

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN entfällt	2. Berichtsart Schlussbericht
3a. Titel des Berichts Schlussbericht	
3b. Titel der Publikation entfällt	
4a. Autoren des Berichts (Name, Vorname(n)) Dr. Reinhardt, Richard	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2013
4b. Autoren der Publikation (Name, Vorname(n)) entfällt	6. Veröffentlichungsdatum entfällt
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Max-Planck Genomzentrum MPI für Pflanzenzüchtungsforschung Carl-von-Linné-Weg 10 D-50829 Köln	9. Ber. Nr. Durchführende Institution MPG, Genomzentrum Köln
13. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	10. Förderkennzeichen ^{*)} 01GS0805
	11a. Seitenzahl Bericht entfällt
	11b. Seitenzahl Publikation entfällt
	12. Literaturangaben entfällt
	14. Tabellen entfällt
	15. Abbildungen entfällt
16. Zusätzliche Angaben entfällt	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum) Projekträger DLR, 53227 Bonn	
18. Kurzfassung Das Ziel des Teilprojektes 01GS0805 war, den Partnern der weiteren Teilprojekte die neueste und leistungsfähigste Sequenzier-technologien sowie Auswertestrategien kostengünstig zur Verfügung zu stellen, bzw. zu entwickeln und bereitzustellen. Das Projekt 01GS0805 war deshalb in ein Konsortium integriert, das die Bedeutung von bisher wenig charakterisierten nicht-kodierenden RNA Molekülen (ncRNAs) bei Infektionen untersucht. Die Mitglieder des Konsortium haben sich darauf verständigt, mit ähnlichen methodischen Ansätzen, Keime, bakterieller oder auch viraler Natur, sowie eukaryontische Parasiten des Menschen und der wichtigsten, klinisch relevanten humanen Modellorganismen (Affen und Mäuse) systematisch zu untersuchen. Das Zusammenwirken der Keime in der Gesamtheit im Wirt ist auf molekularer Ebene durch entsprechend tiefe Sequenzierung zu entschlüsseln. Zu Projektbeginn gab es noch keine etablierten Methoden nach den Wirkungen der nc-RNAs im Genomverbund aus Wirt und Pathogenen zu suchen und auch deren Funktionen zu bestimmen. Diese simultane und systematische Hochdurchsatzsequenzierung ist insbesondere bei infizierten humanen und Mauszellen sehr erfolgreich durchgeführt worden (mit den Gruppen von Prof. Rudel und Prof Vogel) und hat auch bei den klinisch relevanten Affen und Mäusen (Prof. Brosius, Prof. Walter und Prof. Vogel) zu mehreren, meistens hochrangig publizierten Ergebnissen geführt. Als herausragende Publikationen sind hier die Veröffentlichungen in <i>Cell</i> , <i>Nature</i> , <i>PNAS</i> besonders anzumerken.	

^{*)} Auf das Förderkennzeichen des BMBF soll auch in der Veröffentlichung hingewiesen werden.

19. Schlagwörter nc-RNAs, dualRNA-Seq Methode, Hochdurchsatzsequenzierung auf Illumina und PacBio Plattformen	
20. Verlag entfällt	21. Preis entfällt

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN n/a	2. Type of Report Final report
3a. Report Title Final report	
3b. Title of Publication n/a	
4a. Author(s) of the Report (Family Name, First Name(s)) Dr. Reinhardt, Richard	5. End of Project 31. 12. 2013
4b. Author(s) of the Publication (Family Name, First Name(s)) n/a	6. Publication Date n/a
	7. Form of Publication n/a
8. Performing Organization(s) (Name, Address) Max-Planck Genome-centre Cologne MPI for Plant Breeding Research Carl-von-Linné-Weg 10 D-50829 Cologne	9. Originator's Report No. MPG, Max-Planck Genome centre Cologne
	10. Reference No. 01GS0805
	11a. No. of Pages Report n/a
	11b. No. of Pages Publication n/a
13. Sponsoring Agency (Name, Address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	12. No. of References n/a
	14. No. of Tables n/a
	15. No. of Figures n/a
16. Supplementary Notes n/a	
17. Presented at (Title, Place, Date) Projekträger DLR, D-53227 Bonn	
18. Abstract Aim of the project 01GS0805 was to establish the latest high throughput sequencing technology and develop the related data processing strategies for the partners in a most cost efficient way. Therefore, project 01GS0805 was imbedded into a consortium to characterize so far less well known ncRNAs (non-coding RNAs) and their role in infection. All consortium members have agreed to use similar generic methods to investigate pathogens like viruses, bacteria and eukaryotic parasites of human and clinical relevant model organisms (mouse, monkeys). Therefore, high-throughput technologies could be used highly efficiently. Starting the project, there were hardly any methods established to search and explore simultaneously for the responds of host and pathogen and their function influencing each other. The simultaneous and systematic use of high-through-put sequencing has been very efficient and successful proven using infected human and mouse cell lines (Prof. Brosius, Prof. Rudel, Prof. Vogel), as well as in monkeys (Prof. Walter) and led to many (<30) high ranking publication in <i>Cell</i> , <i>Nature</i> , <i>PNAS</i> and others.	

19. Keywords nc-RNAs, dualRNA-Seq method, high-through-put sequencing using Illumina and PacBio	
20. Publisher n/a	21. Price n/a

Erfolgskontrollbericht

Förderkennzeichen: 01GS0805 _____

1. Beitrag des Ergebnisses zu den förderpolitischen Zielen des Förderprogramms

Das Teilprojekt hat dem Konsortium zur genomweiten, umfassenden Untersuchung von nc-RNAS die entsprechende Hochdurchsatzsequenzierung und Auswertemethoden zur Verfügung gestellt. Als Basis ist die Illumina and abschließend auch noch die PacBio Technologie sehr erfolgreich etabliert worden.

2. Wissenschaftlicher oder technischer Erfolg des Vorhabens inkl. erreichter Nebenergebnisse und wesentlicher Erfahrungen

Der wissenschaftliche Erfolg des Vorhabens ist durch die hochrangigen Veröffentlichungen der Konsortiumsmitglieder dokumentiert. Die dualRNA-Seq Methode ist heute als Standardmethode etabliert.

3. Einhaltung des Finanzierungs- und Zeitplans

Sowohl der Finanzierungs-, als auch der Zeitplan sind eingehalten worden

4. Fortschreibung des Verwertungsplans

Haben Vorhabensergebnisse zu Erfindungen und Patenten (angemeldet/erteilt) geführt oder wurden solche in Anspruch genommen? Wie wurden sie verwertet und welche weiteren Verwertungsmöglichkeiten sind erkennbar?

Haben sich die wirtschaftlichen, wissenschaftlichen und/oder technischen Erfolgsaussichten der Verwertung nach Projektende geändert?

Haben sich Änderungen bei der wissenschaftlichen und wirtschaftlichen Anschlussfähigkeit, d.h. der notwendigen nächsten Schritte zur erfolgreichen Umsetzung der Ergebnisse, ergeben?

Wenn ja, bitte spezifizieren und Zeithorizont angeben.

entfällt für das Teilprojekt 01GS0805

5. Präsentationsmöglichkeiten für mögliche Nutzer (Angaben, soweit die Art des Vorhabens dies zulässt)

entfällt für das Teilprojekt 01GS0805

6. Arbeiten, die zu keiner Lösung geführt haben

Die Arbeiten des Teilprojekt 01GS0805 sind sämtlich erfolgreich abgeschlossen worden