

Mittwoch, 17.11.2004

Genomprojekte: Warum Sequenzen nicht lügen

PD Dr. Ute Willhöft, Zentrum für Bioinformatik, Universität Hamburg

Genomprojekte befassen sich mit der Entschlüsselung der DNA Sequenz ganzer Genome. Das *Human Genomprojekt* ist das bekannteste Projekt, hier wurde bereits 2001 eine „Arbeitsversion“ publiziert. Weitere Arten sind derzeit Gegenstand von Genomprojekten, so zum Beispiel wichtige Nutzpflanzen, wie Reis und Mais oder auch Genome von Säugetierarten, die Vergleiche mit dem Humangenom ermöglichen. Zunächst werden die Schlüssel-Techniken zur Sequenzierung und Assemblierung von Genomen vorgestellt, die durch das Zusammenspiel von molekularbiologischen und bioinformatischen Methoden qualitativ hochwertige Sequenzen generieren. Für die Sequenzierung wird die genomische DNA zunächst in kleine Fragmente zerlegt und mit Hochdurchsatzmethoden sequenziert (siehe Abbildung).



PD Dr. U. Willhöft

Für die Assemblierung werden Softwareprogramme genutzt, die aus großen Datenmengen an Sequenzfragmenten die chromosomale Anordnung rekonstruieren. Im letzten Teil wird exemplarisch vorgestellt, wie weitere Auswertungen der Sequenzdaten eine neue Sicht auf die Lebenswissenschaften ermöglichen.

