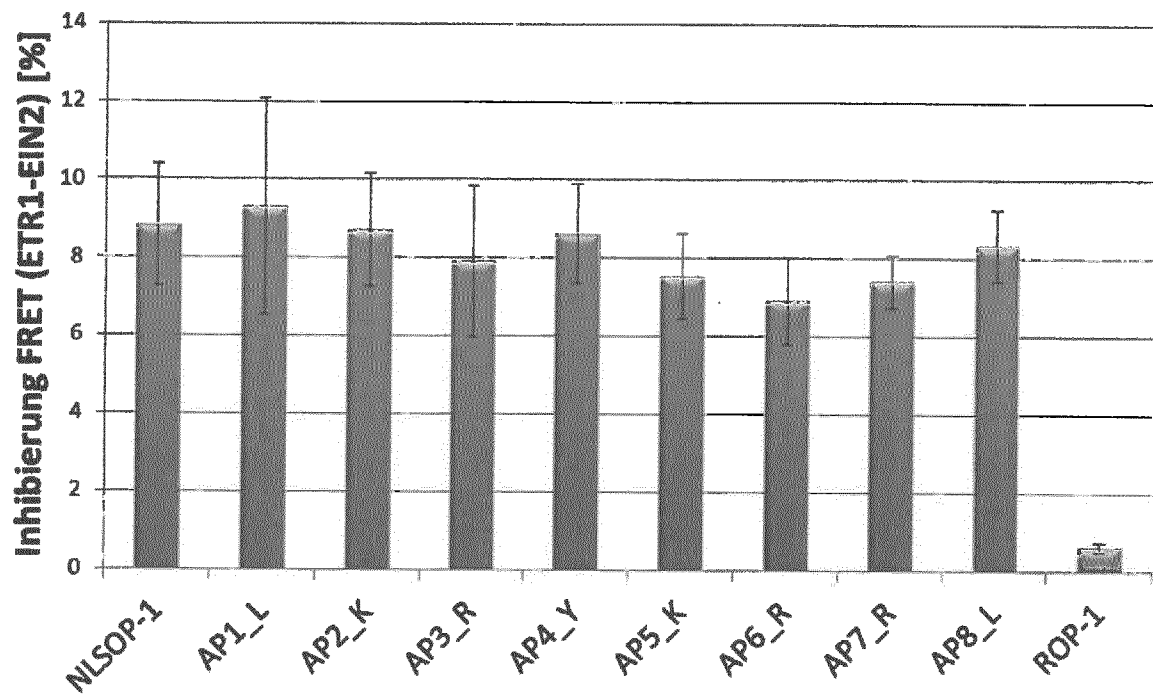
Figur 4



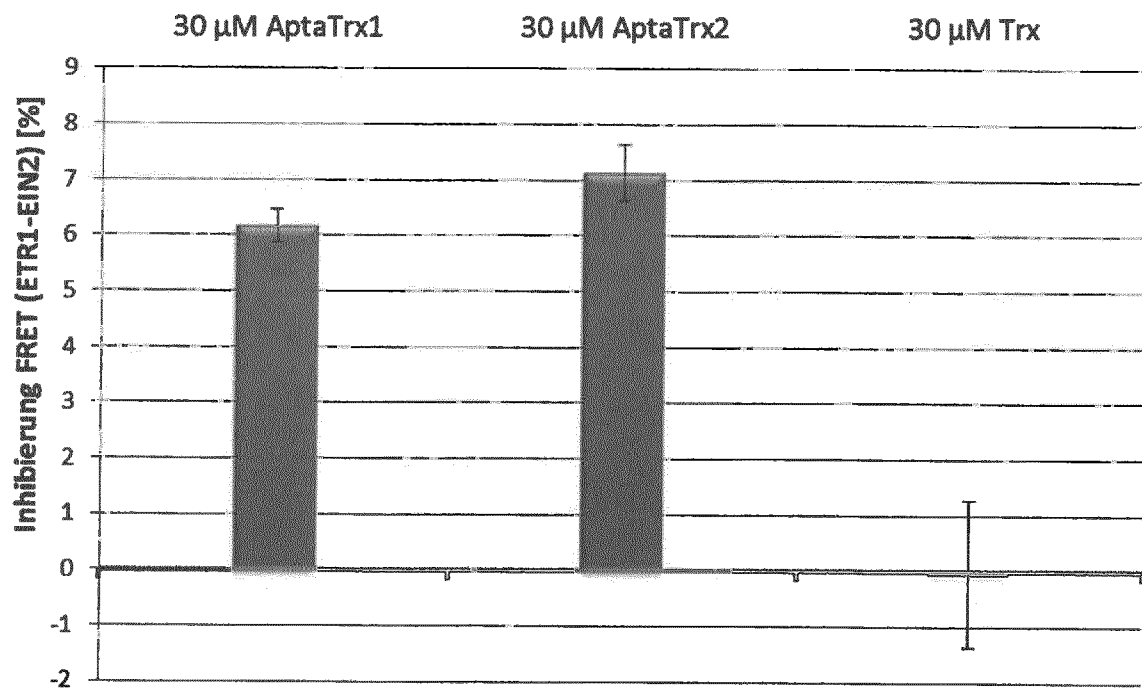
Figur 5



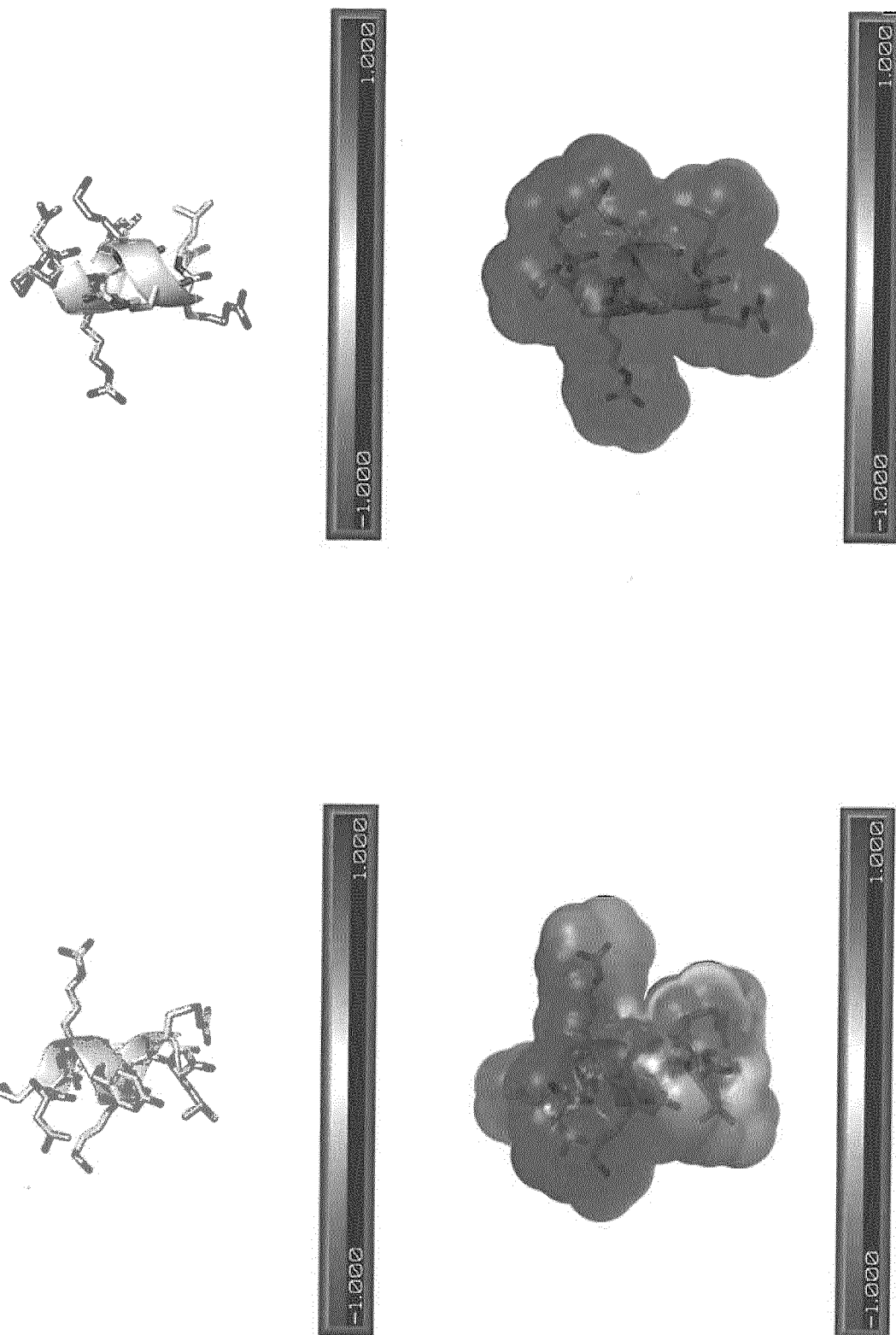
Figur 6



Figur 7



Figur 8



INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No
PCT/EP2013/074428

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER
INV. C12N15/82 C07K14/415
ADD.

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)
C12N C07K

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used)

EPO-Internal, BIOSIS, EMBASE, WPI Data, CHEM ABS Data, Sequence Search

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	PENMETSA R VARMA ET AL: "The Medicago truncatula ortholog of Arabidopsis EIN2, sickle, is a negative regulator of symbiotic and pathogenic microbial associations", PLANT JOURNAL, vol. 55, no. 4, August 2008 (2008-08), pages 580-595, XP002694830, ISSN: 0960-7412 the whole document ----- -/--	1,3-6,9, 11-15



Further documents are listed in the continuation of Box C.



See patent family annex.

* Special categories of cited documents :

"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance

"E" earlier application or patent but published on or after the international filing date

"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)

"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means

"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art

"&" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

27 March 2014

