

# Ausprägungsfach Bioinformatik im Rahmen des Bachelor-Studiengangs Informatik

Heiko A. Schmidt, Arndt von Haeseler

Center for Integrative Bioinformatics Vienna (CIBIV)  
Max F. Perutz Laboratories (MFPL)  
Vienna, Austria  
<http://www.cibiv.at>

Notes

---

---

---

---

---

---

---

---

Heiko A. Schmidt, Arndt von Haeseler    Überblick Bioinformatik

## CIBIV – Center for Integrative Bioinformatics Vienna

- Das CIBIV ist ein gemeinschaftliches Forschungsinstitut von
  - Universität Wien
  - Medizinischer Universität Wien
- Lehr-Veranstaltungen werden vor allem von folgenden Dozenten gehalten:
  - Prof. Dr. Arndt von Haeseler
  - Dr. Heiko Schmidt
  - aber auch von anderen Postdocs des CIBIV
- Am CIBIV arbeiten
  - 7 Postdocs
  - 6 Doktoranden
  - einige Studenten

Notes

---

---

---

---

---

---

---

---

Heiko A. Schmidt, Arndt von Haeseler    Überblick Bioinformatik

## Bioinformatik – eine Definition

Was ist Bioinformatik?

Die Bioinformatik im weitesten Sinne ist die Anwendung von **Informatik-Methoden** und Computern zur Beantwortung **biologischer Fragestellungen**.

(Es gibt viele weitere Definitionen, je nachdem, woher sie stammt.)

Notes

---

---

---

---

---

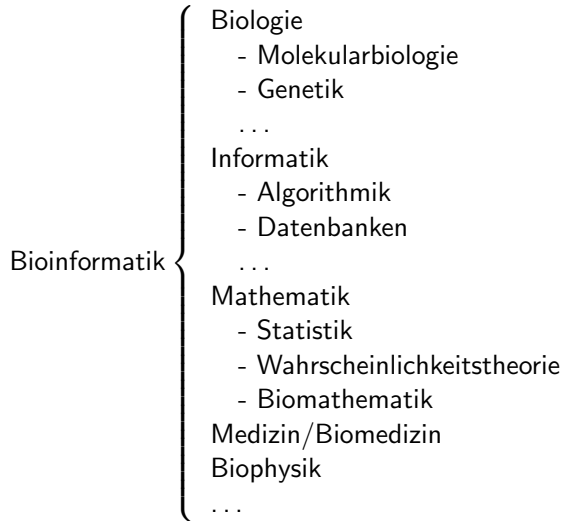
---

---

---

Heiko A. Schmidt, Arndt von Haeseler    Überblick Bioinformatik

# Bioinformatik ist ein interdisziplinäres Feld



Notes

---

---

---

---

---

---

---

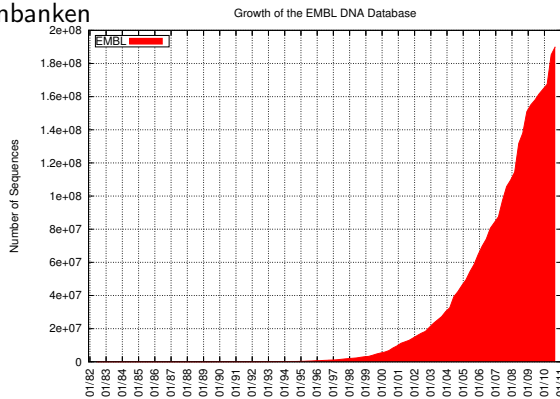
---

Heiko A. Schmidt, Arndt von Haeseler Überblick Bioinformatik

## BI-Felder – Datenspeicherung/-aufbereitung/-integration

### Biologische Datenbanken

- DNA-Datenbanken (EMBL, Genbank)
- Protein-Datenbanken (SwissProt, Uniprot)
- Struktur-Datenbanken (PDB)
- Literature-Datenbanken (PubMed)
- ... viele Spezialdatenbanken



Notes

---

---

---

---

---

---

---

---

Heiko A. Schmidt, Arndt von Haeseler Überblick Bioinformatik

## BI-Felder – Sequenzvergleiche/Sequenzanalyse

- Muster-Suche (Wort gegen Sequenz)
- Datenbank-Suche (Sequenz gegen Datenbank)
- Sequenzvergleiche (Sequenz gegen Sequenz)
- Sequenzalignment (Ausrichten von Sequenzen gegeneinander, Grundlage für die meisten weiterführenden Analysen)

```
GAGGGGCATGGCCGTCGCCAGCTCGTGTGTGAAATG
GAGGGGCATGGCCGCGCTCAGCTCGTACCGTGAGGCG
GAGGGGCATGGCCGCGCTCAGCTCGTACCGTGAGGCG
GTGGGCATGGCCGTCGTCAGCTCGTACCGTGAGGCG
GTGGGCATGGCCGTCGTCAGTTCTACTGTGAAGCA
GAGGGGCATGGCCGCGCTCAGCTCGTACCGTGAGGCG
GAGGGGCATGGCCGTC---AGCTCGTGTGTGAAATG
GAGGGGCATGGCCGTC---GGCTCGTCCGTGAGGTG
GAGGGGCATGGCCGTC---AGCTCGTCCGTGAGGTG
GAGGGGCATGGCCGTCGCCAGCTCGTGTGTGAAATG
GAGGGGCATGGCCGTC---AGCTCGTACCGTGAGGCG
GAGGGGCATGGCCGCGCTCAGCTCGTACCGTGAGGCG
GTGGGCATGGCCGTCGTCAGCTCGTACCGTGAGGCG
GAGGGGCATGGCCGTCGTCAGTTCTACTGTGAAGCA
```

