



Vorhersage von Hepato- Karzinogenität anhand von Microarray-Daten

Die Entwicklung eines neuen Medikaments bis zur Marktreife kostet zwischen 500 Millionen und 2 Milliarden Dollar. Ein Grund ist die benötigte Zeit für präklinische und klinische Testphasen, z. B. auf Karzinogenität, also krebserregende Nebenwirkungen.

Die Karzinogenität von Substanzen wird üblicherweise mittels eines 2-jährigen Experiments getestet, bei dem Ratten oder Mäusen täglich die Substanz verabreicht wird. Wird dabei ein karzinogener Effekt festgestellt, führt dies oft zur Einstellung der Entwicklung. Daher ist eine frühere Erkennung von Karzinogenität der Schwerpunkt der Toxikogenomik, die aus der Verbindung von Toxikologie und Bioinformatik entstanden ist. Kurze, nur 2 bis 4 Wochen dauernde Experimente könnten eine frühere Entscheidung für die Weiterentwicklung erlauben.

In dieser Arbeit soll ein Model zur Vorhersage der Karzinogenität von neuen Substanzen entwickelt werden. Dazu soll Maschinelles Lernen verwendet und relevante Gene selektiert werden. Zur Evaluierung des Models stehen mehrere Microarray-Datensätze aus öffentlichen Datenbanken zur Verfügung. Eine breite Codebasis existiert bereits und soll im Rahmen dieser Arbeit verwendet und erweitert werden.

Anforderungen:

- Grundlegende Kenntnisse in Statistik, Maschinellem Lernen, Microarrays und Programmierung mit R

Kontakt

Michael Römer
Sand 1, Raum 312
Tel. (07071) 29-78970
michael.roemer@uni-tuebingen.de