

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?

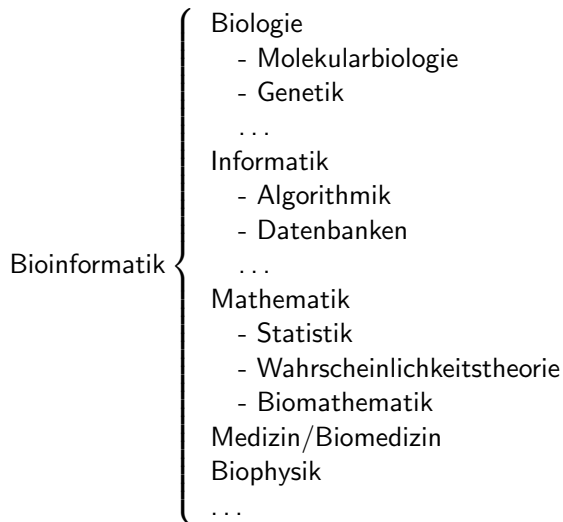
Die Bioinformatik im weitesten Sinne ist die Anwendung von **Informatik-Methoden** und Computern zur Beantwortung **biologischer Fragestellungen**.

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

Notes

Heiko A. Schmidt, Arndt von Haeseler Überblick Bioinformatik

Bioinformatik ist ein interdisziplinäres Feld

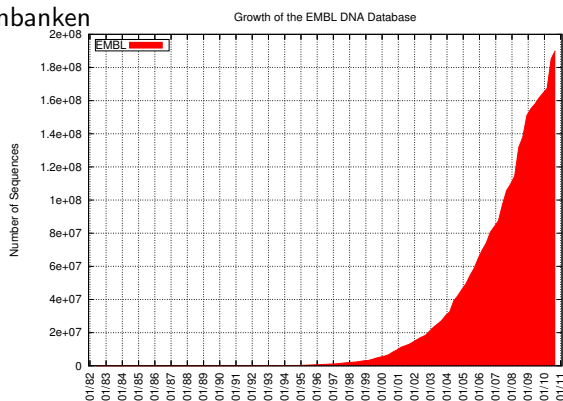


Notes

BI-Felder – Datenspeicherung/-aufbereitung/-integration

Biologische Datenbanken

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



Notes

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)

