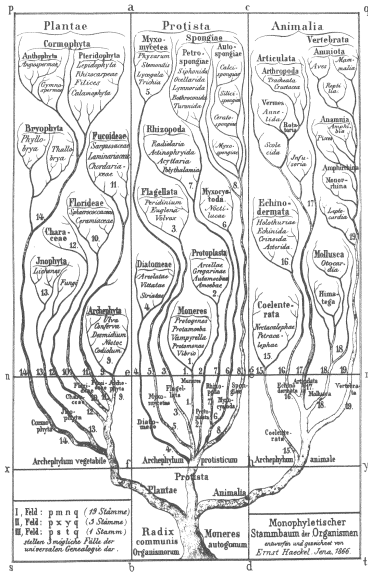


# Rekonstruktion der Evolution der Lebewesen



- Die Herkunft und Entstehung der Vielfalt des Lebens war lange schon von hohem Interesse.
- Grundlagen für unser heutiges Verständnis legte **Charles Darwin**, 1859.
- Frühe Entwürfe wie der *Stammbaum der Organismen* von Ernst Haeckel (1866) sind heute mittels molekularer Methoden weitgehend wiederlegt.
- Dennoch ist heute allgemein belegt und akzeptiert, dass die Entstehung dieser Vielfalt auf Vererbung beruht.

Notes

---

---

---

---

---

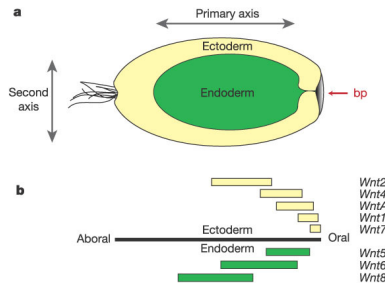
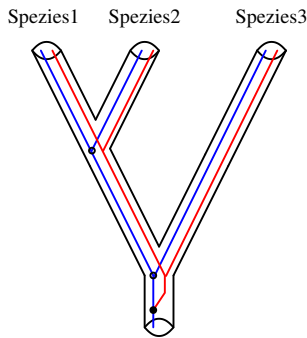
---

---

---

## Eine Analyse am Beispiel der Wnt Gene

- Molekulare Evolution** und die Entstehung von **Genfamilien**.  
Duplikationen:



- Wnt-Gene bilden ein **Super-Genfamilie von Entwicklungsgenen**, die z.B. an der Muskelentwicklung in der Embryonalphase beteiligt sind. Sie bestehend beim Menschen aus 12 Subfamilien mit je 1-2 Vertretern.

Notes

---

---

---

---

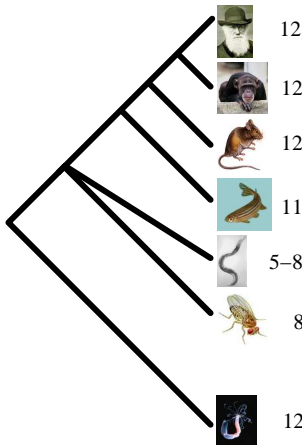
---

---

---

---

## Evolution der Wnt Gene (Lehrmeinung vs. Beobachtung)



- Anhand verwandter Sequenzen von Organismem. . .
  - läßt sich ein Baum rekonstruieren.
  - EMBL-Suche nach Wnt Genen stützt die allgemeine Lehrmeinung:
  - Wnt Zahl nimmt mit 'Komplexität' zu.**
  - Genomprojekt *Nematostella vectensis*:
  - Genvorhersage und Datenbanksuchen erbringen **12** Wnt-Familien!
  - Was hat das zu bedeuten???
- Evtl. Widerspruch zur Lehrmeinung!

