

Vergleich von Algorithmen zur Inferenz von *cis*-regulatorischen Modulen

In der Genetik wird die Region, welche maßgeblich für die Regulation eines Gens verantwortlich ist, „Promotorregion“ genannt. Diese Region ist nicht besonders leicht zu identifizieren, weshalb man vereinfacht meist eine Region upstream des 5' Endes eines Gens als Promotor verwendet. In der Promotorregion binden sogenannte Transkriptionsfaktoren (TFs), welche die Expression von Genen regulieren. Häufig jedoch regulieren nicht einzelne TFs die Expression eines Gens sondern mehrere, welche sich zu einem sogenannten *cis*-regulatorischem Modul zusammenschließen. Da diese Module auch experimentell nicht leicht zu identifizieren sind, gibt es verschiedene Algorithmen, welche diese Module vorhersagen können. Ziel dieser Arbeit ist es, zusätzlich zu vorgegebenen Algorithmen, mehrere neue Algorithmen ausfindig zu machen und diese auf Kompatibilität zu untersuchen. Von jedem Algorithmus sollte ein lauffähiges Programm existieren. Ist keines vorhanden, so sollte bei vielversprechenden Ansätzen die Methode nachimplementiert werden. Anschließend soll eine Umgebung aufgesetzt werden, mit welcher diese Algorithmen verglichen werden können. Hierbei soll versucht werden, experimentelle Module mit den vorhersage-Algorithmen zu rekonstruieren. Außerdem soll eine Kreuzvalidierung implementiert werden, mit welcher die Spezifität eines Moduls bestimmt werden kann. Letztendlich sollen die Stärken und Schwächen jedes Algorithmus hervorgehoben werden und die Ergebnisse der Validierung präsentiert werden.

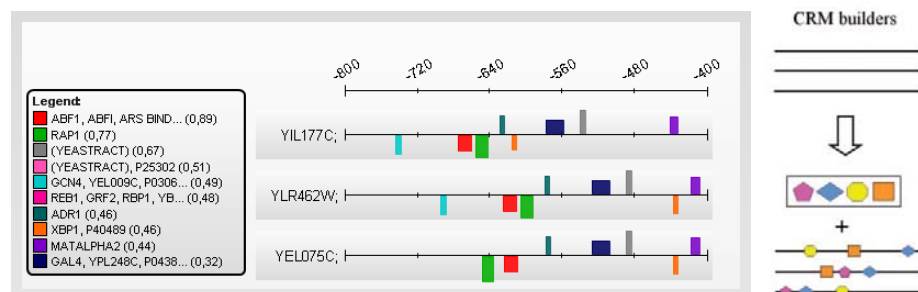


Abbildung 1: Inferenz von *cis*-regulatorischen Modulen.

Kontakt

Clemens Wrzodek
Sand 1, Raum A306
Tel. (07071) 29-78985
Clemens.wrzodek@uni-tuebingen.de