



Vorhersage von Domäne-Domäne- Interaktionsnetzwerken

Proteindomänen stellen strukturelle und funktionelle Einheiten der Proteine dar. Sie sind für verschiedenartige Interaktionen zwischen Proteinen verantwortlich. Durch den Mechanismus des alternativen Spleißens ist es möglich, dass von einem Gen Proteine mit unterschiedlichen Domänen abgeleitet werden. Es wird angenommen, dass 40 bis 60 % aller menschlichen Gene alternative Spleißvarianten aufweisen und deren fehlerhafte Regulation in vielen neurodegenerativen Krankheiten, wie z. B. bei Alzheimer oder Parkinson, eine Rolle spielt.

Um von fehlerhaften Spleißen auf mögliche Veränderungen bezüglich der Protein-Protein-Interaktionen (PPI) zu schließen, ist es notwendig domänenspezifische Informationen in Interaktionsnetzwerke einzubeziehen. In dieser Arbeit sollen deshalb verschiedene Datenquellen integriert werden: bestehende PPI Datenbanken (STRING), domänenspezifische Interaktionen (iPFAM), Domänen Annotationen (PFAM). Ausgehend von diesen und eventuell weiteren Datenquellen soll versucht werden, ein Domänen-Domänen-Interaktionsnetzwerk zu inferieren, welches das bestehende PPI-Netzwerk ergänzen soll. Aufbauend auf bestehenden Publikationen zu diesem Thema, soll dafür ein Vorhersagealgorithmus entwickelt werden, der zu jeder Interaktion eine statistische Fehlerwahrscheinlichkeit ausgibt. Die Publikation von Riley *et al.* ('Inferring protein domain interactions from databases of interacting proteins') stellt hierfür eine geeignete Grundlage dar.

Voraussetzungen

Programmiererfahrung und biologische Kenntnisse im Umfang des Vordiploms Bioinformatik.

Kontakt

Andreas Dräger, andreas.draeger@uni-tuebingen.de
Adrian Schröder, adrian.schroeder@uni-tuebingen.de
Jochen Supper, jochen.supper@uni-tuebingen.de

