

Pressmeddelande 2005-09-29.

## Ny metod förklarar hur genernas strömbrytare fungerar

**Genom att använda data från genstudier på jäst har Uppsalaforskare i samarbete med amerikanska och polska forskare lyckats utveckla en teknik som avslöjar var i DNA genernas "strömbrytare" finns och hur de fungerar. Resultaten publicerades i juni numret av den vetenskapliga tidskriften *Genome Research*.**

En av de största utmaningarna för forskare inom bioteknikerna är att förstå den komplexa reglerande mekanismen som styr huruvida en gen "slås på" eller "slås av". Denna styrning sker genom att proteiner, så kallade transkriptionsfaktorer, interagerar med särskilda bindningsställen i DNA. Dessa bindningsställen kan finnas långt från den gen som regleras, och en enskild gen kan dessutom kontrolleras av flera transkriptionsfaktorer vid olika bindningsställen. Därför är det svårt att experimentellt studera hur regleringen sker.

- Vi var intresserade av att se om vi kunde lista ut hur många reglerande proteiner som interagerar samtidigt och hur de samverkar för att reglera genuttrycket, det vill säga slå på genen, säger Krysstof Fidelis, vid Lawrence Livermore National Laboratory, USA.

Det som är möjligt är att identifiera transkriptionsfaktorernas bindningsställen - vanligtvis ett par stycken för varje gen. Genom att använda en matematisk datormodell kallad rough sets tillsammans med experimentella data från genetiska studier av den mest studerade organismen inom biologin, jäst, lyckades forskarna formulera ett antal regler som förutsäger vilka kombinationer av DNA-"strömbrytare" som aktiverar en gen vid specifika biologiska förhållanden.

- Vi fann att samma transkriptionsfaktorer, i något olika kombinationer, kunde reglera olika gener, säger Jan Komorowski vid Centrum för bioinformatik, Uppsala.

- Att bindningsställen kan kombineras innebär att ett stort antal utfall i genuttrycket blir möjliga. Vi kunde förutsäga de reglerande mekanismerna för cirka en tredjedel av generna i jästgenomet vilket är lika bra eller bättre än med andra tekniker, fortsätter han.

Nästa steg blir att prova metoden på andra organismer, som bakterier och ryggradsdjur. Antalet organismer som fått sin DNA-sekvens kartlagd ökar ständigt, vilket har gett stora mängder data som kan bidra till råmaterialet för nya analyser.

Studien har letts av Jan Komorowski och Krysstof Fidelis och är ett samarbete mellan Lawrence Livermore National Laboratory, University of California, USA, universitetet i Warszawa och centrum för bioinformatik på Uppsala.

För ytterligare information kontakta Jan Komorowski, tel: 018-471 66 92, eller via e-post [Jan.Komorowski@lcb.uu.se](mailto:Jan.Komorowski@lcb.uu.se) eller Torgeir Hvidsten, tel: 018-471 66 87 eller via e-post: [Torgeir.Hvidsten@lcb.uu.se](mailto:Torgeir.Hvidsten@lcb.uu.se)

Artikeln på nätet: <http://www.genome.org/cgi/content/full/15/6/856> [<http://www.genome.org/cgi/content/full/15/6/856>]

Mer information:

<http://www.uu.se/Adresser/X67.html> [<http://www.uu.se/Adresser/X67.html>]

<http://www.llnl.gov/> [<http://www.llnl.gov/>]

Anneli Waara