

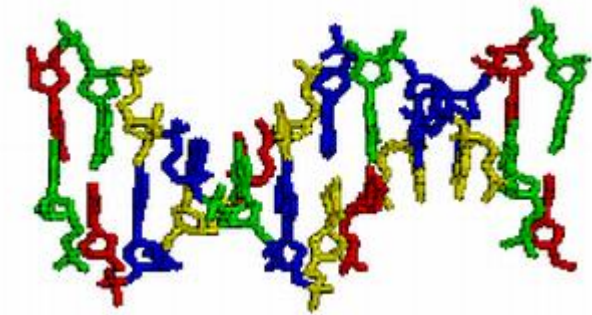
Meine Gene und ich

ANTJE KRAUSE

@akkrause

BARCAMP RHEIN-MAIN 2016

DNA (Desoxyribonukleinsäure)



5' → 3'
CGATGTACATCG
GCTACATGTAGC
3' ← 5'

Doppelhelix

Basen:

Adenin, Cytosin,
Thymin, Guanin

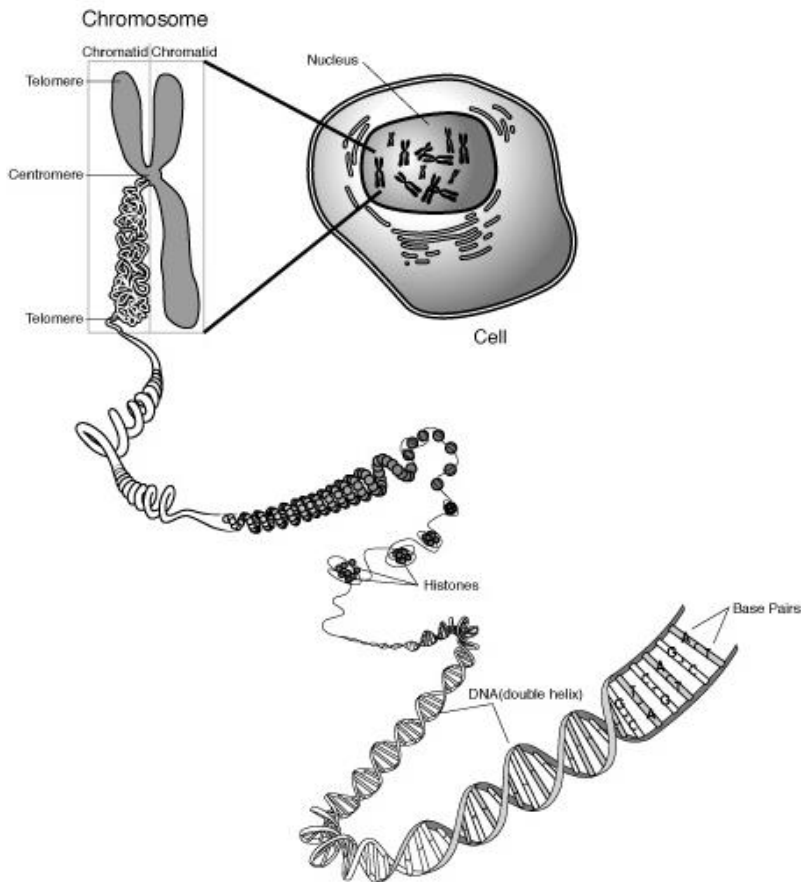
Basenpaarungen
(Wasserstoffbrücken)

C ≡ G und A = T

forward Strand (→)

reverse Strand (←)

“Das” menschliche Genom...



ist auf $2 * 22$ Chromosomen
verteilt

+ X/X (w) oder X/Y (m)

liegt im Zellkern

ist eng zusammengefaltet

wird von speziellen Proteinen
(Histonen) zusammengehalten

Besteht aus DNA
(Desoxyribonukleinsäure)

Wie lang ist die DNA in allen unseren Zellen?

Länge eines Nukleotids (Base)

$0,34 * 10^{-9} \text{ m}$

* Anzahl Nukleotide pro Zelle

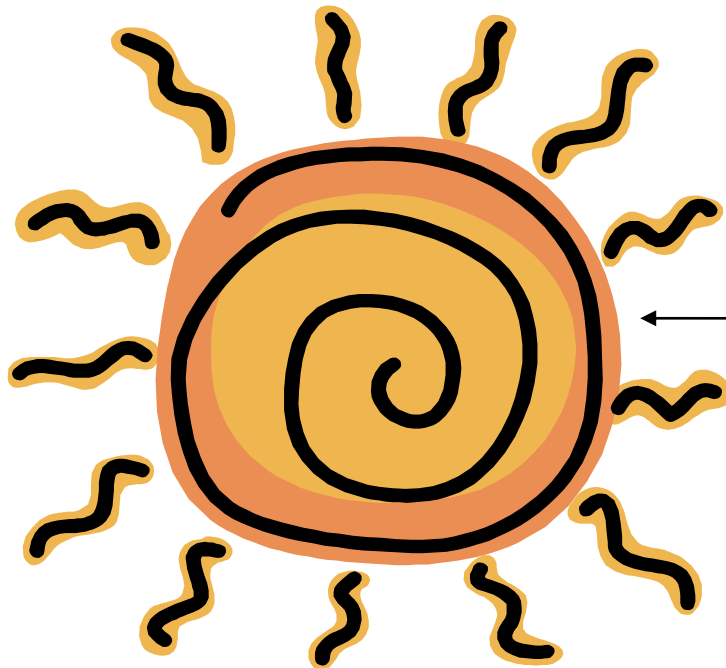
* $2 * 3 * 10^9 \text{ (Mrd)}$

* Anzahl Zellen

* $\approx 10^{13}$

$\approx 20.400.000.000.000 \text{ m}$

$\approx 20.400.000.000 \text{ km}$



← $149.600.000 \text{ km}$ →

Länge der DNA \approx
70mal zur Sonne
und wieder zurück!

Veränderungen im Genom: Punktmutationen ...

Menschen unterscheiden sich voneinander in kleinen Variationen im Genom (SNPs = Single Nucleotide Polymorphisms, sprich “snips”):

Person X: . . . CGCTAGGATAGCTCTCT**A**GGATCGCCTCGATAGAGA . . .

Person Y: . . . CGCTAGGATAGCTCTCT**T**GGATCGCCTCGATAGAGA . . .

Aktuell > 100 Mio in der gesamten Menschheit bekannt

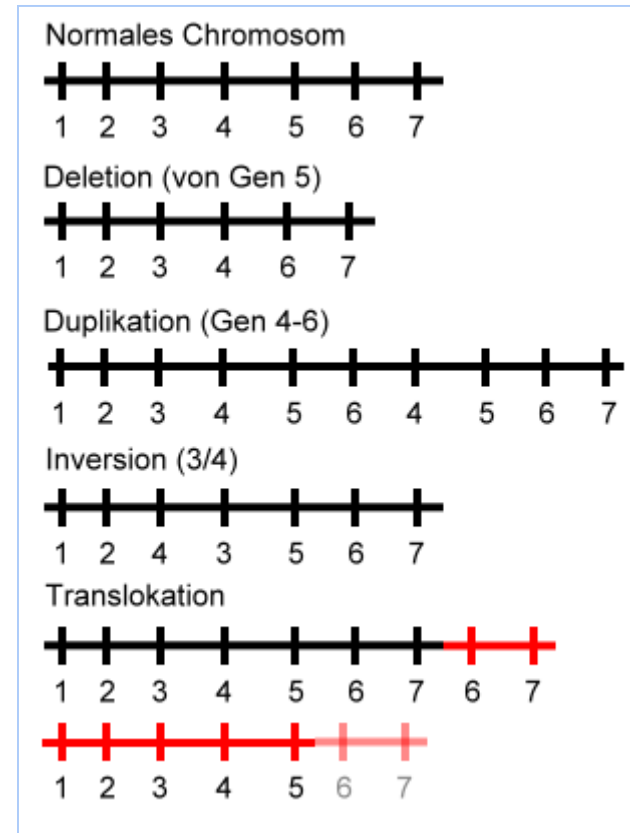
Machen ca. 90% aller genetischen Variationen im menschlichen Genom aus

... Chromosomenmutationen ...

