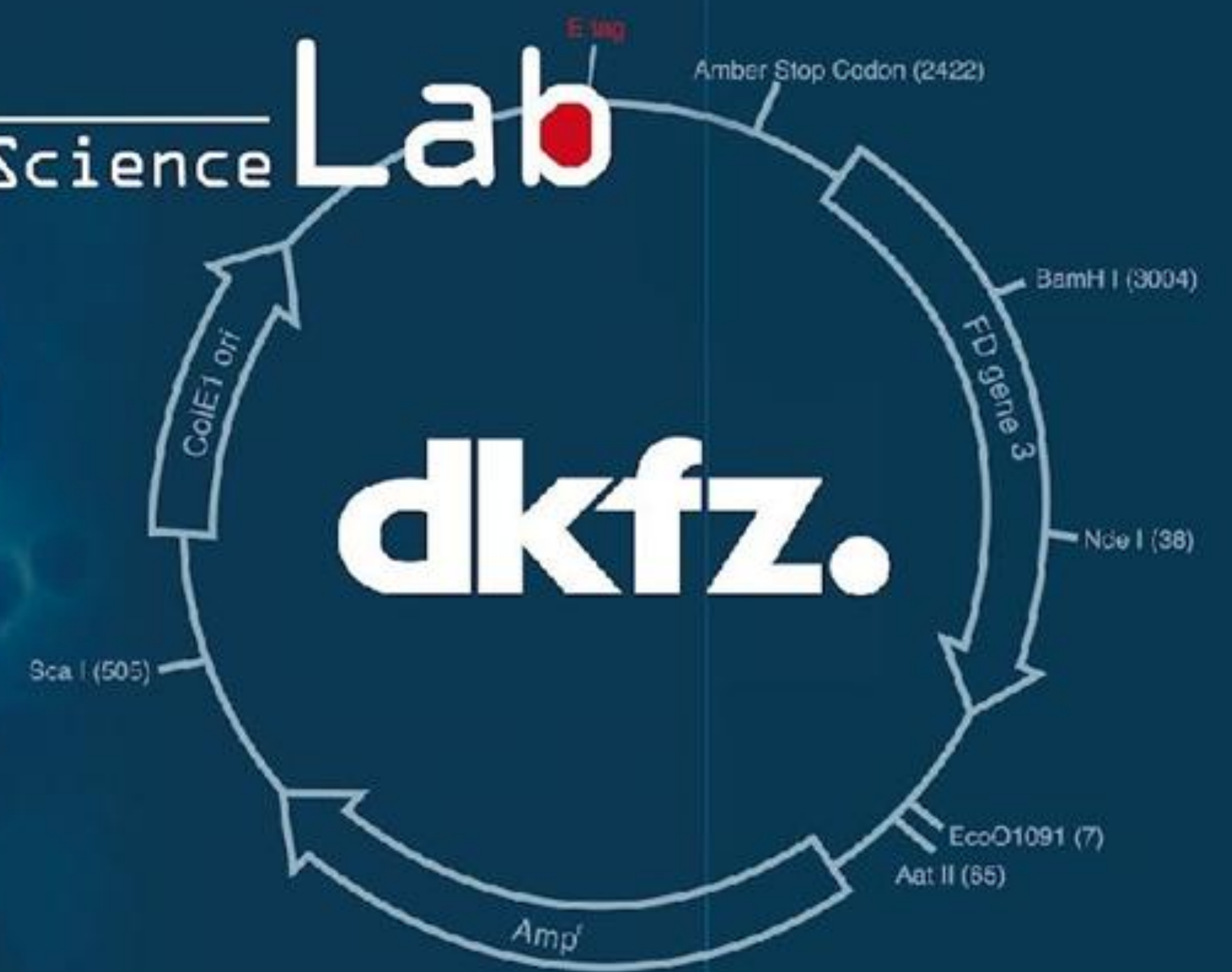




Bioinformatik AG

Bioinformatik - Was ist das und warum ist es interessant?

