

Mittwoch, 01.12.2004

Redundanzen in Genomen: Von der Suche bis zur Visualisierung

Prof. Dr. Stefan Kurtz, Zentrum für Bioinformatik, Universität Hamburg

Eines der bemerkenswerten Ergebnisse der vielen abgeschlossenen Genom-Projekte war die Tatsache, dass die DNA vieler Lebewesen aus sehr vielen sich wiederholenden Abschnitten (Duplikationen) besteht. Dieses gilt insbesondere für höhere Lebewesen. Z.B. sind 50% der DNA im menschlichen Genom Duplikationen. Duplikation haben vielfältige Bedeutung im Genom. Sie sind z.B. für die Entstehung bestimmter Krankheiten verantwortlich. Die repetitive Struktur genomischer DNA enthält sicher noch viele Geheimnisse, die es zu entdecken gilt. In diesem Vortrag sollen Modelle für Duplikationen vorgestellt werden, und Verfahren, um diese Duplikation auch in sehr grossen Datenmengen schnell zu finden, und die Ergebnisse zu visualisieren. Dazu wird insbesondere die das Software-Werkzeug REPuter vorgestellt, dass in mehr als 300 Forschungslaboren weltweit für die Analyse von Duplikationen eingesetzt wird.



Prof. Dr. S. Kurtz