



Inferenz der DNA-Motive von Transkriptionsfaktoren basierend auf ELISA

Transkriptionsfaktoren (TFs) stellen Schlüsselproteine bei der signalabhängigen und gewebsspezifischen Regulation der Genexpression in Eukaryonten dar. Die Induktion oder Repression der Genexpression wird hierbei durch spezifische Bindung an konservierte DNA-Motive in den Promotoren der Zielgene vermittelt.

Zur experimentellen Analyse der Bindungsspezifität von TFs existieren bereits etablierte molekularbiologische Verfahren (z.B. SELEX, EMSA, ChIP-on-chip). Im Rahmen dieser Arbeit soll ein Framework zur Auswertung und Validierung eines neuen experimentellen Verfahrens zur Analyse von TF-Bindungsspezifitäten implementiert werden, das zur Zeit in Kooperation mit dem Zentrum für Molekularbiologie der Pflanzen (ZMBP) in Tübingen entwickelt wird.

Das Hauptziel der Arbeit besteht in der Implementierung eines Algorithmus, der das DNA-Bindungsmotiv eines TF anhand des quantitativen ELISA-Readouts inferiert. Zur Inferenz des Bindemotivs soll dabei ein alignment-basiertes Verfahren sowie ein Faktorisierungsalgorithmus implementiert werden.

Ein weiteres Ziel der Arbeit besteht in der Implementierung eines Validierungsframeworks, das die Evaluation des Testsystems auf simulierten Daten erlaubt. Die Simulation soll dabei durch ein additives Modell mit gaußverteilterm Rauschen erfolgen, das ELISA-Testergebnisse für zufällige Hexamere generiert.

Kontakt

Johannes Eichner
Sand 1, Raum C303
Tel. (07071) 29-70436
johannes.eichner@uni-tuebingen.de

