

Computerprogrammer til analyse af arvemassen

Nyt ph.d.-projekt fra Aarhus Universitet, Health, præsenterer en række computerprogrammer til analyse af genomdata. Bag projektet står bioinformatiker Shengjie Gao, der forsvaret projektet den 14. december.

Bisulfit-sekvensering er en meget brugt metode til undersøgelse af hvilken rolle DNA-metylering har i forhold til regulering af genekspression og cellulær differentiering. Metoden genererer meget store mængder sekvensdata, som rummer store udfordringer at håndtere og analysere. I sin afhandling udvikler og præsenterer Shengjie Gao en række metoder og computerprogrammer til metyleringsanalyse baseret på bisulfit-genomsekvensering, der gør det muligt at håndtere og analysere meget store datasæt indsamlet ved hjælp af bisulfit-sekvensering med henblik på identificering af mutationer og vira. De udviklede computerprogrammer er alle tilgængelige som open-source og eksperimenter viser at de er særdeles effektive og skalerer fint ved afvikling på supercomputere. Forsvaret af ph.d.-projektet er offentligt og finder sted den 14. december kl. 13:00 i auditorium 1241-211 ("Læsesalen" i Bartholin bygningen), Aarhus Universitet, 8000 Aarhus C. Titlen på projektet er "The development of software for epigenome research using bisulfite sequencing". Yderligere oplysninger: Ph.d.-studerende Shengjie Gao. Tlf. 71290195.