

Einführung in die Systembiologie

Lehrveranstaltung für Informatiker, Biologen und Ingenieure

Prof. Wolfgang Wiechert, Institut für Bio- und Geowissenschaften (IBG-1)
Forschungszentrum Jülich, 52425 Jülich
E-Mail: w.wiechert@fz-juelich.de Tel: 0 24 61-61 55 57

Systembiologie

Die (molekulare) Systembiologie ist eine noch junge Teildisziplin der Biologie. Sie befasst sich mit der Struktur und Funktion der komplexen Wechselwirkungsnetzwerke im Innern einer Zelle (vgl. Abb.). Grundlage dafür sind die heute verfügbaren Hochdurchsatz-Meßmethoden („omics“), mit denen genetische und metabolische Prozesse in ihrem Zusammenspiel untersucht werden können. Die hiermit generierten umfangreichen Datensätze werden mit Hilfe mathematischer Modelle ausgewertet. Diese Modelle ermöglichen schließlich Vorhersagen für den gezielten Entwurf neuer aussagekräftiger Experimente. Der Zyklus von Modellbildung und Experiment ist charakteristisch für die Arbeitsweise in der Systembiologie.

Interdisziplinärer Ansatz

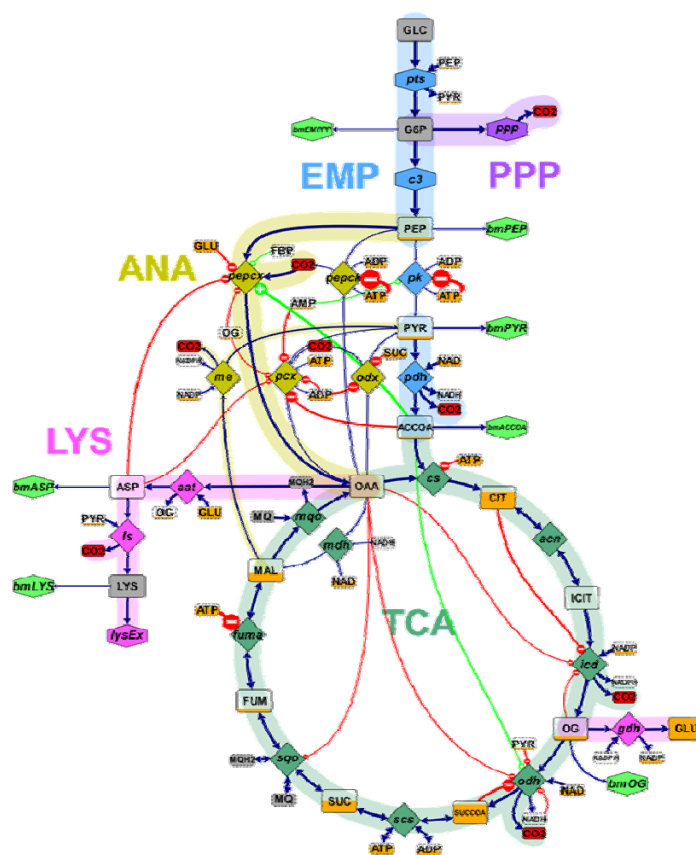
Die Systembiologie hat einen stark fachübergreifenden Charakter:

- als *Systemwissenschaft* bedient sie sich ingenieurwissenschaftlicher Methoden wie Modellbildung, Systemanalyse und Simulation.
- als *biologische Teildisziplin* baut sie auf Erkenntnissen der Molekularbiologie, konkreten Experimenten und Methoden der biochemischen Analytik auf.
- für die Datenauswertung und Werkzeugentwicklung benötigt sie in starkem Maße bekannte und neue Werkzeuge der *Bioinformatik*.

Eine entsprechende Lehrveranstaltung muss daher stets Grundlagen aus allen drei Bereichen vermitteln.

Lehrveranstaltungen

Im WS 2010/11 wird wieder eine „Einführung in die Systembiologie“ gelesen. Die Lehrveranstaltung richtet sich an Informatiker, Biologen und Ingenieure in einem Master-Studiengang. Das Niveau der Darstellung ist so gewählt, dass die verschiedenen Teilgruppen inhaltlich folgen können. Bei Bedarf werden spezifische Lernmodule für Informatiker oder Biologen eingeschoben bzw. flankierende Literatur bereit gestellt.



