

Tab.2 • Liste von polymorphen und nicht-polymorphen Spots, die zur selben Spotfamilien gehören, jedoch auf mehrere verschiedene Positionen der Mausechromosomen kartieren.

Spotfamilien			
Proteine	Spot-No. ^a	Varianten-No.	Chromosomale Position ^c
Heat shock cognate protein 70			Chr 9 - <i>Hsc70</i>
	C5_006	mV223BS	Chr 9 - pos. (<i>Hsc70</i>)
	B1_028	mV90BS	Chr x - pos. 1
	B1_031	mV90BS	Chr x - pos. 1
	B2_045	mV313BS	Chr x - pos. 2
	B2_025	mV313BS	Chr x - pos. 2
	B3_001	nicht-variant	-
	B3_003	nicht-variant	-
	B4_278	nicht-variant	-
gamma-Enolase			Chr 6 - <i>Eno2</i>
	B3_522	mV52BS	Chr 6 - pos. 1: <i>Eno2</i>
	B2_423	mV54BS	Chr 6 - pos. 1: <i>Eno2</i>
	B2_415	mV55BS	Chr 6 - pos. 1: <i>Eno2</i>
	B3_359	mV73BS	Chr 6 - pos. 1: <i>Eno2</i>
	C3_006	mV57BS	Chr 6 - pos. 2
	B2_309	mV364BS	Chr 6 - pos. 3
	B2_525	mV68BS	Chr 15 - pos. s. Karte
	C3_003	nicht-variant	-
Serum albumin			Chr 5 - <i>Alb1</i>
	A4_199	mV83BS	Chr 5 - pos. 1: <i>Alb1</i>
	C4_215	paV52BS	Chr 5 - pos. 2
	C5_383	mV136BS	Chr 19 - pos. s. Karte
	C5_384	mV136BS	Chr 19 - pos. s. Karte
Fructose biphosphate aldolase C (brain)			Chr 11 - <i>Aldo3</i>
	D6_120	mV159BS	Chr 11 - <i>Aldo3</i>
	B5_464	paV419BS	Chr 7 - pos. s. Karte
	B5_467	nicht-variant	-
	B5_490	nicht-variant	-
Aconitase 2			Chr 10 - <i>Aco2</i>
	B5_097	mV150BS	Chr 15 - pos. 1
	B6_008	mV150BS	Chr 15 - pos. 1
	B6_220	mV248BS	Chr 15 - pos. 1
	A5_202	mV292BS	Chr 15 - pos. 1
	B5_038	mV297BS	Chr 15 - pos. 2
	B5_063	mV297BS	Chr 15 - pos. 2

Creatin kinase B	C3_073	paV141BS	Chr 12	-	<i>Ckb</i>
	C3_456	paV141BS	Chr 19	-	pos. s. Karte
	C3_058	aV348BS	Chr 19	-	pos. s. Karte
	B3_423	nicht-variant		-	
	B4_354	nicht-variant		-	
	C2_189	nicht-variant		-	
	C3_052	nicht-variant		-	
	C3_135	nicht-variant		-	
	C3_141	nicht-variant		-	
Triosephosphate isomerase	D3_152	aV19BS	Chr 6	-	<i>Tpi</i>
	C5_250	nicht-variant	Chr 18	-	pos. s. Karte
	C5_254	nicht-variant		-	
	C5_264	nicht-variant		-	
				-	
Hemoglobin alpha-chain	E6_045	paV224BS	Chr 11	-	<i>Hba</i>
	E7_015	nicht-variant	Chr 13	-	pos. s. Karte
				-	
GTP-binding nuclear protein RAN	C5_236	paV257BS	Chr 4	-	<i>Tlr4</i>
	C5_229	nicht-variant	Chr 15	-	pos. s. Karte
				-	
Dynamin-1	B5_694	paV509BS	Chr 2	-	<i>Dnm</i>
	B4_503	nicht-variant	Chr 4	-	pos. s. Karte
				-	
Pyruvate kinase isozyme M2	B5_692	paV495BS	Chr 9	-	<i>Pk3</i>
	B5_073	nicht-variant	Chr 11	-	pos. s. Karte
	B5_092	nicht-variant		-	
				-	
Apolipoprotein E	C3_146	mV123BS	Chr 7	-	<i>Apoe</i>
	C3_149	aV345BS	Chr 18	-	pos. s. Karte
				-	
Glutamate dehydrogenase	B5_199	mV271BS	Chr 14	-	<i>Glud</i>
	B5_176	nicht-variant	Chr 8	-	pos. s. Karte
				-	
Cytosolic acyl coA thioester hydrolase	B5_523	paV410BS	(Chr 4	-	) ^d
	B5_492	aV415BS	Chr 17	-	pos. s. Karte
	B6_339	nicht-variant		-	
				-	

Glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase		Chr 6 - <i>Gapd</i>
B5_611	mV145BS	Chr 6 - pos. 1: <i>Gapd</i>
B6_448	mV145BS	Chr 6 - pos. 1: <i>Gapd</i>
B6_442	mV145BS	Chr 6 - pos. 1: <i>Gapd</i>
B6_436	mV145BS	Chr 6 - pos. 1: <i>Gapd</i>
B5_660	mV143BS	Chr 6 - pos. (1: <i>Gapd</i>)
B5_612	paV408BS	Chr 6 - pos. 2
B6_476	paV425BS	Chr 6 - pos. 3
Glutathione S-transferase GT 8.7		(Chr 3 - <i>Gstm1</i>) ^e
C6_217	mV139BS	Chr 3 - pos. 1: (<i>Gstm1</i>)
C6_224	mV215BS	Chr 3 - pos. 1: (<i>Gstm1</i>)
D4_125	mV9BS	Chr 3 - pos. 1: (<i>Gstm1</i>)
C5_243	mV210BS	Chr 3 - pos. 1: (<i>Gstm1</i>)
E4_015	mV12BS	Chr 3 - pos. 2
C6_058	paV299BS	Chr 3 - pos. 3
Carbonic anhydrase II		Chr 3 - <i>Car2</i>
C5_151	mV138BS	Chr 3 - pos. 1: <i>Car2</i>
A5_009	mV285BS	Chr 3 - pos. 1: <i>Car2</i>
D5_076	paV227BS	Chr 3 - pos. (1: <i>Car2</i>)
C5_271	mV134BS	Chr 3 - pos. 2
NADP-dependent Malic enzyme		Chr 9 - <i>Mod1</i>
B5_021	mV296BS	Chr 9 - pos. 1: <i>Mod1</i>
C5_381	paV271BS	Chr 9 - pos. 2
Carbonyl reductase		Chr 16 - <i>Cbr</i>
C6_072	mV142BS	Chr 16 - pos. 1: (<i>Cbr</i>)
C6_389	mV153BS	Chr 16 - pos. 1: (<i>Cbr</i>)
C5_379	mV154BS	Chr 16 - pos. 1: (<i>Cbr</i>)
C5_376	paV264BS	Chr 16 - pos. 2
C6_391	paV385BS	Chr 16 - pos. 3
C6_380	paV385BS	Chr 16 - pos. 3
Catechol O-methyltransferase, membrane bound form		Chr 16 - <i>Comt</i>
C3_459	paV47BS	Chr 16 - pos. s. Karte ^f
C3_258	paV48BS	Chr 16 - pos. s. Karte ^f
Acyl-coA dehydrogenase, long-chain specific		Chr 1 - <i>Acad1</i>
B5_429	mV244BS	Chr 1 - pos. s. Karte ^g
Glutathione S-transferase P1		Chr 19 - <i>Gstp2</i>
C3_453	mV18BS	Chr 19 - pos. 1: (<i>Gstp2</i>)
C4_323	mV53BS	Chr 19 - pos. 1: (<i>Gstp2</i>)
C5_330	mV212BS	Chr 19 - pos. 1: (<i>Gstp2</i>)
D4_149	mV13BS	Chr 19 - pos. 2
C5_366	mV183BS	Chr 19 - pos. (3)
C5_360	mV183BS	Chr 19 - pos. (3)
C6_296	nicht-variant	-

