BestMasters

Meik Kunz

Modellierung und Simulation von Protein-Interaktionen am Beispiel von Wirts-Pathogen-Interaktionen

Springer Spektrum

BestMasters

Mit „BestMasters“ zeichnet Springer die besten Masterarbeiten aus, die an renommierten Hochschulen in Deutschland, Österreich und der Schweiz entstanden sind. Die mit Höchstnote ausgezeichneten Arbeiten wurden durch Gutachter zur Veröffentlichung empfohlen und behandeln aktuelle Themen aus unterschiedlichen Fachgebieten der Naturwissenschaften, Psychologie, Technik und Wirtschaftswissenschaften.
Die Reihe wendet sich an Praktiker und Wissenschaftler gleichermaßen und soll insbesondere auch Nachwuchswissenschaftlern Orientierung geben.

Meik Kunz

Modellierung und Simulation von Protein-Interaktionen am Beispiel von Wirts-Pathogen-Interaktionen

Springer Spektrum

Meik Kunz
Würzburg, Deutschland

OnlinePlus Material zu diesem Buch finden Sie auf
http://www.springer.com/978-3-658-16778-3

BestMasters
ISBN 978-3-658-16777-6 ISBN 978-3-658-16778-3 (eBook)
DOI 10.1007/978-3-658-16778-3

Die Deutsche Nationalbibliothek verzeichnet diese Publikation in der Deutschen Nationalbibliografie; detaillierte bibliografische Daten sind im Internet über http://dnb.d-nb.de abrufbar.

Springer Spektrum
© Springer Fachmedien Wiesbaden GmbH 2017
Das Werk einschließlich aller seiner Teile ist urheberrechtlich geschützt. Jede Verwertung, die nicht ausdrücklich vom Urheberrechtsgesetz zugelassen ist, bedarf der vorherigen Zustimmung des Verlags. Das gilt insbesondere für Vervielfältigungen, Bearbeitungen, Übersetzungen, Mikroverfilmungen und die Einspeicherung und Verarbeitung in elektronischen Systemen.
Die Wiedergabe von Gebrauchsnamen, Handelsnamen, Warenbezeichnungen usw. in diesem Werk berechtigt auch ohne besondere Kennzeichnung nicht zu der Annahme, dass solche Namen im Sinne der Warenzeichen- und Markenschutz-Gesetzgebung als frei zu betrachten wären und daher von jedermann benutzt werden dürften.
Der Verlag, die Autoren und die Herausgeber gehen davon aus, dass die Angaben und Informationen in diesem Werk zum Zeitpunkt der Veröffentlichung vollständig und korrekt sind. Weder der Verlag noch die Autoren oder die Herausgeber übernehmen, ausdrücklich oder implizit, Gewähr für den Inhalt des Werkes, etwaige Fehler oder Äußerungen.

Gedruckt auf säurefreiem und chlorfrei gebleichtem Papier

Springer Spektrum ist Teil von Springer Nature
Die eingetragene Gesellschaft ist Springer Fachmedien Wiesbaden GmbH
Die Anschrift der Gesellschaft ist: Abraham-Lincoln-Str. 46, 65189 Wiesbaden, Germany

Lehrstuhlprofil

Der Lehrstuhl für Bioinformatik unter Leitung von Prof. Dr. Thomas Dandekar ist ein interdisziplinär ausgerichteter Lehrstuhl an der Universität Würzburg. Das Hauptaugenmerk liegt in der Analyse großer Datensätze (Genomik, Transkriptomik, Proteomik, Metabolomik) zur Erforschung zellulärer Netzwerke, z.B. bei Infektions- oder aber Krebserkrankungen. Die Verwendung verschiedenster bioinformatischer Analysemethoden sollen hierbei neue Einblicke in die komplexen Zusammenhänge zellulärer Komponenten geben.

Prof. Dr. Thomas Dandekar verfügt über eine langjährige Erfahrung in der funktionellen Genomik und hat u.a. an der Entwicklung zahlreicher bioinformatischer Programme zur Analyse regulatorischer RNA und Proteinen mitgewirkt, etwa zur RNA Analyse der RNA Analyzer und Riboswitch Finder und für Proteinanalysen der AnDOM Server. Wichtige Datenbanken am Lehrstuhl sind z.B. die SMART-Datenbank (Proteindomänen), die Go-Synthetic-Datenbank (Experimente in der synthetischen Biologie und Netzwerkanalysen) und die ITS2-Datenbank (Stammbaumwerkzeug für Eukaryoten).

