

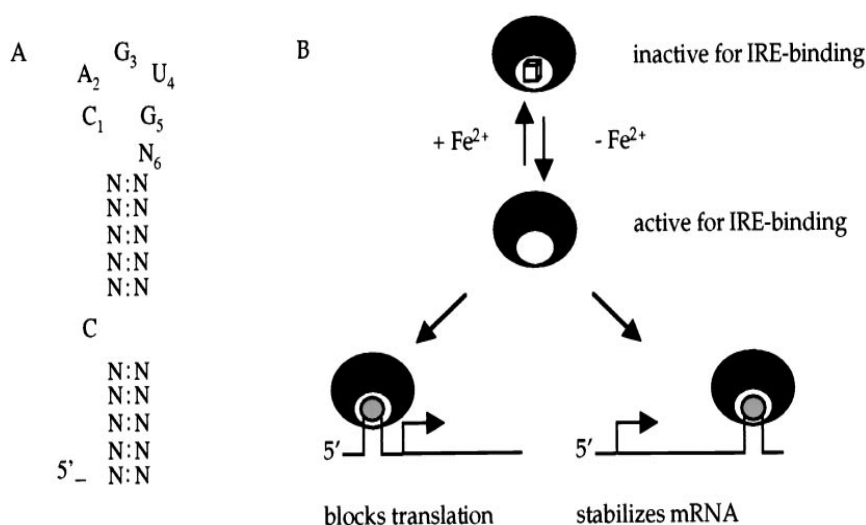


Arbeitsbereich „Algorithmen der Bioinformatik“ (Prof. Huson) und  
„Mikrobiologie/Biotechnologie“ (Prof. Wohlleben)

## Studienarbeit: RNA Sekundär-Struktur- Motive auffinden

Zur Steuerung der Eisenaufnahme in der Zelle (untersuchter Organismus: *Streptomyces viridochromogenes*) bindet ein Enzym (Aconitase) spezifisch an mRNA von Proteinen, die den Eisenhaushalt beeinflussen.

Ziel dieser dreimonatigen Arbeit ist es, vielversprechende Target-mRNAs zu finden, die Sekundär-Struktur-Motive enthalten, an die die Aconitase bindet. Dazu stehen eine Reihe fertiger Programme (z.B. Infernal: <http://www.binf.ku.dk/users/pgardner/bralibase/>, Inparanoid u.a.) zur Verfügung. Zum Erstellen einer kleinen Software-Pipeline soll Java oder Perl benutzt werden.



Anforderungen: Interesse an praktischen biologischen Fragestellungen,  
Kenntnisse in Java und/oder Perl.

Weitere Info beim Betreuer:

Christian Rausch ([rausch@informatik.uni-tuebingen.de](mailto:rausch@informatik.uni-tuebingen.de)), Sand 14, Raum C324b