Notes

---

---

---

---

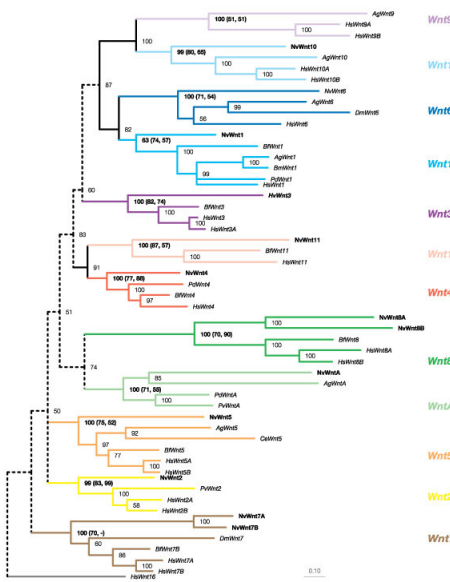
---

---

---

---

# Phylogenetische Analyse der Wnt Genfamilien



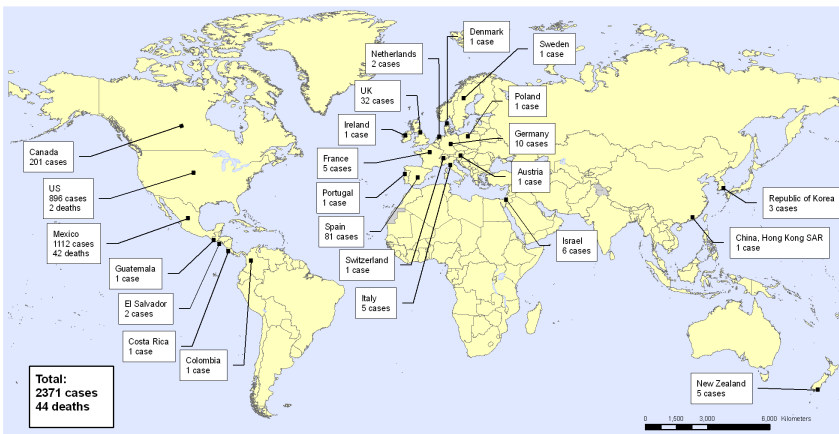
- Mitteln Datenbank-Suchen werden die vorhandenen Wnt Gensequenzen aus EMBL/Genbank.
- diese werden aligniert, überprüft und
- mittels verschiedenster Methoden Stammbäume rekonstruiert.
- alle *N. vectensis* lassen den Wnt-Subfamilien zuordnen.
- Ergebnis: Die Wnt-Vielfalt muß älter sein als erwartet.
- Insekten und Würmer haben einen Teil der Wnt-Ausstattung verloren!

Notes

# Die H1N1 Schweinegrippe-Pandemie 2009

New Influenza A (H1N1),  
Number of laboratory confirmed cases and deaths as reported to WHO

Status as of 7 May 2009  
18:00 GMT



The boundaries and names shown and the designations used on this map do not imply the expression of any opinion whatsoever on the part of the World Health Organization concerning the legal status of any country, territory, city or area or of its authorities, or concerning the delimitation of its frontiers or boundaries. Dotted lines on maps represent approximate border lines for which there may not yet be full agreement.

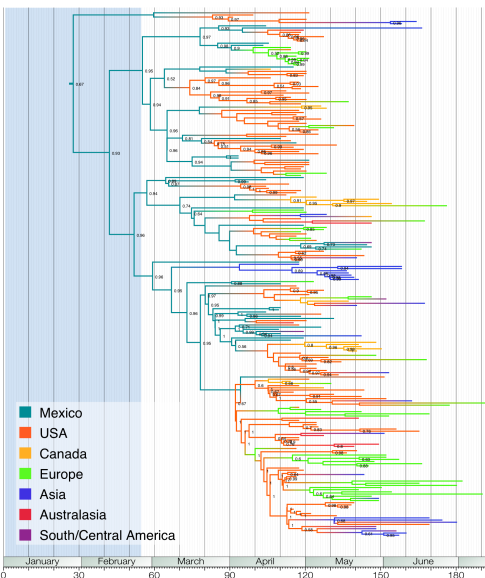
Data Source: World Health Organization  
Map Production: Public Health Information and Geographic Information Systems (GIS)  
World Health Organization

