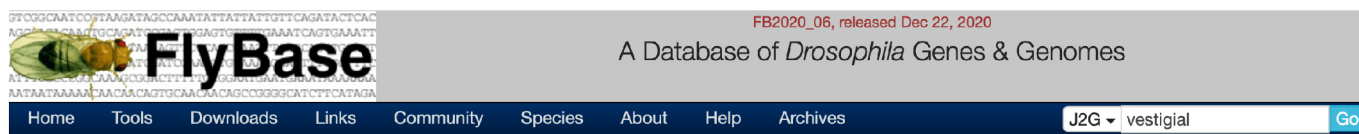


Recherche im Internet:

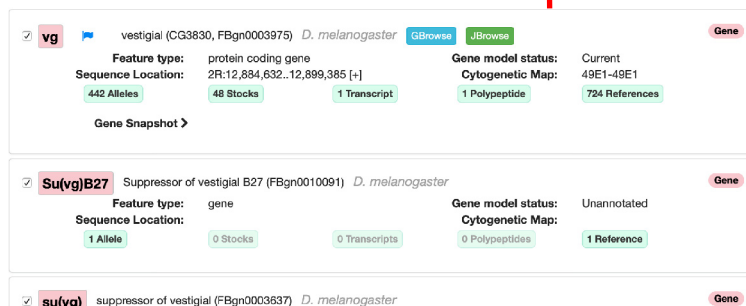
flybase.org (Stand Jan 2021)



Lassen Sie sich von der Vielfalt der wissenschaftlichen Informationsangebote nicht irritieren!!!

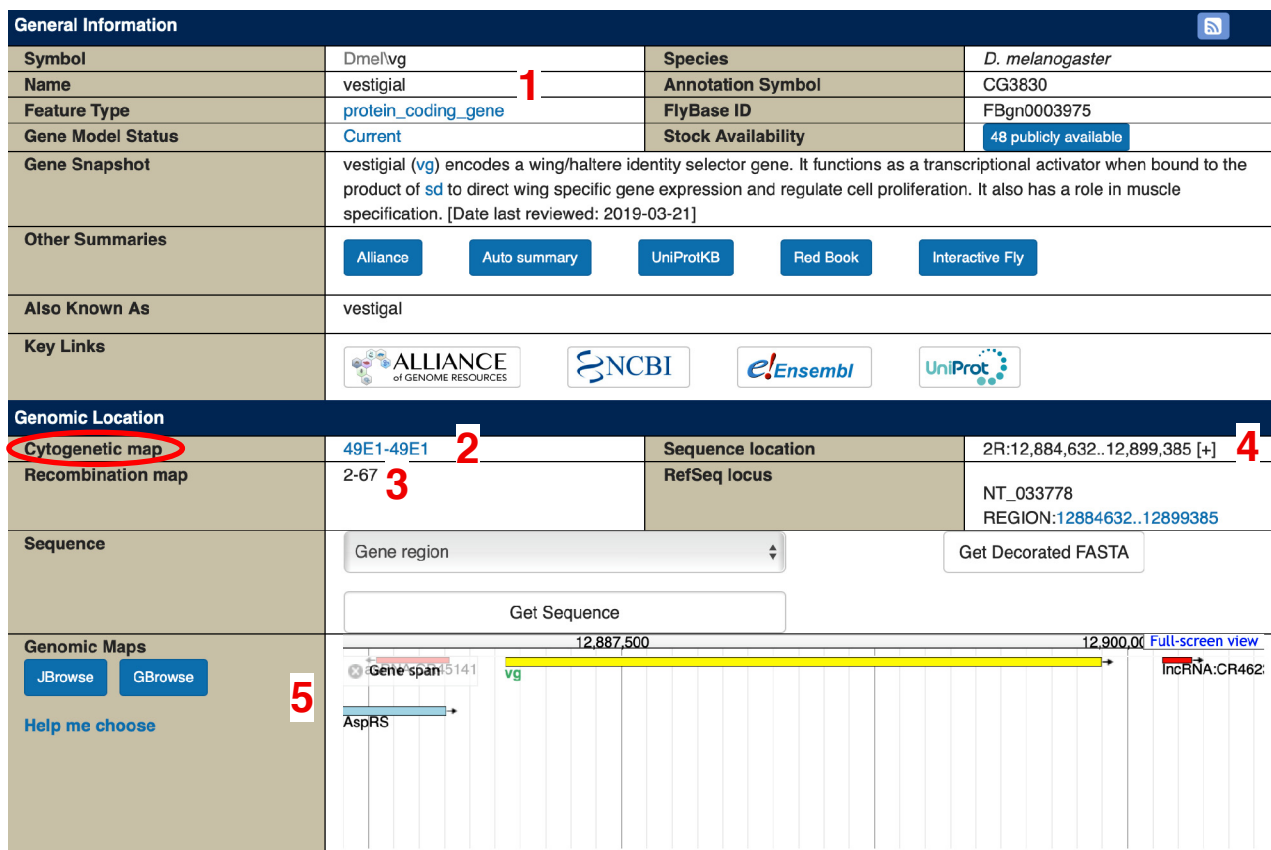
Geben Sie einen Gennamen im Kopfmenü neben J2G (Jump to Gene) ein, z.B. „vestigial“.

Ergebnis (so oder ganz ähnlich):



In vielen Fällen bekommen Sie mehrere Suchergebnisse (“matches”), die einen Eindruck von der Komplexität des Genes und seiner Regulation geben: Hier mehrere Suppressoren, manchmal Enhancer usw.

