

Entwicklung eines logischen Modells für den transkriptionellen Einfluss von nukleären Rezeptoren in Hepatozyten

Im Rahmen des Projektes „Virtuelle Leber“ werden computergestützte Modelle erstellt, welche das Verhalten von Hepatozyten (Leberzellen) erklären sollen. Dazu soll ein logisches/qualitatives Modell für den Einfluss von nukleären Rezeptoren auf die Genexpression entwickelt werden.

Hierfür sollen zunächst die Informationen aus den Datenbanken Transfac® und Transpath® in ein qualitatives Modell im SBML-Format überführt werden. Qualitative Modelle basieren auf diskreten Werten und logischen Verknüpfungen.

Anschließend soll ein Algorithmus in Java entwickelt werden, der das Basis-Netzwerk auf den Anwendungsbereich reduziert. Hierfür steht ein Datensatz mit Genexpressiondaten von Behandlungen und Kontrollen zur Verfügung. Dieser soll zunächst mit Hilfe der Programmiersprache R auf differentielle Genexpression untersucht werden und nachfolgend das Basismodell auf die relevanten Bereiche reduziert werden.

Ziel ist es, ein logisches Modell zu entwickeln, welches die notwendigen Bereiche und Signalpfade abdeckt, welche in den jeweiligen Behandlungen ausgeprägt sind.

- Gute Kenntnisse in Java sind notwendig
- Erfahrungen mit R wären von Vorteil, aber nicht zwingend notwendig

Kontakt

Stephanie Hoffmann
Sand 1, Raum A305
Tel. (07071) 29-78987
stephanie.hoffmann@uni-tuebingen.de

