

Projektarbeit: Charakterisierung nicht-proteincodierender Transkripte

Der Anteil proteinogener Sequenzabschnitte am Gesamtgenom ist bei höheren Organismen erstaunlich gering. Lange wurde angenommen, dass diese nicht-codierenden Bereiche, bis auf funktionelle RNAs wie tRNAs und ribosomale RNAs, keine besondere Aufgabe haben. Vor diesem Hintergrund wurde der Begriff der “Junk-DNA” geprägt. In den letzten Jahren wurde jedoch zunehmend klar, dass die Annahme der funktionslosen Junk-DNA nicht haltbar ist. Mit der Veröffentlichung der Ergebnisse der ersten Stufe des ENCODE-Projektes [1] wurde über Tiling-Arrays nachgewiesen, dass ein großer Teil des menschlichen Genoms (ca. 15%) transkribiert wird. Dabei lassen sich verschiedene Klassen von Transkripten erkennen [2]. Darunter Pseudogene, die ihre Funktion verloren haben aber auf der Sequenzebene noch große Ähnlichkeit zu proteincodierenden Genen besitzen; miRNAs, kurze (ca. 22 nt) Sequenzabschnitte, die über die Bildung von RNA-Doppelsträngen die Degradation von mRNAs fördern, Translation verhindern und eine wichtige Rolle in der Zelldifferentiation spielen; und die große Klasse der TUFs – transcripts of unknown function.

Ziel der Arbeit ist es, (putative) Promotersequenzen für die verschiedenen Arten von Transkripten aus dem Datenbestand des ENCODE-Projektes zu extrahieren und zu analysieren. Dabei soll untersucht werden, ob die Transkription der nicht-codierenden Sequenzen über vergleichbare Mechanismen wie im Fall proteinogener mRNAs gesteuert wird. Dies beinhaltet auf der einen Seite die Untersuchung der Struktur putativer Promotoren auf spezifische physikalische DNA-Eigenschaften (Biogsamkeit, Schmelztemperatur, Bindungswinkel) [3] und auf der anderen Seite die Suche nach Transkriptionsfaktorbindestellen mit bekannten Methoden.

Ansprechpartner:

Jan Grau, Raum 4.09, 55-24768, grau@informatik.uni-halle.de

Literatur

- [1] Identification and analysis of functional elements in 1% of the human genome by the encode pilot project. *Nature*, 447(7146):799–816, 2007.
- [2] Thomas R. Gingeras. Origin of phenotypes: Genes and transcripts. *Genome Research*, 17(6):682–690, 2007.
- [3] Aditi Kanhere and Manju Bansal. Structural properties of promoters: similarities and differences between prokaryotes and eukaryotes. *Nucl. Acids Res.*, 33(10):3165–3175, 2005.