

Visuelle Simulation metabolischer Veränderungen

Die Modellierung des Einflusses von Substanzen auf den zellulären Metabolismus ist beispielsweise bei der Entwicklung neuer Wirkstoffe von grosser Bedeutung für das Verständnis toxischer Mechanismen. Da sich metabolische Veränderungen auch in der Genexpression manifestieren, können diese auch anhand von Transkriptomdaten gemessen werden. Eines der am weitesten verbreiteten Verfahren ist die sogenannte Pathway-Enrichment-Analyse, wobei mittels statistischer Methoden die Anreicherung differentiell exprimierter Gene in bestimmten metabolischen Pfaden detektiert wird.

Die Software InCroMAP, die am Lehrstuhl für Kognitive Systeme entwickelt wurde, bietet bereits Funktionen zur Pathway-Enrichment-Analyse von Transkriptomdaten. Die Veränderung individueller Stoffwechselprozesse kann dabei auch im Kontext eines übergeordneten Metapathways visualisiert werden, der der Datenbank KEGG entnommen wurde.

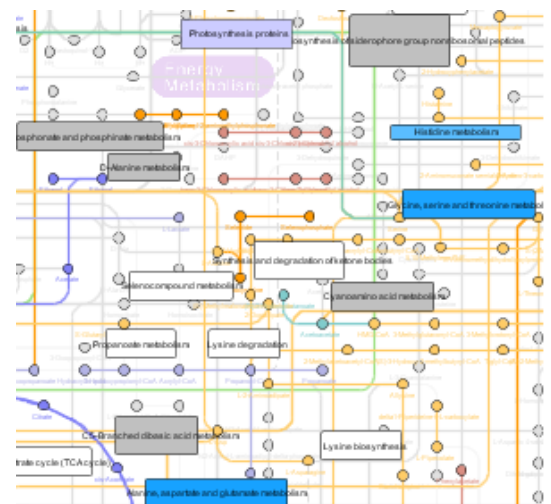
Im Rahmen dieser Arbeit soll einer Erweiterung der Software InCroMAP implementiert werden, die eine Visualisierung des Zeitverlaufs der metabolischen Veränderungen ermöglicht. Neben der Modellierung dieser Veränderungen auf Pathway-Ebene mittels geeigneter mathematischer Modelle, wäre eine Visualisierung in Form einer Animation wünschenswert.

Die Arbeit umfasst ausserdem die Anwendung der Software zur mechanistischen Analyse von Zeitreihendaten aus der Toxikogenomik-Datenbank TG-GATES.

Da diese Arbeit die selbstständige Einarbeitung in eine umfangreiche Codebasis erfordert, sind sehr gute Kenntnisse in Java erforderlich.

Kontakt

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



InCroMAP