Date of mailing of the international search report

08/04/2014

Name and mailing address of the ISA/

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040,
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

Oderwald, Harald

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No

PCT/EP2013/074428

C(Continuation). DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	ALONSO J M ET AL: "EIN2, a bifunctional transducer of ethylene and stress responses in arabidopsis", SCIENCE, AMERICAN ASSOCIATION FOR THE ADVANCEMENT OF SCIENCE, WASHINGTON, DC; US, vol. 284, 25 June 1999 (1999-06-25), pages 2148-2152, XP002957461, ISSN: 0036-8075, DOI: 10.1126/SCIENCE.284.5423.2148 cited in the application the whole document	1,3-6,9, 11-15
X	US 2005/066389 A1 (GALLIE DANIEL R [US] ET AL) 24 March 2005 (2005-03-24) the whole document	1,3-6,9, 11-15
A	M. M. A. BISSON ET AL: "New Insight in Ethylene Signaling: Autokinase Activity of ETR1 Modulates the Interaction of Receptors and EIN2", MOLECULAR PLANT, vol. 3, no. 5, 2 September 2010 (2010-09-02), pages 882-889, XP055058409, ISSN: 1674-2052, DOI: 10.1093/mp/ssq036 cited in the application the whole document	1
X	DATABASE UniProt [Online] 20 May 2008 (2008-05-20), "SubName: Full=DNA binding domain protein, excisionase family;", XP002722326, retrieved from EBI accession no. UNIPROT:B1YMP2 Database accession no. B1YMP2 sequence	2,3,7,8
X	WO 2005/054285 A1 (KUNGL ANDREAS J [AT]) 16 June 2005 (2005-06-16) page 41	2,3,7,8
X,P	DATABASE UniProt [Online] 9 January 2013 (2013-01-09), "SubName: Full=Uncharacterized protein;", XP002722327, retrieved from EBI accession no. UNIPROT:K7JYJ8 Database accession no. K7JYJ8 sequence	2,3,7,8

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/EP2013/074428

Box No. II Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 2 of first sheet)

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:

2. ☐ Claims Nos.:
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:

3. ☐ Claims Nos.:
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

Box No. III Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 3 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

see extra sheet

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.
2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying additional fees, this Authority did not invite payment of additional fees.
3. ☒ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:

1, 6, 9, 12 (in full); 2-5, 7, 8, 10, 11, 13-15 (in part)
4. ☐ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:

Remark on Protest

- ☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest and, where applicable, the payment of a protest fee.
- ☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest but the applicable protest fee was not paid within the time limit specified in the invitation.
- ☒ No protest accompanied the payment of additional search fees.

