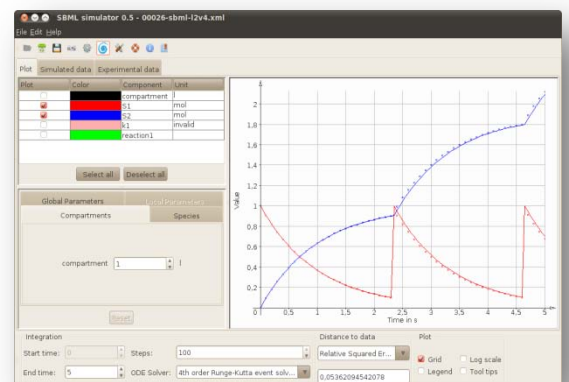
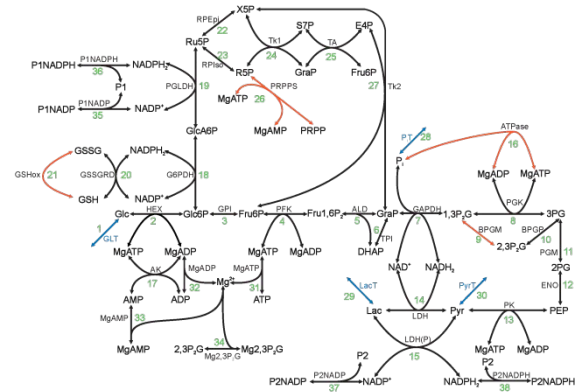




Entwicklung eines Laufzeit-Compilers für biochemische Modelle

Die biologische Forschung vollzieht eine Wandlung von der beschreibenden Untersuchung hin zu einer prädiktiven Wissenschaft. Erstellung und Simulation von Stoffwechselmodellen nehmen dabei eine wichtige Rolle ein. Oft enthalten solche Modelle mehrere hundert miteinander gekoppelte Reaktionen. Die Simulation biochemischer Modelle stellt weiterhin eine wichtige rechentechnische Herausforderung dar. Allein die Schätzung von Modellparametern erfordert eine zehntausendfach wiederholte Berechnung des Gesamtmodells. Daher sollte dieser Schritt möglichst effizient durchgeführt werden können. Inzwischen hat sich das SBML-Format (engl. *Systems Biology Markup Language*) als *de-facto*-Standard zur Speicherung solcher Modelle etabliert. Jedoch müssen zur Laufzeit die darin als XML-Datenstrukturen abgelegten Elemente immer wieder interpretiert werden. Wünschenswert wäre eine Übersetzung von SBML in Java-Quellcode, der während der Laufzeit in Byte-Code kompiliert werden könnte. Die so gewonnene Klasse ließe sich instanzieren und zur Laufzeit in einer Optimierungsprozedur verwenden.

Dies hätte einen massiven Laufzeitgewinn zur Folge, wenn die Simulation wiederholt durchgeführt werden muss. Das Ziel dieser Arbeit besteht also darin, einen solchen Übersetzer von SBML-Dateien in Java-Quellcode zu implementieren, diesen in die bestehende Optimierungs Umgebung einzubinden und am Beispiel verschiedener, bereitgestellter Modelle zu testen.



Kontakt

Dr. Andreas Dräger
Sand 1, Raum A313
Tel. (0 70 71) 29-7 89 82
andreas.draeger@uni-tuebingen.de