World Health Organization  
© WHO 2009. All rights reserved

Map produced: 7 May 2009 18:05 GMT

Notes

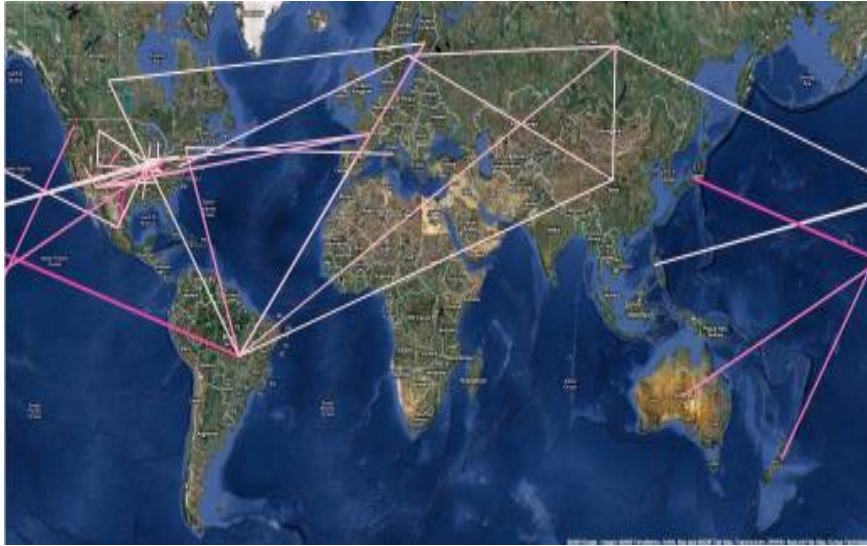
# H1N1 Stammbaum zu Beginn der Pandemie



- Aus den H1N1 Genomen sowie Sammelort und -datum lassen sich Stammbäume berechnen, die die Historie der Pandemie widerspiegeln.
- Mit diesem Wissen lassen sich die genauen Verbreitungswege schätzen.
- Quelle: Lemey et al. (2009) PLoS Comput. Biol.

Notes

# Ergebnis aus H1N1 Epidemiologie und Phylogeographie



Notes

---

---

---

---

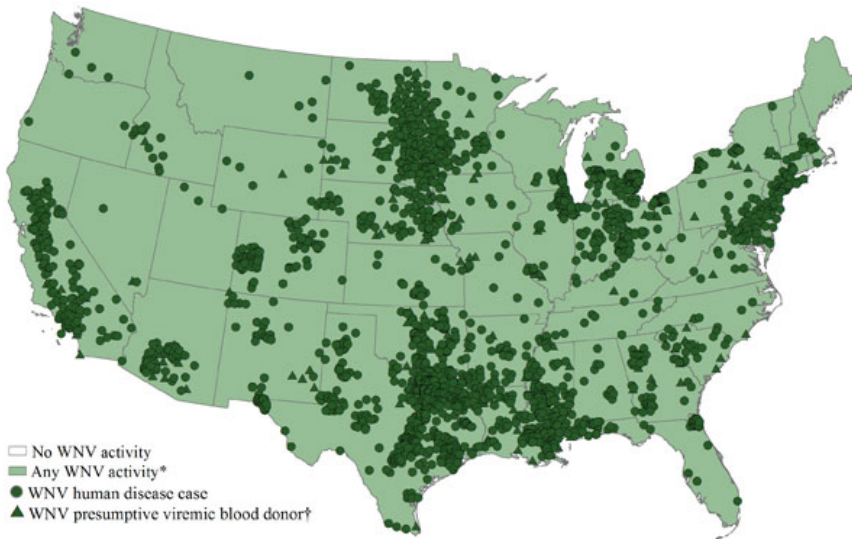
---

---

---

---

# Die West-Nil-Virus Epidemie in den USA



Notes

---

---

---

---

---

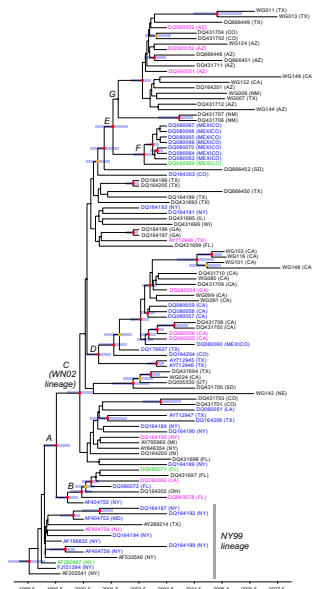
---

---

---

Quelle: WHO

# West-Nil-Virus Stammbaum



- Aus WNV Genomen sowie Sammelort und -datum lassen sich Stammbäume berechnen, die die Historie der Pandemie widerspiegeln.
- Mit diesem Wissen lassen sich die genauen Verbreitungswege schätzen.
- Quelle: Pybus et al. (2012) PNAS

