

Masterarbeit

Vergleich von Rotbuche-Transkriptomen

RNA-Seq ist eine Next-Generation-Sequenziertechnologie, bei der die Basenabfolge aller mRNA-Sequenzen eines bestimmten Gewebes eines Organismus ermittelt werden kann. Mit Hilfe einer Assembler-Software werden die zunächst kurzen Sequenzstücke zu Transkripten zusammengesetzt, die im Idealfall der vollständigen kodierenden Sequenz eines Gens entsprechen. Die Gesamtheit aller Transkripte wird als *Transkriptom* bezeichnet. Das *in silico*-Assemblieren der kurzen Sequenzstücke zu vollständigen Transkripten ist ein komplexer mehrstufiger Prozess, dessen Ergebnis von vielen Faktoren abhängt.

Grundlage dieser Arbeit stellt ein kürzlich mit der kommerziellen Software CLC erstelltes Transkriptom der Rotbuche (*Fagus sylvatica* L.) dar. Ziel dieser Arbeit ist es, das Transkriptom der Rotbuche mit einer weiteren Software, dem frei verfügbaren Programm Trinity, zu erstellen und mit dem bereits existierenden Transkriptom zu vergleichen. Transkripte, die mit beiden Programmen, CLC und Trinity, assembliert wurden, können als bestätigte Transkripte angesehen werden, denen erhöhtes Vertrauen für weitere Analysen entgegengebracht werden kann.



www.nlwkn.niedersachsen.de

Wünschenswert sind das Interesse an computergestützten Methoden sowie grundlegende Programmierkenntnisse in einer beliebigen Programmiersprache. Die Arbeit wird von Prof. Dr. Armin Schmitt ko-betreut. Hilfe bei der Einarbeitung in das Programm Trinity und ggfls. weitere bioinformatische Programme wird gewährt.

Kontakt:

Prof. Dr. Oliver Gailing
Abteilung für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung
Büsgenweg 2
37077 Göttingen
Tel.: 0551 39 33536
E-Mail: ogailin@gwdg.de

Dr. Markus Müller
Abteilung für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung
Büsgenweg 2
37077 Göttingen
Tel.: 0551 39 14281
E-Mail: mmuellef@gwdg.de

Prof. Dr. Armin O. Schmitt
Abteilung Züchtungsinformatik
Margarethe von Wrangell-Weg 7
37075 Göttingen
Tel.: 0551-39-21891
E-Mail: armin.schmitt@uni-goettingen.de