

1. Record Nr.	UNINA9910793929103321
Autore	Schmiedel Jorn Matthias <1985->
Titolo	The role of microRNAs in controlling protein expression noise // von Diplom Biophysiker Jorn Matthias Schmiedel
Pubbl/distr/stampa	Berlin : , : Logos Verlag Berlin, , [2016] ©2016
ISBN	3-8325-8802-7
Descrizione fisica	1 online resource (116 pages) : illustrations
Disciplina	572.865
Soggetti	Gene expression MicroRNA
Lingua di pubblicazione	Inglese
Formato	Materiale a stampa
Livello bibliografico	Monografia
Note generali	PublicationDate: 20160331
Nota di bibliografia	Includes bibliographical references (pages 103-114).
Sommario/riassunto	<p>Long description: The expression of genes is based on stochastic processes, which lead to temporal fluctuations in the number of proteins of each gene. If such fluctuations become too large they can be detrimental to the fitness of an organisms, because most cellular processes are based on the precise interaction of proteins. This PhD thesis explores the role of post-transcriptional regulatory mechanisms in the control of stochasticity in gene expression, with a focus on microRNAs, common regulators in multicellular organisms. Bioinformatic data analysis, mathematical modeling and single cell expression experiments are used to analyze the conditions under which microRNAs can lead to the reduction of fluctuations in gene expression. The central insight of this thesis is that microRNAs can indeed reduce fluctuations for most genes and that they are likely used by organisms for this purpose, thus ensuring precision to gene expression during development and the maintenance of the adult body. Der Expression von Genen liegen stochastische Prozesse zu Grunde, die zu Fluktuationen in der Menge von Proteinen eines jeden Gens führen. Zu starke Fluktuationen in Proteinmengen können für Organismen schädlich sein, da die meisten zellulären Prozesse auf der präzisen Wechselwirkung von Proteinen beruhen. Diese Dissertationsschrift</p>

befasst sich mit dem Einfluss von post-transkriptionellen Regulationsmechanismen auf die stochastischen Prozesse der Genexpression. Mittels bioinformatischer Datenanalyse, mathematischer Modellierung und gezielten Einzelzellexperimenten wird mit Fokus auf die in Mehrzellern weitverbreiteten microRNAs erforscht unter welchen Voraussetzungen Organismen post-transkriptionelle Regulation zu Verringerung von Fluktuationen benutzen können. Die zentrale Erkenntnis der vorliegenden Arbeit ist, dass microRNAs für die meisten Gene Fluktuationen verringern können und auch zu diesem Zweck genutzt werden.

---