

Projektarbeit

Entwicklung einer bioinformatischen Pipeline zur Identifizierung hochvariabler Genmarker für die Buche

Die Buche ist eine der ökologisch und ökonomisch wichtigsten Laubbaumarten in Mitteleuropa. Trotzdem sind genetische Ressourcen dieser Baumart, die für genetische Untersuchungen verwendet werden können, limitiert.

Ziel dieser Projektarbeit ist es, eine bioinformatische Pipeline aus diversen frei verfügbaren Programmen zu aufzubauen, mit der Mikrosatelliten-Marker für Forstbaumarten aus beispielsweise Transkriptomdaten entwickelt werden können. Grundlage der Pipeline-Entwicklung in dieser Arbeit stellt ein kürzlich erstelltes Transkriptom der Rotbuche (*Fagus sylvatica* L.) dar.

Mikrosatelliten (Simple Sequence Repeats – SSRs) sind hochvariable Genmarker, auf denen eine Vielzahl populationsgenetischer Studien basieren. Es handelt sich dabei um sich wiederholende DNA-Sequenzen von 1-6 bp Länge. Mikrosatelliten können beispielsweise für die Bestimmung von Genfluss zwischen Populationen, für die Identifizierung von Klonen oder die Bestimmung der genetischen Diversität innerhalb von Populationen verwendet werden.



www.nlwkn.niedersachsen.de

Kontakt:

Prof. Dr. Oliver Gailing
Abteilung für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung
Büsgenweg 2
37077 Göttingen
Tel.: 0551 39 33536
E-Mail: ogailin@gwdg.de

Dr. Markus Müller
Abteilung für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung
Büsgenweg 2
37077 Göttingen
Tel.: 0551 39 14281
E-Mail: mmuellef@gwdg.de