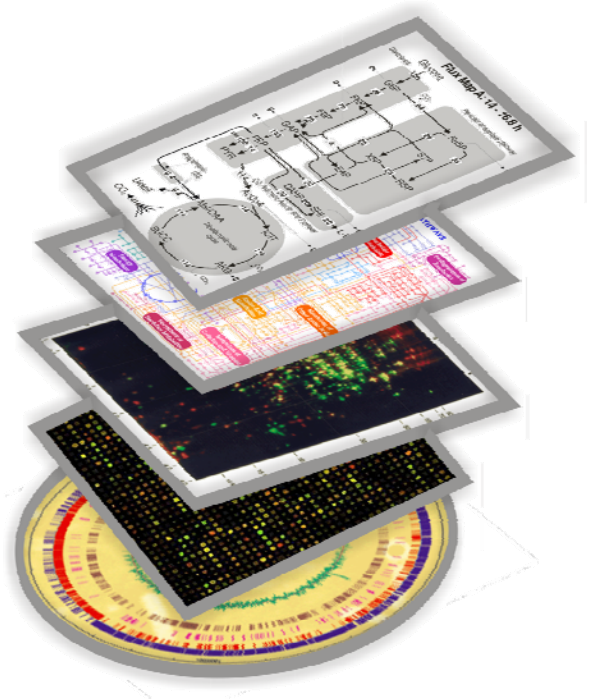
Termine und Anmeldung im WS 2010/11

1. Unverbindliche Anmeldung per E-mail bis 31.12.2010
Unter w.wiechert@fz-juelich.de
2. Pilotvorlesung und Vorbesprechung im Januar/Februar nach Vereinbarung
3. Veranstaltungsblock vom 21.-25. März 2011 am Forschungszentrum Jülich. In den integrierten Übungen werden Beispiele mit vorgegebenen Software-Werkzeugen bearbeitet.

Die Veranstaltung findet sich auch im Vorlesungsverzeichnis der Heinrich-Heine-Universität.

Biotechnologie am Forschungszentrum Jülich

Das Jülicher Biotechnologie-Institut gehört zu den international führenden Forschungseinrichtungen auf dem Gebiet der Industriellen Biotechnologie. Hier arbeiten Biologen, Biochemiker, Ingenieure, Informatiker und Mathematiker in enger Verzahnung gemeinsam an hochkomplexen Problemstellungen. Systembiologische Ansätze werden seit mehreren Jahren durchgehend verwendet, um die genetische und metabolische Regulation von industriell eingesetzten mikrobiellen Stoffproduzenten zu verstehen. Die damit gewonnenen Erkenntnisse werden für eine Verbesserung der Produktivität ausgenutzt. Alle modernen Hochdurchsatzmethoden (Genomics, Transcriptomics, Proteomics, Fluxomics, Metabolomics) sind in Jülich unter einem Dach etabliert. Für die Modellbildung kann auf zwei der weltgrößten Superrechner zurückgegriffen werden.



Vorlesungseinheiten

1. Basic Terminology
 - i. What is Systems Biology ?
 - ii. Typical Systemic Problems
 - iii. Mathematical Modeling
 - iv. Modeling across the Scales

2. Biochemical Networks
 - i. Standard Representation
 - ii. Alternative Representations
 - iii. Reconstruction

3. Statistical Tools
 - i. Omics data
 - ii. Error Transduction
 - iii. Data Visualization
 - iv. Multivariate Methods

4. Stoichiometric Network Analysis
 - i. The Stoichiometric Space
 - ii. Stoichiometric Methods

5. Network Thermodynamics
 - i. Basic Thermodynamics
 - ii. Network Analysis

6. Metabolic Flux Analysis
 - i. Stoichiometric Flux Analysis
 - ii. ^{13}C Flux Analysis
 - iii. Modeling Isotope Networks
 - iv. Flux Estimation