

JKU: Neue Software für Krebsdiagnose



Marc Streit vom Institut für Computergrafik an der JKU. (Foto: JKU)

Hinter dem Schlagwort „Krebs“ verbergen sich nicht nur menschliche Schicksale, sondern auch eine Vielzahl verschiedener Arten der Krankheit. Zusätzlich zu den allgemein bekannten Arten von Krebs, wie zum Beispiel Brustkrebs, gibt es noch eine große Anzahl von Subtypen. Derzeit sind nur wenige dieser Subtypen bekannt, was die Behandlung massiv erschwert. In einem internationalen Forschungsprojekt hat nun die JKU gemeinsam mit der TU Graz, der Harvard Medical School und der Universität Rostock eine Software entwickelt, die Biologen und Ärzten ermöglicht, eine Art „Atlas“ der Krebs-Subtypen zu erstellen.

Kennt man den konkret vorliegenden Subtypen nicht, können die Ärzte nur nach Wahrscheinlichkeiten vorgehen. „Bei Brustkrebs etwa wird zuerst die Behandlung durchgeführt, die bei den meisten Patientinnen Erfolg verspricht. Wirkt die Behandlung nicht, kommt die Methode, die am zweithäufigsten wirkt, zum Zug“, erklärt Marc Streit vom Institut für Computergrafik an der JKU. Dieses Vorgehen verursacht nicht nur enorme Kosten, sondern kostet vor allem wertvolle Zeit. „Überspitzt formuliert ist es so, als würde die Feuerwehr bei einem Brand einfach auf gut Glück zu dem Haus fahren, das am wahrscheinlichsten brennt“, so Streit.

Im Rahmen des "The Cancer Genome Atlas" Projektes (TCGA) werden in den USA für die 20 häufigsten Krebs-Typen alle erdenklichen Daten von tausenden Patienten gesammelt. Dazu werden DNA-Profile ebenso herangezogen wie klinische Daten, Krankengeschichte und vieles mehr. Auf diesen weltweit einzigartigen Datensatz durfte das Forschungsprojekt zugreifen.

Die Basis für die neuartigen Methoden zur Subtyp-Erkennung bildet das in fünfjähriger Arbeit von der TU Graz und der JKU entwickelte Programm „Caleydo“. Dabei gingen die Forscher neue Wege. „Normalerweise werden statistische Analysen vollautomatisch vom Computer ausgewertet. Dabei werden aber nur die mathematisch beweisbaren und offensichtlichen Beobachtungen gemacht. Bei unserem Ansatz geht es um interaktive Visualisierung. Damit wird auch die einzigartige Fähigkeit des Menschen einbezogen, Muster zu erkennen sowie logische Schlussfolgerungen zu ziehen. Dies erlaubt dem Benutzer, die Daten interaktiv zu erkunden“, erklärt Streit. Die Arbeiten wurden bereits mit einem „Best Paper Award“ ausgezeichnet. Derzeit verfeinern die Wissenschaftler die Software gemeinsam mit Mediziner und Biologen.

Profitieren können davon vor allem die Patienten. Denn Caleydo ermöglicht die Erkennung unterschiedlicher Tumortypen. „Und damit auf lange Sicht potentiell eine deutlich verbesserte und zielgenauere Behandlung“, weiß Alexander Lex von der TU Graz um die Bedeutung des neuen Programms, das von der Fachwelt bereits mit Begeisterung angenommen wird.

