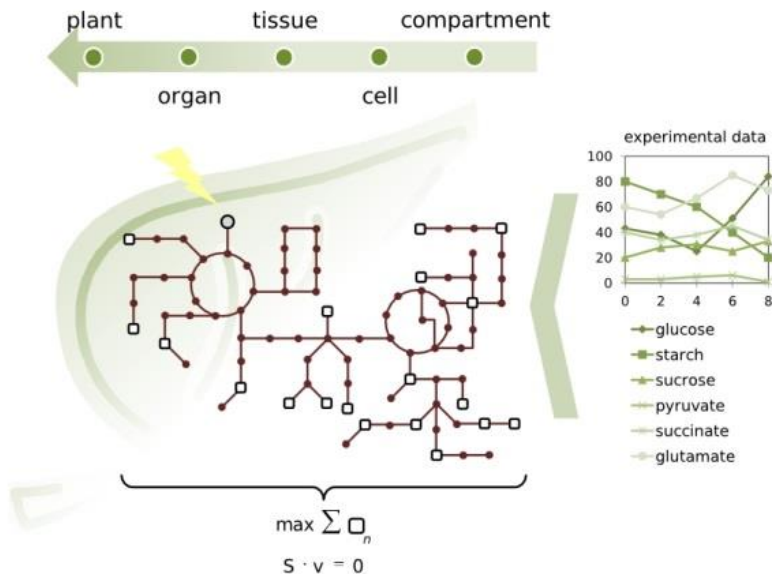


# Bioinformatik an der Universität Potsdam



**Prof. Zoran Nikoloski**  
*Bioinformatik*  
*Institut für Biochemie und Biologie*  
*Universität Potsdam*

# Forschungsbereiche

## Netzwerke basierend auf Daten

Vorhersagen  
Genotyp-Phänotyp

Vorhersage der  
Genfunktion

Rekonstruktion von  
genregulatorischen &  
metabolischen  
Netzwerken

Bioimaging  
Zytoskelett & Form

einzelner  
