



Integration metabolischer Information in der Toxikogenomik

Die Toxikogenomik, entstanden aus der Kombination von Toxikologie und Bioinformatik, untersucht den Einfluss chemischer Substanzen auf den menschlichen und tierischen Organismus. Dazu werden *-omics*-Ansätze verwendet, z. B. Microarrays in der Risikobewertung von neu entwickelten Medikamenten. Dabei geht es unter anderem um die Identifikation von krebs-erregenden Chemikalien, um die Erfolgsquote in der Entwicklung neuer Medikamente zu erhöhen.

Die Analyse der gesammelten *-omics*-Daten geschieht mittels statistischer Analyse oder maschinellen Lernverfahren. Bisher verwenden die meisten Verfahren nur die beobachteten Expressionsänderungen einzelner mRNAs. Die Integration von Informationen über molekulare Zusammenhänge aus Datenbanken für Stoffwechselwege (*pathways*), wie z. B. KEGG oder BioCarta, könnte eine Verbesserung der Klassifikationsleistung und Interpretierbarkeit ermöglichen.

Im Rahmen dieser Arbeit soll auf mehreren bereits vorhandenen Datensätzen ein Vergleich zwischen dem klassischen Ansatz und der Verwendung von *pathways* durchgeführt werden. Dazu kann die vorhandene Codebasis verwendet und um eigene Ansätze zur Bestimmung von *pathway*-Features erweitert werden.

Anforderungen:

- gute Programmierkenntnisse
- grundlegende Statistikenkenntnisse
- Bereitschaft zur Einarbeitung in R-Programmierung

Kontakt

Michael Römer
Sand 1, Raum A312
Tel.: 07071 29 78970
michael.roemer@uni-tuebingen.de