

Bioinformatik AG

Bioinformatik - Was ist das, und warum ist es interessant?

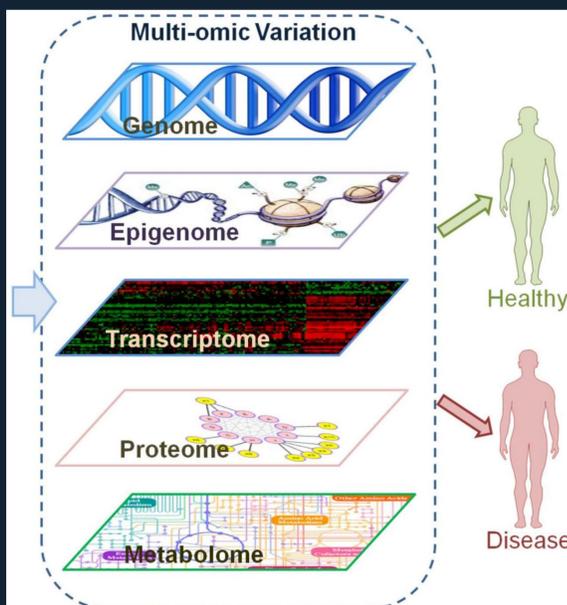
- Ein moderner Bereich der anwendungsorientierten Informatik
- Interdisziplinäres Feld (Biologie, Medizin, Informatik, Mathematik)
- Moderne Technologien der Biologie generieren immer größere Datensätze („omics“). Bioinformatik wird genutzt, um sinnvolle Erkenntnisse aus diesen Daten zu gewinnen.

Anwendungsbereich: „Omics-Methoden“

Die sogenannten „Omics-Methoden“ bezeichnen Teilgebiete der modernen Medizin, in denen z.B.

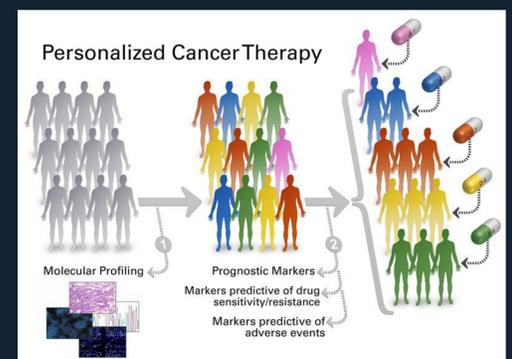
- das Genom einer Zelle (DNA-Sequenz)
- die Genexpression (Transkriptom) einer Zelle
- alle Proteine (Proteom) einer Zelle

gemessen werden. Bei einer Genomgröße von etwa drei Milliarden Basenpaaren, die für etwa 20.000 Gene codieren, entstehen bei solchen Messungen dementsprechend sehr große Datensätze. Um relevante Strukturen/Muster in diesen zu finden, braucht es verschiedenste bioinformatische Methoden. (Bildquelle: Sun et al., Adv. Genet., 2016)



Beispiel: Personalisierte Krebstherapie

Es gibt sogenannte Standard-Therapien für jede Krebsart, die theoretisch bei jedem Patienten wirken sollten. Die Realität ist aber komplizierter, und moderne Therapie-Ansätze versuchen, für jeden Patienten die optimale Behandlung zu finden. Dazu werden Omics-Daten des Tumors analysiert und Veränderungen oder bestimmte Untergruppen identifiziert. Je nach dem Ergebnis der bioinformatischen Analysen wird dann entschieden, welche Therapie für welchen Patienten am erfolgversprechendsten ist.

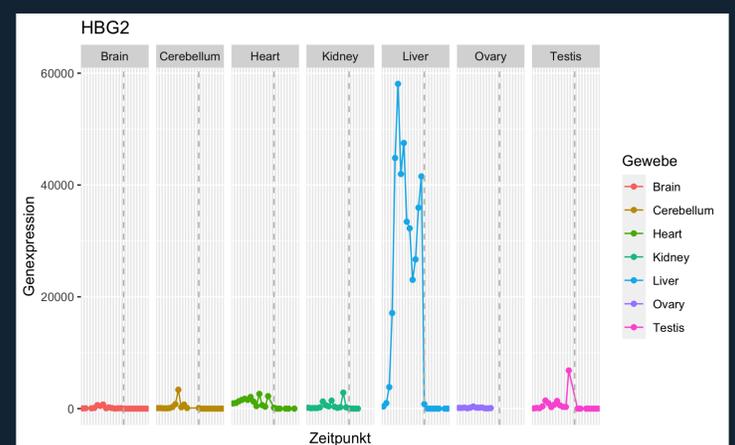


Beispiel aus dem letzten Lab-Jahr

Da alle Zellen zwar die gleiche DNA besitzen, aber ganz unterschiedliche Funktionen im menschlichen Körper haben, ist es wichtig, dass genau reguliert wird, wie stark welches Gen in welchen Zellen ein- oder ausgeschaltet ist. Daher haben wir uns im letzten Labjahr gefragt:

- Wie unterscheidet sich die Genexpression in verschiedenen Organen?
- Und wie verändert sich die Genexpression über das Alter (vom Embryo bis ins Erwachsenenalter)?

Rechts seht Ihr ein Beispiel, in dem wir die Expression eines Gens über die Entwicklungszeit visualisiert haben. Das Gen HBG2 (Untereinheit von Hämoglobin) wird vor allem in der Leber (= liver, blau) und in den frühen Embryonalstadien aktiv abgelesen.



Mentorenteam:

Jana Braunger M.Sc., Duc Thien Bui B.Sc., stud. phys. Tauland Nikqi, Luisa Schwarz Müller M.Sc., stud. phil. Moritz Simon, stud. mol. biotech. Stella Felicitas Thome, stud. mol. biotech. Anastasia Warken

Allgemeines:

Treffen

Mehrstündige Treffen einmal im Monat am Wochenende.

Laptop

Idealerweise vorhanden, aber nicht notwendig.

Interessen

An Biologie, Medizin, Informatik und/oder Mathematik sind erwünscht!

Vorkenntnisse

Keine Vorkenntnisse notwendig! In den ersten Treffen gehen wir mit Euch die Grundlagen (Biologisches sowie Programmierkenntnisse) durch.

Ziele

- Spaß am Erlernen und Ausprobieren neuer bioinformatischer Methoden
- Durchführung eines Gruppenprojekts