Genotyp

große Datenmengen → Mechanismen

natürliche  
Variation

zufällige  
Netzwerkmodelle

Constraint-basierte  
Modellierung

Stoffwechsel  
Engineering

von Daten zu  
umfassenden  
kinetischen Modellen

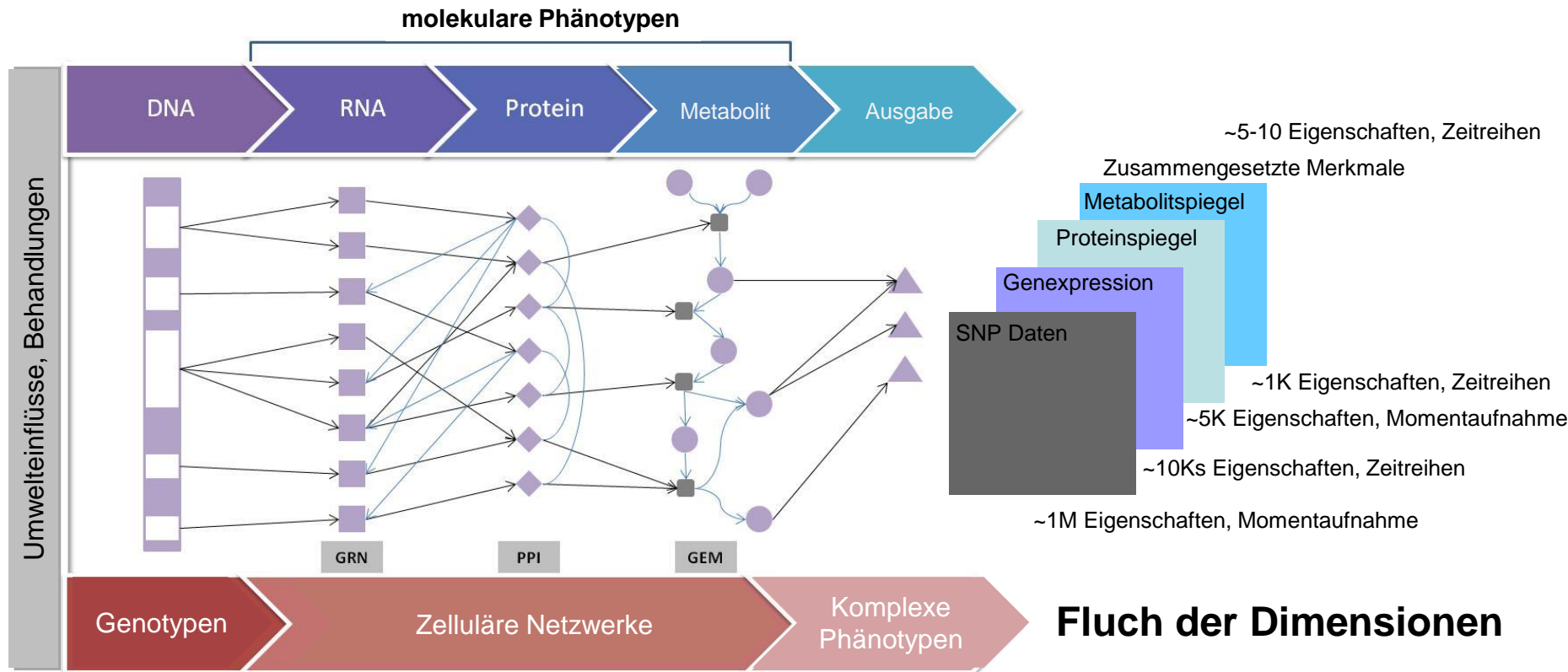
## Netzwerke basierend auf Wissen

# Zentrale Fragestellungen

Der molekulare Phänotyp entsteht durch Netzwerkwechselwirkungen