Strukturelle Variationen:

> 1kb und < 3Mb

Können komplette Gene und regulatorische Bereiche betreffen



<http://upload.wikimedia.org/wikipedia/commons/c/c1/Chromosomenmutation.png>

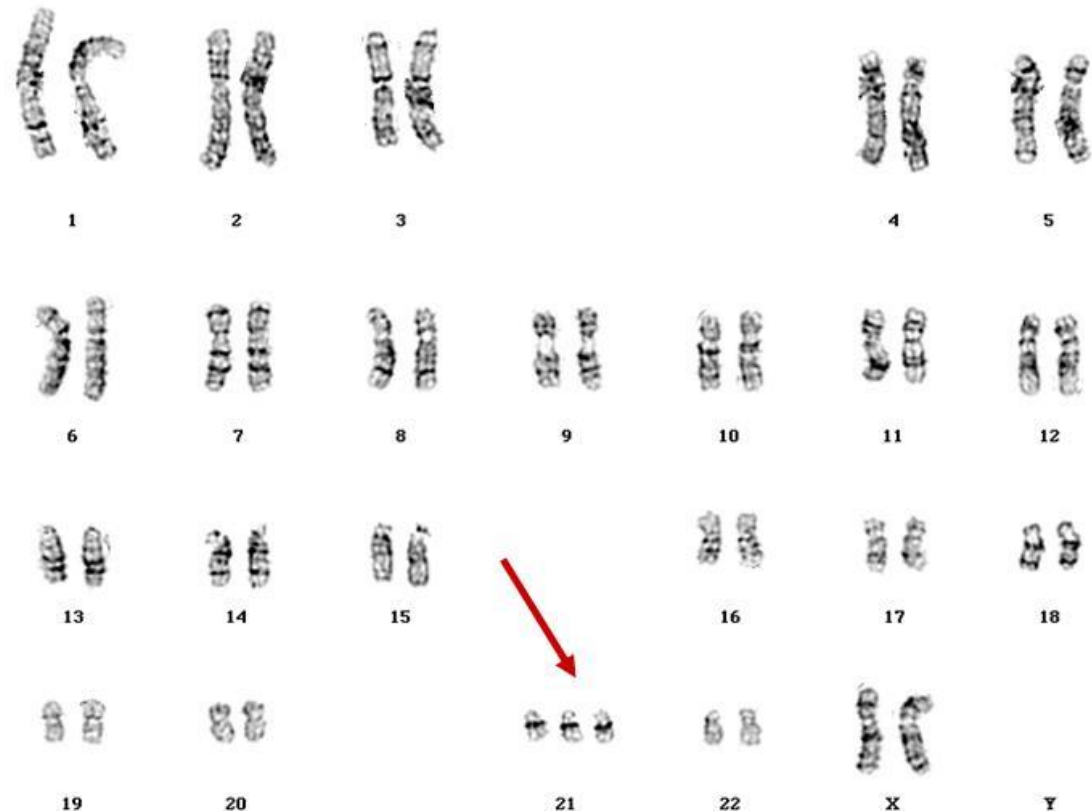
... und Genommutationen

Veränderung der
Zahl der
Chromosomen

z.B. Trisomie 21
 $\geq 3\text{Mb}$

Im Mikroskop
sichtbar

Karyotyp



<http://www.humangenetik.uni-bremen.de/NachgeburtlicheDiagnostik.html>

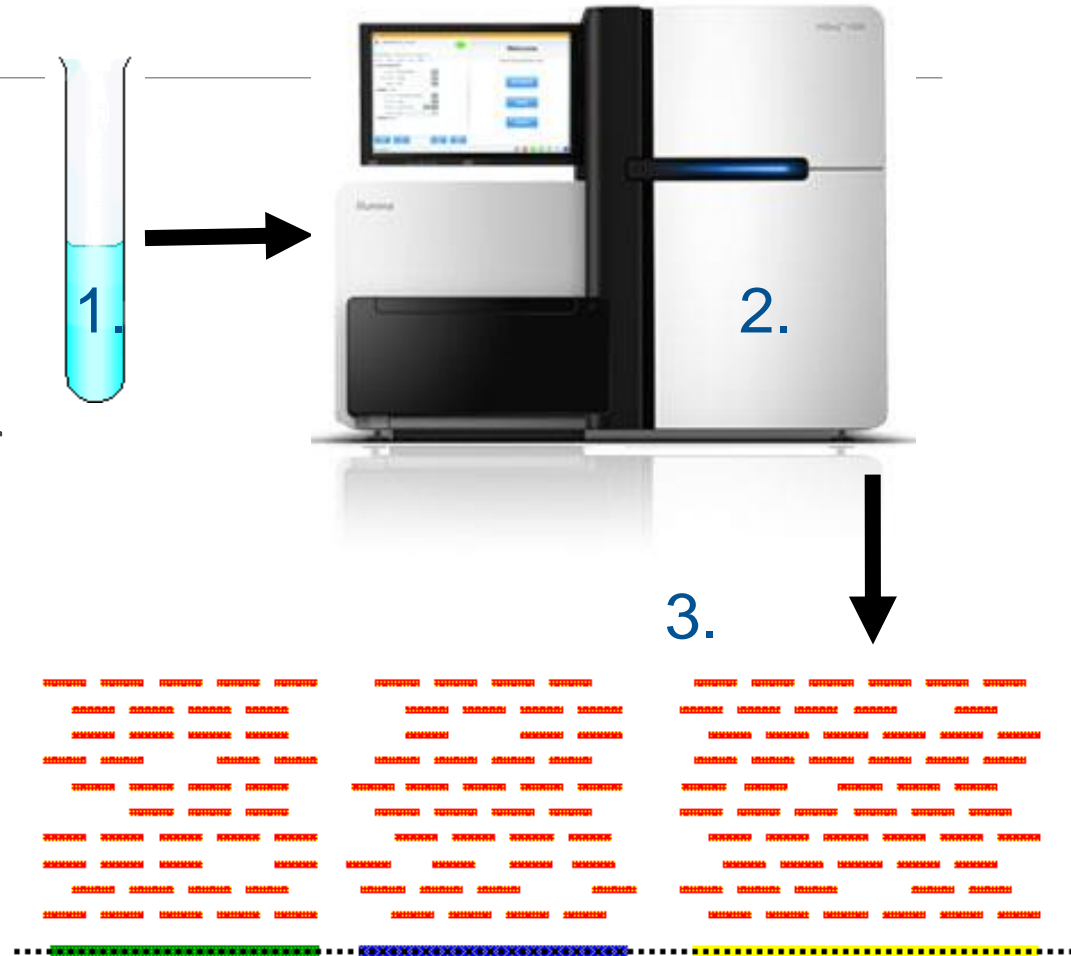
CCTTCCCCCATCCCAGGCAGGCTGACAGCGGTTCATGTTTCTGCCTACAGCGCCTGCCTATCTCTTTTGAATGTCCTTCTCTAC
ACTACTCTGTACTTATGGTGCCAGGTTTCTCTTAAGAATGTCCCCTTTGTCTTCTTATCAGCATGTAGCCAGCAATATTGTGA
CATTTTTACTGCAGAGTGAATGATGACTGGGGCATCTTAAATGGAGTTCTGGGGTGTTCCTTCTGCATAGGTACCTCTGCAGT
AGTAGTTTCCAAAATACTTTTGGTAATTTTAAACCTTAAAGTTAACCTTAAAGTTAAGCTAAGTAAAAGATTTGCATTAAATAT
CTAGACCATTTATAAATAAGATAACAATACTAAAACATTACTGAAGATAAATAATTCTAGTTTACATACTTTTGGCTACTTATTT
TTACAGAGAACTAAAGATATTTTAGCCCATTAATAAACATGTTTTTGTCTACCACACTGAGAAATTGTACTATGAGGAAACAC
ATCCCTCTAGATGTTGGGAGATGGTATACTCATACATTTTCTAACCTACTATAGAATGCTAACATATGACAGTTTATAACTGTC
TACTTCCTAGTTTTTCTCTGGAAAATAAAAGATTACTAAGTATTAAAATTATAATCAATATGTGTAATAAAACTACTGGAAATA
ATAGAATAACTAGAAACAACCTCTATGCAAAGCATGCAAGAAAAGTAGTGCATGTTTTGCAAGTAAAGTAGGACGTATTTTTTAT
AAGGAAAACCATACAAAGATACAAATAAAAAGAGATACCTAGCCTTCCCTGTGTTATATTTGTATGGGTAAAATGTCATGTTT
TCAGAAAMANFANGWARDASWORTTCAATGTTCTCCTTATCCATGCTATGTGCCAGTATAGAGTTATGAGTCATAATTCCAATT
ATTATTTTAAATGTTGTGCTGGGTGCAGTGGCTCACGTCTGTAATCCCACCCTTTGGGAGGCCTAGGCAGGTGGATCACAAGG
TCAGGAGATCGAGAACATCCTGGCTGACATGGTGAAACCCCATCTCTACTAAAATACAAAAAATTAGCCAGGCGTGGTGGTGG
