

# Webbasierte Erstellung biochemischer Netzwerke

In der Systembiologie spielt die Modellierung biochemischer Netzwerke eine bedeutende Rolle. Dabei werden alle Substanzen, die in betrachteten Zellen vorkommen, zusammengetragen und über biochemische Reaktionen sowie Transportvorgänge, an denen diese Stoffe beteiligt sind, miteinander verknüpft. Zahlreiche Programme wurden erstellt, um diese Arbeit zu erleichtern.

Das webbasierte Programm Escher (<http://escher.github.io>) erfreut sich zunehmender Beliebtheit, da es Graphiken erzeugt, die besonders gut im Einklang mit publizierten Stoffwechselwegen stehen (siehe Abbildung).

Das Ziel dieser Arbeit besteht nun darin, Erweiterungen für Escher zu implementieren, die es erlauben während der Erstellung von Reaktionsgraphen auf externe Datenbanken zuzugreifen, und so das Datenmodell um weitere relevante Informationen zu erweitern (z. B. in Form von Plugins).

Dazu zählen die Reaktionskinetik-Datenbank SABIO-RK, die Formeln für die Geschwindigkeiten bereitstellt, mit der einzelne Reaktionen bekanntermaßen ablaufen. Weitere Informationsquellen sind die Online-Datenbanken KEGG PATHWAY und MetaCyc.

Für den Datenaustausch mit anderen Programmen sollen Ex- und Import-Funktionen für die Formate SBML und SBGN-ML entwickelt werden.

Dieses Projekt wird in enger Zusammenarbeit mit der University of California, San Diego, durchgeführt.

## Kontakt

Dr. Andreas Dräger  
Sand 1, Raum A313  
Tel. (07071) 29-78982

[andreas.draeger@uni-tuebingen.de](mailto:andreas.draeger@uni-tuebingen.de)