**Bestimmen und untersuchen von Netzwerkinteraktionen**

**Verwendung von Netzwerken zusammen mit Daten, um komplexe Merkmale vorherzusagen (z.B. Ernteerträge)**



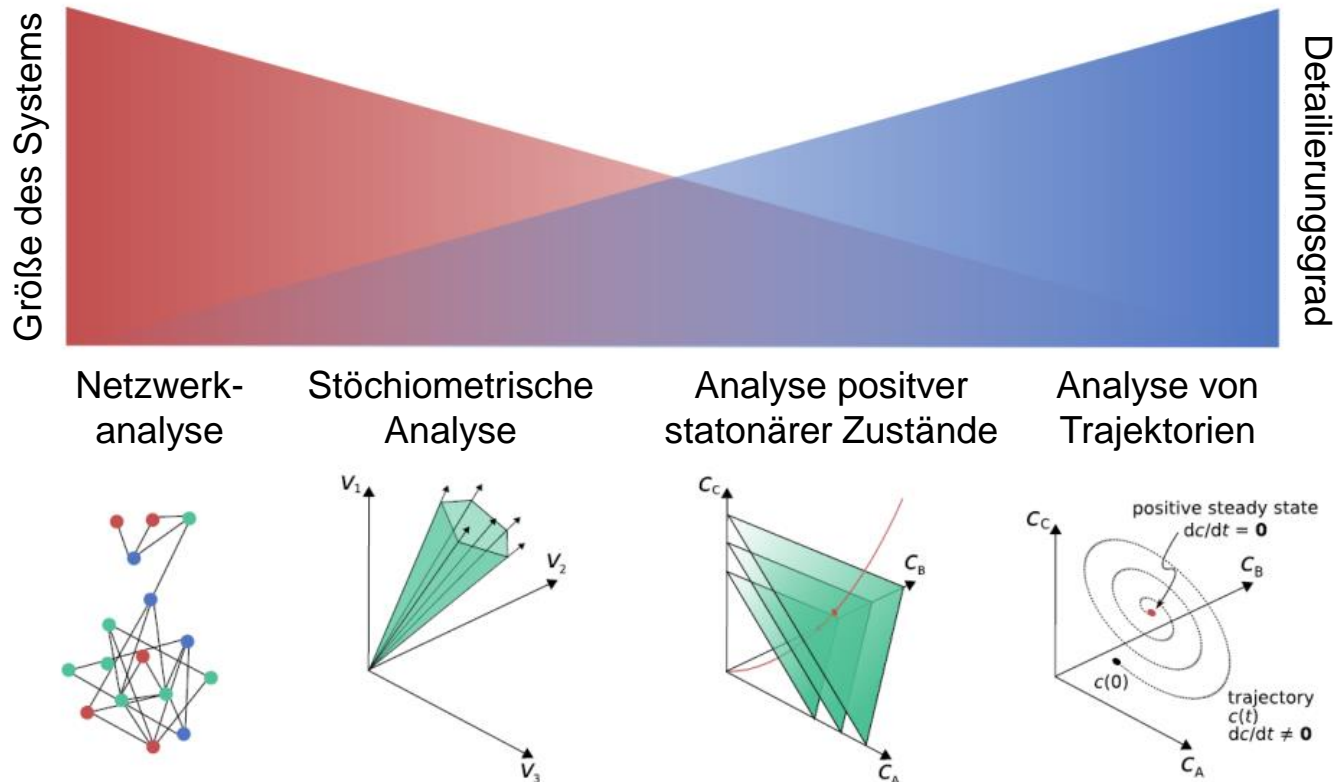
**GRN** – genregulatorisches Netzwerk

**PPI** – Protein-Protein Interaktionsnetzwerk

**GEM** – Genom umfassendes metabolisches Netzwerk

# Angewandte Methoden

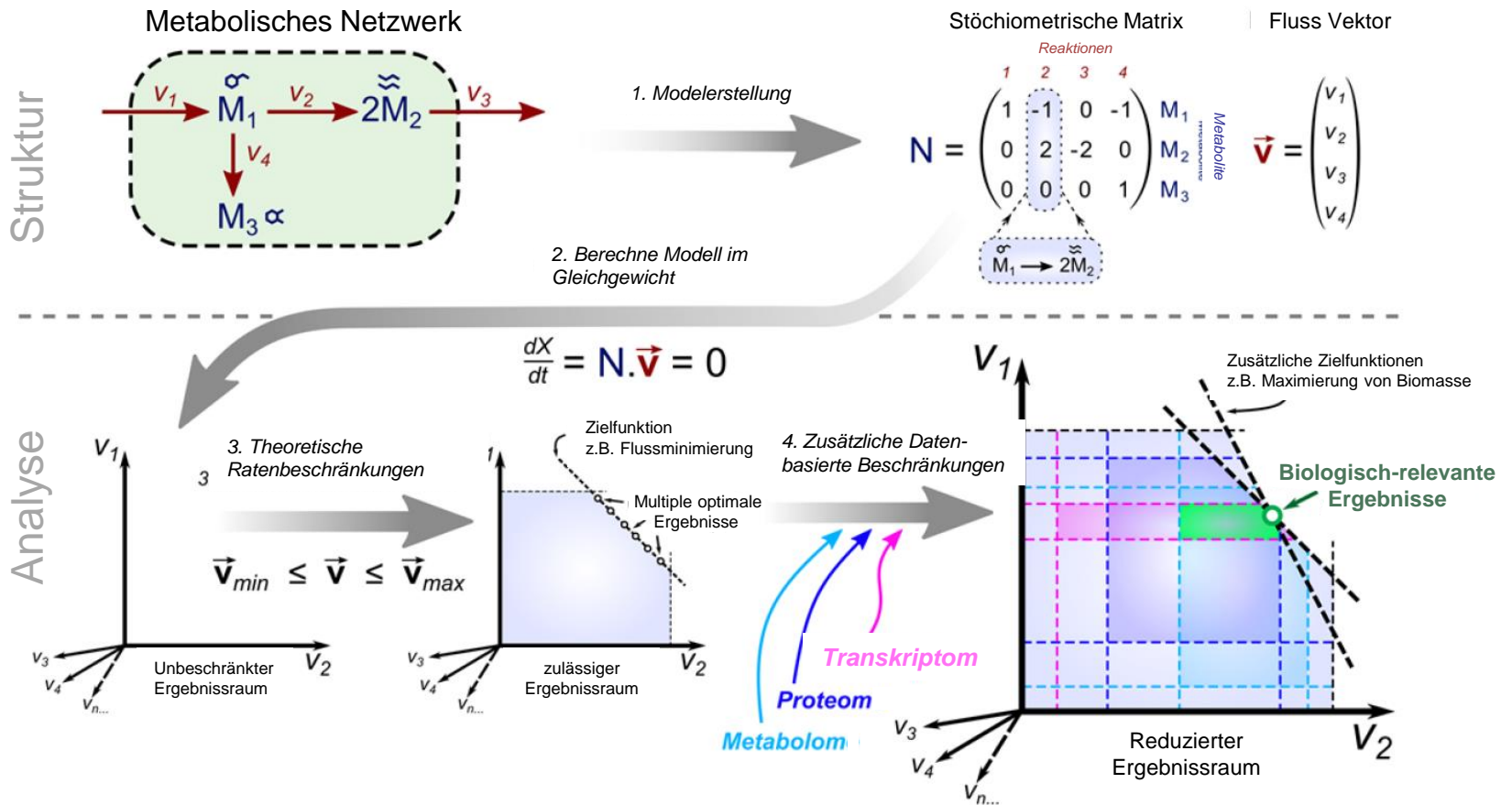
Von umfangreichen Daten zu molekularen Mechanismen  
über netzwerkbasierende Ansätze



