

Implementierung eines Frameworks zur strukturellen Klassifikation von Transkriptionsfaktoren

Transkriptionsfaktoren (TFs) regulieren die Expression ihrer Zielgene durch spezifische Bindung an konservierte DNA-Motive in der Promotorregion. Die reizspezifische Aktivierung von TFs über Signaltransduktionswege vermittelt die adäquate Zellantwort auf geänderte Umweltbedingungen. Eukaryotische TFs lassen sich anhand der Struktur ihrer DNA-bindenden Domäne in fünf verschiedene Superklassen einteilen. TFs der gleichen Superklasse weisen hierbei oft ähnliche Bindungsspezifitäten auf. In einem bestehenden Framework zur Analyse von TF-Bindungspezifitäten wurde dieser Zusammenhang ausgenutzt um Bindungsspezifitäten zwischen TFs mit homologen Bindungsdomänen zu übertragen.

In der aktuellen Implementierung des Verfahrens ist die Kenntnis der strukturellen Superklasse und der DNA-Bindungsdomäne eine notwendige Voraussetzung für die Vorhersage der DNA-Bindungsspezifität eines TFs.

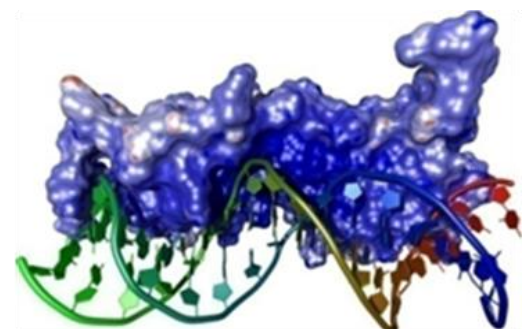
Die Hauptaufgabe dieser Diplomarbeit besteht in der Entwicklung einer auf überwachtem maschinellen Lernen basierten Methode zur Vorhersage der Strukturklasse und DNA-Bindungsdomäne eines TFs anhand dessen Aminosäuresequenz. Durch kombinierte Anwendung mit dem bestehenden Analyseframework soll durch dieses Verfahren die Vorhersage von TFs ohne Bindungsdomänenannotation ermöglicht werden.

Ein weiteres Ziel dieser Arbeit besteht im Entwurf einer MySQL-Datenbank zur strukturierten Speicherung bestehender TF-Bindungsspezifitätsdaten und der Integration weiterer Datenquellen zur Erstellung einer nichtredundanten Datenbasis. In einem weiteren Schritt soll diese Information zur Verbesserung der bisherigen SVR-basierten Vorhersagemodelle genutzt und mit den bisherigen Vorhersagen verglichen werden.

Kontakt

Andreas Dräger, Adrian Schröder,
Johannes Eichner
Sand 1, Raum 305
Tel. (07071)29-78987
adrian.schroeder@uni-tuebingen.de

Bearbeitung:
Florian Topf



TF-DNA Komplex