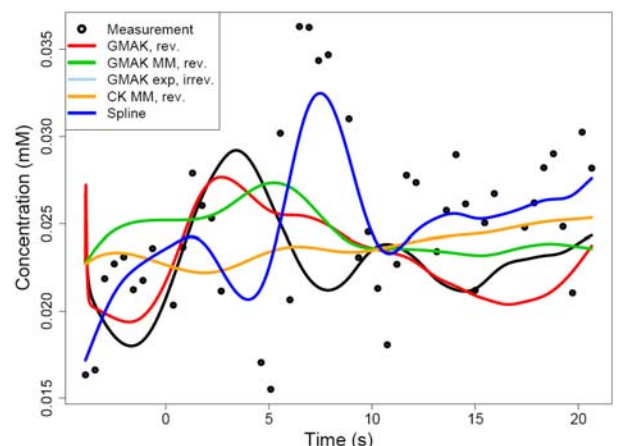
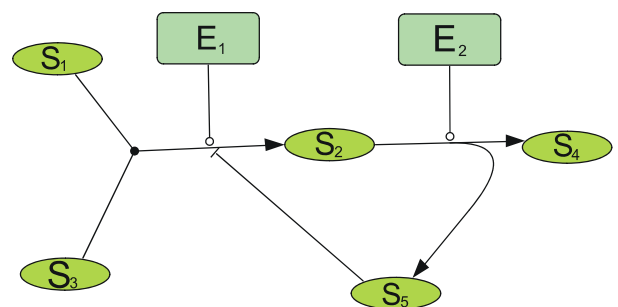




Implementierung einer Stabilitätsanalyse für biochemische Netzwerke

Robustheit stellt eine wesentliche Eigenschaft biologischer Systeme dar. Organismen können auf sich verändernde Umwelteinflüsse (Stressfaktoren) reagieren und kehren nach initialen Störungen wieder in ausgeglichene Zustände (Stabilitätspunkte) zurück. Diese Effekte lassen sich auch auf molekularer Ebene beobachten. Ein Reaktionssystem muss beispielsweise in der Lage sein, nach einer gewissen Zeit wieder in einen Fließgleichgewichtszustand zurückzukehren, wenn z. B. eine neue Nahrungsquelle im Überfluss hinzugegeben wurde.

Mathematische Modelle solcher Netzwerke beinhalten so genannte Modellparameter, die das Verhalten des Systems maßgeblich bestimmen und anhand gegebener Messwerte angepasst, d. h. optimiert, werden müssen. Neben der Minimierung der Abweichung von Modell und Messwert müssen realitätsnahe Optimierungsstrategien zusätzlich die Fähigkeit des Systems berücksichtigen, jemals einen stabilen Gleichgewichtspunkt erreichen zu können. In dieser Arbeit soll daher eine Stabilitätsanalyse in Java implementiert werden, die in das bestehende Optimierungs- und Simulationswerkzeug JCell integriert werden soll. Die mathematischen Grundlagen des Verfahrens sind im Buch „The Regulation of Cellular Systems“ von Heinrich und Schuster, S. 38 bis 52, beschrieben.



Kontakt

Andreas Dräger
Sand 1, Raum C303
Tel. (07071) 29-70436
Andreas.Draeger@Uni-Tuebingen.de