# Simulation metabolischer Interventionsstrategien

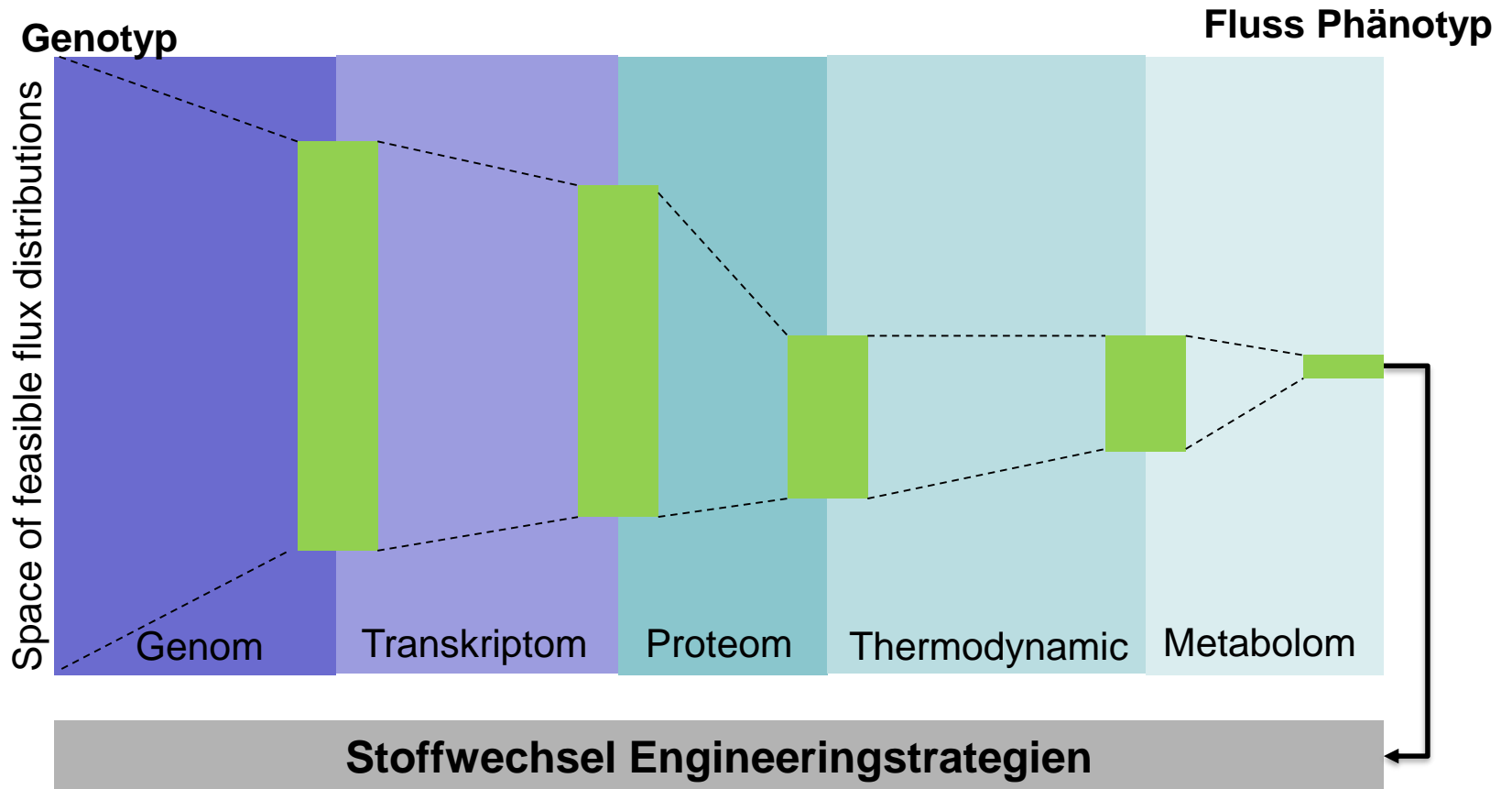
Der Stoffwechselzustand wird (teilweise) durch Flüsse und Metabolitpiegel bestimmt