GCACCTGTACTCCCAGCTACTCAGGAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCAGGGAGGCAGAGCTTGCAGTGAGCCAAGATA
GCGCCACTGCACTCCAGCATGGGCAACAGAGCGAGACTCTGTCTCTAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATGTTTTATCCC
ACAGAAAAAATCGAATATCCTTGTGAGTTGTGGTATAATGAACTCTCATCAGATCTTTCATCACAGCCATTTTCATATTCTTTAT
CATTTAGATATTATTTCCCCTGATGCTTTCCTGAAAGCTCCTGCAATCAGCTACAGGTCAGAATGTTTCATCTCCATCACGGGA
CTCCCTCTGAGACACACAGAAAAGAGTATGCAAGATAGTCTGGTTATAGGCTTCTGATGATATTGCTTAAATAACTTTAAGACC
ATACACTTCGCTCAGTGAAGATCTCCAGAAGTCTGCTTCAGAAATTGATGGGTTCATGACACTGCTAACCCAAGATGCAACAAG
ACTGGAATTGATTACATGGTACTGAATGAACTGATGAAAATTGATTATAATTTTATAGCTTTTTTGGAGCATTGCTGGTTCTTTA
ATGTTCTAGTTTCTGGACTTAAGAAATCTCTTTCTCTTAACCTAACTGTAACATAACAATTTAGTAGATTATACTTTTGAAAACA
GAAGTGAAGCATTTATCTTTTTTCCCCTGCCTGATTTTTTCCAGAATTTTGAAATCCTTACTGAACACTCTTATTTTTTACGATGA
TATAGTTGTTAGCAAAGTCCAATAAGAATCTGTTACCTTGAACAGAGACCTCAGAAATAATGCCGCATATCTACAACCATCT
GATCTTTGACAAACCTGACAAAAACAAGCAATGGGGAAAGGATTCCCTATTTAWERBINICHATAAATGGTGCTGGGAAAACCTG
GCTAGCCATATGTAGAAAGCTGAAACTGGATCCCTTCCCTTACACATTATACAAAAATTAATTCAAGATGGATTAAAGACTTACA
TGTTAGACCTAAAACCATAAAAACCCTAGAAGAAAACCTAGGCAATACCATTACAGGACATAGGCATGGGCAGGGACTTCATGTT
TAAAACACCAAAAACAATGGCAACAAAAGCCAAAATGGACAAATGGGATCTAATTAACTAAAGAGCTTCTGCACAGCAAAAAA
AAACCTACTGTCAGAGTGAACAGGCAACCTACAAAATGGGAGAAAATTTTCAACAACCTACTCATCTGACAAAGGGCTAATATCC
AGAATCTACAATGAACACAAAGAAATTTACAAGAAAAAACAAACAACCCCATCAAAAAGTGGGCGAAGGATGTGAACAGACAC
TTCTCAAAGAAGACATTTATGCAGCCAAAAGACATGTGAAGGAATGCTCATCATCATTGGCCATCAGAGAAATGCAAATCAA
ATCACAATGAGACACCATCTCACACCAGTTAGAATGGCGATCATTAAAAGTCAGGAAACAACAGGTGCTGGAGAGGATGTGGA
GAAATAGGAACACTTTTACACTGTTGGTGGGACTGTAAACTAGTTCAACCATTGTAGAAGATGGTGTGGCGATTCCCTCAGGGAT