The International Searching Authority has determined that this international application contains multiple (groups of) inventions, as follows:

1. Claims 1, 6, 9, 12 (in full); 3-5, 11, 13-15 (in part)

A compound chosen from the group consisting of a peptide, a peptide mimetic, an antibody and/or fragments thereof, and an aptamer, characterised in that the peptide or the antibody includes an amino acid sequence chosen from the group consisting of amino acid sequence SEQ ID NO: 1, amino acid sequence SEQ ID NO: 2, amino acid sequence SEQ ID NO: 3 and the peptide mimetic and the aptamer on which said amino acids are based. Agents and methods for influencing the maturation process, the senescence process and/or the stress tolerance of plants and/or fruits thereof comprising at least one such compound.

2-18. Claims 2-5, 7, 8, 10, 11, 13-15 (all in part)

As per invention 1, wherein the compound contains an amino acid sequence according to SEQ ID NO: 4 (invention 2), SEQ ID NO: 109 (invention 3), ... or SEQ ID NO: 124 (invention 19).

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International application No

PCT/EP2013/074428

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member(s)	Publication date
US 2005066389	A1	24-03-2005	US 2005066389 A1 24-03-2005
			US 2008209585 A1 28-08-2008
			US 2010281556 A1 04-11-2010

WO 2005054285	A1	16-06-2005	AT 412785 B 25-07-2005
			AT 439376 T 15-08-2009
			AT 515269 T 15-07-2011
			AU 2004295104 A1 16-06-2005
			BR PI0416544 A 09-01-2007
			CA 2546789 A1 16-06-2005
			CN 1890264 A 03-01-2007
			DK 1689775 T3 26-09-2011
			DK 1752470 T3 14-12-2009
			EP 1689775 A1 16-08-2006
			EP 1752470 A1 14-02-2007
			EP 2270038 A2 05-01-2011
			EP 2311866 A1 20-04-2011
			EP 2363411 A1 07-09-2011
			ES 2330362 T3 09-12-2009
			ES 2369139 T3 25-11-2011
			JP 4980721 B2 18-07-2012
			JP 2007536906 A 20-12-2007
			JP 2012139226 A 26-07-2012
			JP 2012165747 A 06-09-2012
			KR 20070001917 A 04-01-2007
			KR 20120063542 A 15-06-2012
			NZ 547612 A 31-07-2009
			PT 1689775 E 13-10-2011
			PT 1752470 E 15-10-2009
			SG 149000 A1 29-01-2009
			SI 1689775 T1 30-11-2011
			SI 1752470 T1 31-12-2009
			US 2008112926 A1 15-05-2008
			US 2009005541 A1 01-01-2009
			US 2010331237 A1 30-12-2010
			US 2011144305 A1 16-06-2011
			WO 2005054285 A1 16-06-2005

A. KLASSIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES
 INV. C12N15/82 C07K14/415
 ADD.

Nach der Internationalen Patentklassifikation (IPC) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPC

B. RECHERCHIERTE GEBIETE

Recherchierter Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole)
 C12N C07K

Recherchierte, aber nicht zum Mindestprüfstoff gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen

Während der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)

EPO-Internal, BIOSIS, EMBASE, WPI Data, CHEM ABS Data, Sequence Search

C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	PENMETS R VARMA ET AL: "The Medicago truncatula ortholog of Arabidopsis EIN2, sickle, is a negative regulator of symbiotic and pathogenic microbial associations", PLANT JOURNAL, Bd. 55, Nr. 4, August 2008 (2008-08), Seiten 580-595, XP002694830, ISSN: 0960-7412 das ganze Dokument ----- -/--	1,3-6,9, 11-15



Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen



Siehe Anhang Patentfamilie

* Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen :

"A" Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist

"E" frühere Anmeldung oder Patent, die bzw. das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist

"L" Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt)

"O" Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benutzung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht

"P" Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist

"T" Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist

"X" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden

"Y" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist

"&" Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist

Datum des Abschlusses der internationalen Recherche

27. März 2014

Absendedatum des internationalen Recherchenberichts

08/04/2014

Name und Postanschrift der Internationalen Recherchenbehörde

Europäisches Patentamt, P.B. 5818 Patentlaan 2
 NL - 2280 HV Rijswijk
 Tel. (+31-70) 340-2040,
 Fax: (+31-70) 340-3016

