

Im Fokus: Computational Biotechnology

Focus on Computational Biotechnology

Christoph W. Sensen

Seit der kompletten Sequenzierung der ersten mikrobiellen Genome vor ca. 20 Jahren sowie zahlreicher weiterer kompletter Genome von Modellorganismen in den folgenden Jahren – einschließlich des menschlichen Genoms vor mehr als zehn Jahren – gewinnt die Bioinformatik im Bereich der Biotechnologie mehr und mehr an Bedeutung. Ergebnisse aus der Bioinformatikforschung werden heute in vielen Bereichen, von der Humanmedizin über die Kriminaltechnik bis zur Biotechnologie, angewandt.

Seit Beginn der 50er-Jahre des vergangenen Jahrhunderts ist es möglich, die Sequenz von Proteinen zu bestimmen. Etwa 25 Jahre später begann auch die Ära der DNA und RNA-Sequenzen. Im Zusammenhang mit den ersten Sequenzermittlungen entwickelte sich ein neues interdisziplinäres Forschungsfeld, das heute unter dem Begriff „Bioinformatik“ zusammengefasst wird. Obwohl viele bis heute die Aufgaben der Bioinformatik nur mit dem DNA-, RNA- oder Protein-Sequenzvergleich und der Zuweisung von Funktionen zu Sequenzen in Verbindung bringen, hat sich dieser Zweig der Wissenschaft stark entwickelt und diversifiziert. Seit im Jahre 1995 die ersten kompletten Genomsequenzen von zwei Mikroorganismen erstellt wurden, sind die kompletten Genome vieler Hundert Organismen – einschließlich des kompletten menschlichen Genoms – charakterisiert worden. Die Ergebnisse aus diesen Sequenzierungen bilden heute die Grundlage für Forschungsvorhaben in Biologie, Biotechnologie und Medizin.

Next Generation: die Metagenomforschung

Mittlerweile ist es sogar möglich, komplette Gemeinschaften von Organismen durch Next-Generation-DNA-Sequenzierung und nachfolgende bioinformatische Analysen zu charakterisieren (Metagenomforschung) und so den Beitrag der einzelnen Organismen zur Organismengemeinschaft zu untersuchen. Selbst das menschliche Leben ist ohne die Interaktion des menschlichen Körpers mit den Hunderten von mikrobiellen >

Since the complete sequencing of the first microbial genome approximately 20 years ago (and many additional complete genomes in the meantime, including the complete human genome), bioinformatics has been gaining more and more prominence in the area of biotechnology. Results from bioinformatics research are being applied in many different fields, including medicine, forensics and biotechnology.

In the 1950s, it became possible to determine the sequence of protein molecules. Approximately 25 years later, the era of DNA and RNA sequencing began. In parallel to sequence-determination techniques, a new interdisciplinary research field emerged, for which today the term “bioinformatics” is used. Even though many people only associate the term bioinformatics with the comparison of DNA, RNA or protein sequences and with functional descriptions of sequences, the field has developed in leaps and bounds and is now quite diversified. In the year 1995, the first two complete microbial genomes were published. Since then, hundreds, if not thousands of complete genomic sequences – including that of the human genome – have been characterized. The results of these sequencing exercises established the foundation for new research and development endeavors in biology, biotechnology and medicine.

