



Bachelor-These

Erstellung eines Web User Interface für die Vorhersage von Transkriptionsstartpunkten aus dRNA-seq-Daten

Mit Hilfe von den sogenannten ‘next generation sequencing’ Technologien sind vielfache Anwendungen auch auf Transkriptionsebene möglich. So erlaubt die Sequenzierung der RNAs mit Hilfe von RNA-seq nicht nur die quantitative Messung der Expression der RNA-Transkripte sondern auch die basengenaue Bestimmung von Transkriptionsstartpunkten und somit die der 5'-UTR- und Promotor-Regionen. Für letzteres wurde 2010 (Sharma *et al.*)¹ für Bakterien ein spezielles experimentelles Protokoll, dRNA-seq genannt, entwickelt, für welches in unserer Gruppe eine automatisierte Auswertemethode, TSSpredator², implementiert wurde. Diese Methode besteht derzeit aus einem Stand-alone Tool mit einer grafischen Oberfläche zur Konfiguration der Parameter und Inputdaten für die Anwendung.



Das Ziel der Bachelorarbeit ist die Bereitstellung der TSSpredator-Methode für den automatisierten Betrieb am Quantitative Biology Center (QBiC)³ in Tübingen. Dafür soll ein Frontend für den webbasierten Portalbetrieb in Form eines Vaadin⁴ Portlets, welche schon in der produktiven Portalumgebung von QBiC verwendet werden, entwickelt und getestet werden. Das Backend, basierend auf Snakemake als Workflow Management System, wird zur Verfügung gestellt.

Meilensteine:

1. Einarbeiten in die Bestimmung von Transkriptionsstartpunkten (engl. transcription start sites, kurz TSS) mit Hilfe von dRNA-seq-Experimenten
2. Einarbeiten in TSSpredator
3. Einarbeiten in Vaadin, ein Java Web UI Framework für ‘RIA’ (rich Internet application)
4. Implementieren eines Frontends basierend auf Vaadin
5. Testen des Frontends anhand vorhandener Daten

Voraussetzungen:

1. Gute Programmierkenntnisse in Java
2. Wünschenswert: Erfahrung mit `git` >> Web-basierte UIs >> Kenntnisse zu Workflows
3. Interesse an modernen bioinformatischen Fragestellungen
4. Interesse an Entwurfsmustern in der Softwareentwicklung (MVP)
5. Interesse in einem jungen dynamischen Team mitzuarbeiten

Kontakt: Kay Nieselt (kay.nieselt@uni-tuebingen.de) und Sven Fillinger (sven.fillinger@qbic.uni-tuebingen.de)

¹Sharma CM, Hoffmann S, Darfeuille F, Reignier J, Findeiss S, Sittka A, et al. The primary transcriptome of the major human pathogen *Helicobacter pylori*. *Nature* 2010; 464:250-5.

²http://it.inf.uni-tuebingen.de/?page_id=190

³<http://www.uni-tuebingen.de/einrichtungen/zentrale-einrichtungen/zentrum-fuer-quantitative-biologie-qbic.html>

⁴<https://vaadin.com/framework>