

Was ist Bioinformatik?

Dieser Begriff ist sehr weit gefasst, denn er deckt viele verschiedene Teilgebiete ab: Zur Bioinformatik gehören u.a.:

Genomsequenzierung

Die Erbinformationen auf den DNA-Strängen werden maschinell erfasst. Im Anschluss werden die gewonnenen Sequenzdaten, die meist bruchstückhaft vorliegen, zu einer vollständigen Genom-(Basen-)Sequenz zusammengefügt und in Bio-Datenbanken abgespeichert.

Mit diesem Teilgebiet haben wir uns recht wenig beschäftigt.

Aufbau von Bio-Datenbanken

Bio-Datenbanken enthalten im Großen und Ganzen zwei verschiedene Typen von Daten: DNA-/RNA-Daten (z.B. TrEMBL) oder Proteine (z.B. swiss-prot). Genforscher und Biologen nutzen diese Datenbanken für die Suche nach Genen bzw. der Erforschung der Funktion von Genen. Bereits erforschte Gene sind in der DB an den entsprechenden Stellen vermerkt und dokumentiert. Proteindatenbanken enthalten zum Teil auch 3D-Strukturinformationen, Proteinfaltungs-Modelle etc.

In Genomdatenbanken findet man die Daten eines bestimmten Genoms, z.B. das menschliche Genom (zHuman Genome Project), das Genom der Maus usw.

Mehr zu diesem Thema: [Referate>Praktische Datenbanksuche](#) (Word-Dokument)

Datenbanksuche/ Gen- und Genomvergleich

Auf der Suche nach der Funktion eines bislang undokumentierten Gens führt man einen Vergleich mit einer Bio-Datenbank durch: Mithilfe einer solchen Datenbanksuche lassen sich andere, bereits dokumentierte Gene herausfinden, die diesem (potenziellen) Gen ähnlich sind. Je nach Wahl der Suchparameter liefert die Suche eine Liste von Genen mit entsprechendem Ähnlichkeitsgrad (score) zurück. Nach erfolgreicher Interpretation der Ergebnisse lassen sich eventuell Rückschlüsse auf die Funktion eines Gens ziehen.

Mehr zu diesem Thema:

[Referate>Praktische Datenbanksuche \(Word-Dokument\);](#)

[Protokolle>24.11.2000 \(1\): Multiple Alignment](#) (Sven)

GeneFinding

'GeneFinding' ist Begriff für die Gensuche im Buchstabenmeer: Aus dem riesigen Sequenz-Buchstabensalat (AACTGACAGTACAACGTTAGCAGTA...), der nur zu einem geringen Teil Gene enthält, gilt es, (potenzielle) Gene herauszufinden. Dies lässt sich mithilfe von Computerprogrammen automatisieren: Ein solches Programm untersucht eine Basensequenz auf Startcodons. Hat es ein solches gefunden, so liest es die folgenden Basen bis zum nächsten Stoppcodon. Ist die Zahl der dazwischenliegenden Basen nicht durch 3 teilbar (3 Basen codieren eine Aminosäure bzw. stellen ein Codon dar), so kommt es als Gen nicht infrage. Ebenso werden sehr kurze Sequenzen herausgefiltert, da ein Gen mit 3, 6, 9 etc. Basen sehr unwahrscheinlich ist. Darüber hinaus sucht das Programm nach Promotoren, die auf die Existenz eines Gens hinweisen könnten.

Mehr zu diesem Thema: [Protokolle>20.10.2000: Computational Genefinding](#); [Protokolle>12.01.2001: Genefinding](#)

Simulation

Das Teilgebiet 'Simulation' beschäftigt sich mit der Beschreibung von Vorgängen mit Differentialgleichungen. Dazu sucht man sich einen Vorgang heraus, der simuliert werden soll. Diesen Vorgang versucht man nun so genau und so realistisch wie möglich mathematisch zu beschreiben. Mithilfe des Computers lassen sich so z.T. auf beeindruckende Weise Biologische Systeme simulieren. Mögliche Projektthemen sind z.B. Populationsdynamik (Hase und Fuchs: Fressen und gefressen werden), Reaktionskreisläufe, Selbstregulierung, chemische Reaktionen u.v.m.

-