Tert promoter区域的点突变（C250T和C228T）可能通过两种方式造成转录因子结合的差异：.转录因子的结合区域跨C250T和/或C228T，突变改变了转录因子的结合能力；. C250T和C228T在promoter区产生了一个GGA(A/T)的序列，该序列可以和ETS结构域结合，受ETS转录因子的调控，而野生型则不具备该结合位点。

首先我们从ENCODE Project 690下载了原始数据，这个 ChIP-seq 数据库包含了161个调控因子，来源于91个人类细胞类型。分析了能够结合Tert promoter的转录因子，共发现了45个转录因子，其中有15个转录因子结合区域同时跨C250T和C228T两个位点，1个转录因子仅仅跨C228T。 然后我们应用TCGA的数据库得到BRAF V600E突变的数据和表达谱数据，对上述16种转录因子和28种ETS转录因子进行正常甲状腺组织和甲状腺癌组织、BRAF突变和非突变癌组织的表达差异。得到可能作用于Tert promoter区域突变位点的转录因子，同时建立BRAF突变与转录因子表达丰都和TERT表达之间的联系。