

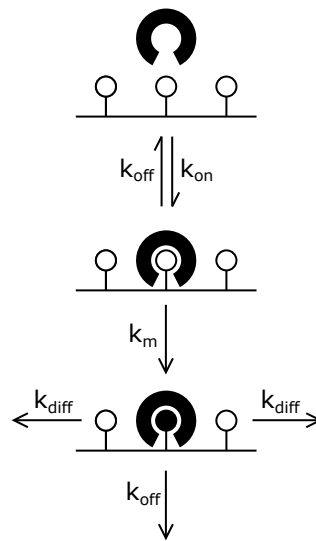
Masterarbeit

Stochastische Modellierung von DNA-Methylierungsmechanismen

Beschreibung:

Durch Modifikationen des Erbguts regulieren Zellen die Genaktivität. Eine der bedeutendsten Modifikationen ist die Methylierung der DNA. Entlang der DNA bilden sich dabei charakteristische Methylierungsmuster heraus, die eine starke räumliche Autokorrelation aufweisen.

Ziel der Arbeit ist es, diesen Zusammenhang mithilfe von mathematischer Modellierung und Simulation zu untersuchen. In einem ersten Schritt soll der enzymatische Mechanismus mittels eines stochastischen Modells beschrieben werden. In einem zweiten Schritt soll dieses dann implementiert werden, um die Bildung von DNA-Methylierungsmustern entlang einer DNA-Sequenz mithilfe des Stochastic Simulation Algorithm (SSA) zu simulieren. Aufbauend darauf soll analysiert werden, inwieweit das Modell die räumliche Autokorrelation reproduzieren kann. Falls der zeitliche Rahmen es erlaubt, kann in einem letzten Schritt eine Parameterstudie durchgeführt werden, um den Einfluss biologisch und modelltheoretisch relevanter Parameter auf die Korrelationsstruktur systematisch zu untersuchen.



Betreuer:

Prof. Dr. Nicole Radde
Georg Bail
Zimmer W05.0.12

Gebiet:

Stochastische Simulation
Epigenetik

Eigenschaften:

Masterarbeit
in angepasster Form auch
als Bachelorarbeit möglich

10 % Literaturrecherche
20 % Modellierung
50 % Implementierung
20 % Simulation

Sprache:

Deutsch oder Englisch

Start:

ab sofort

Voraussetzungen:

- Interesse an einem interdisziplinären Projekt
- Grundkenntnisse Programmieren (Python / Matlab)
- Hilfreich: Grundkenntnisse stochastische Simulation

Weitere Informationen: georg.bail@isa.uni-stuttgart.de