Daten werden integriert, um eine der beiden Seiten von Stoffwechselzuständen zu charakterisieren



*Der Stoffwechselzustand wird (teilweise) durch Flüsse und Metabolitspiegel bestimmt*

Daten werden integriert, um eine der beiden Seiten von Stoffwechselzuständen zu charakterisieren



# Analyse und Simulation von Stoffwechselnetzen

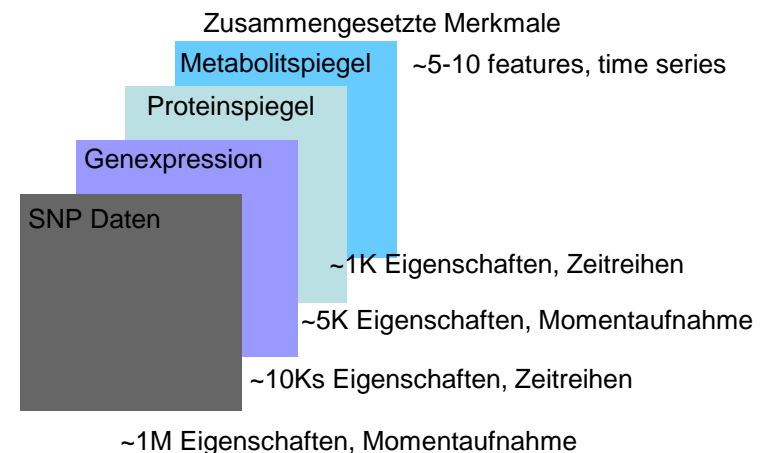
**Problem:** Rekonstruktion von kontextspezifischen funktionellen metabolischen Netzwerken, anhand des annotierten Genoms eines Organismus.

Erfordert Constraint-basierte Modellierung (erklärt auf vorherigen Folien)

Problem erfordert Verwendung von Metabolom-, Proteom- und Transkriptomdaten

- Bestimmen von aktiven Reaktionen in einem bestimmten biochemischen Kontext
- Vorhersage wichtiger kinetischer Parameter, Wechselzahl von Proteinen
- Simulation von Wachstum unter verschiedenen Umgebungen
- Vorhersage von Engineering-Strategien, um Merkmale von zu modifizieren

**Ansatz:** konvexe Optimierungsansätze



# Rekonstruktion genregulatorischer Netzwerke

Vorhersage von genregulatorischen Netzwerken unter Berücksichtigung von SNP- und Genexpressionsdaten

Gene werden in Regulatoren (d.h. Transkriptionsfaktoren) und Targets (d.h. alle anderen Gene) unterteilt