CCTTCCCCCATCCCAGGCAGGCTGACAGCGGTTCATGTTTCTGCCTACAGCGCCTGCCTATCTCTTTTGAATGTCCTTCTCTAC
ACTACTCTGTACTTATGGTGCCAGGTTTCTCTTAAGAATGTCCCCTTTGTCTTCTTATCAGCATGTAGCCAGCAATATTGTGA
CATTTTTACTGCAGAGTGAATGATGACTGGGGCATCTTAAATGGAGTTCTGGGGTGTTCCTTCTGCATAGGTACCTCTGCAGT
AGTAGTTTCCAAAATACTTTTGGTAATTTTAAACCTTAAAGTTAACCTTAAAGTTAAGCTAAGTAAAAGATTTGCATTAAATAT
CTAGACCATTTATAAATAAGATAACAATACTAAAACATTACTGAAGATAAATAATTCTAGTTTACATACTTTTGGCTACTTATTT
TTACAGAGAACTAAAGATATTTTAGCCCATTAATAAACATGTTTTTGTCTACCACACTGAGAAATTGTACTATGAGGAAACAC
ATCCCTCTAGATGTTGGGAGATGGTATACTCATACATTTTCTAACCTACTATAGAATGCTAACATATGACAGTTTATAACTGTC
TACTTCCTAGTTTTTCTCTGGAAAATAAAAGATTACTAAGTATTAAAATTATAATCAATATGTGTAAATAAACTACTGGAAATA
ATAGAATAACTAGAAACAACCTCTATGCAAAGCATGCAAGAAAAGTAGTGCATGTTTTGCAAGTAAATAAGACGTATTTTTTAT
AAGGAAAACCATACAAAGATACAAATAAAAAGAGATACCTAGCCTTCCCTGTGTTATTTGTGTTGGTAAAATGTCATGTTT
TCAGAAAMANTANGWARDASWORTTCAATGTTCTCCTTATCCATGCTATGTGCCACTATAGAGTTATGAGTCATAATTCCAATT
ATTATTTTAAATGTTGTGCTGGGTGCAGTGGCTCACGTCTGTAATCCCACCACTTTCCAGGCCCTAGGCAGGTGGATCACAAGG
TCAGGAGATCGAGAACATCCTGGCTGACATGGTGAAACCCCATCTCTCTCAAAAACAAAAAATTAGCCAGGCGTGGTGGTGG
GCACCTGTACTCCCAGCTACTCAGGAGGCTGAGGCAGGAGAATSSCTGACCCAGGGAGGCAGAGCTTGCAGTGAGCCAAGATA
GCGCCACTGCACTCCAGCATGGGCAACAGAGCGAGACTCTGTTCTTAAATAATAAATAAATAAATAAATAAATGTTTTATCCC
ACAGAAAAAATCGAATATCCTTGTGAGTTGTGGTAAAGTAACTCATCAGATCTTTCATCACAGCCATTTCATATTCTTTAT
CATTTAGATATTATTTCCCCTGATGCTTTCCCTGAAAGCTCTGCAATCAGCTACAGGTCAGAATGTTTATCTCCATCACGGGA
CTCCCTCTGAGACACACAGAAAAGAGTAGGAAGTACTGTTTATAGGCTTCTGATGATATTGCTTAAATAACTTTAAGACC
ATACACTTCGCTCAGTGAAGATCTCAGAACTCTGCTTCAGAAATTGATGGGTTTATGACACTGCTAACCCAAGATGCAACAAG
ACTGGAATTGATTACATGGTAAAGAACTGATGAAAATTGATTATAATTTTATAGCTTTTTTGGAGCATTGCTGGTTCTTTA
ATGTTCTAGTTTCTGACTTAAATAATCTTTTCTCTTAACTAACTGTAACATAACAATTTAGTAGATTATACTTTTGAAAACA
GAAGTGAAGCATTATCTTTTCCCTGCCTGATTTTTCCAGAATTTTGAATCCTTACTGAACACTCTTATTTTTTACGATGA
TATAGTTGTTAGCAAAAGTCAATAAGAATCTGTTACCTTGAACAGAGACCTCAGAAATAATGCCGCATATCTACAACCATCT
GATCTTTGACAAACCTGACAAAAACAAGCAATGGGGAAAGGATTCCCTATTTA-WERBINICHATAAATGGTGCTGGGAAAAC TG
GCTAGCCATATGTAGAAAGCTGAAACTGGATCCCTTCCCTTACACATTATACAAAAATTAATTCAAGATGGATTAAAGACTTACA
TGTTAGACCTAAAACCATAAAAACCTAGAAGAAAACCTAGGCAATACCATTACAGGACATAGGCATGGGCAGGGACTTCATGTT
TAAAACACCAAAAACAATGGCAACAAAAGCCAAAATGGACAAATGGGATCTAATTAACTAAAGAGCTTCTGCACAGCAAAAA
AAACCTACTGTCAGAGTGAACAGGCAACCTACAAAATGGGAGAAAATTTTCAACCTACTCATCTGACAAAGGGCTAATATCC
AGAATCTACAATGAACACAAAGAAATTTACAAGAAAAAACAAACAACCCCATCAAAAAGTGGGCGAAGGATGTGAACAGACAC
TTCTCAAAGAAGACATTTATGCAGCCAAAAGACATGTGAAGGAATGCTCATCATCATTGGCCATCAGAGAAATGCAAATCAA
ATCACAATGAGACACCATCTCACACCAGTTAGAATGGCGATCATTAAAAAGTCAGGAAACAACAGGTGCTGGAGAGGATGTGGA
GAAATAGGAACACTTTTACACTGTTGGTGGGACTGTAACTAGTTCAACCATTGTAGAAGATGGTGTGGCGATTCCCTCAGGGAT

DNA-sequenz

Sequenziertechniken

1. Genetisches Material liegt im Labor in kleinen DNA-Fragmenten vor
2. Sequenzierautomaten liefern die Basenfolge der Fragmente
3. Im Computer wird aus den Fragmenten die komplette DNA-Sequenz zusammengesetzt



<http://www.cns.fr/externe/English/Questions/FAQ.html>
http://www.illumina.com/systems/hiseq_2000.ilmn

Probleme → Herausforderungen

DNA

- ist kein natürlichsprachlicher Text
- es gibt keine Satzzeichen, Leerzeichen, Absätze usw.
- niemand kennt den Inhalt

Fragmente

- sind sehr kurz (25 bis 1200 Nukleotide)
- enthalten viele Wiederholungen (repetitive Elemente)
- haben keine Richtungsinformation
- sind fehlerhaft . . .

(Next) Next Generation Sequencing ((N)NGS)

Second Generation Sequencing, Pyrosequencing, Sequencing-by-Hybridization, Sequencing-by-Synthesis

Liefert mehrere Terabyte an Rohdaten pro Experiment

Sequenzieren ist damit kostengünstig und schnell geworden

einige Anbieter:

Roche 454 Genome Sequencer System[®]

Illumina Genome Analyzer[®]

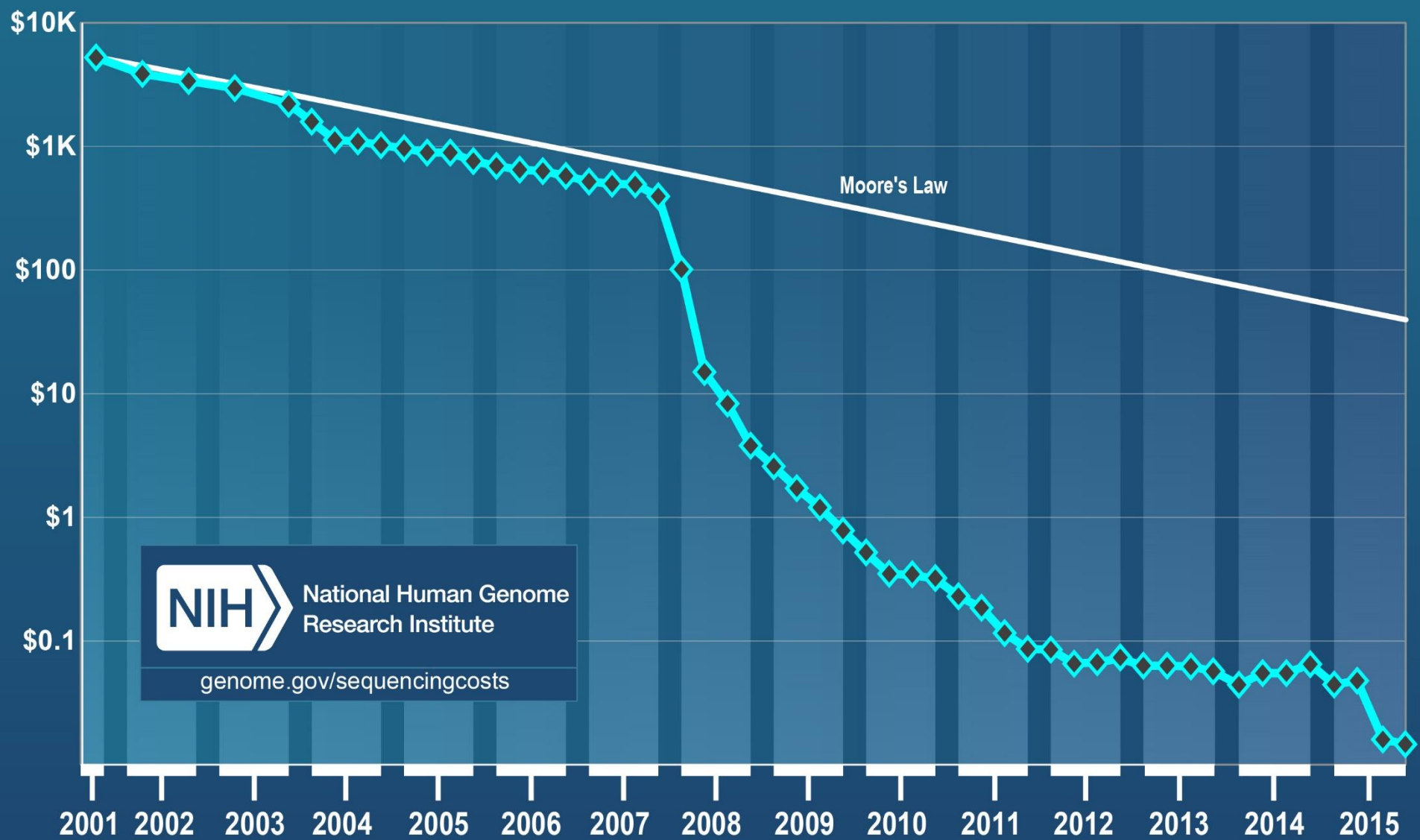
ThermoFisher / Applied Biosystems SOLiD[®] System