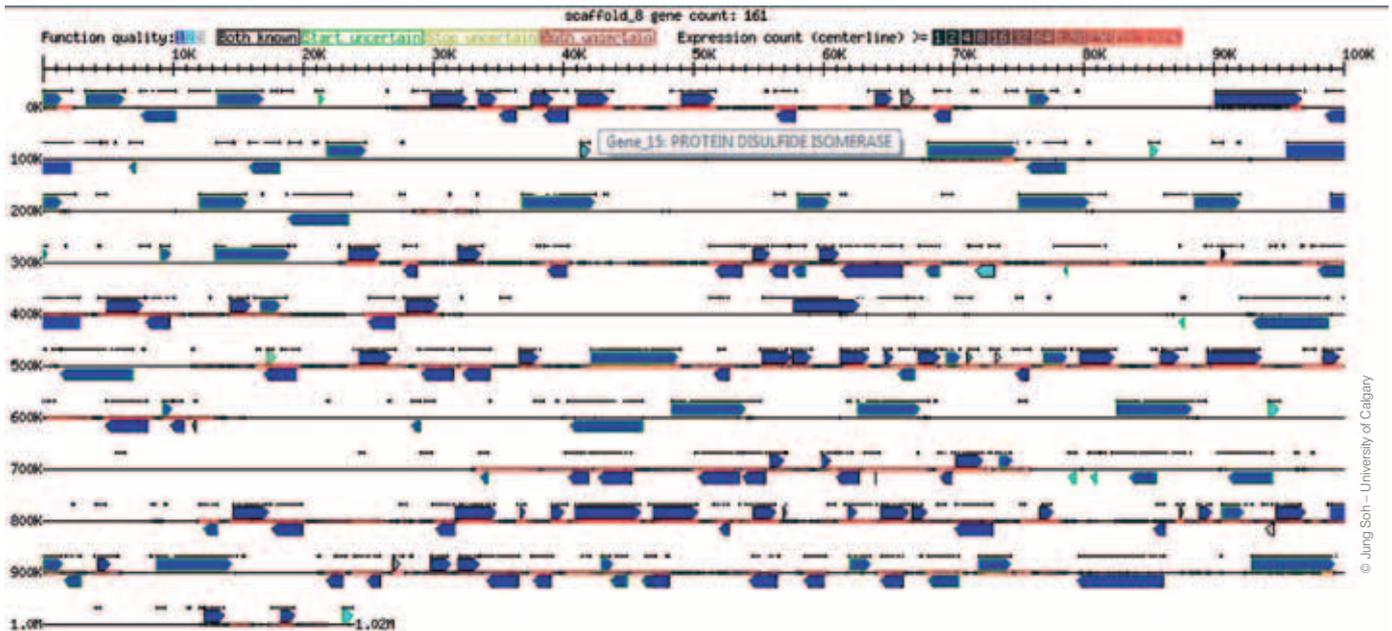
Next generation: metagenome research

In the meantime, it is possible to characterize entire communities of organisms through next-generation DNA sequencing methods and subsequent bioinformatics analyses (metagenomics). With these efforts, the contribution of each organism to the entire community can be determined. Even human life is not possible without interaction with hundreds of microbial species which live in the digestive system and facilitate the digestion process. At this point in time, a new initiative around metagenome research is coming together in the form of the new Computational Biotechnology working group, which will be playing an important role. >



Christoph W. Sensen arbeitet seit 1. September als Professor für Computational Biotechnology an der TU Graz und ist stellvertretender Institutsleiter des Institutes für Molekulare Biotechnologie. Zuvor war er 14 Jahre lang Tenured Full Professor for Bioinformatics an der University of Calgary in Kanada. Seine Forschungsschwerpunkte sind Genomforschung und Bioinformatik.

Christoph W. Sensen has been working at Graz University of Technology since September 2001. He is professor of computational biotechnology and deputy head of the Institute of Molecular Biotechnology. He has spent the last 14 years at the University of Calgary in Canada, where he was a tenured full professor of bioinformatics. His research foci are genome research and bioinformatics.



© Jung Sooh - University of Calgary

Abbildung 1:
Übersicht der Genanordnung
auf einem kleinen Stück eines
Chromosoms.

Figure 1:
Overview of the gene
arrangement on a small region
of a chromosome.

Organismen, die im Verdauungstrakt leben und die Verdauung erst ermöglichen, vollkommen unmöglich. Zurzeit entsteht in Graz eine neue Initiative im Bereich der Metagenomforschung, bei der die Grazer Bioinformatikerinnen und -informatiker, einschließlich der neuen Arbeitsgruppe Computational Biotechnology am Institut für Molekulare Biotechnologie, eine wichtige Rolle spielen werden.

