



Analyse af gen ekspression og kandidatgener ved brug af next generation sequencing

Frank Panitz, Bygn. 1130, 207, frank.panitz@mbg.au.dk
Lars-Erik Holm, Bygn. 1130, 210, larserik.holm@mbg.au.dk

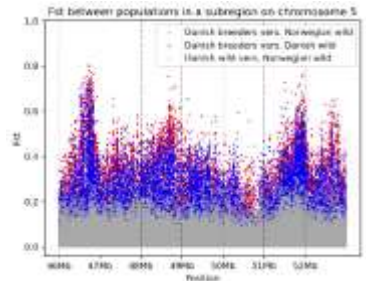
Forskningsområde: Vores forskningsområde er indenfor identifikation og reguleringen af gener i forskellige organismer og betydningen af disse gener for forskellige fænotyper inkl. sygdomme. Dette omfatter udover protein kodende gener også ncRNA gener såsom miRNA, lncRNA m.m.. Vi anvender typisk bioinformatiske metoder i arbejdet med data fra next generation sequencing metoder i disse analyser.



Mulige projekter:

- Karakterisering af de udtrykte transkripter i væv og celler ("transcriptome"), sammenligning og annotering. Hvilke gener er differentielt udtrykte mellem væv og/eller fænotyper?
- Transkriptom analyse.** Identifikation og/eller prediktion af long non-coding gener og karakterisering af deres expression i RNA-seq data fra haj, mink eller krokodille.
- Ændringer i gen ekspression i de første levemåned (med kalve som model). Hvordan ændres genernes ekspression som følge af kalvens udvikling?
- Identifikation af race specifikke genetiske varianter i kvæg. Kan de forklare de fænotypiske forskelle mellem racerne?

Forudsætninger: Et basalt kendskab til Linux, scripting og evt. programmering i andre sprog er en væsentlig fordel da analyserne som oftest kræver behandling af store mængder data ved anvendelse af bioinformatiske værktøjer.



Teknikker: Der anvendes bioinformatiske metoder til at analysere de ofte store mængder af data. I den udstrækning at relevante værktøjer eksisterer vil disse anvendes men i specielle tilfælde udføres analyserne ved programmering af egne værktøjer. Data analyse bliver typisk foretaget på et linux cluster pga de store mængder data i analyserne. Resultaterne sammenlignes med allerede kendte data fra diverse databaser og prediktioner baseret på andre værktøjer.

Laboratorie metoder såsom PCR, qPCR og Sanger sekventering anvendes til at underbygge de opnåede resultater.