Pacific Biosciences

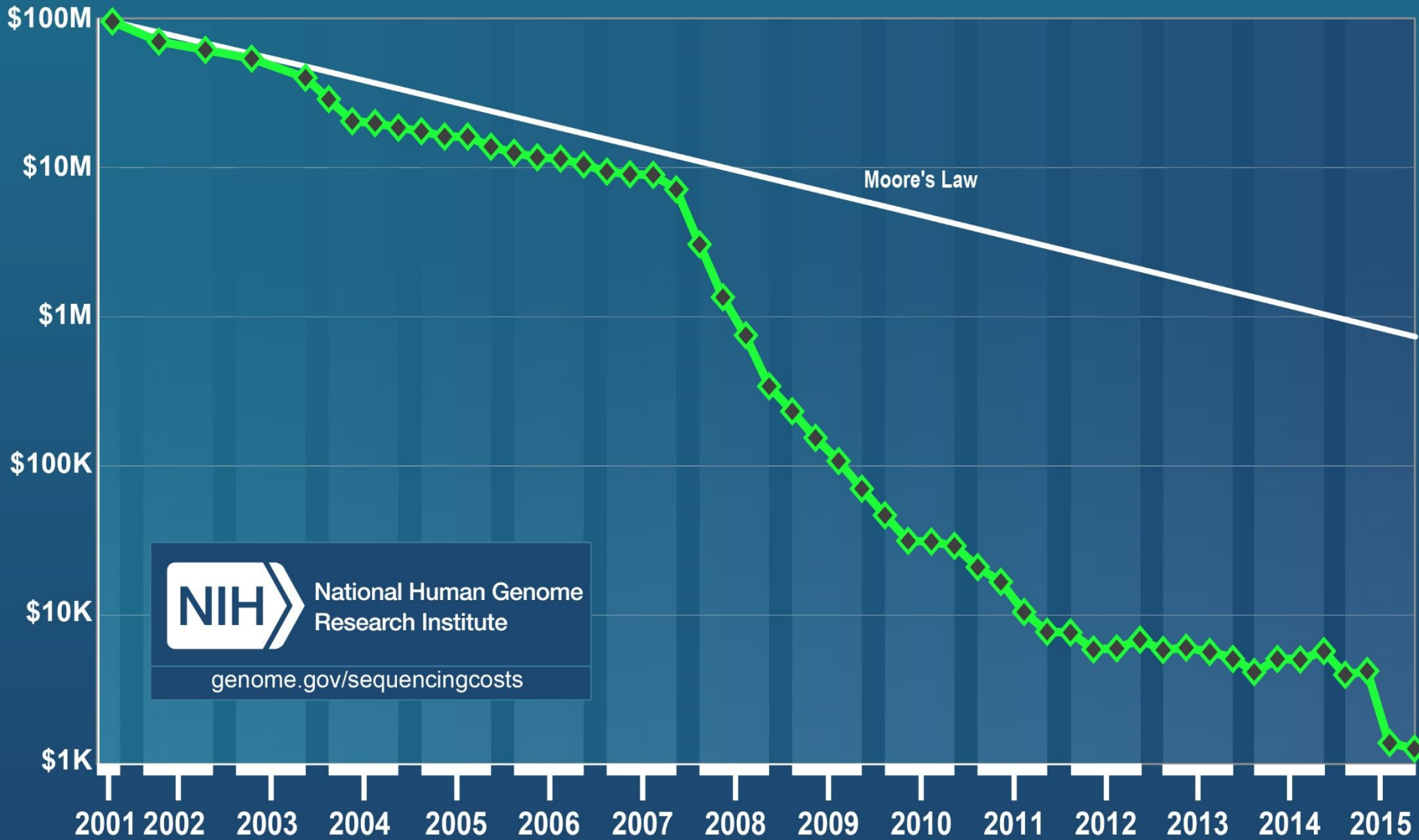
Oxford Nanopore

Cost per Raw Megabase of DNA Sequence

= 1.000.000 bp



Cost per Genome



Wetterstrand KA. DNA Sequencing Costs: Data from the NHGRI Large-Scale Genome Sequencing Program Available at: www.genome.gov/sequencingcosts. Accessed September 6, 2016

Nanoporen-Sequenzierung

MinION

Portable, real-time biological analyses



MinION is a portable device for molecular analyses that is driven by nanopore technology. It is adaptable for the analysis of DNA, RNA, proteins or small molecules with a straightforward workflow. The MinION product specification is available here.



Starter Pack für 1.000\$
(zzgl. Versand, Verbrauchsmaterial ...)

