

mn seminar

18. Oktober 2016 16:15 Uhr, Raum C10 / 7.01

Festkolloquium aus Anlass der Verabschiedung von Prof. Dr. Werner Helm

Data Mining auf Genomen:

Wie Mathematik und Statistik Organisationsprinzipien von DNA-Sequenzen sichtbar machen

Ein Genom ist eine Sammlung von Symbolsequenzen, die über eine Vielzahl biologischer und chemischer Auslese-, Übersetzungs- und Bauprozesse Organismen von großer Komplexität codieren. Mit dem explosiven Anwachsen solcher Sequenzdaten haben statistische Methoden drastisch an Bedeutung gewonnen. Gelegentlich gelingt es mit diesen Methoden, neue Systematiken in DNA-Sequenzen zu entdecken. Ein solches Phänomen steht im Fokus unseres Vortrags. Mit einer speziellen statistischen Modellklasse, diskrete autoregressive Prozesse, werden dabei die Korrelationen zwischen Symbolen in DNA-Sequenzen analysiert. Auf der Basis dieser Korrelationen lassen sich Sequenzen verschiedener Spezies unterscheiden, evolutionäre Zusammenhänge zwischen den Spezies rekonstruieren und dynamische Prozesse in Genomen sichtbar machen. Von praktischen Anwendungen bei der Sortierung von DNA-Sequenzen bis hin zu einem Verständnis der Evolution von Genomen tragen Mathematik und Statistik so in fundamentaler Weise zu unserem biologischen Weltbild bei.



Prof. Dr. Marc-Thorsten Hütt
(Jacobs University, Bremen)



Prof. Dr. rer. nat. Manuel Dehnert
(HS Weihenstephan-Triesdorf)