Bevollmächtigter Bediensteter

Oderwald, Harald

C. (Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN		
Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	ALONSO J M ET AL: "EIN2, a bifunctional transducer of ethylene and stress responses in arabidopsis", SCIENCE, AMERICAN ASSOCIATION FOR THE ADVANCEMENT OF SCIENCE, WASHINGTON, DC; US, Bd. 284, 25. Juni 1999 (1999-06-25), Seiten 2148-2152, XP002957461, ISSN: 0036-8075, DOI: 10.1126/SCIENCE.284.5423.2148 in der Anmeldung erwähnt das ganze Dokument	1,3-6,9, 11-15
X	US 2005/066389 A1 (GALLIE DANIEL R [US] ET AL) 24. März 2005 (2005-03-24) das ganze Dokument	1,3-6,9, 11-15
A	M. M. A. BISSON ET AL: "New Insight in Ethylene Signaling: Autokinase Activity of ETR1 Modulates the Interaction of Receptors and EIN2", MOLECULAR PLANT, Bd. 3, Nr. 5, 2. September 2010 (2010-09-02), Seiten 882-889, XP055058409, ISSN: 1674-2052, DOI: 10.1093/mp/ssq036 in der Anmeldung erwähnt das ganze Dokument	1
X	DATABASE UniProt [Online] 20. Mai 2008 (2008-05-20), "SubName: Full=DNA binding domain protein, excisionase family;", XP002722326, gefunden im EBI accession no. UNIPROT:B1YMP2 Database accession no. B1YMP2 Sequenz	2,3,7,8
X	WO 2005/054285 A1 (KUNGL ANDREAS J [AT]) 16. Juni 2005 (2005-06-16) Seite 41	2,3,7,8
X,P	DATABASE UniProt [Online] 9. Januar 2013 (2013-01-09), "SubName: Full=Uncharacterized protein;", XP002722327, gefunden im EBI accession no. UNIPROT:K7JYJ8 Database accession no. K7JYJ8 Sequenz	2,3,7,8

Feld Nr. II Bemerkungen zu den Ansprüchen, die sich als nicht recherchierbar erwiesen haben (Fortsetzung von Punkt 2 auf Blatt 1)

Gemäß Artikel 17(2)a) wurde aus folgenden Gründen für bestimmte Ansprüche kein internationaler Recherchenbericht erstellt:

1. ☐ Ansprüche Nr.
weil sie sich auf Gegenstände beziehen, zu deren Recherche diese Behörde nicht verpflichtet ist, nämlich
2. ☐ Ansprüche Nr.
weil sie sich auf Teile der internationalen Anmeldung beziehen, die den vorgeschriebenen Anforderungen so wenig entsprechen, dass eine sinnvolle internationale Recherche nicht durchgeführt werden kann, nämlich
3. ☐ Ansprüche Nr.
weil es sich dabei um abhängige Ansprüche handelt, die nicht entsprechend Satz 2 und 3 der Regel 6.4 a) abgefasst sind.

Feld Nr. III Bemerkungen bei mangelnder Einheitlichkeit der Erfindung (Fortsetzung von Punkt 3 auf Blatt 1)

Diese Internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, dass diese internationale Anmeldung mehrere Erfindungen enthält:

siehe Zusatzblatt

1. ☐ Da der Anmelder alle erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht auf alle recherchierbaren Ansprüche.
2. ☐ Da für alle recherchierbaren Ansprüche die Recherche ohne einen Arbeitsaufwand durchgeführt werden konnte, der zusätzliche Recherchegebühr gerechtfertigt hätte, hat die Behörde nicht zur Zahlung solcher Gebühren aufgefordert.
3. ☒ Da der Anmelder nur einige der erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht nur auf die Ansprüche, für die Gebühren entrichtet worden sind, nämlich auf die
1, 6, 9, 12(vollständig); 2-5, 7, 8, 10, 11, 13-15(teilweise)
4. ☐ Der Anmelder hat die erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren nicht rechtzeitig entrichtet. Dieser internationale Recherchenbericht beschränkt sich daher auf die in den Ansprüchen zuerst erwähnte Erfindung; diese ist in folgenden Ansprüchen erfasst:

