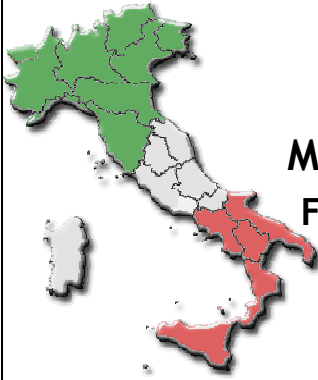


Philipps



Universität
Marburg



Masterarbeit in Bioinformatik mit Forschungsaufenthalt auf Sardinien

Prof. Dr. Dominik Heider
dominik.heider@uni-marburg.de

Thema: Entwicklung einer Software zum automatischen Clustern von Sequenz- und Strukturdaten am Beispiel von Glycosyltransferasen

Der voranschreitende Rohstoffwandel in der chemischen Industrie zeigt eindringlich die Endlichkeit des Rohöls und die Notwendigkeit Alternativen für viele petrochemisch basierte Verbindungen zu finden, die in vielen technischen Bereichen eingesetzt werden. Eine Möglichkeit petrochemisch basierte Polymere, wie z.B. Polyacrylate, zu ersetzen sind Polysaccharide. Diese in der Natur häufig vorkommenden langkettigen Zuckerverbindungen weisen ein hohes Potential auf auch in technischen Anwendungen eingesetzt zu werden. Mikrobielle Polysaccharide lassen sich nachhaltig produzieren und sind bioabbaubar. Zukünftig könnten mikrobielle Polysaccharide verstärkt in technischen Bereichen eingesetzt werden und durch die Substitution chemischer Polymere einen großen Beitrag zum Umweltschutz leisten. Zur Erreichung dieses Zieles muss zunächst die Biosynthese der mikrobiellen Polysaccharide verstanden und vor allem die an der Übertragung der einzelnen Zucker beteiligten Enzyme (Glycosyltransferasen, kurz: GTs) untersucht werden.

Die Enzymklasse der GTs (EC 2.4) umfasst momentan 97 Familien (Schmid et al., 2016). GTs haben oftmals eine sehr geringe Sequenzähnlichkeit. In diesem Projekt soll die Zuckeraffinität von GTs mittels Clustering vorhergesagt werden. So sollen Funktion und Zuckeraffinität von bereits funktionell beschriebenen GTs auf noch nicht charakterisierte GTs übertragen werden. Diese Vorhersage soll anschließend in ein benutzerfreundliches Framework eingebunden werden.

Die Arbeit ist in das Projekt ID:57265705, gefördert vom DAAD aus Mitteln des Bundesministeriums für Bildung und Forschung (BMBF), eingebunden und beinhaltet einen 20-tägigen Forschungsaufenthalt an der Universität von Cagliari, Sardinien, Italien.

GEFÖRDERT VOM



Bundesministerium
für Bildung
und Forschung

Literatur

[1] Schmid J, Heider D, Wendel NJ, Sperl N, Sieber V: Bacterial Glycosyltransferases: Future perspectives of a highly diverse enzyme class toward tailoring natural products. *Frontiers in microbiology* 2016; 7:182.

[2] Armano G: A direct measure of discriminant and characteristic capability for classifier building and assessment. *Information Sciences* 2015, 325:466-483.

Bitte melden Sie sich bei Interesse per Email bei:

03.11.2016

Prof. Dr. Dominik Heider

dominik.heider@uni-marburg.de