



Vergleichende Analyse der Modelle auf Biomodels.net

Seit der Einführung des Standards SBML (Systems Biology Markup Language) zum Austausch biologischer Modelle zwischen Modellierungsprogrammen steigt die Zahl online verfügbarer Modelle stetig an. SBML wird von einem internationalen Team entwickelt und erlaubt zahlreiche mathematische Konstrukte, die für die Modellierung genutzt werden können.

Im ersten Teil dieser Studie sollen alle Modelle, die auf der Biomodels.net-Webseite zugänglich sind, untersucht werden. Gemeinsamkeiten, Unterschiede sowie relevante Kenngrößen der Modelle sollen herausgearbeitet und in Bezug zueinander gesetzt werden. Ein Schwerpunkt liegt insbesondere auf einer eventuell vorhandenen Diskrepanz zwischen den in SBML definierten Konstrukten, deren Umsetzung und Unterstützung in gängigen Modellierungsprogrammen sowie deren Nutzung in den publizierten Modellen.

Der zweite Teil der Arbeit befasst sich mit der mathematischen Analyse der Modelle. In jüngeren Publikationen wurde betont, dass die Robustheit ein wesentliches Merkmal biologischer Systeme darstellt. Die Robustheit wurde jedoch in frühen Publikationen über biologische Modelle häufig nicht einbezogen. Eine geringe Anfälligkeit des Modells, auf lokale Störungen der Parameterwerte mit extremen Verhalten zu reagieren, wird als eine mögliche Definition der Robustheit anerkannt. Man spricht dabei auch von einer geringen Sensitivität gegen Parameterstörungen. Mehrere Methoden wurden veröffentlicht, mit denen sich die Parametersensitivität ermitteln lässt. Diese Methoden sollen auf die publizierten Modelle angewendet werden, um deren Robustheit zu ermitteln, zu bewerten und zu vergleichen.

Voraussetzungen

Erfahrung im Programmieren mit Java wird erwartet. Grundkenntnisse von SBML und in Sensitivitätsanalyse sind von Vorteil.

Kontakt

Andreas Dräger, Adrian Schröder
Sand 1, Raum C303, A305
Tel. (07071) 29-70436, 78987
{andreas.draeger, adrian.schroeder}@uni-tuebingen.de

