

## Analyse von Proteinarray-Bildersets

Ein wichtiger Schritt, nach der Entschlüsselung des menschlichen Genoms, ist die Erforschung der Zusammenhänge der Funktionen aller Proteine in einer menschlichen Zelle. Mit der Entwicklung neuer Technologien und Methoden für die Protein-Microarrays wurde die nächste Entwicklungsstufe eingeleitet.

Um die Auswertung von Protein-Microarrays zu vereinfachen und teilweise zu automatisieren, wurde eine neue Software unter Verwendung von Java, Java Foundation Classes (JFC) und JClass entwickelt. Zur Auswertung von Microarrays stehen viele Funktionen, wie z. B. Spotlokalisierung, Spot-Mobility, Segmentierungsalgorithmen, Backgroundalgorithmen etc., zur Verfügung. Eine benutzerfreundliche Oberfläche hilft, Microarray-Bilder zu verschiedenen Bildersets zusammenzufassen und Analyte unbekannter Konzentration zu bestimmen. Es ist möglich Kalibrierungskurven für verschiedene Analyte zu berechnen und grafisch bzw. in Tabellenform darzustellen. Einzelne Spots können für die Auswertung aktiviert bzw. deaktiviert werden. Um die Flexibilität mit anderen Plattformen zu gewährleisten, wird XML als Datenformat unterstützt. Damit ist eine weitere Bearbeitung und Analyse der Ergebnisse mit anderen Programme möglich.

Die entwickelte Software ist eine Weiterentwicklung der vorhandenen Programme zur Analyse von genomischen Daten. Mit diesem Programm wird nicht nur die Sammlung von Werkzeugen der Bioinformatik erweitert, sondern auch die Untersuchung der Proteinexpression in gesunden und kranken Zellen erleichtert.

**Schlüsselworte:** Microarray, Protein, Genomik, Bioinformatik, Java

## Analysis of Proteinarray Image Sets

Sequencing the human genome was an important step on the road to the research into the context of the functions of all proteins in a human cell. During the last ten years, the DNA-microarray technology has improved steadily. With the development of new processes and methods of protein-microarrays the next stage of development has begun.

Simplifying and automating partly the analysis of protein-microarrays a new software has been developed by using Java, Java Foundation Classes (JFC) and JClass. Many functions of microarray analysis has been integrated like spot-localisation, spot-mobility, segmentation-algorithms and background-algorithms. A user friendly graphical interface helps to summarize microarray-images to different sets and to identify analytes of unknown concentration. It is possible to calculate calibration-curves for different analytes and to present them graphically or in tabular form. Single spots can be enabled or disabled. Using XML guarantees flexibility to other platforms and supports examination and analysis of the results with other applications.

The developed software is a further development of the existing tools for analyses of genomic data. With this program, the suite of the bioinformatic tools is enlarged and it makes us more accessible to the objective researching into the context of the cell-biology.

**keywords:** microarray, protein, genomics, bioinformatics, Java