Notes

---

---

---

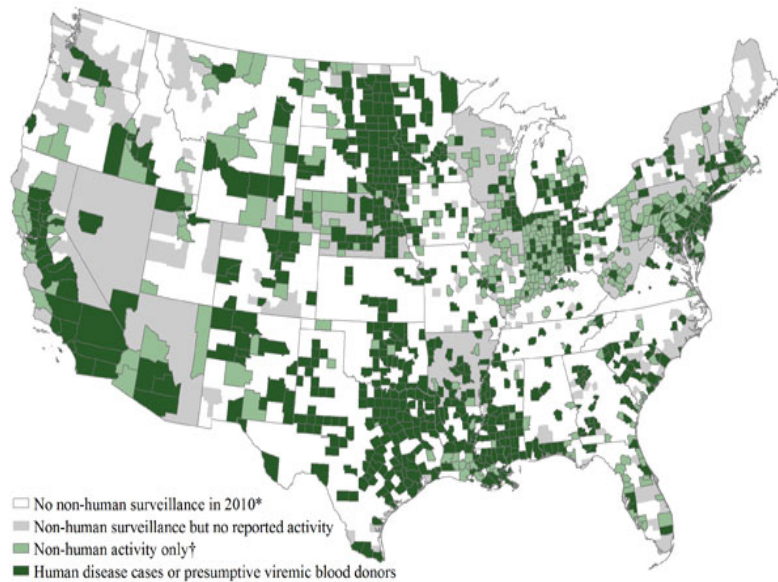
---

---

---

---

---



Notes

---

---

---

---

---

---

---

---

## Bioinformatik-Veranstaltungen im Studium - 1. Semester

Notes

---

---

---

---

---

---

---

---

### Modul EIN Einführung in das Studium der Informatik (STEOP)

- Einführung in die Bioinformatik (STEOP, 050012)
  - 2 SWS, 3 ECTS
  - Donnerstags, 16:00-17:30
  - Campus Vienna Biocenter 5 (VBC5), 1030 Wien
  - Ringvorlesung, Überblick über die verschiedensten Anwendungen von Bioinformatik in Wien

## Bioinformatik-Veranstaltungen im Studium - 3. Semester

Notes

---

---

---

---

---

---

---

---

### • Modul GBI Grundlagen der Bioinformatik (050060 VU)

- 4 SWS, 6 ECTS
- Donnerstags, 16:00-19:30
- Campus Vienna Biocenter 5 (VBC5), 1030 Wien

### • Modul ABI Angewandte Bioinformatik (050062 VU)

- 4 SWS, 6 ECTS
- Termin: nach Übereinkunft
- Dr. Bohrgasse 9, 1030 Wien
- Heranführen an praktische bioinformatische Arbeiten und aktuelle bioinformatische Techniken

## Bioinformatik-Veranstaltungen im Studium - 4. Semester

Notes

- **Modul PRK Praktikum aus Bioinformatik (050031 PR)**
  - 6 ECTS
  - nach Übereinkunft
  - Dr. Bohrgasse 9, 1030 Wien
  - Bearbeiten einer aktuellen bioinformatischen Fragestellung und deren Umsetzung in einem Software-Projekt.

Heiko A. Schmidt, Arndt von Haeseler Überblick Bioinformatik

## Bioinformatik-Veranstaltungen im Studium - 5. Semester

Notes

### Modul EGB Erweiterte Grundlagen der Bioinformatik

- PS Erweiterte Grundlagen der Bioinformatik (050063 PS)
  - 2 SWS, 3 ECTS
  - Campus Vienna Biocenter, 1030 Wien
- VU Statistische Methoden in der Bioinformatik (050066 VU)
  - 2 SWS, 3 ECTS
  - Termin: nach Übereinkunft
  - Campus Vienna Biocenter, 1030 Wien

Heiko A. Schmidt, Arndt von Haeseler Überblick Bioinformatik

## Bioinformatik-Veranstaltungen im Studium - 6. Semester

Notes

- **Modul PBB Praktikum Bioinformatik mit Bachelorarbeit (050068 PR)**
  - 4 SWS, 18 ECTS
  - z.B. CIBIV, Campus Vienna Biocenter, 1030 Wien

Heiko A. Schmidt, Arndt von Haeseler Überblick Bioinformatik