

Veröffentlichung der Ergebnisse von Forschungsvorhaben im BMBF-Programm

B I O L O G I E

"Das diesem Bericht zugrundeliegende BMBF-Forschungsvorhaben wurde mit Mitteln des Bundesministeriums für Bildung und Forschung unter dem Förderkennzeichen 0315063C gefördert. Die Verantwortung für den Inhalt dieser Veröffentlichung liegt beim Autor".

Forschungsvorhaben: GABI-FUTURE-Verbundvorhaben: 'Erschließung des genetischen Potentials von Roggen mittels Etablierung einer Ressource zur funktionellen Genomanalyse des exprimierten ('EXPRESsed') Anteil des Roggen-genoms (GABI-RYE EXPRESS)'(Teilprojekt C)

Förderkennzeichen: 0315063C

Zuwendungsempfänger: Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH), Postfach 11 29, 85758 Oberschleißheim

Ausführende Stelle: Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Institut für Bioinformatik (IBI), Ingolstädter Landstr. 1, 85764 Oberschleißheim

Projektleitung: Herr Dr. Mayer

Laufzeit: 01.01.2008 bis 31.12.2010

Project (+ Acronym)	Title	<i>GABI-RYE EXPRESS: Unlocking the genetic potential of rye by establishing a functional genomics resource for the EXPRESSED portion of the rye genome, Teilvorhaben C</i>
Identific. Number (FKZ)		0315063C
Grant (+ Investigator)	holder Principle	K. Mayer
Project Partners (if appl.)		WZW, Technische Universität München IPK Gatersleben
Project Koordinator		Dr. Eva Bauer
Subcontractor(s)		n.a.

I. Kurzbeschreibung der Projektfragestellungen

Im Rahmen des GABI RYE Express Projektes wurde eine grosse Anzahl von Roggen ESTs mittels NGS Technologie aus verschiedenen Kultivaren sequenziert. Diese Ressourcen dienen dazu kultivarspezifische *assemblies* durchzuführen, genomische Variationen -SNPs, InDels- zu detektieren und eine *transcriptomics* Resource für Roggen zu entwickeln. Diese Ressource sollte zu u.a. zum Design eines oligobasierenden Roggengenotypisierungs Arrays verwendet werden (siehe Berichte der Teilvorhaben A & B). Spezifische Aufgabe des Teilprojektes C war es diese genomweiten Transkriptomdaten in den Kontext mit anderen genomischen Referenzen aus den Gräsern und Triticeae zu stellen. Dazu sollten mehrere Arbeitskomponenten und –pakete beigesteuert werden:

- (a) die Entwicklung geeigneter genomischer Referenzen und dem Aufbau entsprechender Datenbankreferenzierungssysteme sowie
- (b) die Entwicklung geeigneter und nutzerfreundlicher Visualisierungssysteme zur Darstellung dieser Daten und schliesslich
- (c) die Darstellung und Konzeption einer integrativen Darstellung von genomischen Roggengenen im Kontext mit Referenzgenomen und unter Einbeziehung integrativer Ansätze.

Zu Beginn des Vorhabens war öffentlich nur ein kleiner Datensatz öffentlich verfügbarer Roggensequenzen vorhanden (rund 10000 EST Sequenzdaten). Untersuchungen im Rahmen des Projektes zeigten jedoch dass diese Resource hochgradig kontaminiert war und zu rund 2/3 tatsächlich aus Weizensequenzen bestand. Folglich war der tatsächlich verfügbare Datensatz nochmals deutlich geringer und die im Rahmen des Projektes generierten, strukturierten und analysierten Daten umso wertvoller.