

Zusammenfassung

Das Volumen biologischer Daten, die zum Beispiel durch DNA-Sequenzierung gewonnen werden, nimmt seit Jahren exponentiell zu. Gleichzeitig fallen enorme Datenmengen durch den erhöhten Einsatz von Hochdurchsatz-Analyse Methoden, wie DNA-Microarray oder Massenspektroskopie, an. Die starke Volumenzunahme biologischer Daten erhöht den Bedarf an automatisierten Analysemethoden und bioinformatischer Software die die wissenschaftliche Auswertung erleichtert. Insbesondere zur Analyse von DNA-Microarray Daten sind verschiedenartige Programme entwickelt worden, die sich in Ihrer Funktionalität stark unterscheiden. Viele Programme sind zu umfassend, zu unübersichtlich, schwer zu bedienen, nur für bestimmte Betriebssysteme verfügbar oder kostenpflichtig.

Im Rahmen dieser Doktorarbeit wurde die Internet Anwendung OrfMapper entwickelt, welche die Analyse, Abfrage und Visualisierung von Gen-Metadaten ermöglicht. OrfMapper ist ein kostenloses, Betriebssystem unabhängiges und einfach zu bedienendes Web-Tool. Es besitzt zahlreiche einzigartige Funktionen, wie die schnelle Abfrage durch eine Vielzahl Gen spezifischer Daten, wie Gen-ID, EC-Nummer, Nukleotid-Sequenz oder allgemeine Begriffe. Diese Daten können mit unterschiedlichen Farben versehen werden, um die Visualisierung zu vereinfachen. So ist auch eine Generierung von individuell gefärbten metabolischen Karten möglich, die auch als verlinkte und interaktive PDF Dokumente zur lokalen Verwendung heruntergeladen werden können. OrfMapper ermöglicht es Genome und Gen-Umgebungen, mit dem eigens dafür entwickelten Genome-Browser, zu erkunden. Barrierefreiheit wurde durch spezifische Oberflächen für verschiedene Benutzergruppen erreicht. Neben vielen anderen Eigenschaften bietet OrfMapper den großen Vorteil, dass Gen-Expressionswerte von Microarraydaten automatisiert in Farbcodes umgewandelt und visualisiert werden können.

Es wurde während dieser Doktorarbeit ein Microarray Experiment mit dem Organismus *Anabaena PCC7120* durchgeführt. Daten dieses Experiments wurden exemplarisch mit OrfMapper analysiert, und die Funktionsweise von OrfMapper basierend auf diesem Datensatz beispielhaft erläutert.