

# Visualisierungen in der Bioinformatik

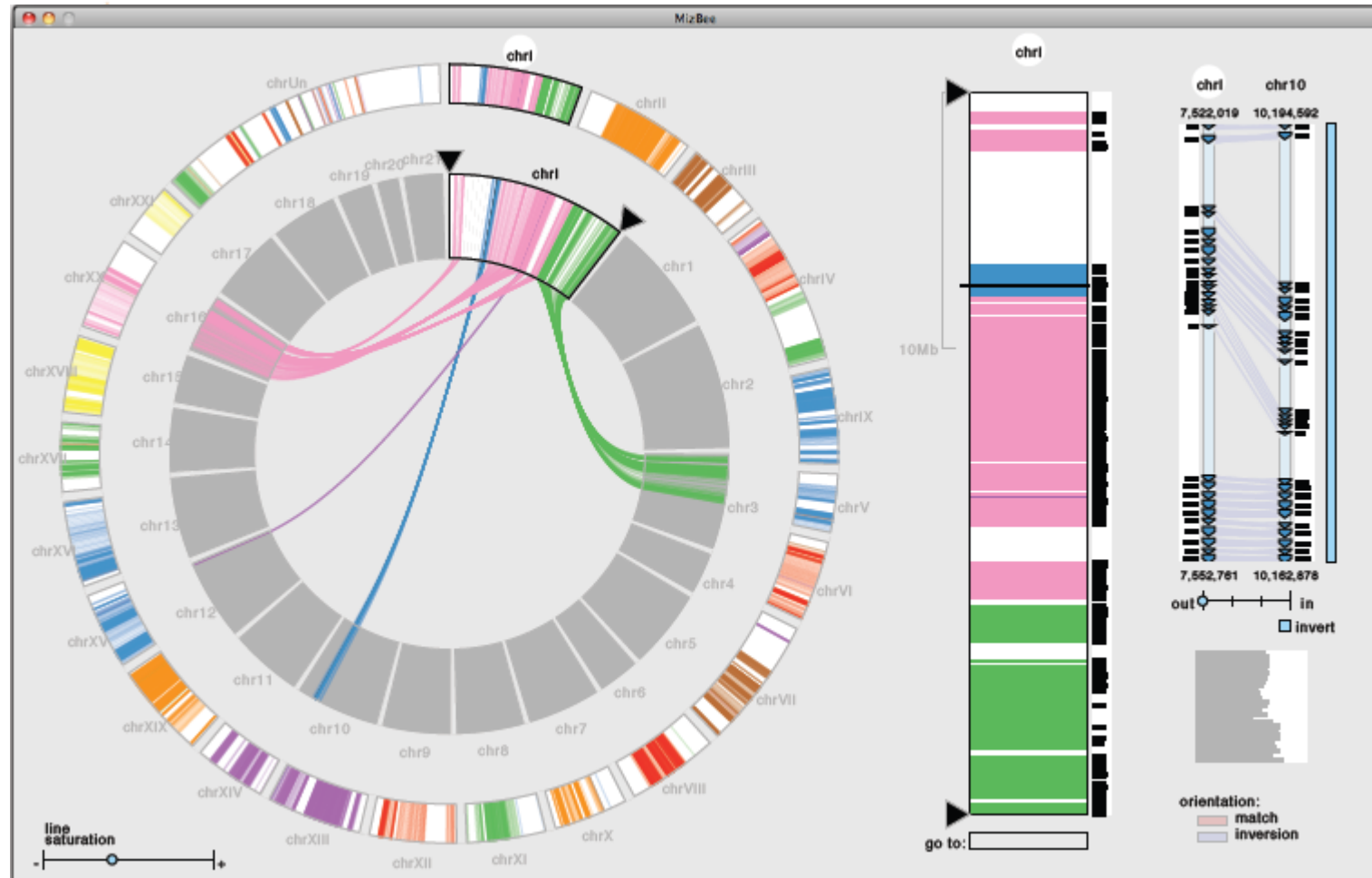
Carsten Zühlendorf

Universität Wien  
Fakultät für Informatik



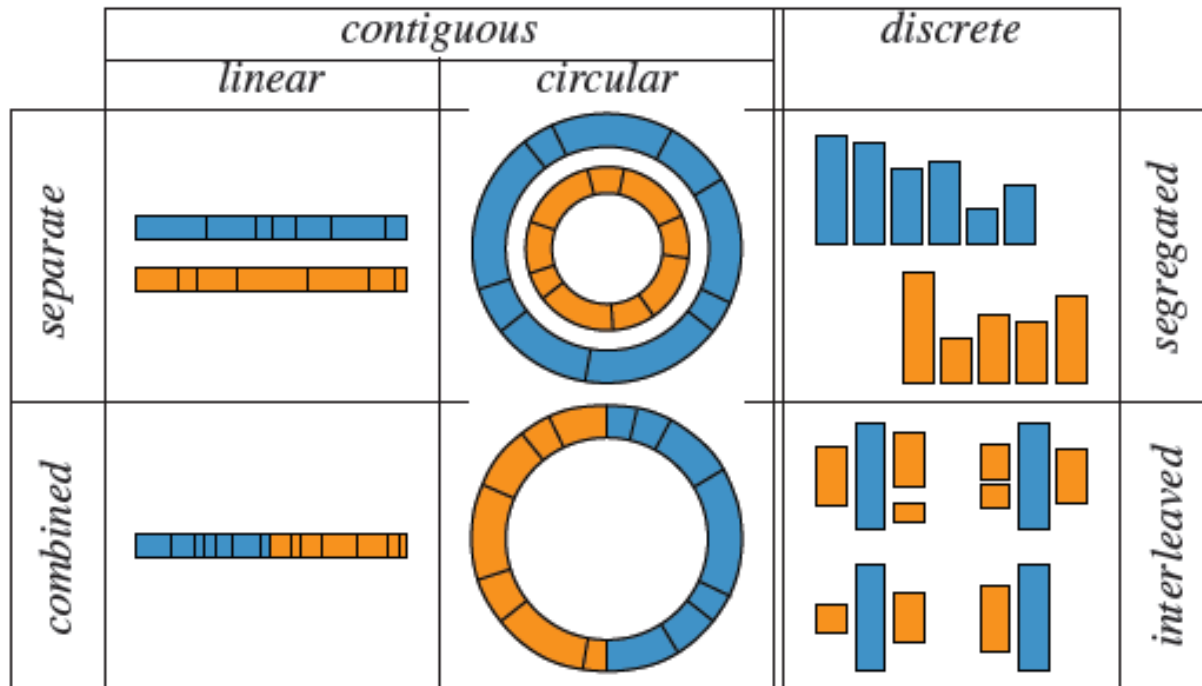
- Großes Feld (Medizin bis zur Genetik)
- Große Datenmengen, die stets größer werden
- Stark abhängig von Domänenexperten
- Gewählte Paper mit Fokus auf Gendaten
- Genom, Chromosomen, DNA, RNA