Ein weiterer Schwerpunkt der Forschung liegt zusätzlich in der Entwicklung neuer Algorithmen und Techniken zur Analyse zellulärer Netzwerke, z.B. wurden zur Modellierung und Berechnung metabolischer Netzwerke YANA (für Stoffwechselwege), YANAsquare (für Fluxstärken) und YANAvergence (für Fluxänderungen/-regulation) oder aber für regulatorische Netzwerke InGeno (Genomanalyse), GENOVA (Molekularbiologie-Design), JANE (Transkriptomanalye unbekannter Genome) und Jimena (Netzwerkkontrolle und dynamische Modellierung) entwickelt.

Neuere Arbeiten beschäftigen sich u.a. mit Metabolismus und Regulation (Cecil et al. 2011, Genome biology; Cecil et al. 2015, Int J Med Microbiol.), Infektionsbiologie (Winstel et al. 2013, Nat Commun.), Immunabwehr bei Pflanzen (Naseem et al. 2014, Bioinform Biol Insights.),

miRNAs (Kunz et al. 2014, J Mol Cell Cardiol.), Signalnetzwerken bei Differenzierung und Krebs (Karl und Dandekar 2015, Sci Rep.; Stratmann et al. 2014, Mol Oncol.) sowie neue emergente Chiptechnologien (Dandekar 2015, Emerging Technologies Competition, London).

Wir arbeiten in diesem Zusammenhang mit nationalen und internationalen Arbeitsgruppen zusammen, z.B. in einem Transregio über Staphylokokken (TRR34) und Pilzinfektionen (TR124, FungiNet), einem IZKF-Projekt über Krebs (BD-247), einem Sonderforschungsbereich über Herz- und Kreislauferkrankungen (SFB688) und einem EU-Projekt über neue Pilzantibiotika (AspMetNet).

Die am Lehrstuhl für Bioinformatik entwickelten Forschungsergebnisse sollen zu einem besseren Verständnis zellulären Funktionen beitragen und so eine bessere Vernetzung von Grundlagenforschung, Biotechnologie (Pflanzen, Proteindesign) und klinischer Anwendung (Krebs, Stammzellen, Kreislauf) ermöglichen.

Danksagung

Ich möchte mich sehr herzlich bei Herrn Prof. Dr. Thomas Dandekar für die intensive Betreuung dieser Master-Thesis bedanken. An dieser Stelle möchte ich mich vor allem besonders für die herausragende Unterstützung während meines Studiums bedanken sowie die wunderbare Möglichkeit und Chance, dass ich mich in verschiedenste Themengebiete einarbeiten und so vielfältige Blickweisen und Arbeitstechniken erlernen konnte.
Bei Herrn Prof. Dr. Markus Engstler möchte ich mich ebenfalls herzlich für die Aufgabe als Zweitgutachter und die Unterstützung bedanken. Auch bedanke ich mich bei meinem Bruder Danilo für das Korrekturlesen dieser Arbeit und die sehr hilfreichen Tipps und Ratschläge.
Der Arbeitsgruppe von Prof. Dr. Dandekar danke ich ebenfalls. Insbesondere bedanke ich mich hierbei bei Liang und Naseem für die Zusammenarbeit und die nützlichen Gespräche.
Meinen Eltern danke ich besonders herzlich für die mir entgegengebrachte Unterstützung und Ermöglichung meines Studiums.
Mein besonderer Dank gilt auch meiner Freundin Petra für Ihre entgegengebrachte Unterstützung und Geduld, was in diesem Umfang nicht selbstverständlich ist!

“I am a firm believer, that without speculation there is no good & original observation.”

Charles Darwin: Letter to A. R. Wallace, 22 December 1857. In F. Burkhardt and S. Smith (eds.), The Correspondence of Charles Darwin 1844-1846 (1987), Vol. 6, 514.