

#### Abb. Chromosomenkarten 1-19 und X der Maus

Die genetische Karte der Chromosomen 1-19 und X der Maus zeigt 409 kartierte Varianten, die in 2D-Mustern der cytosolischen Fraktion von Mausgehirn gefunden wurden. Die 2D-Muster zweier Mäusestämme *Mus musculus* und *Mus spretus* wurden auf stammesspezifische Proteine untersucht. Die Segregation der Polymorphismen wurden dann in 2D-Mustern von 64 Rückkreuzungstieren des Europäischen Kollaborativen Interspezies Rückkreuzungsprojekt (EUCIB) untersucht (J.Klose). Die Rückkreuzungstiere der EUCIB-Rückkreuzung waren zuvor im Rahmen des EUCIB-Projektes mit 93 Ankermarkern genotypisiert worden (Breen et al., 1994; Rhodes et al., 1998). Da die Markerdichte nicht ausreichte, um für alle Regionen des Genoms genetische Kopplung zu etablieren, wurden die Rückkreuzungstiere mit 70 IRS-PCR-Markern und 9 Mikrosatellitenmarkern genotypisiert. Paarweise LOD-Wert Berechnungen wurden für 441 Varianten mit dem MAPMAKER/EXP 3.0 Program durchgeführt. Von 374 Proteinen die Kopplung zu einem Ankermarker mit LOD-Wert von mindestens 4 zeigten, konnten 359 mit einem LOD-Wert von mindestens 2,5 in die genetische Karte eingeordnet werden. Weitere 50 Varianten konnten nicht in das Markergerüst eingeordnet werden, zeigten aber Kopplung zu Markern der Chromosomenenden eines Chromosoms und wurden deshalb als 'gekoppelt' (linked to chromosome) unter dem Chromosom vermerkt. 17 dieser Varianten zeigten Kopplung mit einem LOD-Wert zwischen 3.0 und 4.0. 32 der 441 Varianten konnten nicht kartiert werden. Tabelle 1 zeigt die Kartierungsdaten (LOD-Werte, Anzahl der genotypisierten Tiere) für jedes Protein.

Die Genotypisierungsdaten für Proteine, IRS-PCR- und Mikrosatellitenmarker wurden bei der MBx-Datenbank des EUCIB-Projektes eingereicht.

Die chromosomalen Positionen der kartierten Protein-Varianten sind auf der Karte mit den Variantennamen angegeben (V-Nummern in rot). Diese Nummern beinhalten Symbole für den Phänotyp, den die Variante auf dem 2D-Gel gezeigt hat: mV steht für eine Mobilitätsvariante, die eine Variation im Molekulargewicht oder Isoelektrischen Punkt zeigt; aV steht für eine Variante der Proteinmenge (englisch: amount variation) und paV steht für eine Variation der Proteinmenge, bei der der Spot in der einem Mausestamm fehlt und in der anderen vorhanden ist (presence/absence variation). Die Variantennummer bezieht sich auf einzelne Spots oder Spotgruppen des 2DE-Musters der cytosolischen Fraktion von Mausgehirn (<http://www.ukrv.de/humangenetik>). Polymorphe Spots, die unter demselben Variantennamen zusammengefasst worden waren (J. Klose), wurden als vom selben Protein abstammend angesehen. Varianten, die mit Massenspektrometrie identifiziert worden waren, sind auf dem Chromosomenkarten schwarz umrahmt worden. Gestrichelt umrahmte Varianten stellen indirekt identifizierte Proteine dar: es wurde angenommen, dass diese Varianten dasselbe Protein darstellen wie die bereits an dieselbe Stelle kartierende Variante (siehe auch Tab.1, Fussnote i).

Tabelle 1 listet die Proteinidentifikationen aller Spots auf. Identifizierte Proteine, deren Kartierungsposition in der Maus bereits bekannt war, wurden links neben den hier erstellten Chromosomenkarten gemäss ihrer Kartierungsposition (wie im CCR veröffentlicht) eingezeichnet. Auch einige Kartierungspositionen von nicht-varianten identifizierten Spots wurden angegeben. Die Ankermarker des EUCIB-Projektes, die zur Erstellung der genetischen Karte verwendet wurden, sind schwarz und fett gedruckt, die sekundären Ankermarker schwarz und dünn, die hier zusätzlich eingesetzten IRS-PCR-Marker und Mikrosatellitenmarker sind in grüner Schrift auf der Karte dargestellt. Der Name eines IRS-PCR-Markers enthält im Namen eine Vorsilbe, die sich auf seine Herkunft aus einer bestimmten Klonbank bezieht: "mbacr" bezeichnet IRS-PCR-Produkte von BAC-klonierter *Mus musculus* DNA, "bir" von genomischer *Mus musculus* (B6) DNA und "173r" von der Klonbank EJ167. Der Vorsilbe folgt die Angabe der Klonadresse in einer Mikrotiterplatte (Plattenummer, Säule, Reihe). An der linken Seite des Chromosoms sind die cM-Abstände zwischen den Markern oder Marker und Protein angegeben. \*, \*\*, .., sowie Dreieckssymbole sind als Verweise gemeint.