Moderne Ansätze stützen sich auf

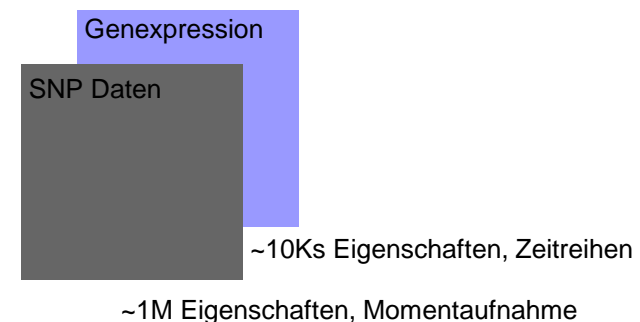
- (*unüberwacht*) regulierte Regression für jedes Target basierend auf Regulatoren
- (*überwacht*) Ein-Klassen Klassifizierungsproblem

Daten von mehreren Bedingungen, aber nicht von mehreren Individuen

**Problem:** Können Regulatoren auf der Grundlage von Daten mehrerer Individuen bevorzugt in Regressionsmodelle integriert werden?

**Lösung:** Kombination von SNP- und Genexpressionsdata von mehreren Individuen

**Ansatz:** Zweistufige gewichtete regulierte Regression





# Vorhersage von Metabolit-Protein Interaktionen

Vorhersage von Metabolit-Protein Interaktionen durch Integration von Daten mehrerer Organismen

Proteine können mit Metaboliten interagieren und dadurch ihre Funktion verändern

Identifizierung von Protein-Metabolit Interaktionen erfordert langwierige Experimente

Daten eines einzelnen Organismus, normalerweise nur unter Laborbedingungen (reflektieren nicht Zellen unter realen Bedingungen)

**Problem:** Können Protein-Metabolit Interaktionen mittels Daten der Größenausschlusschromatographie (SEC) vorhergesagt werden?

**Lösung:** Ensemble-Klassifizierung basierend auf der Kombination von Vorhersagen mit verschiedenen Klassengrenzen basierend auf Eigenschaften abgeleitet von SEC-Daten

**Ansatz:** Moderne Klassifizierungsansätze



# Historische Anmerkungen zum Masterprogramm Bioinformatik

Masterprogramm Bioinformatik auf Englisch - 2018

Prof. Zoran Nikoloski (seit 2017)

Jahrgang 2017 (anfänglich) 30 Studenten

Jahrgang 2018 (anfänglich) 11 Studenten

Jahrgang 2019 (anfänglich) 25 Studenten

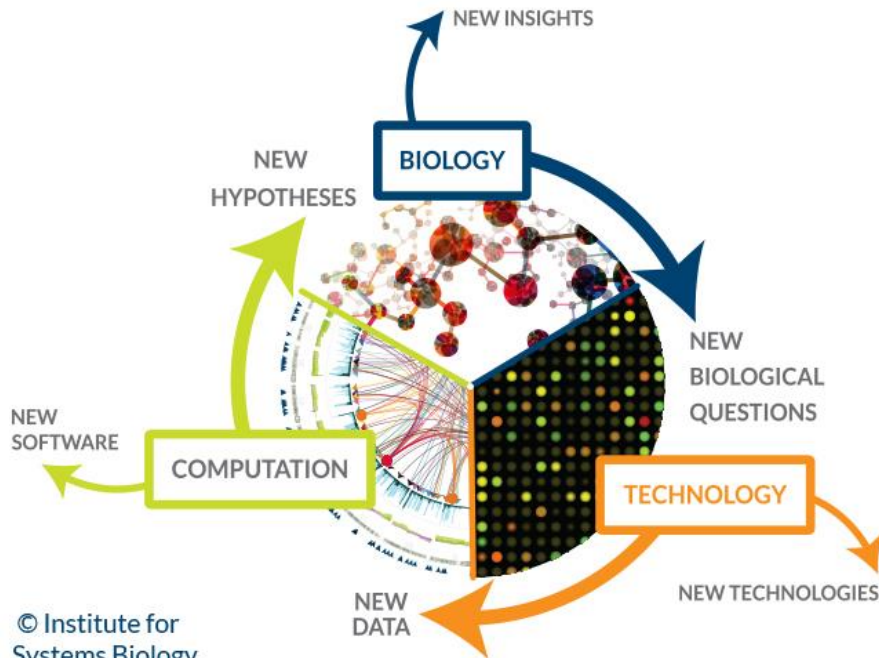
Studenten mit Biologie und Informatik Hintergrund