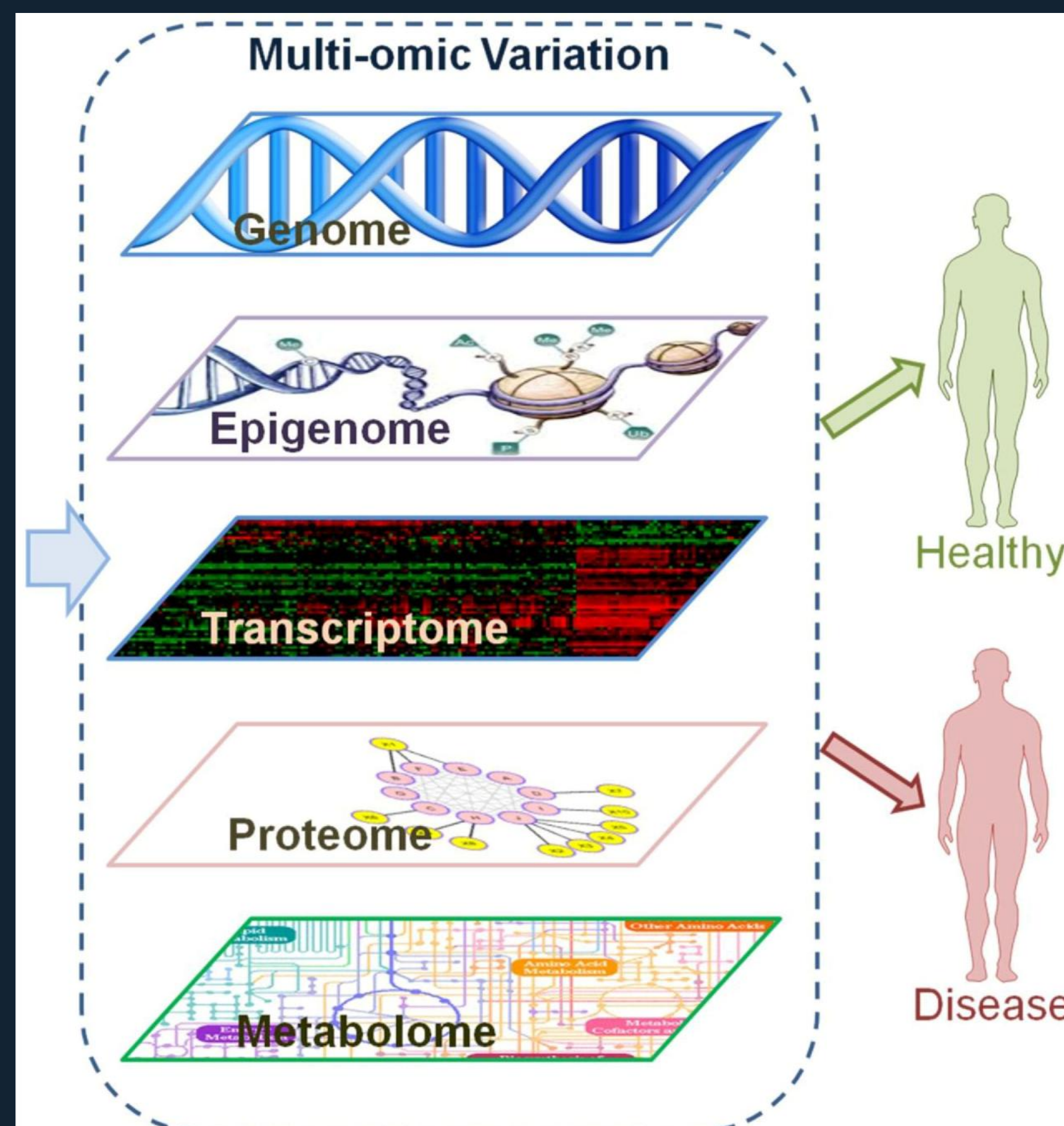
- Ein moderner Bereich der anwendungsorientierten Informatik
- Interdisziplinäres Feld (Biologie, Medizin, Informatik, Mathematik)
- Moderne Technologien der Biologie generieren immer größere Datensätze („omics“). Bioinformatik wird genutzt, um sinnvolle Erkenntnisse aus diesen Daten zu gewinnen.

Anwendungsbereich: Omics Methoden

Die sogenannten Omics Methoden bezeichnen Teilgebiete der modernen Medizin, in denen z.B.

- das Genom einer Zelle (DNA-Sequenz)
- die Genexpression (Transkriptom) einer Zelle
- alle Proteine (Proteom) einer Zelle

gemessen werden. Bei einer Genomgröße von etwa drei Milliarden Basenpaaren, die für etwa 20.000 Gene codieren, entstehen bei solchen Messungen dementsprechend sehr große Datensätze. Um relevante Strukturen/Muster in diesen zu finden, braucht es verschiedenste bioinformatische Methoden. (Bildquelle: Sun et al., Adv. Genet., 2016)



Mentor:innen-Team:

Thien, M.Sc. (duc-thien.bui@bioquant.uni-heidelberg.de)
 Jana, M.Sc. (jana.braunger@cos.uni-heidelberg.de)
 Steffi, M.Sc. (stefanie.mantz@dkfz-heidelberg.de)
 Emma, M.Sc. (emma.engel@mail.de)
 Preet, B.Sc. (preet.shah@stud.uni-heidelberg.de)
 Eva (eva.groene@stud.uni-heidelberg.de)

Allgemeines:

Treffen

Mehrstündige Treffen einmal im Monat am Wochenende.

Laptop

Idealerweise vorhanden, aber nicht notwendig.

Interessen

An Biologie, Medizin, Informatik und/oder Mathematik sind erwünscht!