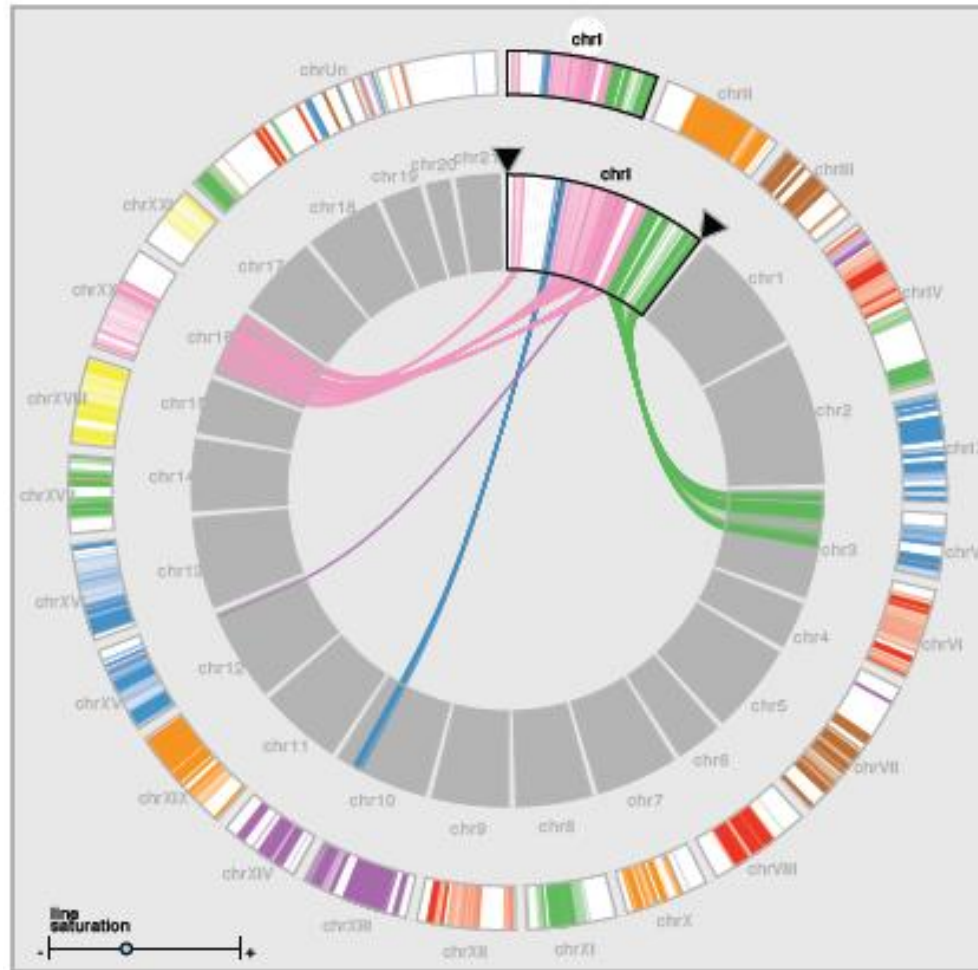
- Pathline: A Tool For Comparative Functional Genomics;  
Miriah Meyer, Bang Wong, Tamara Munzner, Mark Styczynski and Hanspeter Pfister
- MizBee: A Multiscale Synteny Browser;  
Miriah Meyer, Tamara Munzner, Hanspeter Pfister