Bemerkungen hinsichtlich eines Widerspruchs

- ☐ Der Anmelder hat die zusätzlichen Recherchegebühren unter Widerspruch entrichtet und die gegebenenfalls erforderliche Widerspruchsgebühr gezahlt.
- ☐ Die zusätzlichen Recherchegebühren wurden vom Anmelder unter Widerspruch gezahlt, jedoch wurde die entsprechende Widerspruchsgebühr nicht innerhalb der in der Aufforderung angegebenen Frist entrichtet.
- ☒ Die Zahlung der zusätzlichen Recherchegebühren erfolgte ohne Widerspruch.

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, dass diese internationale Anmeldung mehrere (Gruppen von) Erfindungen enthält, nämlich:

1. Ansprüche: 1, 6, 9, 12(vollständig); 3-5, 11, 13-15(teilweise)

Verbindung, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus einem Peptid, einem Peptidmimetikum, einem Antikörper und/oder seiner Fragmente und einem Aptamer, dadurch gekennzeichnet, dass das Peptid oder der Antikörper eine Aminosäuresequenz umfasst, welche ausgewählt wird aus der Gruppe, bestehend aus der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 1, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 2, der Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 3 und das Peptidmimetikum und das Aptamer auf diesen Aminosäuren basiert. Mittel und Verfahren zur Beeinflussung des Reifungsprozesses, des Seneszenzprozesses und/oder der Stresstoleranz von Pflanzen und/oder ihrer Früchte umfassend mindestens eine solche Verbindung.

- 2-18. Ansprüche: 2-5, 7, 8, 10, 11, 13-15(alle teilweise)

entsprechend Erfindung 1, wobei die Verbindung eine Aminosäuresequenz gemäß SEQ ID NO: 4 (Erfindung 2), SEQ ID NO: 109 (Erfindung 3), ... oder SEQ ID NO: 124 (Erfindung 19) umfasst.

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Angaben zu Veröffentlichungen, die zur selben Patentfamilie gehören

Internationales Aktenzeichen

PCT/EP2013/074428

Im Recherchenbericht angeführtes Patentdokument			Datum der Veröffentlichung		Mitglied(er) der Patentfamilie		Datum der Veröffentlichung	
US	2005066389	A1	24-03-2005	US	2005066389	A1	24-03-2005	
				US	2008209585	A1	28-08-2008	
				US	2010281556	A1	04-11-2010	

WO	2005054285	A1	16-06-2005	AT	412785	B	25-07-2005	
				AT	439376	T	15-08-2009	
				AT	515269	T	15-07-2011	
				AU	2004295104	A1	16-06-2005	
				BR	PI0416544	A	09-01-2007	
				CA	2546789	A1	16-06-2005	
				CN	1890264	A	03-01-2007	
				DK	1689775	T3	26-09-2011	
				DK	1752470	T3	14-12-2009	
				EP	1689775	A1	16-08-2006	
				EP	1752470	A1	14-02-2007	
				EP	2270038	A2	05-01-2011	
				EP	2311866	A1	20-04-2011	
				EP	2363411	A1	07-09-2011	
				ES	2330362	T3	09-12-2009	
				ES	2369139	T3	25-11-2011	
				JP	4980721	B2	18-07-2012	
				JP	2007536906	A	20-12-2007	
				JP	2012139226	A	26-07-2012	
				JP	2012165747	A	06-09-2012	
				KR	20070001917	A	04-01-2007	
				KR	20120063542	A	15-06-2012	
				NZ	547612	A	31-07-2009	
				PT	1689775	E	13-10-2011	
				PT	1752470	E	15-10-2009	
				SG	149000	A1	29-01-2009	
				SI	1689775	T1	30-11-2011	
				SI	1752470	T1	31-12-2009	
				US	2008112926	A1	15-05-2008	
				US	2009005541	A1	01-01-2009	
				US	2010331237	A1	30-12-2010	
				US	2011144305	A1	16-06-2011	
				WO	2005054285	A1	16-06-2005	
