

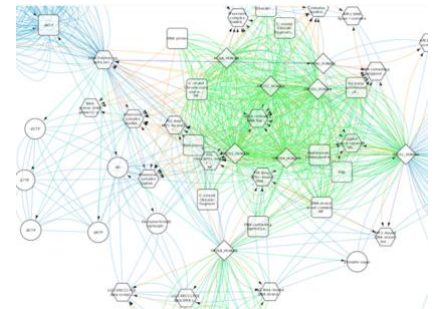
Vorschlag zum Präsentationssetup

1. Einführung: Warum Protein-Protein-Interaktionen wichtig sind

- **Definition:** Proteine interagieren physisch und funktionell miteinander und bilden Netzwerke („interactomes“) — das Rückgrat zellulärer Funktionen.
- **Aussagekraft:**
 - Sie zeigen, **welche Proteine gemeinsam biologische Prozesse steuern**, etwa Signaltransduktion, Genregulation oder Metabolismus.
 - Störungen dieser Interaktionen können Krankheiten verursachen (z. B. Krebs, Autoimmunerkrankungen).
- **Schlussfolgerung:** Statt einzelne Moleküle zu betrachten, müssen wir **Netzwerke als Ganzes** verstehen (Systembiologie).

2. Vorteile räumlicher Trennung und VR-Darstellung

- **Biologischer Mehrwert:**
 - Räumliche Trennung reflektiert **zelluläre Kompartimente** (z. B. Zellkern, Membran, Cytoplasma) — Proteine interagieren meist **ortsabhängig**, nicht zufällig.
 - Eine visuelle 3D- oder VR-Darstellung hilft, **lokale Cluster, Module und Signalfade** zu erkennen, die in 2D-Netzwerken verborgen bleiben.
- **In VR eingebettet, Vorteile:**
 - Erlaubt interaktive Analyse (Zoom, Filter nach Organell, Lokalisierung). Fördert intuitives Verständnis, wie **räumliche Nähe oder Abgrenzung** biologische Regulation beeinflusst.
 - (unübersichtliche 2D-Darstellungen, Haarknäuel)
Quelle:
<https://manual.cytoscape.org/en/stable/Styles.html>



3. Was sind biologische Netzwerke – und wie unterscheiden sie sich?

- **Allgemein:** Netzwerke bestehen aus Knoten (Proteine, Gene, Metabolite) und Kanten (Interaktionen).
- **Biologische Besonderheiten:**
 - **Scale-free:** wenige hochvernetzte Proteine („Hubs“) halten das System zusammen.
 - **Hierarchisch-modular:** kleine funktionelle Gruppen (z. B. Signalwege) sind Teil größerer Module.
 - **Robustheit:** Verlust einzelner Knoten stört das System kaum – außer bei Hubs.
- **Herausforderungen:**
 - Netzwerke sind **unvollständig** und enthalten **Fehlmessungen** (falsch-positive oder -negative Interaktionen).
 - Viele Interaktionen sind **kontextabhängig** (Zelltyp, Zustand, Zeit).

4. Datenquellen und Herausforderungen

- **Quellen:**
 - Experimentell: Yeast Two-Hybrid, Massenspektrometrie, Co-Immunopräzipitation.
 - Rechnerisch: Text Mining, Sequenzähnlichkeit, Co-Expression.
 - Datenbanken: STRING, BioGRID, IntAct, HumanNet, DIP.

- **Probleme:**
 - Unterschiedliche **Abdeckung** und **Qualität** je nach Methode.
 - Bias zu stark untersuchten Genen (z. B. TP53, EGFR).
 - Fehlende Kontextinformation: wann, wo und wie stark eine Interaktion aktiv ist.
- **Ziele des Projekts:** Ergänzung durch **räumliche Lokalisierung** → biologisch relevantere Darstellung.

5. Projektworkflow (Beispielhafte Aufteilung)

1. **Datenintegration** – (Person A): Sammeln von PPI- und Lokalisationsdaten, Bereinigung.
2. **Mapping und Modellierung** – (Person B): Entwicklung des räumlichen Organell-Modells (x, y, z).
3. **VR-Implementierung** – (Person C): Visualisierung und Interaktion im 3D-Raum.
4. **Analyse & Evaluation** – (Team): Interpretation biologischer Muster (Cluster, Hubs, Pfade).

6. Zielsetzung

- Aufbau eines **interaktiven, 3D-räumlichen Protein-Interaktionsnetzwerks**, das:
 - Biologisch valide Lokalisierungen integriert,
 - Komplexe Interaktionsmuster visuell erkennbar macht,
 - Und neue Hypothesen zur **räumlichen Organisation von Zellprozessen** ermöglicht.