

# Zwei Masterarbeiten (Bioinformatik)

Mit „Ribo-seq“ kann der Prozess der Translation experimentell im Hochdurchsatzverfahren verfolgt werden. Hunderte von Datensätzen, jeder in der Größenordnung von Gigabytes an Rohdaten, wurden in den vergangenen Jahren gemessen und analysiert und stehen in der GEO Datenbank zusammen mit vielen anderen Hochdurchsatzdaten frei zur Verfügung.

In unserer Gruppe haben wir ein neuartiges statistisches Analyseverfahren für solche Daten entwickelt und implementiert, welches die Genauigkeit der Ergebnisse massiv verbessert. Unser Ziel ist nun, vorhandene und öffentlich verfügbare Datensätze neu zu analysieren und die Ergebnisse daraus weltweit zugreifbar zu machen.

## **Thema *ribo-grep***

In der Masterarbeit soll dafür das Tool *ribo-grep* entwickelt und evaluiert werden, welches GEO nach Ribo-seq Datensätzen durchforstet und semiautomatisch eine vorhandene Pipeline zur Datenanalyse anstößt. Die nicht standardisierten Metadaten in GEO erfordern dabei nicht-triviale Methoden (Textmining, Machine learning, Statistical text analysis) zum Erkennen von Ribo-seq Datensätzen und der daran geknüpften experimentellen Bedingungen, deren Kenntnis für die Pipeline notwendig ist.

Kontakt: Prof. Dr. Florian Erhard  
Institut für Virologie und Immunbiologie  
florian.erhard@uni-wuerzburg.de  
Tel. 0931-31-86523

# Zwei Masterarbeiten (Bioinformatik)

Mit „Ribo-seq“ kann der Prozess der Translation experimentell im Hochdurchsatzverfahren verfolgt werden. Hunderte von Datensätzen, jeder in der Größenordnung von Gigabytes an Rohdaten, wurden in den vergangenen Jahren gemessen und analysiert und stehen in der GEO Datenbank zusammen mit vielen anderen Hochdurchsatzdaten frei zur Verfügung.

In unserer Gruppe haben wir ein neuartiges statistisches Analyseverfahren für solche Daten entwickelt und implementiert, welches die Genauigkeit der Ergebnisse massiv verbessert. Unser Ziel ist nun, vorhandene und öffentlich verfügbare Datensätze neu zu analysieren und die Ergebnisse daraus weltweit zugreifbar zu machen.

## **Thema *ribo-db***

In der Masterarbeit soll dafür eine Datenbank entwickelt werden, welche die Ergebnisse der Analysen speichert und über geeignete Schnittstellen (REST) abfragbar macht. Außerdem soll ein web- oder applikationsbasiertes graphisches Frontend entwickelt werden, in dem Ontologie-basierte Anfragen an die Datenbank gestellt werden können und Ergebnisse in angemessener Weise dargestellt werden können. Zusätzlich soll das Frontend eine erweiterbare Schnittstelle für Folge-Analysen enthalten, von denen zwei implementiert werden sollen.

Kontakt: Prof. Dr. Florian Erhard  
Institut für Virologie und Immunbiologie  
florian.erhard@uni-wuerzburg.de  
Tel. 0931-31-86523