Protein disulfide isomerase		Chr 11 - <i>P4hb</i>
B2_464	mV130BS	Chr 11 - pos. 1: (<i>P4hb</i>)
B2_458	mV130BS	Chr 11 - pos. 1: (<i>P4hb</i>)
B2_146	mV86BS	Chr 11 - pos. 2
Fructose biphosphate aldolase A (muscle)		Chr unknown
B5_702	paV398BS	Chr 6 - pos. s. Karte ^h
B6_318	aV574BS	-
B6_308	nicht-variant	-
B6_328	nicht-variant	-
B6_309	nicht-variant	-
Tubulin beta-5 chain		Chr unknown
B2_151	aV174Bs	Chr 12 - pos. s. Karte ^h
B2_121	nicht-variant	-
B2_118	nicht-variant	-

Einzelspot-Varianten

Proteins	Spot-No. ^a	Variation-No. ^b	Chromosome, position ^c
Peroxisome proliferator-activated receptor delta chain			Chr 17 - <i>Ppard</i>
C5_088	aV268BS		Chr 16 - pos. s. Karte
Tubulin alpha-2 chain			Chr 2 - <i>Tuba2</i>
B4_228	paV153BS		Chr 3 - pos. s. Karte
Tubulin beta-4 chain			Chr 17 - <i>Tubb4</i>
B3_596	paV129BS		Chr 3 - pos. s. Karte
Dihydropyrimidinase related protein-1			Chr 5 - <i>Crmp1</i>
B5_046	paV493BS		Chr 11 - pos. s. Karte
Dihydropyrimidinase related protein-4			Chr 7 - <i>Dpsyl4</i>
B5_065	paV507BS		Chr 11 - pos. s. Karte
Histone deacetylase 1			Chr 4 - <i>Hdac1</i>
B3_502	paV133BS		Chr 8 - pos. s. Karte
Uroporphyrinogen decarboxylase			Chr 4 - <i>Urod</i>
B4_591	paV120BS		Chr 2 - pos. s. Karte
Transaldolase			Chr 7 - <i>Taldo1</i>
C6_392	mV221BS		Chr 13 - pos. s. Karte

Sorcin	D3_008	mV19BS	Chr 5 - <i>Sri</i> Chr 4 - pos. s. Karte
Spermatid specific heat shock protein 70	D4_156	mV6BS	Chr 17 - <i>Hsc70t</i> Chr 9 - pos. s. Karte
Hemoglobin epsilon-y2 chain	E6_014	mV158BS	Chr 7 - <i>Hbb-y</i> Chr 6 - pos. s. Karte
H-2 class I Histocompatibility antigen D-P alpha chain	A2_210	mV97BS	Chr 17 - <i>H2-d</i> Chr 10 - pos. s. Karte
Synapsin IIb	B4_151	mV358BS	Chr 6 - <i>Syn2</i> Chr 14 - pos. s. Karte
alpha-Actin, cardiac	B5_301	mV267BS	Chr 2 - <i>Actc1</i> Chr 15 - pos. s. Karte
39 Proteine	119 Proteinspots	87 chromosomale Positionen	

^a Spotnummern beziehen sich auf das 2-DE Standardmuster der cytosolischen Fraktion von Mausgehirn (URL: <http://www.charite.de/humangenetik>). ^c Die Kartierungspositionen auf den Chromosomen der Maus finden sich in den Chromosomenkarten des Anhangs. Wenn verschieden Spots desselben Proteins auf verschiedene Positionen desselben Chromosoms kartierten wird dies durch Nummerierung der Positionen verdeutlicht. ^d Der menschliche Locus THCC wurde zwischen den Markern D1S214 – D1S244 lokalisiert. Diese Region ist homolog zu Maus Chromosom 4. ^e Die Kartierungsposition auf Chromosom 3 der Maus ist homolog zu der von GSTM1 auf dem Chromosom 1p13.3 des Menschen. ^f Die Kartierungsposition hier bei 19cM weicht von der im CCR (URL: <http://www.informatics.jax.org/bin/index>) angegeben bei ^g 25,5cM ab und wurde deshalb als unterschiedlicher Locus gewertet. ^h Die Beobachtung, dass diese Proteine sowohl polymorphe als auch nicht-polymorphe Spots zeigten und dass der polymorphe Spot einen quantitativen Polymorphismus zeigte, führte zur Annahme, dass die Kartierungspositionen in diesen Fällen nicht die Positionen des Strukturgenortes darstellten.