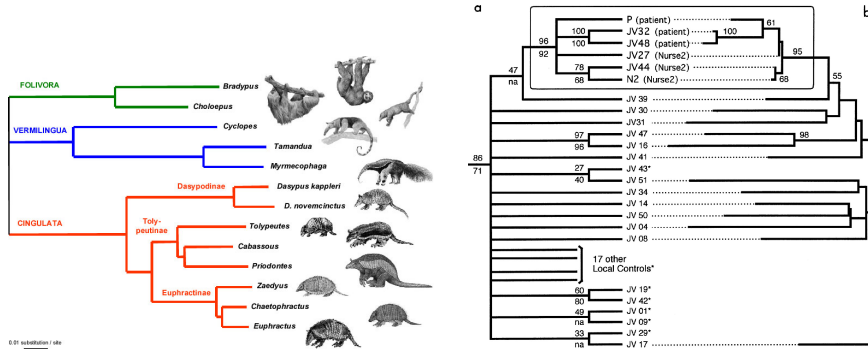
```

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

Notes

BI-Felder – Evolutionäre Bioinformatik/Phylogenetik

Rekonstruktion der Verwandtschafts- und Abstammungsverhältnisse



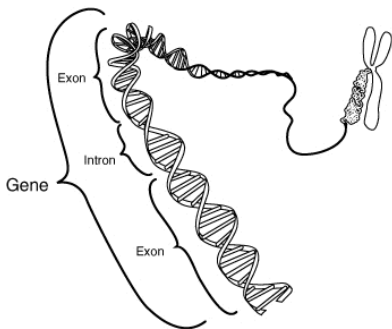
Grundlage für das Verständnis der meisten biologischen Vorgänge, da diese vor dem Hintergrund der Evolution entstanden sind.

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?

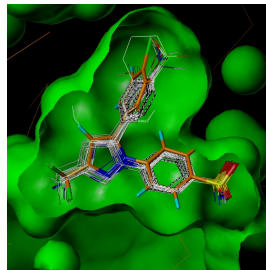
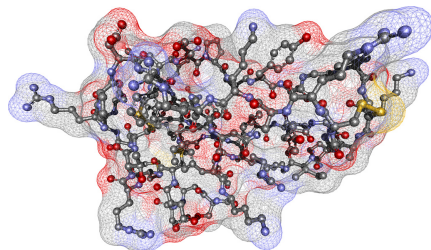
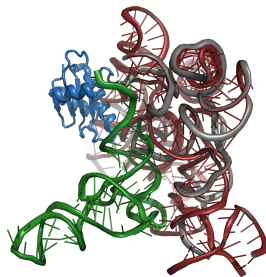
- Genvorhersage (Wo fängt ein Gen an/hört es auf?)
- Vorhersage regulatorischer Elemente (Die Steuerelemente der Genexpression)
- Vergleich mit andere Genomen (Wo sind Gemeinsamkeiten/Unterschiede)
- Annotation (Zuordnung von Funktion und Struktur zu den jeweiligen Bereichen des Genoms)
- . . .



Notes

BI-Felder – Strukturvorhersage

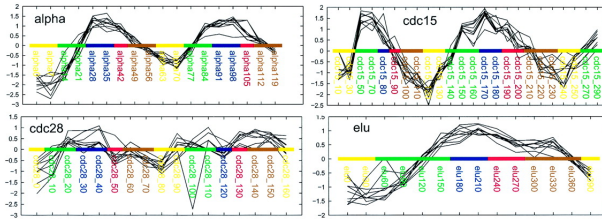
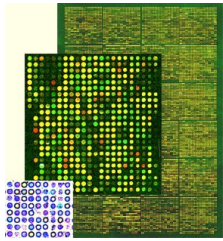
- RNA/DNA-Strukturen und Funktionseinschätzung
- Proteinstrukturen und Funktionseinschätzung
- Interaktion zwischen Molekülen
- Liganden-Docking (Wirkstoff-/Hemmstoff-Entwicklung in der Pharmaindustrie)



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.

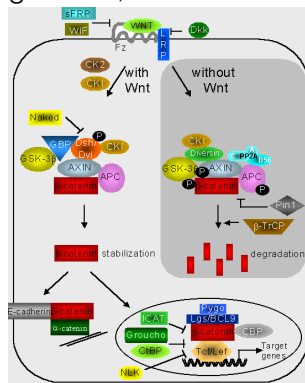
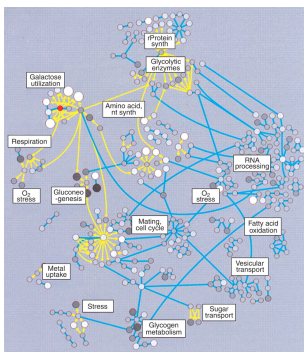


Notes

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

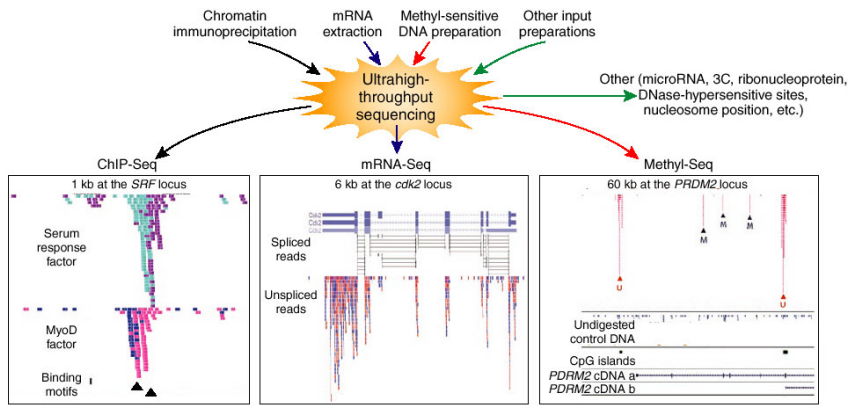
Classical vs. Next Generation Sequencing



- | | |
|---|--|
| <ul style="list-style-type: none"> • generiert 96 Reads • mit Längen bis zu 1000bp • gute Qualität | <ul style="list-style-type: none"> • generiert Millionen Reads • mit Längen bis zu 150bp • fehlerhaft |
|---|--|
- 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

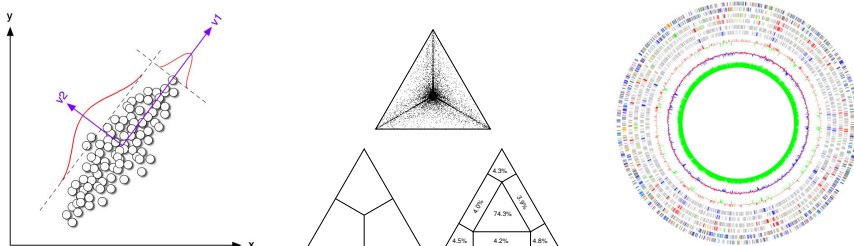
Weitere Felder

- 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
