

Webtool für Systembiologische Interpretation von großen Genetischen Datensätzen

Bachelor / Masterthesis

Supervisor: Dr. Anne-Christin Hauschild, Prof. Dr. Dominik Heider

Hier geht es um die Interpretation von großen genomischen Datensätzen. Es gibt bereits Tools wie g:profilerⁱ die eine Analyse und Interpretation für genomische Listen ermöglichen, allerdings nicht deren Gewichtung. In diesem Projekt geht es darum mit Hilfe Informatischer Methoden, genomischen Variationen, sogenannte Small Nukleotide Polymorphisms (SNPs) mit funktionellen Informationen über deren biologische oder Medizinische Funktion zu kombinieren. Zum Beispiel Mithilfe von PathDipⁱⁱ.

Das Thema ist eher programmatisch interessant. Es geht darum einen Webserver zu implementieren, der dem Nutzer ermöglicht Automatisch herauszufinden, welche mit welchen Funktionen seine SNPs/Nukleotide "of-interest" assoziiert sind. Dafür müssen (1) die Nukleotide ihren Gene zuzuordnen, dies kann aufgrund ihrer Distanz im Genom aber auch Mithilfe von sogenannten TADs (topologically associating domains) passierenⁱⁱⁱ. Anschließend (2) werden diese Gene mithilfe der API von G:Profiler & Pathdip, automatisch mit verschiedenen Funktionen assoziiert. PathDIP inkludiert die Annotationen von vielen Verschiedenen Datenbanken, z.B. KEGG GeneOntology, etc., und kombiniert diese um eine höhere Gewissheit zu erreichen, dass eine Molekulare Funktion oder eine Pathway durch das Gen beeinflusst wird. In G:Profiler kann der User den Genen Gewichte mitgeben, anhand derer die Funktionsassoziationen gewichtet werden. Am Ende (3) werden die Ergebnisse in benutzerfreundlicher Weise visualisiert.

If you have any questions or are interested in the project, please contact me:

Dr. Anne-Christin Hauschild

Head of Medical Informatics Division
Department of Mathematics & Computer Science
email: hauschild@uni-marburg.de
URL: <https://achauschild.com/>
Twitter: @achauschild

ⁱ <https://biit.cs.ut.ee/gprofiler/>

ⁱⁱ <http://ophid.utoronto.ca/pathDIP/index.jsp>

ⁱⁱⁱ https://en.wikipedia.org/wiki/Topologically_associating_domain