

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Schlussbericht
3. Titel GABI-Future - Verbundvorhaben: Eine Sammlung von Doppelmutanten duplizierter Gene bei <i>Arabidopsis thaliana</i> (GABI-DUPLO), Teilvorhaben C: HMGU München	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Dr. Mayer, Klaus	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2010
	6. Veröffentlichungsdatum 9.8.2011
	7. Form der Publikation Bericht
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Ingolstädter Landstr. 1 85764 Neuherberg	9. Ber. Nr. Durchführende Institution
	10. Förderkennzeichen 0315055C
	11. Seitenzahl 7
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 1
	14. Tabellen 1
	15. Abbildungen 4
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum) Gabi Statusseminar	
18. Kurzfassung Kurzbeschreibung der Projektfragestellungen GABI DUPLO beschäftigte sich mit der Erstellung einer Kollektion von Doppelmutanten zur Studie von resultierenden Phänotypen die nicht durch endogene duplizierte Regionen balanciert werden. Um ein rationales experimentelles Design durchzuführen sollte durch in silico Methodiken und Berücksichtigung verschiedener genomischer und funktionaler Parameter eine Vorauswahl geeigneter und vielversprechender Kandidaten Genpaarungen selektioniert werden und diese dann nachfolgend funktionell und bezüglich evolutionärer Parameter untersucht und näher charakterisiert werden. Ziele und Ergebnisse Der erste Teil der Analysen umfasste die Identifizierung von Kandidaten für GABI-DUPLO, die eine mögliche funktionale Redundanz im Genom von <i>Arabidopsis thaliana</i> besitzen. Für diese Studie wurde funktionale Redundanz auf Basis von Sequenz- und Expressionsähnlichkeit ermittelt. Der zweite Teil der Studie zielte auf die Ermittlung molekularer Grundlagen für genetische Redundanz in duplizierten Genen in <i>Arabidopsis</i> . Hierfür wurden konservierte und deletierte cis-regulatorische Elemente in duplizierten Genen betrachtet. Neben der eng verwandten Art <i>Arabidopsis lyrata</i> mit einer Divergenzzeit von etwa 8 Millionen Jahren wurden auch in weitere dikotylen Genomen - Pappel und Wein - Orthologe berechnet. Die Detektion wurden mittels Markow Clustering (orthoMCL) durchgeführt und komplementierten die Syntenie Analysen zwischen den beiden <i>Arabidopsis</i> Arten.	
19. Schlagwörter Arabidopsis; Redundanz; duplizierte gene; Doppelmutanten Kollektion	
20. Verlag	21. Preis

Abschlussbericht

Zuwendungsempfänger: Helmholtz Zentrum München	Förderkennzeichen: 0315055C
Vorhabenbezeichnung: GABI-Future - Verbundvorhaben: Eine Sammlung von Doppelmutanten duplizierter Gene bei <i>Arabidopsis thaliana</i> (GABI-DUPLO), Teilvorhaben C: HMGU München	
Laufzeit des Vorhabens: 1.1.2008 – 31.12.2010	
Berichtszeitraum: Abschlussbericht	

Kurzbeschreibung der Projektfragestellungen

GABI DUPLO beschäftigte sich mit der Erstellung einer Kollektion von Doppelmutanten zur Studie von resultierenden Phänotypen die nicht durch endogenen duplizierte Regionen balanciert werden. Um ein rationales experimentelles Design durchzuführen sollte durch in silico Methodiken und Berücksichtigung verschiedener genomischer und funktionaler Parameter eine Vorauswahl geeigneter und vielversprechender Kandidaten Genpaarungen selektioniert werden und diese dann nachfolgend funktionell und bezüglich evolutionärer Parameter untersucht und näher charakterisiert werden.

Ziele und Ergebnisse

Der erste Teil der Analysen umfasste die Identifizierung von Kandidaten für GABI-DUPLO, die eine mögliche funktionale Redundanz im Genom von *Arabidopsis thaliana* besitzen. Für diese Studie wurde funktionale Redundanz auf Basis von Sequenz- und Expressionsähnlichkeit ermittelt. Abb.1 zeigt eine Übersicht über das Schema, mithilfe dessen Kandidaten für GABI-DUPLO selektiert wurden.