

 Inhalt archiviert am 2024-05-27



Snp mapping resources for the functional genomics of drosophila (FLYSNP)

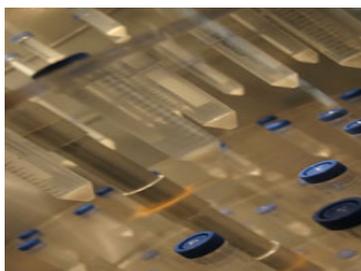
Ergebnisse in Kürze

Hochauflösende Genkarte der Fruchtfliege

Die bei Genuntersuchungen allgemein verwendete Fruchtfliege *Drosophila melanogaster* hat ihren Nutzen erneut bewiesen. Forscher haben eine neue, hochmoderne Kartentechnik entwickelt, um die Untersuchung neuer Mutationen zu erleichtern.



GESUNDHEIT



© Shutterstock

Die Enträtselung des menschlichen Genoms hängt stark von funktionellen genomischen Untersuchungen an der *Drosophila* ab. Die Projektpartner von FLYSNP befassten sich mit der Herstellung einer hochauflösenden Genomkarte, um die Zuordnung der Funktionen zu einem bestimmten Gen zu erleichtern. Bei *D. melanogaster* treten sehr häufig Singuläre Nukleotid-Polymorphismen (SNPs) oder genetische Varianten auf, die sich hinsichtlich eines Nukleotids unterscheiden. Infolge ihrer großen Häufigkeit und ihrer phenotypischen Expression, eignen diese sich besonders gut als Marker zum Aufspüren von Mutationen. Nach ihrer Lokalisierung, können diese Mutationen zur weiteren Untersuchung geklont werden.

Ein Team an der Österreichischen Akademie der Wissenschaften erstellte eine hochauflösende SNP-Karte mit über 2000 Markern. Wichtig hierbei ist, dass diese breit und gleichmäßig über das Genom verteilt sind. Die Erstellung der SNP-Karte

gelang in drei Phasen, ausgehend von einer niedrig-auflösenden über eine mittlere zu einer hochauflösende Karte. Hierzu verwendeten die Forscher zum Vergleich der ausgewählten, sequenzierten und amplifizierten SNPs die genetische Datenbank FlyBase von Drosophila. Der automatische SNP-Nachweis erfolgte mit dem PolyBayes Software-Paket. Danach werden Qualitätskriterien angewendet, gefolgt von einer visuellen Inspektion der Anordnungen, um die Zuverlässigkeit zu erhöhen.

Für interessierte Anwender kann die SNP-Karte über die Projekt-Datenbank auf <http://flysnp.imp.ac.at/flysnpdb.php> eingesehen werden. Hier befindet sich eine Einführung in das Projekt, eine Gebrauchsanweisung, Verfahren und Verweise auf wichtige relevante Seiten. Von der Webseite können Informationen über spezifische Regionen heruntergeladen werden. Dazu gehören Informationen zu Allelen, der Lage im Genom (Arm-Region und Position), flankierende Sequenzen sowie Einzelheiten über Amplifikationsprimer. Mit GBRrowse besteht auch ein direkter Link auf eine grafische Darstellung der Sequenzen.

Die durch das Team erzielte SNP-Kartierung hat es ermöglicht, die aufwendige Aufgabe der Kartierung, die manchmal Jahre erforderte, auf wenige Monate zu verkürzen. Dadurch können die Forscher ihre wertvolle Zeit auf weitere Genanalysen und auf die Lokalisierung neuer Mutationen konzentrieren.

Entdecken Sie Artikel in demselben Anwendungsbereich



Wie hoch ist die Wahrscheinlichkeit, dass Sie diese Krankheit bekommen?



Neue genetische Werkzeuge für schnellere Wirkstoffentwicklung





Bekämpfung seltener Krankheiten durch genetisches Screening bei Geburt



Gene für längere Lebensdauer



Projektinformationen

FLY SNP

ID Finanzhilfvereinbarung: QLRI-CT-2001-00004

Projekt abgeschlossen

Startdatum

1 Dezember 2001

Enddatum

30 September 2005

Finanziert unter

Specific Programme for research, technological development and demonstration on "Quality of life and management of living resources", 1998-2002

Gesamtkosten

€ 2 213 896,00

EU-Beitrag

€ 1 391 968,00

Koordiniert durch

UPPSALA UNIVERSITY

 Sweden

Dieses Projekt findet Erwähnung in ...

MAGAZIN RESEARCH*EU



Results Supplement No.
004

MAGAZIN RESEARCH*EU



Results Supplement No.
021

MAGAZIN RESEARCH*EU



Results Supplement No.
002

Letzte Aktualisierung: 15 Januar 2008

Permalink: <https://cordis.europa.eu/article/id/83702-high-density-gene-map-for-the-fruit-fly/de>

European Union, 2025