



# Numerische Integration in der Systembiologie

In der Systembiologie werden meist Differentialgleichungssysteme dazu verwendet, beobachtete Vorgänge mathematisch zu beschreiben. Beispielsweise kann die Änderung der Genexpression in Abhängigkeit von der Menge an Transkriptionsfaktoren und Hemmstoffen beschrieben werden. Jedoch wird ein geeignetes Integrationsverfahren benötigt, um diese Modelle simulieren zu können. Oft müssen auch Modellparameter inferiert werden. Am Lehrstuhl Rechnerarchitektur wurde dazu bereits das Runge-Kutta-Verfahren 4. Ordnung implementiert und in die Optimierungsbibliothek EvA2 eingebunden. In dieser Bachelorarbeit sollen nach Implementierung und Test eines einfachen Integrationsverfahrens (z. B. Euler-Verfahren) mindestens drei bekannte Integratoren, die auch auf steife Differentialgleichungssysteme angewendet werden können, in Java implementiert und getestet werden. Viele dieser Methoden sind in Matlab implementiert, sodass dieses Programm als Referenzimplementierung dienen kann. Als Testsystem können einfache Modelle genregulatorischer Netzwerke aus der Dissertation von Christian Spieth verwendet werden.

Im Vergleich der Verfahren und Modelle soll deren Eignung für bestimmte Problemklassen ermittelt werden.

**Voraussetzungen:** Kenntnisse über Java und Differentialgleichungssysteme. Kenntnisse über evolutionäre Algorithmen sind hilfreich aber nicht erforderlich.

## Kontakt

Dr. Andreas Dräger  
Sand 1, Raum A313  
Tel. (07071) 29-78982  
[andreas.draeger@uni-tuebingen.de](mailto:andreas.draeger@uni-tuebingen.de)

