

Ausschreibung Masterarbeit:

tRNA Häufigkeiten in menschlichen RNASeq daten.

Junior research group transcriptome Bioinformatics

Das menschliche Genom enthält mehr als 500 tRNA Gene aus 51 Anticodon Familien. In menschlichen Proteinen werden in der Regel alle 61 codons verwendet. Trotzdem enthalten menschliche Zellen maximal 41 tRNAs, und 31 tRNAs werden minimal benötigt. Betrachtet man RNASeq Experimente, findet man teilweise noch weniger tRNAs. Speziell scheint es für manche Aminosäuren keine einzige tRNA zu geben. Mögliche Erklärungen sind Fehler im Mapping und post-transkriptionelle Modifikationen die das Anticodon einer tRNA verändern. Differentieller tRNA Gebrauch scheint auch in der Entwicklung sowie in Krankheiten wie Krebs eine Rolle zu spielen.

Ziel dieser Arbeit ist die Analyse von RNA Sequenzierung Daten mit Hilfe eines speziell maskierten Genoms, um Mappingfehler auszuschliessen, sowie, soweit möglich, die Untersuchung von posttranskriptionellen Modifikationen zur Bereitstellung von tRNAs für alle Aminosäuren. Diese Information soll mit Expressionsinformation von Aminoacyltransferasen verknüpft werden.

Wir suchen eine Masterstudentin oder einen Masterstudenten, der oder die Kenntnisse in LINUX, bash, einer Skriptsprache (Perl oder python) sowie idealerweise in R besitzt.

Bei Interesse mailen Sie bitte Ihre Bewerbung an:
berni@bioinf.uni-leipzig.de

Master thesis:

tRNA abundance in human RNASeq data.

Junior research group transcriptome Bioinformatics

The human genome contains over 500 tRNA genes comprising 51 types of anticodon families. In human proteins, all 61 Amino acid codons are used. However, human cells contain a maximum of 41 different tRNAs, though a minimum of 31 are necessary. If we look at RNASeq experiments, we find less than 31 different tRNAs. In particular, tRNAs for some amino acids appear to be missing entirely. Possible explanations are errors in the mapping procedures and post-transcriptional modifications of the anticodons of existing tRNAs. Differential tRNA usage also has been observed during development in conditions like cancer.

The aim of this work is the analysis of RNASeq experiments wrt. tRNAs using a specially masked genome and as far as possible the analysis of post-transcriptional modifications that lead to the existence of all necessary tRNAs. This information will be linked to aminoacyl transferase expression information.

We are looking for a student with knowledge in LINUX, bash, a scripting language (Perl or python) and possibly R.

If you are interested in this work please contact:
berni@bioinf.uni-leipzig.de