

Visuelle Simulation biochemischer Netzwerke

Biochemische Netzwerke beinhalten Metabolite, die miteinander über Reaktionen verbunden sind, sowie Enzyme und genregulatorische Elemente. Diese Netze können in ähnlicher Weise wie die bekannten Stoffwechselfade graphisch dargestellt werden. Inzwischen hat sich die Systembiologische Modellierungssprache SBML als Standard zum Speichern solcher Netzwerke durchgesetzt. In diesem Format können auch Layout-Informationen zu allen Elementen gespeichert werden.

In einer Simulation können die zeitlichen Konzentrationsänderungen aller im Netzwerk enthaltenen Elemente ermittelt werden. Man erhält für jeden Stoff eine Liste, die für jeden simulierten Zeitpunkt dessen Konzentration angibt. Um Prozesse wie Stoffflüsse, Reaktionsgeschwindigkeiten oder Transportvorgänge sichtbar werden zu lassen, wäre eine geeignete Visualisierung in Form eines Filmes wünschenswert.

In dieser Arbeit sollen biochemische Netze im SBML-Format mit Layout-Informationen oder SBGNML-Format eingelesen und graphisch dargestellt werden. Die Ergebnisse einer Simulation sollen dann auf Knotenfarbe sowie Kantenstärke abgebildet und als zeitliche Sequenz sichtbar gemacht werden.

Diese Arbeit eignet sich besonders für Studenten, die sich für objektorientierte Programmierung interessieren.

Kontakt

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

