

Pressemitteilung

Veterinärmedizinische Universität Wien

Mag. rer. nat. Nina Grötschl

15.06.2022

<http://idw-online.de/de/news795605>

Forschungsergebnisse, Wissenschaftliche Publikationen
Biologie, Tier / Land / Forst
überregional

vetmeduni

Neue Orientierungshilfe erleichtert und verbesserte die computergestützte Analyse von DNA-Interaktionen

Zur Datenanalyse von Interaktionen zwischen DNA und Proteinen können Wissenschaftler:innen aus einer breiten Palette an Software wählen. Welche Software für welches Forschungsziel am besten geeignet ist – das war bisher schwer herauszufinden bzw. unklar. Ein Forschungs-Duo der Vetmeduni hat nun eine wissenschaftliche Entscheidungshilfe entwickelt, die das ändert und verbesserte Forschungsergebnisse bringen wird.

Mit der DNA einer Zelle kann eine Vielzahl von Proteinen interagieren. Um herauszufinden, wo in der DNA diese Interaktionen stattfinden, sind sogenannte ChIP-seq Experimente eine etablierte wissenschaftliche Technik. Konkret untersucht die biochemische Methode der ChIP-Seq (Chromatin Immunoprecipitation and DNA-Sequencing) über das gesamte Genom hinweg, wo und wie stark ein gewisses Protein mit der DNA einer Zelle interagiert.

Will man nun herausfinden, ob sich die Stärke oder der Ort von Protein-DNA Interaktionen ändern, vergleichen die Wissenschaftler:innen typischerweise zwei ChIP-seq Experimente, zum Beispiel zwischen einer Kontrolle und nach einer experimentellen Behandlung. Um die Daten aus diesem Vergleich auszuwerten, steht eine Vielzahl an Software-Werkzeugen zur Verfügung. Für optimale Ergebnisse müssen aber die Art der Interaktion und auch die Einflüsse beziehungsweise die Art des Experiments berücksichtigt werden. Kurz gesagt: Es ist bis dato nicht leicht, die richtige Software zu finden.

Erstmalige repräsentative Evaluation von ChIP-seq-Tools

Um Wissenschaftler:innen zu helfen, die am besten geeignete Software auszuwählen, hat nun ein Wissenschaftler-Duo der Vetmeduni die häufigsten Interaktionsarten und Experimente simuliert und mit echten ChIP-seq-Daten kombiniert. Damit konnten sie die Genauigkeit der digitalen Untersuchungswerkzeuge je nach Interaktion und Experiment ermitteln.

Praktische Entscheidungshilfe für bessere Forschungsergebnisse

Basierend darauf reichten die beiden Wissenschaftler alle untersuchten Tools und listeten die besten je nach Art der Protein-DNA-Interaktion und dem experimentellen Einfluss. „Damit können Wissenschaftler:innen nun leichter die optimale Software für das gewünschte Experiment ermitteln. Mit dieser Entscheidungshilfe helfen wir, aus vergleichenden ChIP-seq-Experimenten die besten Ergebnisse zu erzielen“, erklärt Studien-Erstautor Thomas Eder vom Institut für Biochemie der Vetmeduni.

Entscheidungsbäume mit Bewertungs-Score

Insgesamt evaluierten die Wissenschaftler im Rahmen ihrer Studie 23.220 Vergleiche von 33 verschiedenen Software-Werkzeugen. Allerdings ließ sich kein einziges Tool identifizieren, das über alle Szenarien hinweg eine überlegene Leistung zeigte. Umso wichtiger ist deshalb der von den Wissenschaftlern entwickelte Bewertungs-Score. Das betont Studien-Letztautor Florian Grebien, Leiter des Instituts für Medizinische Biochemie der Vetmeduni: „Die von uns auf Grundlage des Bewertungs-Score der einzelnen Software-Werkzeuge entwickelten Entscheidungsbäume dienen Biomediziner:innen, Biolog:innen und Bioinformatiker:innen in Zukunft gleichermaßen als Orientierungshilfe und hilfreiches Werkzeug.“

###

Service:

Der Artikel „Comprehensive assessment of differential ChIP seq tools guides optimal algorithm selection“ von Thomas Eder und Florian Grebien wurde in „Genome Biology“ veröffentlicht.

<https://genomebiology.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13059-022-02686-y>

Über die Veterinärmedizinische Universität Wien:

Die Veterinärmedizinische Universität Wien (Vetmeduni) ist eine der führenden veterinärmedizinischen, akademischen Bildungs- und Forschungsstätten Europas. Ihr Hauptaugenmerk gilt den Forschungsbereichen Tiergesundheit, Lebensmittelsicherheit, Tierhaltung und Tierschutz sowie den biomedizinischen Grundlagen. Die Vetmeduni beschäftigt 1.500 Mitarbeiter:innen und bildet zurzeit 2.500 Studierende aus. Der Campus in Wien Floridsdorf verfügt über fünf Universitätskliniken und zahlreiche Lehr- und Forschungseinrichtungen. Zwei Forschungsinstitute am Wiener Wilhelminenberg sowie ein Lehr- und Forschungsgut in Niederösterreich und eine Außenstelle in Tirol gehören ebenfalls zur Vetmeduni. Die Vetmeduni spielt in der globalen Top-Liga mit: 2021 belegte sie den exzellenten Platz 8 im weltweiten Shanghai-Hochschulranking im Fach „Veterinary Science“. www.vetmeduni.ac.at

wissenschaftliche Ansprechpartner:

Dipl.-Ing. Dipl.-Ing. (FH) PhD. Thomas Eder
Institut für Medizinische Biochemie
Veterinärmedizinische Universität Wien (Vetmeduni)
Thomas.Eder@Vetmeduni.ac.at

Originalpublikation:

Der Artikel „Comprehensive assessment of differential ChIP seq tools guides optimal algorithm selection“ von Thomas Eder und Florian Grebien wurde in „Genome Biology“ veröffentlicht.

<https://genomebiology.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13059-022-02686-y>

URL zur Pressemitteilung: <https://www.vetmeduni.ac.at/universitaet/infoservice/presseinformationen-2022/neue-orientierungshilfe-erleichtert-und-verbesserte-die-computergestuetzte-analyse-von-dna-interaktionen#c142342>