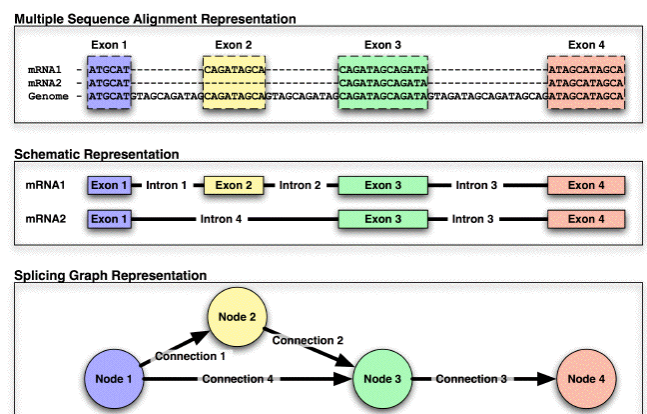


Integration, Visualisierung und Analyse von Sequenz- und SNP-Daten

Alternatives Spleißen stellt einen wichtigen Regulationsvorgang der Genexpression höherer Organismen dar. Mutationen oder fehlerhafte Regulation dieses Vorganges sind häufig bei neurodegenerativen Krankheiten wie Parkinson zu beobachten. Einzelne Punktmutationen (engl. Single Nucleotide Polymorphismus, SNPs), die zu solchen Veränderungen führen können, werden durch Illumina®-Chips gemessen. Da das menschliche Genom bereits vollständig sequenziert und auch weitgehend annotiert wurde, kann eine geeignete Visualisierung der in Datenbanken verfügbaren Informationen unter Einbeziehung von SNP-Daten Zusammenhänge zwischen alternativem Spleißen und Parkinson vermitteln.

In dieser Diplomarbeit sollen dazu Sequenzdaten aus heterogenen Quellen gesammelt und in einer lokalen Infrastruktur abgelegt werden. Zur Verfügung gestellte Genlisten biologisch interessanter oder korrelierter Gene sollen dazu genutzt werden, statistische Auffälligkeiten in den Sequenzen zu entdecken. Während des letzten Jahrzehnts wurden zahlreiche Programmierprojekte zur effizienten lokalen Speicherung, graphischen Darstellung und Analyse derartiger Daten frei zur Verfügung gestellt, die in dieser Arbeit angewendet werden sollen. Die visuelle Darstellung soll insbesondere Promotoren und Exons mit zusätzlichen Annotationen und Informationen beinhalten.

Dadurch sollen die zentralen Fragen geklärt werden, welche Punktmutationen auf Spleißstellen liegen und welche mit Exons und Proteindomänen überlappen. Mit Hilfe statistischer Analysen soll diese Darstellung bereichert werden. Somit bildet diese Arbeit eine wertvolle Grundlage für weitere Analysen.



Kontakt

Jochen Supper, jochen.supper@uni-tuebingen.de
Adrian Schröder, adrian.schroeder@uni-tuebingen.de
Andreas Dräger, andreas.draeger@uni-tuebingen.de