Um die molekularen Abläufe innerhalb von Organismen und die Interaktionen von Organismen mit ihrer Umwelt besser zu verstehen, sind Bioinformatikerinnen und Bioinformatiker mehr und mehr mit der Erstellung von Computermodellen, mit denen sich biologische Abläufe simulieren lassen, beschäftigt. Um diverse Daten in Modellen zu integrieren, ist es notwendig, die Daten vorher zu standardisieren. Insbesondere die Fachtermini, von der Bezeichnung von Genfunktionen über die Bezeichnung von Geweben und Organen bis hin zur Beschreibung von Verhaltensweisen, müssen strikten Standards folgen. Auch in diesem Feld sind Grazer Bioinformatikerinnen und -informatiker aktiv: Durch die Erstellung von Ontologien (d. h. fachspezifischen Wörterbüchern), die zur Integration von diversen Datensätzen benutzt werden können, wird die Erstellung von Computermodellen mit der automatischen Integration von neuen Daten erst möglich.

Computational Biotechnology an der TU Graz

Die neue Arbeitsgruppe „Computational Biotechnology“ unter der Leitung von Christoph Sensen wird die Bioinformatikforschung an der TU Graz verstärken. Schwerpunkte werden in der Mikrobiomforschung und der Entwicklung von Hochdurchsatzmethoden für DNA-basierte Diagnostik liegen.

In order to better understand the processes in organisms and their interaction with the environment, bioinformaticians are focusing more and more on the creation of computer models which can be used to simulate biological processes. Before the diverse data sets can be integrated into such models, it is necessary to standardize them. Technical terms, in particular, such as those describing gene functions or the names of tissues and organs as well as behavioral terms, have to follow very rigid standards. Bioinformaticians from Graz are also actively working on these standardization endeavors through the creation of ontologies (i.e. controlled vocabularies) which can be used to facilitate the integration of diverse data sets.

Computational biotechnology at Graz University of Technology

The new working group Computational Biotechnology, which is coming together under the leadership of Christoph Sensen, will strengthen bioinformatics research activities at Graz University of Technology. The focus of the new group will be on microbiome research and the development of high-throughput methodologies for DNA-based diagnostics. Rapid and more accurate diagnostic tests are needed in many application areas ranging from mining for oil resources, and crop and animal production to the early diagnosis of human diseases. While some DNA-based tests are already available today, they are not yet cost-efficient enough to apply in blanket testing, for instance in animal production (e.g. feed lots). With my move from the University of Calgary to Graz University of Technology, I have brought with me additional computational resources previously unavailable in Austria which should open up new

Schnellere und vor allem genauere diagnostische Tests sind in vielen Bereichen, von der Erdölgewinnung über die Tierproduktion und Pflanzenproduktion bis hin zur Früherkennung von menschlichen Krankheiten notwendig. Zwar kann man heute schon DNA-basierte Tests erwerben, diese sind aber noch nicht kostengünstig genug, um z. B. flächendeckende Tests in der Tierproduktion zu ermöglichen. Mit dem Umzug von der University of Calgary kommen auch Spezialcomputer für Bioinformatikanwendung nach Graz, die bisher so in Österreich noch nicht vorhanden waren und neue Forschungsmöglichkeiten, insbesondere in der Genomforschung, eröffnen. Zurzeit werden unter anderem Server für schnelle Datenbanksuchen und Computer mit einem Terabyte Speicherplatz (Hauptspeicher) für die Assemblierung von Genomen und Metagenomen installiert. Ein Schwerpunkt des neuen Labors liegt auf der Visualisierung von Ergebnissen, um diese gerade bei der interdisziplinären Forschung Forscherinnen und Forschern aus möglichst vielen verschiedenen Fachrichtungen zugänglich zu machen. Die von der neuen Arbeitsgruppe angebotenen Bioinformatiklehrveranstaltungen, insbesondere im Rahmen von NAWI Graz, werden die Studierenden in die Benutzung von Bioinformatiktools einführen und ihnen damit für Berufe im Bereich der Biotechnologie nützliche Fähigkeiten vermitteln. ■

possibilities for bioinformatics research. This includes for example computer servers for very fast database searches and computers with a terabyte of main memory, which can be used for the assembly of complete genomes and metagenomes. One of the foci of the new lab will be the visualization of results, which allows researchers in interdisciplinary teams to share their results with large and diverse communities of scientists. The teaching program of the new group, especially in the context of NAWI Graz, will allow students to gain new skills, especially in the application of bioinformatics tools in biotechnology research and development. These new skills will give the students an advantage when applying for high-quality jobs in the biotechnology sector. ■