10,5 cm x 2,3 cm x 3,3 cm ca. 100 g

Anwendung: Metagenom & Mikrobiom

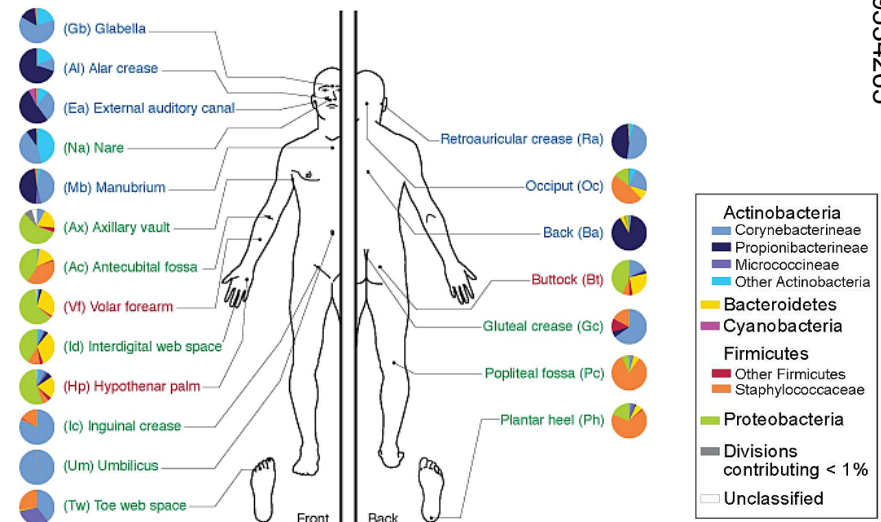
METAGENOM

Gesamtheit der genomischen Information der Mikroorganismen einer bestimmten Lebensgemeinschaft oder eines Biotops



MIKROBIOM

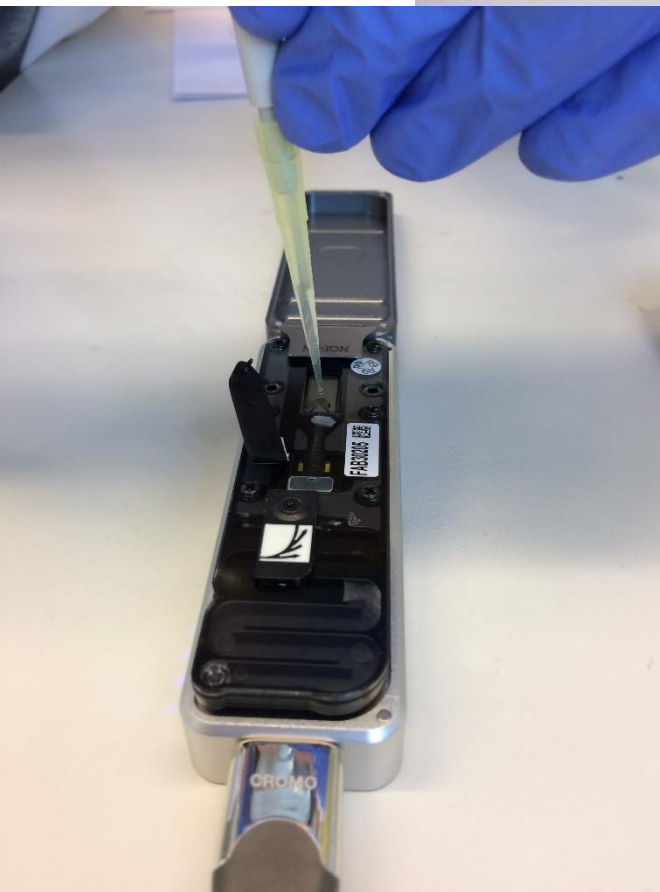
Gesamtheit aller den Menschen oder andere Lebewesen besiedelnden Mikroorganismen

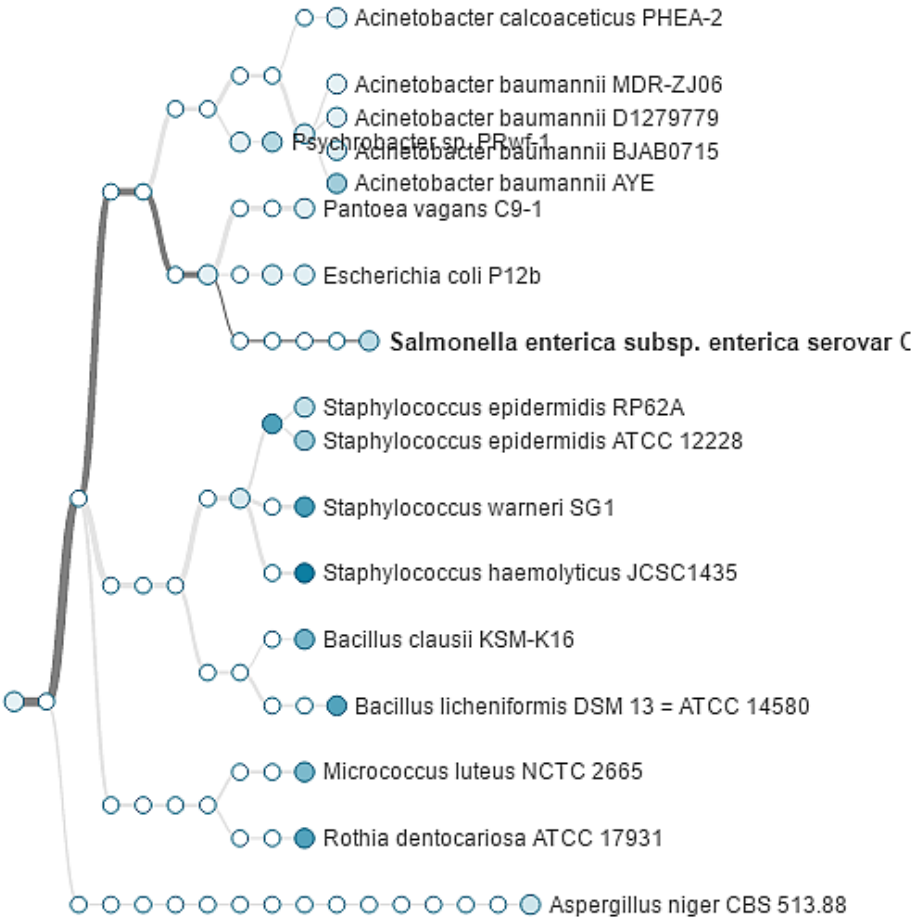


Gemeinsames Lehrprojekt Biotechnik & Bioinformatik

- Untersuchung von Umweltproben (Luft, Müll, Nase, Achselhöhle, Tastatur, Toilette ...)
- Sequenzierung und Bestimmung der darin enthaltenen Bakterien (und Pilze?)
- Durchführung sämtlicher Verarbeitungsschritten von der Probennahme über Laborarbeit zur Datenanalyse am Computer





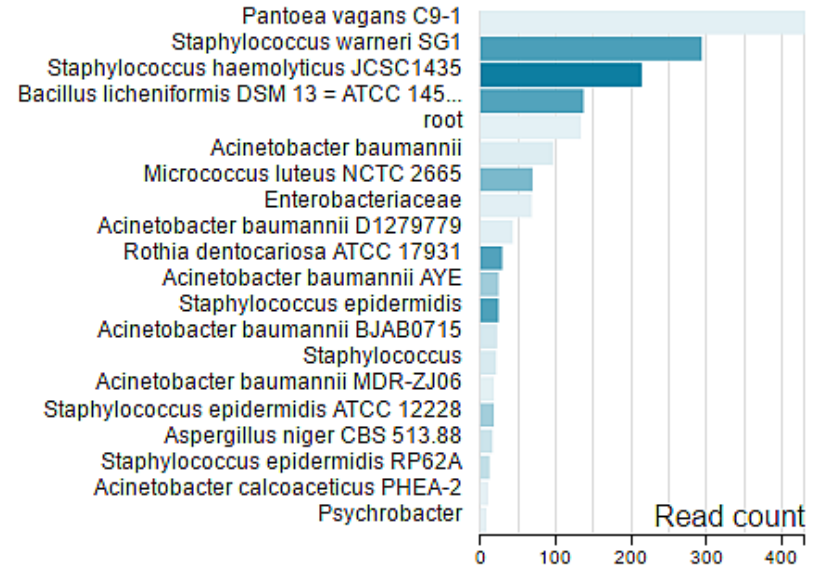


○ Node
● Collapsed Node

Bar Chart Donut Chart

Sort by: **Read Count** Classification Score

Show: **Top 20** Top 50



wimp v1.3.5

Wer war außer den Studierenden noch in der Vollversammlung des Studentenwohnheims?

