

Presseinformation



Referat für Presse und Information
www.julius-kuehn.de

Ihre Ansprechpartnerin:
Dipl.-Biol. Stefanie Hahn
E-Mail: stefanie.hahn@julius-kuehn.de
Tel: 0531/299-3207
Tel: 03946/47-105

Nase vorn bei DREAM Challenge: Bioinformatiker-Team von JKI und Uni Halle erfolgreich bei internationalem Wissenschaftswettbewerb

Trio behauptet sich gegen 33 Mitbewerber aus aller Welt. Es darf als eines von zwei Teams seinen methodischen Ansatz zur Vorhersage von Bindungsstellen für Transkriptionsfaktoren auf Konferenz in Phoenix (Arizona) vorstellen und in Fachzeitschrift *Cell* publizieren

(Quedlinburg/Halle) Wettbewerb erzeugt Fortschritt und fördert Vernetzung. Das haben die Initiatoren der so genannten DREAM-Challenges im Hinterkopf, wenn sie Wissenschaftler aus der ganzen Welt zur Teilnahme an ihren seit 2006 stattfindenden Bioinformatik-Wettbewerben aufrufen. Jede Challenge stellt eine aktuelle bioinformatische Aufgabe dar, für die neue Lösungsansätze gesucht werden. Ein Bioinformatiker-Trio von der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg und vom Julius Kühn-Institut (JKI) in Quedlinburg hat an einem dieser Wettbewerbe teilgenommen und ist unter den Top-Zwei gelandet. So sicherten sie sich eine Einladung zur Präsentation auf einer internationalen Konferenz und die Möglichkeit zur Publikation in der renommierten Fachzeitschrift „*Cell*“. Diese Ehre teilen sie sich mit einem Team aus Russland.

DREAM-Challenges tragen dazu bei, das auf der ganzen Welt verteilte Wissen zur Verarbeitung von biologischen Daten zusammen zu führen, Methoden weiter zu entwickeln und verfügbar zu machen etwa in Datenbanken. Die Wissenschaftler aus Quedlinburg und Halle schnitten jetzt im Wettbewerb „*ENCODE-DREAM in vivo Transcription Factor Binding Site Prediction Challenge*“ erfolgreich ab. Es ging darum, Bindungsstellen für Transkriptionsfaktoren in verschiedenen Zelltypen vorherzusagen. Transkriptionsfaktoren sind Proteine, die an bestimmten Stellen im Genom binden und so Gene an- oder abschalten. Dabei wird die Bindung der Transkriptionsfaktoren durch Muster im Genom bestimmt. Außerdem spielt die Zugänglichkeit der DNA eine Rolle, die vom Zelltyp abhängig ist. Den Bioinformatikern Stefan Posch, Jan Grau und Jens Keilwagen ist es mit ihren Modellen gelungen, relativ viele dieser Bindungsstellen zelltypspezifisch vorherzusagen. Das Team aus Sachsen-Anhalt plant nun, seine Methode im zweiten Teil des Wettbewerbs bis Anfang Januar noch weiter zu verfeinern.

„Die DREAM-Challenges sind eine wichtige Plattform zum Gedankenaustausch“, sagt Dr. Jens Keilwagen vom JKI. Er ist gespannt, wie die russische „Konkurrenz“ das Problem angegangen ist. „Wir freuen uns, unsere Methode präsentieren zu können und hoffen, viele interessante Ideen mit nach Hause zu nehmen und Kontakte knüpfen zu können“, so Keilwagen weiter. Am Ende einer Challenge steht kein einzelner Gewinner. Durch den offenen Austausch und die Möglichkeit, auch

die Methoden der anderen für sich zu nutzen, gewinnt die Wissenschaft als Ganzes.
<https://www.synapse.org/#!Synapse:syn6131484/wiki/407891>

Kontakt:

Dr. Jens Keilwagen

Julius Kühn-Institut, Quedlinburg

Tel.: 03946-47 510

E-Mail: jens.keilwagen@julius-kuehn.de