

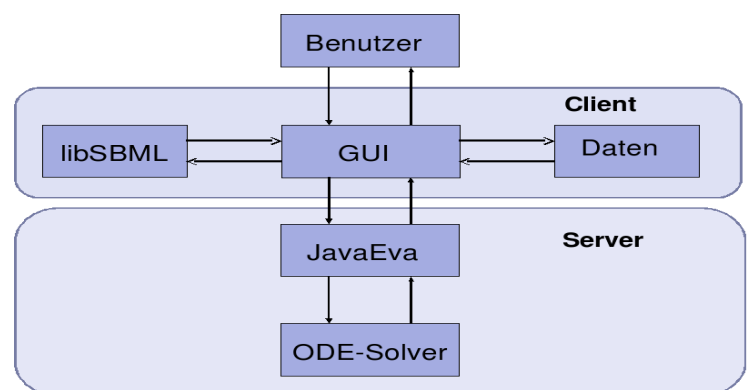


## Simulation genregulatorischer Netzwerke mit JCell2

JCell wurde am Lehrstuhl Rechnerarchitektur entwickelt und ist ein Programm zur Simulation und Inferenz genregulatorischer Netzwerke. Wegen zahlreicher Neuerungen wurde mit der kompletten Neuentwicklung des Programms begonnen. Insbesondere soll die Simulation von Netzen im SBML-Format nun eine zentrale Stellung einnehmen. SBML ist ein auf der XML basierendes Dateiformat, das biochemische Modelle speichern kann. Es wurde bereits ein Interpreter zur Simulation von SBML-Modellen geschrieben. Ferner existieren ein SBML-Translator, der Modelle in gut lesbare LaTeX/PDF-Dateien umwandelt, sowie eine Anbindung an EvA2, um Modellparameter optimieren zu können. EvA2 ist eine Weiterentwicklung von JavaEva, einem Paket naturinspirierter Optimierungsverfahren. Derzeit unterstützt JCell2 die Inferenz genregulatorischer Netze basierend auf einem Hill-Kinetik-Ansatz und memetischen Algorithmen. In dieser Arbeit sollen die bereits vorhandenen, einzelnen Funktionen in ein übersichtliches und erweiterbares Programm integriert und verbessert werden. Weitere Funktionen sollen ausgewählt und hinzugefügt werden. Dabei kann auf frühere Funktionalität aus JCell zurückgegriffen werden. Dazu zählen z. B. Import- und Exportfunktionen für Microarray-Daten oder graphische Modellrepräsentationen.

### Anforderungen:

Kenntnisse im Programmieren mit Java und biochemisches Grundwissen.



### Kontakt

Andreas Dräger  
 Sand 1, Raum C303  
 Tel. (07071) 29-70436  
 andreas.draeger@uni-tuebingen.de