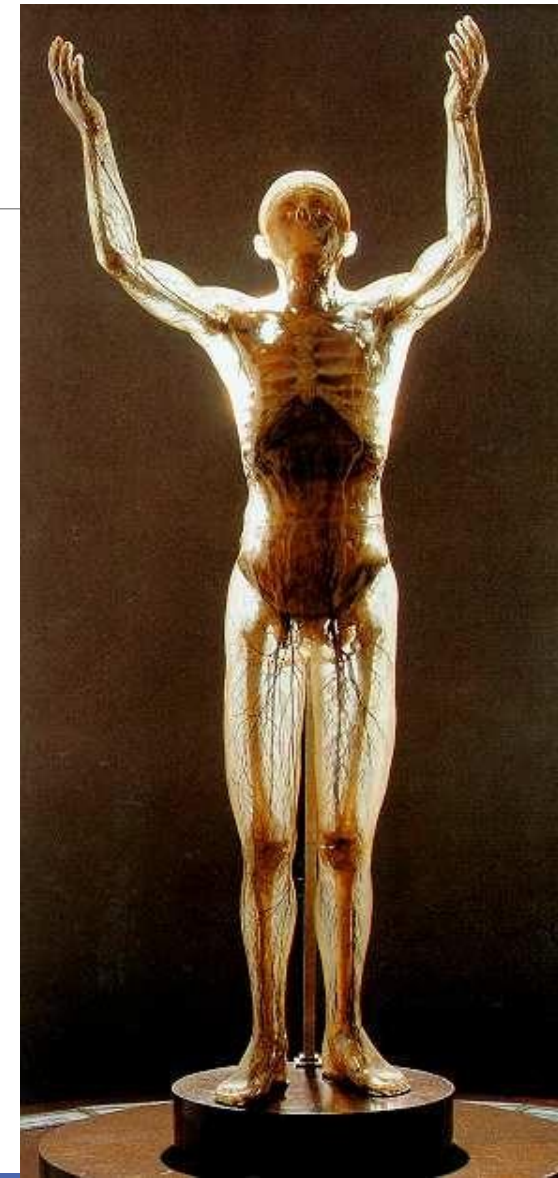
Anwendung: Personalisierte Medizin

(langfristige) **Idee:**

Wenn die genetische Information eines Menschen bekannt ist, kann er individuell untersucht und behandelt werden

(langfristiges) **Ziel:**

Nebenwirkungen von Medikamenten minimieren, Krankheiten gezielter und effektiver erkennen und behandeln



<http://www.dhm.de>

Personalisierte Medizin: Vorsorge

Menschen unterscheiden sich genetisch voneinander

einzelne Varianten können das Risiko für eine Erkrankung erhöhen

das Wissen über persönliche genetische Varianten kann bei der persönlichen Lebensführung berücksichtigt werden und so das Risiko einer Erkrankung verringert werden

Personalisierte Medizin: Diagnose

es gibt Krankheiten, die mit herkömmlichen diagnostischen Mitteln nicht eindeutig festgestellt werden können

eine genetische Untersuchung kann hier Klarheit verschaffen

gleiches gilt für unterschiedliche Stadien einer Krankheit

Personalisierte Medizin: Diagnose

die Ursache einer Krankheit ist nicht immer in unserem Genom zu finden

eine Untersuchung kann auch genetisches Material von Viren, Bakterien, Pilzen usw. finden

das Mikrobiom des Menschen, d.h. alle den Menschen besiedelnden Mikroorganismen, machen ca. 1-2kg unserer Körpermasse und ca. das 10-fache unserer Zellen aus

Personalisierte Medizin: Behandlung

die Wirkrate eines Medikamentes gibt an, bei wieviel Prozent der behandelten Personen das Medikament die gewünschte Wirkung zeigt

sie liegt üblicherweise bei 40-60%,
im besten Fall bei 80%

Medikation kann entsprechend der genetischen Voraussetzungen gezielter eingesetzt werden

Wer berät Patienten?

Direct-to-Consumer-Testing (DTC):

- bei 23andme (US-Firma, bietet Genotypisierung an) gehen die Ergebnisse direkt an den Kunden
- bei anderen Anbietern muss ein Arzt an der Bestellung beteiligt sein

Gendiagnostikgesetz (seit 1.2.2010 in Kraft):

- **Arztvorbehalt:** gendiagnostische Untersuchungen dürfen in Deutschland nur von einem dafür qualifizierten Arzt vorgenommen oder veranlasst werden

Wer hat Zugriff auf die Daten?

nur der Patient und der beratende Arzt (siehe Gendiagnostikgesetz)

Versicherungsgesellschaften dürfen Ergebnisse bereits durchgeführter Tests nicht verlangen (Ausnahme: sehr hohe Versicherungssumme, z.B. > 300.000 €)

Arbeitgeber dürfen Ergebnisse bereits durchgeführter Tests nicht verlangen (Ausnahme: schwere Erkrankungen durch Arbeit, mit genetischer Ursache)

Kritik (der Versicherer): Problem der Antiselektion, d.h. wer nicht bereit ist, seine Daten zu offenbaren, hat offensichtlich etwas zu verbergen

Mai 2007



Foto: DNA Google Logo At Google Kirkland
by dannysullivan @ Flickr

Firma: www.23andme.com



Ziel: Entwicklung einer Suchmaschine für persönliche genetische Daten

Zugriff geplant für Individuen und zu Forschungszwecken

Google hat 3,9 Mio \$ investiert

Wem “gehören” meine SNPs? Mir! (und 23andme)



sign in

register kit



welcome

ancestry

how it works

research

buy

help



Find out what your DNA says about you and your family.

- Learn what percent of your DNA is from populations around the world
- Contact your DNA relatives across continents or across the street
- Build your family tree and enhance your experience with relatives

order now

\$99

Wem “gehören” meine SNPs? Mir! (und 23andme)



sign in

register kit



welcome

ancestry

how it works

research

buy

help



- Analyse von > 700.000 Markern
- darunter ca. 400.000 SNP
- inklusive Informationen zur Abstammung
- Genotypisierung, keine Sequenzierung!



- Learn what percent of your DNA is from populations around the world
- Contact your DNA relatives across continents or across the street
- Build your family tree and enhance your experience with relatives

order now

\$99

Bestellung bei 23andme

Di, 13.12.11

Online bestellt

Fr, 16.12.11

Testkit angekommen

Sa, 17.12.11

Probe verschickt

Mi, 21.12.11

Empfangsbestätigung

Fr, 20.01.12

Ergebnisse Online

Bestellung bei 23andme

Di, 13.12.11

Online bestellt

Fr, 16.12.11

Testkit angekommen

Sa, 17.12.11

Probe verschickt

Mi, 21.12.11

Empfangsbestätigung

Fr, 20.01.12

Ergebnisse Online



Bestellung bei 23andme

Di, 13.12.11

Online bestellt

Fr, 16.12.11

Testkit angekommen

Sa, 17.12.11

Probe verschickt

Mi, 21.12.11

Empfangsbestätigung

Fr, 20.01.12

Ergebnisse Online



Which of my personal information is used for research?