Masterprogramm Bioinformatik (2007 - 2017)

Kurse auf deutsch

weniger Studenten

# Fokus auf Systembiologie



## System biology view

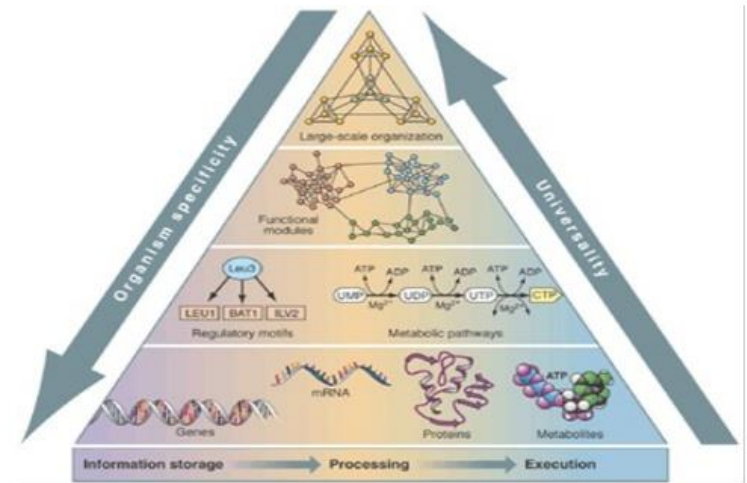


Figure from Oltvai, Z.N. and Barabasi  
Life's complexity pyramid.

# Organisation des Masterprogramm Bioinformatik

## 4 Semester

Erfolgreicher Abschluss 120 Studienpunkte (CPs)

Brückenmodule max. 12 CPs

Pflichtkurse 36 CPs

Wahlpflichtkurse 36 (24 or 30) CPs

Projektarbeit 18 CPs

Masterarbeit 30 CPs

# Organisation des Masterprogramm Bioinformatik

## 4 Semester

Erfolgreicher Abschluss 120 Studienpunkte (CPs)

**Brückenmodule** max. 12 CPs

Pflichtkurse 36 CPs

Wahlpflichtkurse 36 (24 or 30) CPs

Projektarbeit 18 CPs

**Masterarbeit** 30 CPs

Für Studenten mit Hintergrund Biologie

Einführung in Datenbanken und praktische Programmierung

Programmierkenntnisse

Für Studenten mit Hintergrund Informatik

Stand der Technik in der Biochemie und Molekularbiologie

Molekularbiologie, strukturelle Biologie und Evolutionsbiologie for  
Informatiker

# Organisation des Masterprogramm Bioinformatik

## 4 Semester

Erfolgreicher Abschluss 120 Studienpunkte (CPs)

Brückenmodule max. 12 CPs

**Pflichtkurse** 36 CPs

Wahlpflichtkurse 36 (24 or 30) CPs

Projektarbeit 18 CPs

**Masterarbeit** 30 CPs

Algorithmische und mathematische Bioinformatik

Statistische Bioinformatik

Bioinformatik biologischer Sequenzen

Analyse zellulärer Netzwerke

Constraint-basierte Modellierung zellulärer Netzwerke

Einführung in die theoretische Systembiologie

# Organisation des Masterprogramm Bioinformatik

## 4 Semester

Erfolgreicher Abschluss 120 Studienpunkte (CPs)

Brückenmodule max. 12 CPs

Pflichtkurse 36 CPs

**Wahlpflichtkurse** 36 (24 or 30) CPs

Projektarbeit 18 CPs

**Masterarbeit** 30 CPs

Datenintegration in zelluläre Netzwerke

Weiterführende Methoden der Netzwerkanalyse

Quantitative Genetik

Bildverarbeitung und Phänotypisierung

Strukturelle Bioinformatik

Maschinelles Lernen in der Bioinformatik

Praktische Sequenzanalyse

# Fragen / Interesse?

**kontaktiert mich:**

[zniko@uni-potsdam.de](mailto:zniko@uni-potsdam.de)

**Campus Golm, Haus 14, Raum 3.40**

**oder Mitglieder der Gruppe:**

<http://www.uni-potsdam.de/ibb-bioinformatik/members.html>