Ein Klick auf das Gen-Symbol liefern die detaillierten Informationen:



1: Namen und Charakter des Gens	2: Kartierungsdaten; Zytogenetische Kartierung = Banden auf Riesenchromosomen	3: Genetische Kartierung = Rekombinationsdaten = Vergleichsdaten zu FlyLab	4: Sequenzdaten = Nukleotidnummern	5: Lage und Orientierung auf dem Chromosom GBrowse liefert mehr
--	--	---	---	---

Darunter finden Sie viele weitere Links um alles über das gesuchte Gen zu erfahren.

Schulisch interessant sind u.U. die Variationen des Gens: Es gibt meist viele Allele!!

Auch könnte man sich die Phänotypen im Einzelnen ansehen sowie zu Sequenz, Transkript, Protein usw. klicken.

Kartierungsmethoden

(vgl. Seyffert 1998: Lehrbuch der Genetik. S.629, S.1025ff)

1 Genetic map:

Aus Kopplungsanalysen gewonnen, Rekombinationsdaten;

Einheit „Morgan“ „M“ bzw. centi-Morgan = cM = Prozent Rekombinationshäufigkeit; 1cM ~ 10⁶ bp

Kopplungsanalysen mit molekularen Markern, z.B. RFLPs, haben eine Auflösung von 1cM

2 Cytogenetic map (Zytogenetik):

2.1 Aus Bandenmuster polytärer Chromosomen gewonnen (Dipteren: Riesenchromosomen) Deletionen sind direkt sichtbar. Rezessive Punktmutation kombiniert mit Deletion auf dem homologen Chromosom erlaubt genauere Lokalisierung bis auf eine Bande.

2.2 Aus Hybridisierungsexperimenten gewonnen: Bekannte Sequenz wird markiert, mit polytänem Chromosom hybridisiert. Locus direkt sichtbar.

2.3 Aus DNA-Sequenz berechnet: Nicht zytogenetisch bestimmt, sondern aus anderen Daten berechnet (vgl. FlyBase „Map Conversion Table“)

2.4 Einheit ist eine willkürliche Konvention: Chromosomenarme werden in Abschnitte unterteilt (X-Chromosom: 1-20, 2L: 21-40 usw.), diese in Regionen A-E und darin die Banden durchnummeriert.

Beispiel: 44D2:

44 ⇒ auf 2R;

D ⇒ im 4.Abschnitt;

2 ⇒ 2.Bande

Beispiel: 85B:

85 ⇒ auf 3R;

B ⇒ im 2.Abschnitt

e) Auflösung von 10⁷ bp

Bei Riesenchromosomen *Drosophila*:

Auflösung 50 bp!!!

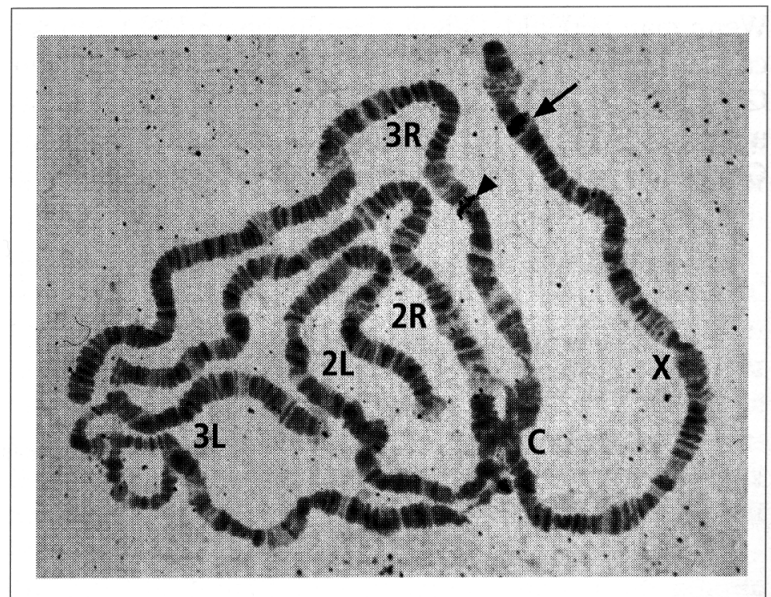
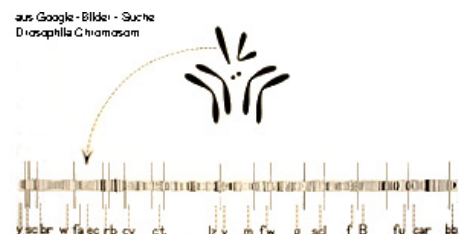


Abb. G-4: In-situ-Hybridisierung an Polytänchromosomen. Die Polytänchromosomen sind aus einem *Drosophila*-Stamm präpariert worden, in den mittels P-Element-vermittelter Keimbahntransformation ein Konstrukt des *Sgs4*-Gens in das Genom integriert wurde. Die Hybridisierung einer [³H]-markierten Sonde, bestehend aus diesem *Sgs4*-Konstrukt, wurde autoradiographisch nachgewiesen. Sowohl das *Sgs4*-Gen in der Region 3C auf dem X-Chromosom (Pfeil) wie auch der in Region 85B auf dem rechten Arm von Chromosomen 3 inserierte P-Vektor mit dem *Sgs4*-Konstrukt (Pfeilspitze) werden detektiert. Die fünf großen Chromosomenarme (X, 2L, 2R, 3L und 3R) und das Chromozentrum (C) sind gekennzeichnet. (Aufnahme von G. Korge.)



3 Molecular map: sequenziertes Gen;

Angabe in kb (Kilobasen) auf einem Chromosomenarm, +/-: Leserichtung

Beispiel vg: 2R:8,771,794..8,786,900 [+]