- Your genetic data and any other personal information you enter into the website, except for your Registration Information (name, contact information, and credit card information), may be analyzed in the research.
- Your name and contact information may be used to communicate with you but are not analyzed in combination with your genetic and other personal information.

Who gets to see my personal information?

- 23andMe's privacy statement outlines who does and does not get access to the personal information of 23andMe customers; here we list the additional individuals who will get access if you consent to take part in research.
- *Within 23andMe:* 23andMe researchers who conduct analyses will have access to your genetic and other personal information, but not to your name, contact, or credit card information. 23andMe researchers who contact you will have access to names and contact information, but only to very limited genetic or other personal information.
- *Outside of 23andMe:* 23andMe may share some data with external research partners and in scientific publications. These data will be summarized across enough customers to minimize the chance that your personal information will be exposed. 23andMe may need to share the information with other agencies as required by law.

How will I benefit from this research?

- By taking surveys you may learn about 23andMe's research findings, including how your answers compare with those of others and new discoveries made by 23andMe's research program.
- Sometime in the future you or your family may benefit indirectly from research discoveries made by 23andMe or its research partners.

What are the risks of taking part in this research?

- There is a very small chance that someone with access to the research data or results could expose personal information about you. 23andMe has policies and practices in place to minimize the chance of such an event.

My Health / Meine Gesundheit

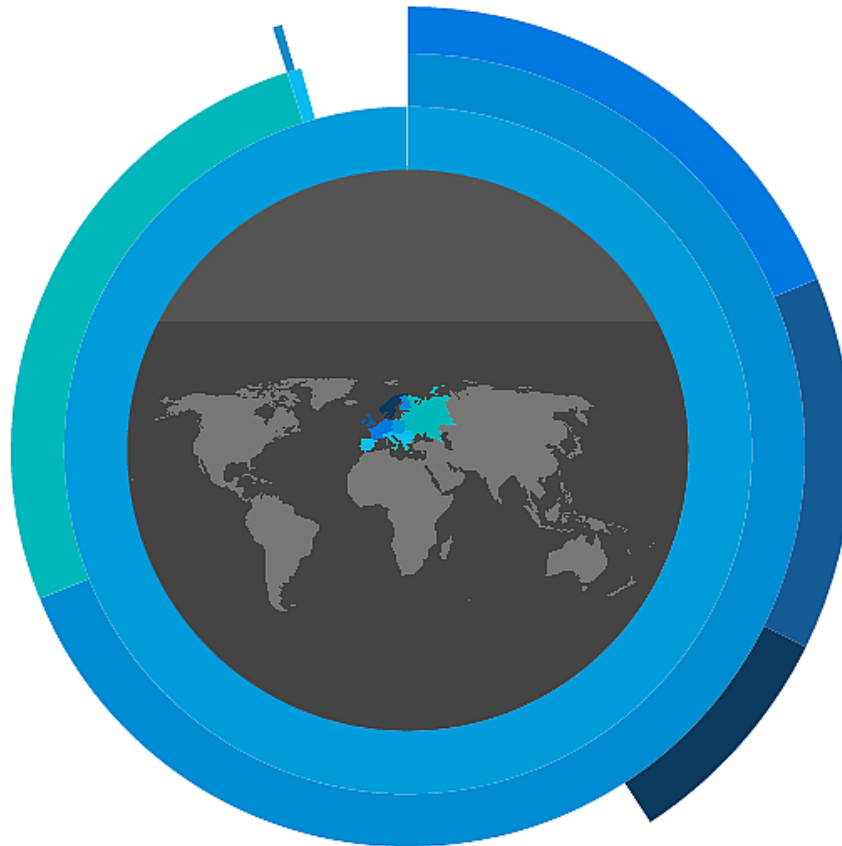
- | | |
|-------------------|-----------------------------|
| 1. Disease Risk | 1. Krankheitsrisiken |
| 2. Carrier Status | 2. Überträger |
| 3. Drug Response | 3. Reaktion auf Medikamente |
| 4. Traits | 4. Eigenschaften / Merkmale |
| 5. My Ancestry | 5. Meine Abstammung |

Ancestry Composition

Map View ▾

Sub-regional Resolution +

Ancestry Composition tells you what percent of your DNA comes from each of 31 populations worldwide. This analysis includes DNA you received from all of your recent ancestors, on both sides of your family. The results reflect where your ancestors lived before the widespread migrations of the past few hundred years.



- 100% European
 - 18.7% Northwestern European
 - 13.6% French & German
 - 8.5% British & Irish
 - 28.1% Scandinavian
 - 26.2% Broadly Northwestern European
 - 0.3% Eastern European
 - 0.2% Southern European
 - 4.3% Sardinian
 - Broadly Southern European
 - Broadly European
- < 0.1% Unassigned

[show all populations](#)

openSNP

openSNP

News

Stats

Genotypes

Phenotypes ▾

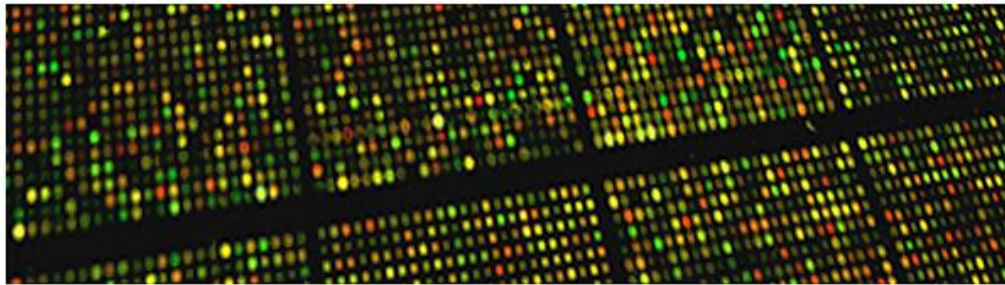
SNPs

Search for Everything!

Sign in

FAQ

Welcome to *openSNP*



openSNP lets customers of direct-to-customer genetic tests publish their test results, find others with similar genetic variations, learn more about their results by getting the latest primary literature on their variations, and helps scientists find new associations.

[Sign Up!](#)

[Download the data!](#)

For Genotyping Users

[For Scientists](#)

Upload Your Genotyping File



Upload your raw genotyping or exome data from [23andMe](#), [deCODEme](#) or [FamilyTreeDNA](#) to the *openSNP* database to make it available for everybody.

Share Your Phenotypes & Traits



Phenotypes are the observable characteristics of your body, such as height, eye color or preference for coffee. Share your phenotype with other *openSNP* users, and find

Share your stories on variations & phenotypes



With *openSNP* you can share stories about your genetic variations and phenotypes, and discover the stories of other users.

Find literature on genetic variation



openSNP gets the latest open access journal articles on genetic variations from the [Public Library of Science](#). Popular articles are indexed via the social reference manager

Wem “gehört” mein Genom?

Was ist eigentlich ein “Krankheitsgen”?

Was heißt eigentlich “krank”? Reicht es, eine Variante in einem Gen zu haben?

Was tue ich, wenn ich ein “Krankheitsgen” habe?

Was ist mit dem Datenschutz?

Was, wenn Daten in der “Cloud” ausgewertet werden?

Was, wenn die Firma in einem anderen Land sitzt?

Was passiert mit meinem biologischen Material im Labor?

Oder sollten alle ihr Genom einfach ins Internet stellen?

Habe ich ein Recht auf Nicht-Wissen?

???