

Übungszettel 4 Laurence Dietze

4.3) Die M1 Ergebnisse der angegebenen Seite sind völlig unterschiedlich zu den Ergebnissen von rGADEM, obwohl beide mit einem FOXA Datensatz arbeiten. Interessanterweise scheint es als wären die Ergebnisse von rGADEM da besonders prediktiv, wo die M1 Ergebnisse eine Vielzahl von gleichwertigen Scores erkennen und umgekehrt.

Die M1 Ergebnisse wurden experimentell erzeugt, indem an DNA gebundene Proteine mit Formaldehyde fixiert wurden, mit Antikörpern detektiert und dann die gefundenen Abschnitte sequenziert wurden. Aus den Bindungsstellen ergeben sich in beiden Richtungen zwei Maxima (Peaks), an diesen Stellen haben die Proteine vermutlich angefangen zu binden. Diese Methode wird angewandt, da die Bindungsstellen zu unterschiedlich, bzw. die Proteine zu wenig selektiv sind, um die Bindungsstellen allein durch Auffälligkeiten in der Sequenz zu erkennen. Daher ist es nicht verwunderlich, dass unsere rGADEM Ergebnisse nicht besonders zuverlässig sind.

Quelle: <http://www.mi.fu-berlin.de/wiki/pub/ABI/GenomicsLecture14Materials/chipseq.pdf>

4.4) Da rGADEM wie dargestellt keine zuverlässigen Ergebnisse liefern kann und auch nicht tut, kann nicht vorhergesagt werden, welche Art von Sequenzen in der Datei enthalten sind. Im .fasta File sind sie als FOXA1 spezifiziert.