

Ontwikkeling van een algoritme voor het door middel van zelflerende systemen voorspellen van promotors in bacteriegenomen

Genexpressie en -regulatie in bacteriën is in de gezondheidszorg en in de voedselverwerkings- en andere bio-industrieën een steeds belangrijker aandachtsgebied. Data afkomstig uit sequentieanalyses (RNA-sequentiebepaling) van de volgende generatie bieden inzicht in de activiteit van alle genen (het 'transcriptoom') van een organisme op een bepaald moment door de mate van genexpressie bloot te leggen. Ook kan het RNA-start- en eindpunt van genen in elk genoom worden vastgesteld. Het voorspellen van functionele elementen van genen op basis van data-analyse van transcriptomen kan bijdragen aan de verbetering en optimalisatie van processen zonder verdere experimenten uit te voeren. De belangrijkste functionele elementen die de genexpressie reguleren, zijn de promotorgebieden vóór de genen. Promotors in prokaryoten zijn moeilijk te lokaliseren omdat er geen geschikte prognosehulpmiddelen voorhanden zijn. Dit voorstel is gericht op het combineren van zelflerende methoden en gegevens van innovatieve RNA-sequentietechnologieën om zo een nieuw algoritme te ontwikkelen voor het voorspellen van promotors in de genoomsequenties van bacteriën. Een dergelijke tool is er nog niet en wordt naarstig gezocht, omdat daarmee, enerzijds, ziekteverwekkende (multiresistente) bacteriën beter begrepen en bestreden zouden kunnen worden, en, anderzijds, het gebruik van 'gezonde' bacteriën, zoals wereldwijd door de voedings- en probiotica-industrie, verbeterd zou kunnen worden.