Notes

---

---

---

---

---

---

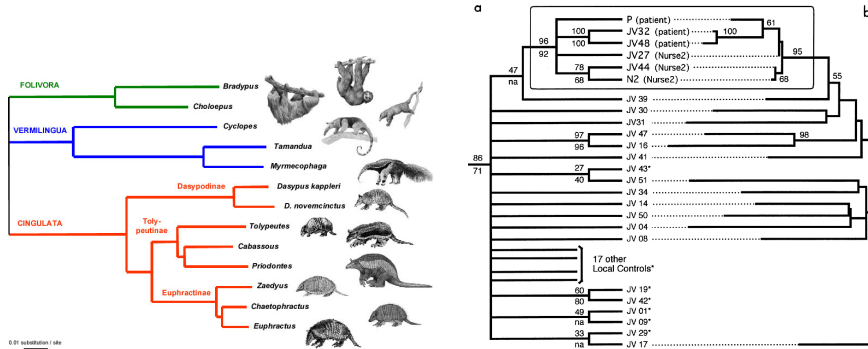
---

---

Heiko A. Schmidt, Arndt von Haeseler Überblick Bioinformatik

# BI-Felder – Evolutionäre Bioinformatik/Phylogenetik

## Rekonstruktion der Verwandtschafts- und Abstammungsverhältnisse



Grundlage für das Verständnis der meisten biologischen Vorgänge, da diese vor dem Hintergrund der Evolution entstanden sind.

Notes

---

---

---

---

---

---

---

---

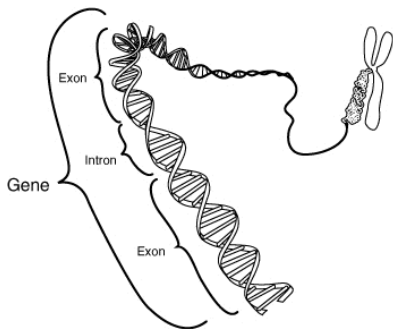
---

---

# BI-Felder – Genomik

Inzwischen können ganze Genome effizient sequenziert werden. Mit deren Sequenz allein wissen wir aber noch nichts konkretes. Was muss getan werden?

- **Genvorhersage** (Wo fängt ein Gen an/hört es auf?)
- Vorhersage **regulatorischer Elemente** (Die Steuerelemente der Genexpression)
- **Vergleich** mit andere Genomen (Wo sind Gemeinsamkeiten/Unterschiede)
- **Annotation** (Zuordnung von Funktion und Struktur zu den jeweiligen Bereichen des Genoms)
- . . .



Notes

---

---

---

---

---

---

---

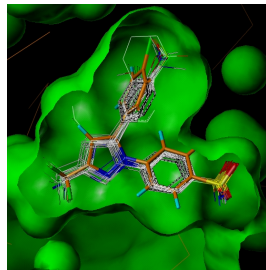
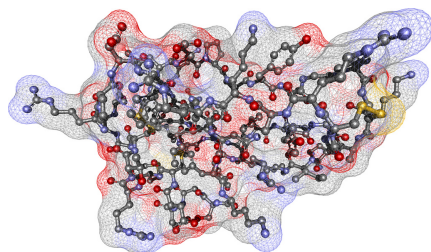
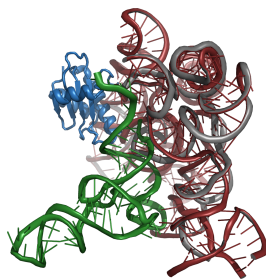
---

---

---

# BI-Felder – Strukturvorhersage

- RNA/DNA-Strukturen und Funktionseinschätzung
- Proteinstrukturen und Funktionseinschätzung
- Interaktion zwischen Molekülen
- Liganden-Docking (Wirkstoff-/Hemmstoff-Entwicklung in der Pharmaindustrie)



Notes

---

---

---

---

---

---

---

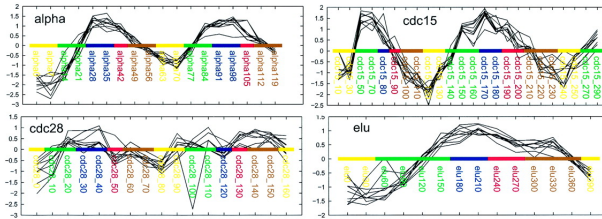
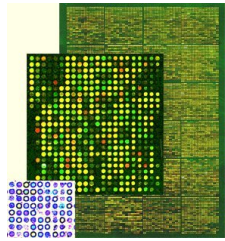
---

---

---

# BI-Felder – Expressionsdatenanalyse

- Mit **Microarrays** läßt sich messen, wie häufig Gene *abgelesen* werden.
- Durch die Änderung dieser **Expressionsdaten** auf äußere Einflüsse, lassen sich Gene charakterisieren
- und evtl. Gruppen gemeinsam agierender Gene finden.