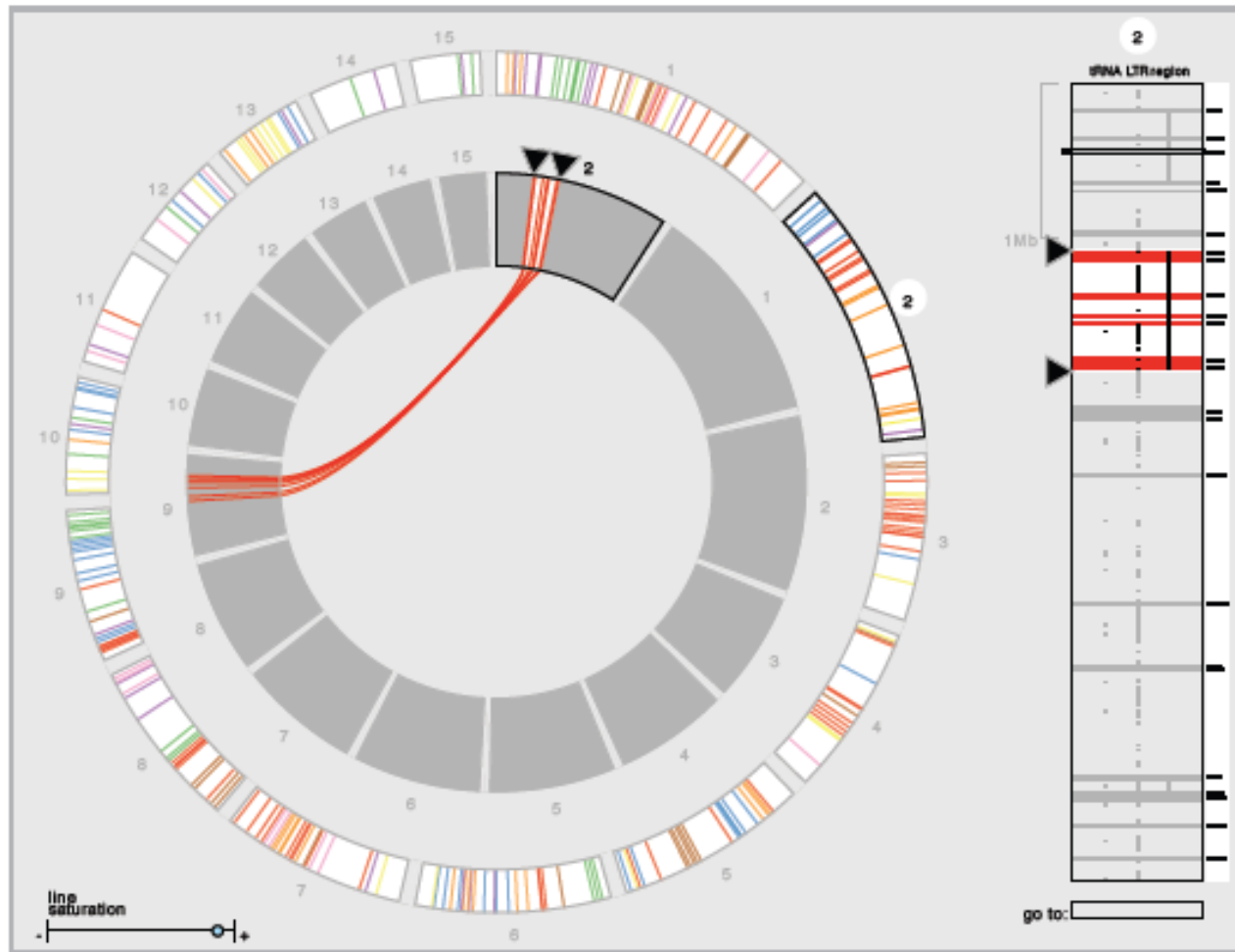
- Syntenie, sich wiederholende Merkmale auf einem Chromosom
- Daraus lässt sich Artverwandschaft herleiten
- Aus der Platzierung und der Ähnlichkeit evolutionäre Schritte

