

# Masterarbeit zum Thema: Detektion von Genomrearrangments in Krebsgenomen

Hochdurchsatzmethoden erlauben es heutzutage schnell und günstig Genome, Transcriptome und Epigenome zu sequenzieren. Daher wurden viele verschiedene Projekte etabliert um von vielen verschiedenen Geweben und Zelllinien Hochdurchsatzmessung an Transkriptomen und Epigenomen zu generieren.

Zu solchen Zelllinien gehören auch Krebszelllinien (unter anderen K562) von denen bekannt ist, dass Genomrearrangement entstanden sind. Häufig ist jedoch keine alternative Genomsequenz verfügbar. Somit lassen sich schwer Rückschlüsse auf die globalen Veränderungen des Epigenomes, zum Beispiel, ziehen, welche durch die Genomrearrangements bedingt sind. Im Falle von ChIP-seq-Messungen von Histonmodifikationen (eine bestimmte Art epigenetischer Daten) wird meist der sogenannte ChIP-input mit gemessen. Der ChIP-input ist in den meisten Fällen als Sequenzierung der genomischen DNA ohne vorhergegangene Selektion bestimmter Regionen verfügbar. Zwar ist die Coverage des ChIP-inputs nicht geeignet ein komplettes Genom zu assemblieren, jedoch sollte die Sequenzieretiefe ausreichen um die Bruchpunkte der Rearrangements ausrechnen zu können.

**Wer Interesse an einer Masterarbeit zu diesem Thema hat, meldet sich bitte bei *Dr. Lydia Müller* ([lydia@bioinf.uni-leipzig.de](mailto:lydia@bioinf.uni-leipzig.de)).**

Erwartete Vorkenntnisse: Sicherer Umgang mit Linux und Bash, Programmierkenntnisse in Scriptsprachen und mindestens einer höheren Programmiersprache (C, C++, Java).