Notes

---

---

---

---

---

---

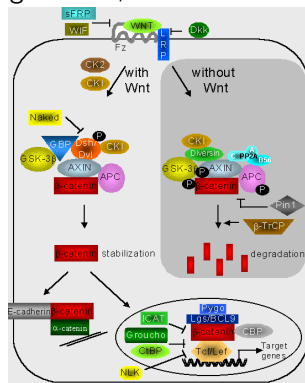
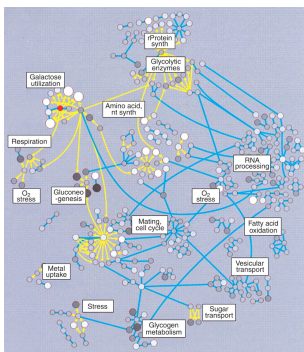
---

---

# BI-Felder – Systems Biology

**Systems Biology** beschäftigt sich mit der Rekonstruktion und Modellierung komplexer Systems, wie z.B.

- Gen-regulatorischer Netzwerke
- Interaktions-Netzwerke
- Metabolischer Pfade
- oder gar ganzer Zellen, Geweben, Organismen, ...



Notes

---

---

---

---

---

---

---

---

# Classical vs. Next Generation Sequencing



- |   |  |
|---|--|
| <ul style="list-style-type: none"> <li>• generiert 96 Reads</li> <li>• mit Längen bis zu 1000bp</li> <li>• gute Qualität</li> </ul> | <ul style="list-style-type: none"> <li>• generiert Millionen Reads</li> <li>• mit Längen bis zu 150bp</li> <li>• fehlerhaft</li> </ul> |
|---|--|
- NGS kann billig Unmengen kurzer Reads generieren und erfordert damit neue Methodiken, die mit großen Mengen kurzer Sequenzen umgehen koennen.
- Hiermit können dann Fragen gestellt werden, die vorher nicht möglich waren.

Notes

---

---

---

---

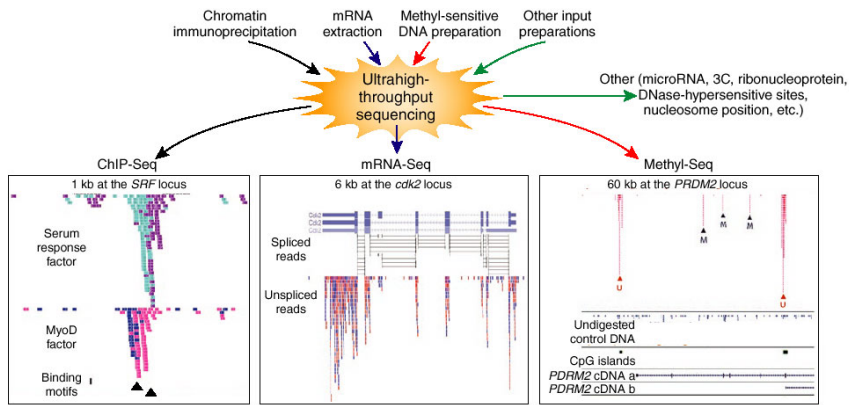
---

---

---

---

# Next Generation Sequencing



Quelle: Wold + Myers (2008) Nat. Meth.

- NGS-Verfahren werden auch immer häufiger in der klinischen Diagnostik verwendet. (Genetische Prädispositionen/Krankheiten, Krebsforschung etc.)
- Sie eröffnen Wege in die personalisierte Medizin.

Notes

---

---

---

---

---

---

---

---

## Weitere Felder

- Parallele Bioinformatik (Nutzung von Clouds, Grids, Clustern, Multi-CPU/Core, GPU-Plattformen)
- Populationsgenetik
- Biodiversität
- Biogeografie/Phylogeografie
- Simulationen in verschiedenen Bereichen
- Text-/Datamining
- ...

Notes

---

---

---

---

---

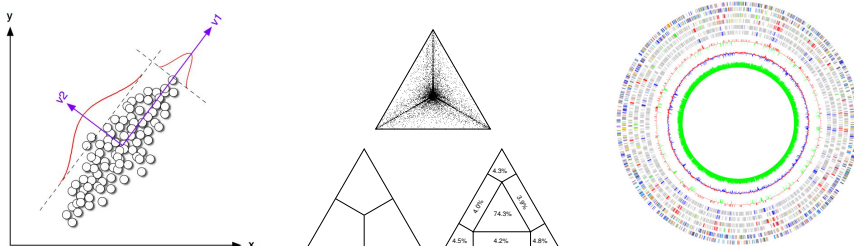
---

---

---

## Eine wichtige Aufgabe ist immer

- Entwicklung effizienter Analyse Software
- Entwicklung von Analyse- und Visualisierungsmethoden



Notes

---

---

---

---

---

---

---

---