Vorkenntnisse

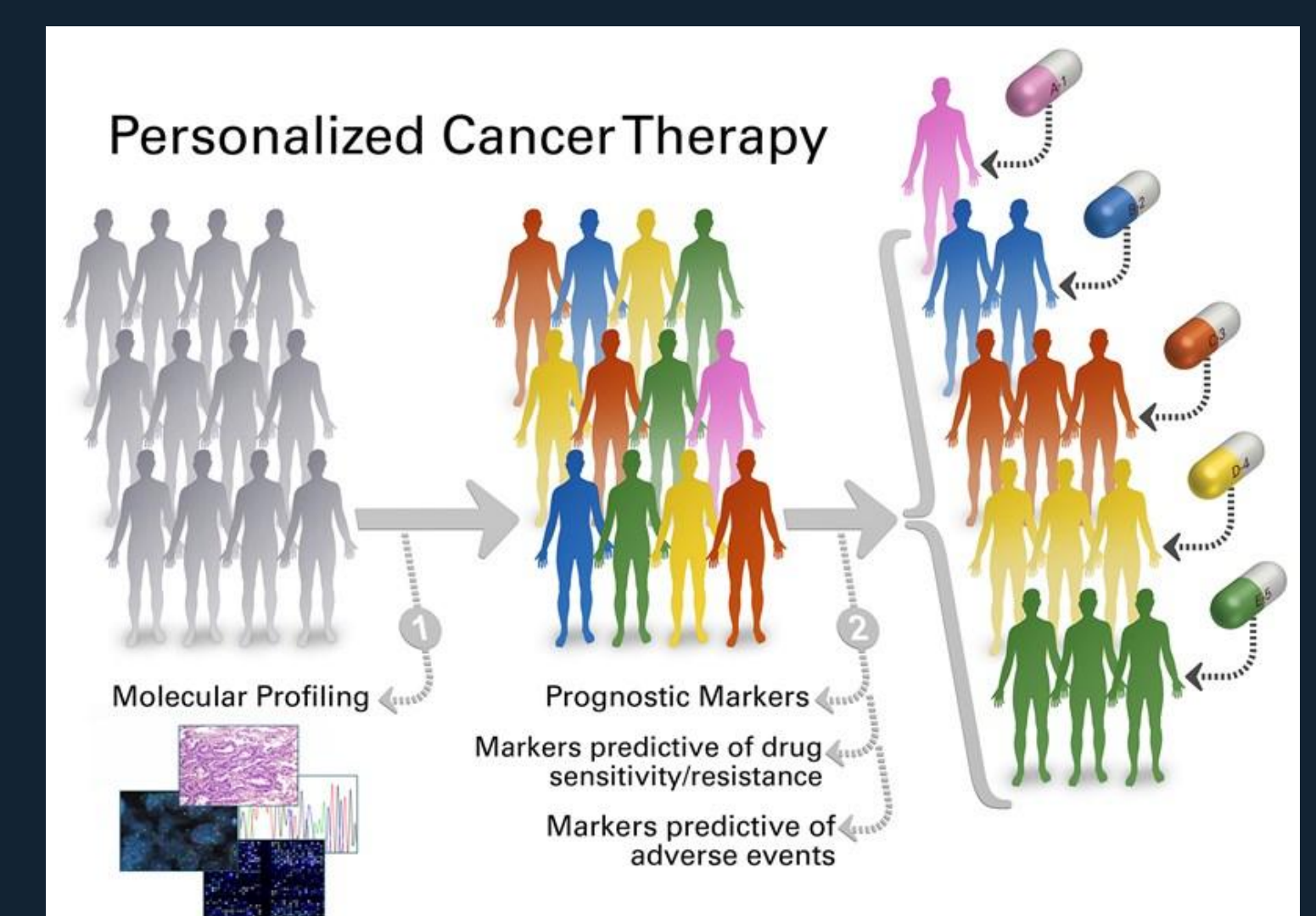
Keine Vorkenntnisse notwendig! In den ersten Treffen gehen wir mit Euch die Grundlagen (Biologisches sowie Programmierkenntnisse) durch.

Ziele

- Spaß am Erlernen und Ausprobieren neuer bioinformatischer Methoden
- Durchführung eines Gruppenprojekts

Beispiel: Personalisierte Krebstherapie

Es gibt sogenannte Standard-Therapien für jede Krebsart, die theoretisch bei jedem Patienten wirken sollten. Die Realität ist aber komplizierter, und moderne Therapie-Ansätze versuchen, für jeden Patienten die optimale Behandlung zu finden. Dazu werden Omics-Daten des Tumors analysiert und Veränderungen oder bestimmte Untergruppen identifiziert. Je nach dem Ergebnis der bioinformatischen Analysen wird dann entschieden, welche Therapie für welchen Patienten am erfolgversprechendsten ist.



Beispiel aus dem letzten Lab-Jahr

Da alle Zellen zwar die gleiche DNA besitzen, aber ganz unterschiedliche Funktionen im menschlichen Körper haben, ist es wichtig, dass genau reguliert wird, wie stark welches Gen ist und in welchen Zellen es an oder aus ist. Daher haben wir uns im letzten Labjahr gefragt:

- Wie verändern Autoimmunerkrankungen und Krebs die Genexpression?
- Was passiert mit wichtigen Genen, wenn man die Patient:innen mit Interferonen behandelt?

Rechts seht Ihr ein Beispiel, in dem wir die Expression eines Genes über die bei Behandlung mit verschiedenen Interferonen visualisiert haben. Das Gen STAT1 spielt eine wichtige Rolle in der Immunantwort der Zelle, und dessen Expression wird vor allem durch die Behandlung mit IFN β begünstigt.

