Dr. Julia Helmecke

Bioinformatikerin

julia-helmecke.de
julia.helmecke@tu-bs.de
0151 - 15368527
Weinbergstr. 4, 38350 Helmstedt
10. Mai 1990 in Starnberg

Mehr auf den nächsten Seiten
oder auf julia-helmecke.de

Berufserfahrung

09/2019 - heute

POSTDOC IN DER BIOINFORMATIK
an der TU Braunschweig, bei BRENDA Enzymes

- Update und Weiterentwicklung des Tools für vergleichende Genomannotation *EnzymeDetector*
- Eigenverantwortliche Entwicklung des neuen Tools für die Weitergabe und Nutzung von Stoffwechselkarten MetaboMAPS
- Weiterentwicklung der BRENDA Stoffwechselkarte
- Weiterentwicklung des Tools für metabolische Modellierung MMTB

06/2016 - 10/2019

DOKTORANDIN IN DER BIOINFORMATIK
an der TU Braunschweig

Eigenverantwortliche Arbeit in mehreren Projekten:

- Metabolische Modellierung und *in silico* Engineering
- Entwicklung von Tools zur Analyse von biochemischen Netzwerken
- Entwicklung eines interaktiven Web Service für die Erstellung und Analyse von metabolischen Modellen
- Entwicklung von interaktiven SVG-Karten des Stoffwechsels

Abgeschlossen mit *magna cum laude*

09/2014 - 06/2015

ARBEIT ALS WISSENSCHAFTLICHE HILFSKRAFT
beim Helmholtz-Zentrum für Infektionsforschung

- Phenotypisierung, qPCR, ELISA
- Auswertung der Daten

Ausbildung

10/2014 - 05/2016

MASTER OF SCIENCE IN BIOLOGIE
an der TU Braunschweig

Note der Abschlussarbeit: 1,3
Abschlussnote: 1,4

10/2009 - 10/2014

BACHELOR OF SCIENCE IN BIOLOGIE
an der Universität Bayreuth/ TU Braunschweig

Note der Abschlussarbeit: 1,3
Abschlussnote: 2,4

06/2009

ABITUR
am Gymnasium Julianum

Abschlussnote: 1,9

Dr. Julia Helmecke

Bioinformatikerin

julia-helmecke.de
julia.helmecke@tu-bs.de
0151 - 15368527
Weinbergstr. 4,
38350 Helmstedt

Expertise

Datenintegration & Visualisierung
Software- & Webentwicklung
Systembiologie

Soft Skills

Kreativität
Analytisches Denken
Kommunikation

Interessen

Hallenfußball
Grafikdesign & Typografie
Bücher schreiben
Landschaftsfotografie

Portfolio

METANO TOOLBOX
Open-Source Toolbox für metabolische Modellierung

Entwickelt in Python 3, Solver: GLPK

pypi.org/project/metano

MMTB
Web-Interface zu Metano und Datenbank für Reaktionen und Metabolite

Backend in Python via Flask

mmtb.brenda-enzymes.org

METABOMAPS
Plattform für Visualisierung von Omics-Daten auf Stoffwechselwegen

Backend in PHP, Frontend in JavaScript

metabomaps.brenda-enzymes.org

BRENDA STOFFWECHSELKARTE
Neuimplementierung und Weiterentwicklung der Stoffwechselkarte: Zoom-basierte Darstellung, Visualisierung von Daten

SVG-Manipulation mit D3.js

brenda-enzymes.org/pathway_index.php

Publikationen

2020 **Helmecke, J.**, Schomburg, D. & Neumann-Schaal, M. (2019). MetaboMAPS: Pathway Sharing and Multi-omics Data Visualization in Metabolic Context. *under review*.

2019 **Helmecke, J**. *Vom Genom zum systemweiten Verständnis des Stoffwechsels thermoacidodophiler Sulfolobales* Dissertation (Technische Universität Braunschweig, 2019), 1–188.

2019 Vetter, A. M., **Helmecke, J.**, Schomburg, D. & Neumann-Schaal, M. (2019). The Impact of Pyroglutamate: *Sulfolobus acidocaldarius* Has a Growth Advantage over *Saccharolobus solfataricus* in Glutamate-Containing Media. Archaea, 2019, 1–9.

2018 Steglich, M., Hofmann, J. D., **Helmecke, J.**, Sikorski, J., Spröer, C., Riedel, T., … Nübel, U. (2018). Convergent Loss of ABC Transporter Genes from *Clostridioides difficile* Genomes is Associated with Impaired Tyrosine Uptake and p-Cresol Production. Frontiers in Microbiology, 9, 901.

Dr. Julia Helmecke

Bioinformatikerin

julia-helmecke.de
julia.helmecke@tu-bs.de
0151 - 15368527
Weinbergstr. 4,
38350 Helmstedt

Hard Skills

- Python 3
- Web Development
  - HTML 5, CSS, …
  - Bootstrap 4
  - JavaScript
  - PHP
  - Flask Framework
- R
- MySQL
- LaTeX

- Microsoft Word
- Microsoft Excel
- Adobe Illustrator
- Adobe InDesign
- Adobe Photoshop

- Linux
- Windows

Sprachen

- Deutsch
- Englisch
- Spanisch

ZUSAMMENFASSUNG DER DOKTORARBEIT

Archaea are globally distributed and can even be found in harsh environments, including high salt concentrations, acidic or alcaline pH, as well as temperatures close to the boiling or freezing point of water. Archaea evolved unique metabolic strategies to adapt to these hostile conditions and are therefore of high interest to biotechnology.

In this study, the metabolism of thermoacidophilic Sulfolobales was investigated. In order to establish a basis for metabolic modeling and systems biology, the genomes of four members of Sulfolobales were reannotated. As a result, the amount of uncharacterized proteins was reduced from 32 % to 18 %.

MMTB, a web-based tool, was developed for generating and analyzing metabolic models. Generating models is accomplished by associating biochemical reactions to genome annotations. Analyzing models is accomplished via visualizations and an interface to the open source toolbox Metano.

On the basis of the reannotation and with help of MMTB, a genome-wide metabolic model of *Sulfolobus acidocaldarius* was developed. The generated metabolic model is able to predict quantitative growth of *S. acidocaldarius* and was evaluated and used in two use cases. First, investigating the catabolism of amino acids revealed that the valine degradation pathway depends on availability of other amino acids. Second, investigating targets for metabolic engineering to produce ethanol from lignocellulosic biomass revealed that inserting a phosphofructokinase is essential for ethanol production in *S. acidocaldarius*.

Further, the reannotation was used to draw metabolic maps for the four Sulfolobales. To enhance those maps and allow integrating systems biological data, the web-based MetaboMAPS was developed. MetaboMAPS directly visualizes large-scale datasets on the metabolic maps. This innovative visualization technique was made available to an international audience by integrating it into BRENDA metabolic pathway maps.

This study contributes to the systems understanding of Sulfolobales, by providing reannotation of four species, genome-wide metabolic modeling, and development of MetaboMAPS. The value of these contributions was demonstrated in several examples from the disciplines of systems biology and biotechnology. Additionally, this work contributes to the community of systems biology by providing the MMTB and new data integration tools in BRENDA metabolic pathway maps.

Dr. Julia Helmecke
Bioinformatikerin

julia-helmecke.de
julia.helmecke@tu-bs.de
0151 - 15368527
Weinbergstr. 4,
38350 Helmstedt