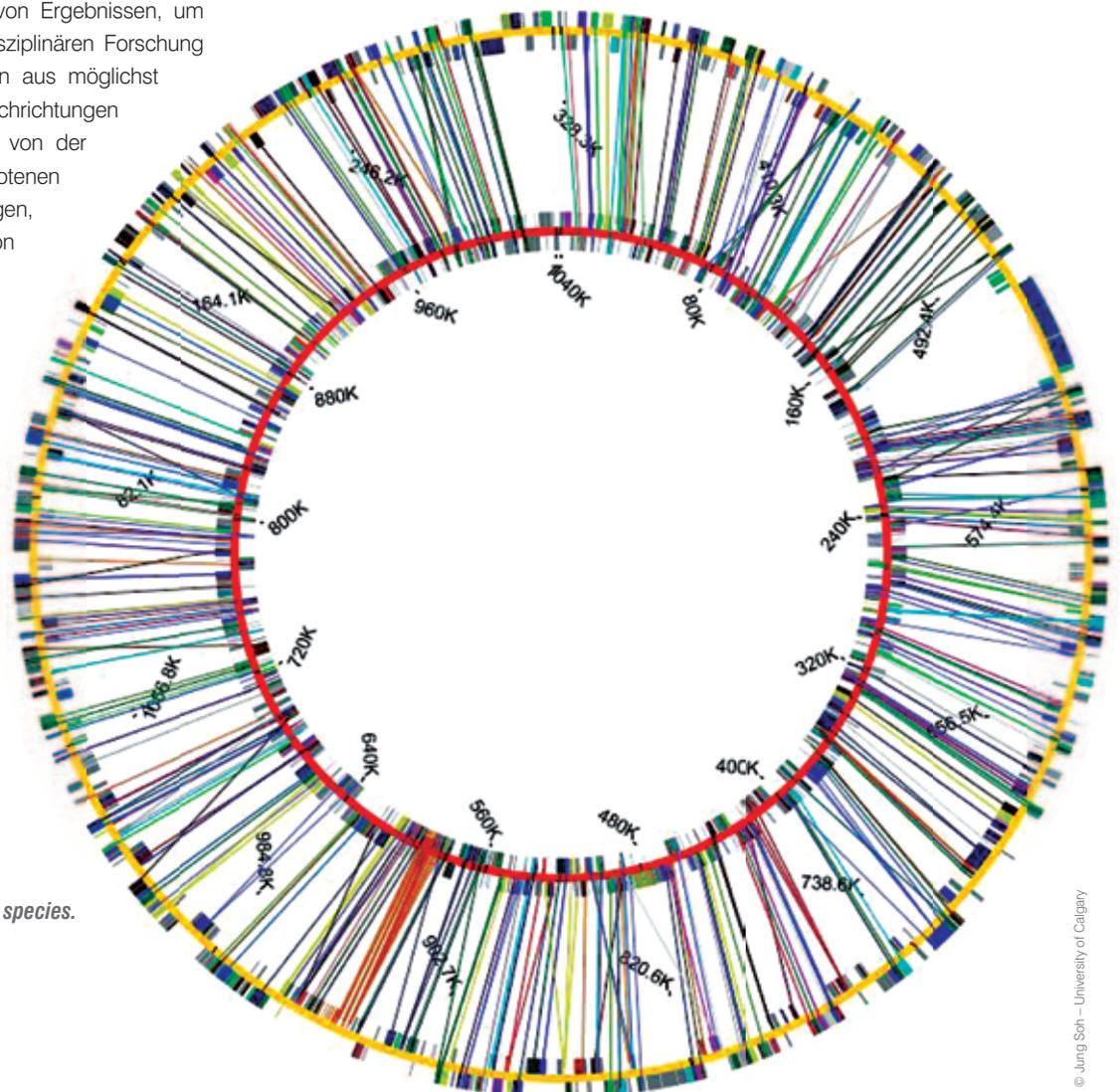


Abbildung 2:
Vergleich der Genanordnung
von zwei Chlamydien-Spezies.

Figure 2:
Comparison of the gene
arrangement of two Chlamydia species.

(s1) ● *Chlamydia_muridarum*
(m) ● *Chlamydia_trachomatis*

Scale: 800 units/pixel
|-----| 80.000