



Christian Doppler Labor für Genomik und Bioinformatik

Successful Evaluation of the CD Laboratory for Nonlinear Signal Processing

Am Institut für Genomik und Bioinformatik der Technischen Universität Graz wurde im Jahre 2002 ein Christian Doppler Labor für Genomik und Bioinformatik unter der Laborleitung von Univ.-Prof. Dr. Zlatko Trajanoski eingerichtet. Es ist das erste CD-Labor im Bereich Biotechnologie. Als Kooperationspartner aus der Industrie sind die Firmen Eccocell und Oridis Biomed beteiligt.

Das Ziel der Forschungsarbeiten ist die Entdeckung und funktionelle Aufklärung jener Gene und Proteine, die beim Prozess der Vermehrung und Differenzierung von Knochenmarkstammzellen beteiligt sind und für die Diagnose und Therapie von chronischen Lebererkrankungen relevant sind. Die Experimente dafür basieren auf der Microarray Technologie, wobei die Microarrays für Untersuchungen von Maus und Mensch selbst hergestellt werden. Dazu werden auf beschichteten Glasobjektträgern bis zu 43.200 Elemente aufgebracht (für Ausschnitt siehe Abbildung). Mit diesen Gen-Chips und der notwendigen Bioinformatik soll das gesamte menschliche und murine Genom auf medizinisch interessante Ziel Gene durchsucht werden.

Mesenchymale Stammzellen (MSC), die neben den hämatopoetischen Stammzellen im Knochenmark existieren, gewinnen in letzter Zeit immer mehr an Bedeutung, da sich gezeigt hat, dass sie nach Isolierung aus dem Knochenmark und in vitro Expansion noch immer ihre Eigenschaft der Pluripotenz und Fähigkeit der vielfältigen Differenzierung in unterschiedliche mesenchymale Gewebe, wie Knochen, Muskel, Knorpel, Fett, etc., besitzen. Trotz umfangreicher Literatur, gibt es einige Unklarheiten bezüglich Isolations- und Anzuchtmethoden und Charakterisierung von Stammzellen. Die Charakterisierung der in vitro expandierten Stammzellen erfolgt über deren Phänotyp und Microarray-Analysen. Weiters werden diese Stammzellen der Differenzierung in Kardiomyozyten, Osteoblasten und Chondrozyten unterzogen, wobei wiederum die Analyse auf Microarray-Technologie basiert.

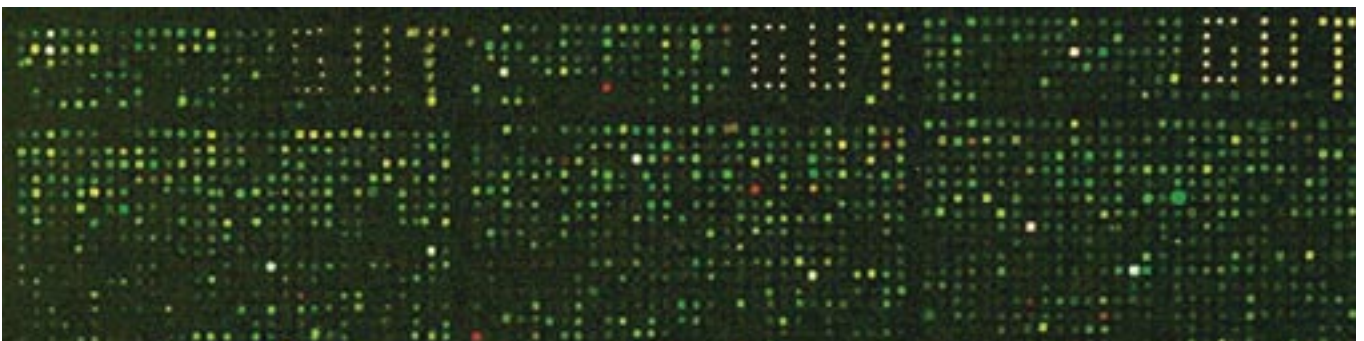
Die Charakterisierung von humanen Leberkrankheiten wird anhand eines etablierten Mausmodells für alkoholische und nicht alkoholische Steatohepatitis untersucht und die Relevanz der erhaltenen Mausdaten in Bezug auf das humane Krankheitsbild validiert. Die Daten werden mit Hilfe von komparativer Transkriptomik analysiert, bei der Gene von Mensch und Maus über Sequenz- und Funktionsähnlichkeiten miteinander verglichen werden. Dazu wird

die im Institut für Genomik und Bioinformatik entwickelte Software verwendet, die sowohl für die Datenverarbeitung der Microarray-Experimente (Statistikanalysen) als auch für die Datenaufbereitung (Erkennung von Kandidaten-Genen in biologischen Regulationswegen) konzipiert ist.

Mehr Informationen finden sie auf unserer Homepage:
<http://genome.tugraz.at/>

Christian Doppler Laboratory for Genomics and Bioinformatics

The Christian Doppler Laboratory for Genomics and Bioinformatics was founded 2002 at Graz University of Technology as part of the Institute for Genomics and Bioinformatics. Cooperation partners from industry are the locally situated Biotech companies Lifecord and Oridis Biomed. The principal goal of our research plan is to link genes to function on a genomic scale in order to facilitate investigations of physiological and patho-physiological mechanisms underlying metabolic diseases. The cultivation and microarray-based analysis of human mesenchymal stem cells is part of the investigation of expression profiling and differentiation of stem cells. The characterization of human liver diseases, more precisely the investigation of disease pattern of alcoholic and non alcoholic steatohepatitis, is based upon comparative transcriptomic by using an appropriate mouse model. All microarrays for our experiments are produced in-house, where up to 43.200 elements can be spotted on one object slide. For data analysis, several in-house developed computer programs support in a user-friendly way the extraction of scientific valuable candidate genes for stem cell differentiation and liver disease characterization.



Microarrays sind wertvolle Werkzeuge, um in kurzer Zeit einen großen Überblick über den Zustand von biologischen Systemen zu erhalten. Die unterschiedlich fluoreszenzmarkierten Proben geben Auskunft über überexprimierte (rot) oder unterexprimierte (grün) Gene. Gelbe Spots werden durch gleiche Expressionlevels in den Proben generiert. Foto: CD-Labor für Genomik und Bioinformatik