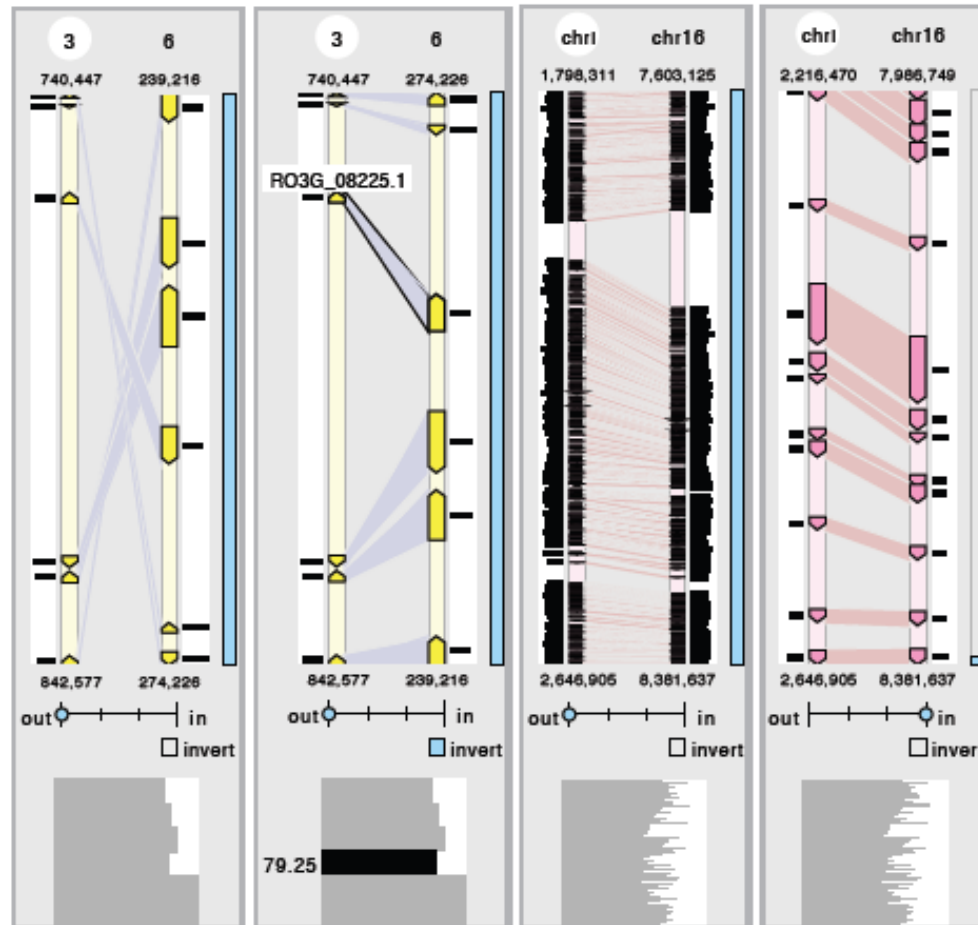
- Komplexe Daten -> Komplexe Algorithmen
- Visuelle Konfirmierung
- Darstellung von Lage, Größe, Orientierung, Grad der Ähnlichkeit auf Ebene von Genom, Chromosom, Block, Merkmal

