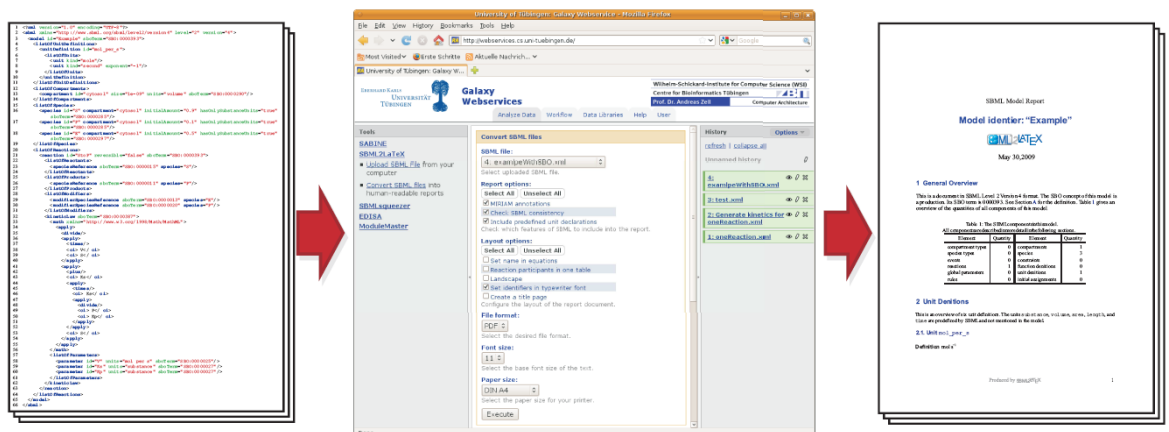




Automatische Biomodelldokumentation

In den letzten Jahren hat die Modellierung biochemischer Prozesse massiv an Bedeutung gewonnen. Dabei werden diese Vorgänge so abgespeichert, dass sie von Simulationsprogrammen eingelesen und weiter verarbeitet werden können. Das Dateiformat SBML (engl. *Systems Biology Markup Language*) hat sich inzwischen zum *de-facto*-Standard zur Beschreibung derartiger Modelle entwickelt. Jedoch liegt der Focus dieses Formates lediglich darauf, besonders gut maschinell verarbeitet werden zu können. Für menschliche Leser ist dessen Informationsgehalt eher schwer zugänglich.

Daher wurde an diesem Lehrstuhl das Dokumentationsprogramm SBML2L^AT_EX entwickelt, das zu einem gegebenen Biomodell im SBML-Format automatisch einen wohlstrukturierten Report generiert. Durch die gute Unterstützung von Formeln eignet sich L^AT_EX für diese Aufgabe sehr gut. Wegen Weiterentwicklungen des SBML-Formats sowie der Unterstützung von Formeln in anderen Formaten stellen sich auch neue Anforderungen an SBML2L^AT_EX. In dieser Arbeit soll daher ein neues Dokumentationsprogramm für Dateien im SBML-Format erstellt und getestet werden. Diese Arbeit eignet sich besonders für Studenten, die sich für objektorientierte Programmierung interessieren.



Kontakt

Dr. Andreas Dräger
Sand 1, Raum A313
Tel. (07071) 29-78982
andreas.draeger@uni-tuebingen.de