

## **Diplom- oder Projektarbeit: Vorhersage von miRNA-Targets**

Neben der transkriptionellen Regulation durch Transkriptionsfaktoren, existieren weitere Regulationsmöglichkeiten auf dem Weg zum fertigen Genprodukt. Einer der wichtigsten Regulationsmechanismen ist die Degradations- und Translationskontrolle durch microRNAs (miRNAs). Diese kurzen Transkripte (ca. 22 nt) binden an komplementäre Abschnitte von mRNAs. Je nachdem, wo diese Bindung stattfindet, wird entweder die Degradation der mRNA gefördert oder im Fall der Bindung im 3'-UTR die Translation grundsätzlich verhindert. [1] Neben dem sogenannten seed-Bereich (6-8 nt) der miRNA, in dem starke Komplementarität notwendig ist, gibt es weitere Bereiche, die zur Bindung zwischen miRNA und mRNA beitragen. [2]

Ziel der Arbeit ist es, verschiedene statistische Modelle auf miRNAs und ihre Targets anzuwenden und die Güte der Target-Vorhersage zu bewerten. Neben einfachen Modellen wie Gewichtsmatrizen [3] sollen auch komplexere Modelle entworfen werden, die stärker auf die strukturellen Eigenschaften der miRNAs eingehen. Die Parameter dieser Modelle sollen sowohl mit generativen (Maximum Likelihood, Maximum a posteriori) als auch mit diskriminativen (Maximum conditional Likelihood, Maximum supervised Posterior) Lernmethoden erfolgen.

### **Ansprechpartner:**

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

### **Literatur**

- [1] David P Bartel. Micrnas: Genomics, biogenesis, mechanism, and function. 116(2):281–297, 2004.
- [2] Julius Brennecke, Alexander Stark, Robert B. Russell, and Stephen M. Cohen. Principles of microRNA target recognition. *PLoS Biology*, 3(3), 2005.
- [3] G. D. Stormo, T. D. Schneider, L. M. Gold, and A. Ehrenfeucht. Use of the 'perceptron' algorithm to distinguish translational initiation sites. *NAR*, 10:2997–3010, 1982.