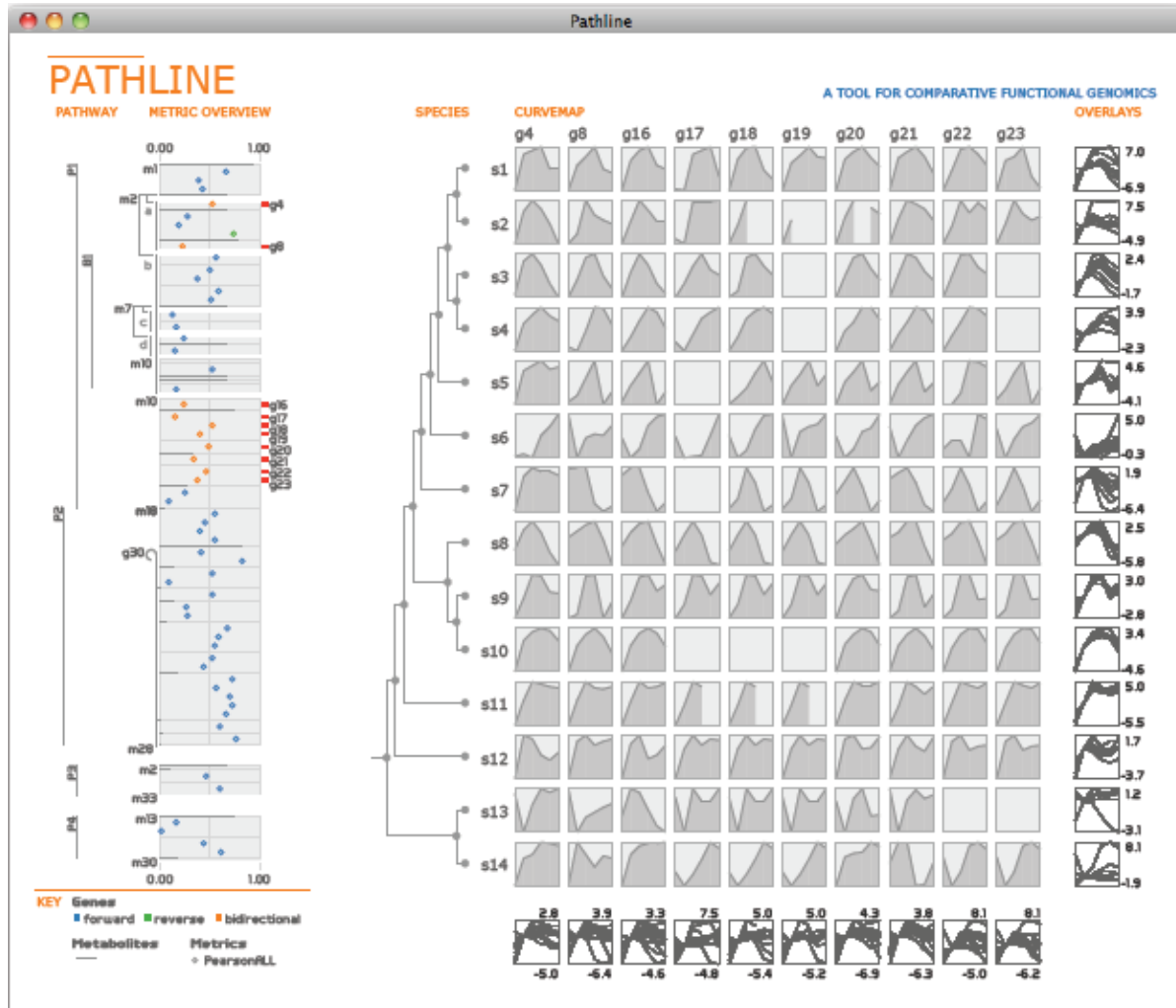








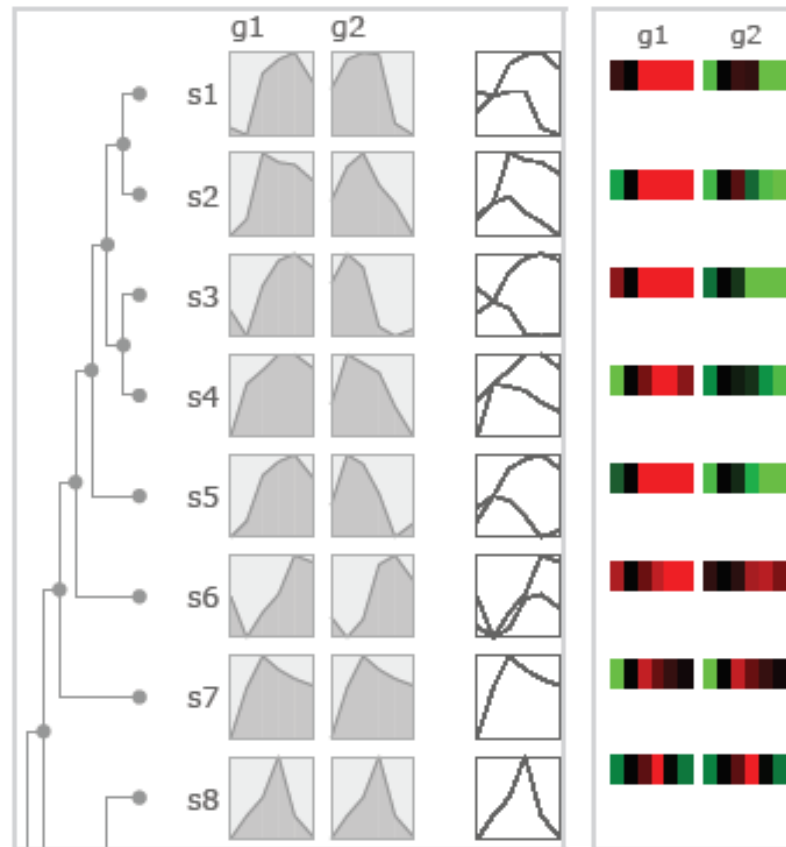


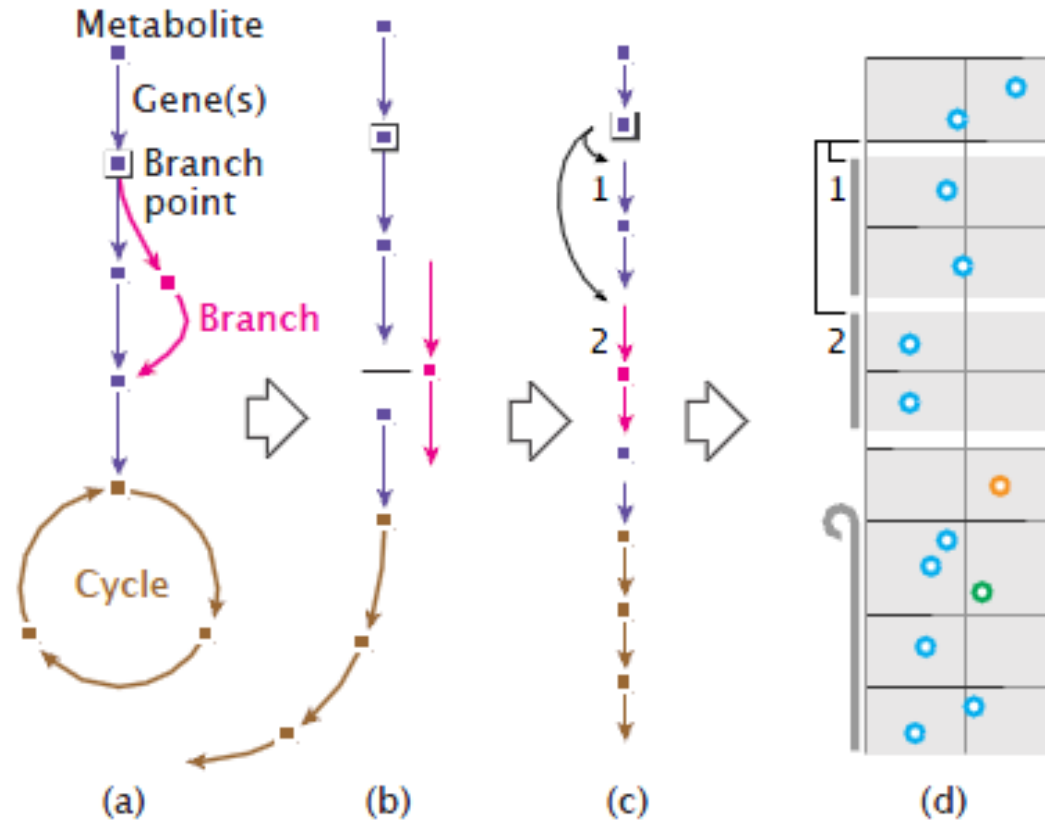


- Genomics, Untergruppe der Genetik, die sich mit kompletten Genomen beschäftigt
- Betrachtung von funktionellen, Pfad-, phylogenetischen Daten
- Zusammenarbeit mit Projekt über Hefe
- Bisher vielfach Einsatz von Heatmaps



- Ansicht von multiplen Datensätzen über Zeit, Spezies, Genen und Metaboliten (Katalysatoren) hinweg
- 3 Aufgabenbereiche:
  - Detaillierter Vergleich von Zeitabschnitten
  - Vergleich von Genen auf einem Pfad
  - Vergleich von mehreren Genen auf mehreren Pfaden





- Gute Ansätze um komplexe Daten darzustellen, aber am Anfang unübersichtlich
- MizBee erlaubt noch keine Veränderung der Größe der Views
- Eng auf bestimmte Anforderungen zugeschnitten