

## Proteinanalyse mit Hilfe von Differential-PTM-Erkennung

In Zusammenarbeit mit der Partnerfirma Detectorvision AG wurde eine Applikation zur de novo Proteinmodifikationsanalyse realisiert. Die Identifikation von Proteinmodifikationen erlaubt Rückschlüsse auf Krankheiten und wird unter anderem in der pharmazeutischen Industrie und der Bioinformatik angewendet. Diese Diplomarbeit betritt neuartiges Terrain, da bisher noch kein vergleichbares Produkt entwickelt wurde.

Die Applikation, deren Herzstück der am Functional Genomics Center Zurich entwickelte iCatcher-Algorithmus ist, erlaubt die Identifikation und die visuelle Repräsentation von Proteinmodifikationen. Das während der Diplomarbeit entwickelte Framework ermöglicht das Laden von Massenspektrometrie-Daten, verwaltet die Analyse der Spektrometrie-Daten und stellt die Analyseresultate graphisch dar.

Zudem wurden Schnittstellen für den Export der Analyseresultate erstellt, sowie ein Plugin-Framework, das es erlaubt, neue Dateiformate, Algorithmen und Exportfunktionen ohne Modifikationen am Hauptprogramm auf einfache Art und Weise hinzu zu fügen. Die Arbeit wurde zur Zufriedenheit des Auftraggebers ausgeführt und findet bereits in der Forschung Einsatz.

