



Mag. CHRISTIAN SAVOY
Universitätskommunikation

Tel.: +43 732 2468-3012
Fax: +43 732 2468-9839
christian.savoy@jku.at

Linz, 28. Oktober 2014

Krebs besser verstehen durch Software von JKU, TU Graz und Harvard

Moderne biomedizinische Forschung läuft heute in erster Linie über Computer – dabei werden gewaltige Datenmengen über Patienten und Krankheiten gesammelt und analysiert. Diese Daten sind eine wahre Schatzgrube für Mediziner und Biologen, um beispielsweise genetische Mutationen zu finden, die Krebs auslösen. Allerdings können solche Informationsmengen von Menschen unmöglich manuell exploriert und bearbeitet werden. Ein Gemeinschaftsprojekt der Johannes Kepler Universität (JKU) Linz mit der TU Graz und der Harvard University (USA) hat eine zukunftsweisende Software entwickelt, die nun im Fachmagazin „Nature Methods“ veröffentlicht wurde.

Computeralgorithmen und Visualisierungen können Biologen und Mediziner bei ihrer Arbeit helfen. Allerdings müssen sich die Forscher oft auf Vermutungen verlassen, welche Gene oder andere Variablen die Patienten auf welche Weise beeinflussen. Um die Daten zu analysieren, müssen sie oft selbst Programme schreiben, um Muster zu finden und diese dann mit Statistik-Software auswerten.

Kurz: Es ist meist ein mühevoller Weg, der viel Zeit, Anstrengung und spezielle Computerkenntnisse erfordert. Genau hier haben Forscher des *Instituts für Computergrafik* an der JKU sowie des *Instituts für Maschinelles Sehen und Darstellen* an der TU Graz in Zusammenarbeit mit dem Park Lab am *Center for Biomedical Informatics* an der *Harvard Medical School* und dem Pfister Lab an der *Harvard School of Engineering and Applied Sciences (SEAS)* angesetzt. Gemeinsam wurde eine Software entwickelt, die es Biologen und Mediziner ermöglicht, genau die Zusammenhänge aus den Daten herauszufischen, die sie benötigen – ohne selbst Programme schreiben zu müssen.

„Richtige Fragen stellen“

„Die Software hilft, aus den vorliegenden Daten Sinn zu machen und überhaupt erst die richtigen Fragen stellen zu können. Forscher bekommen eine unverfälschte Sicht auf Muster in den Daten und können dann herausfinden, ob diese relevant sind“, so Nils Gehlenborg, einer der Forscher an der Harvard Medical School und Co-Senior-Autor des „Nature Methods“-Artikels. *„Wir wollen Forschern, die keine Statistikexperten sind, ein Tool geben, das ihnen erlaubt neue Hypothesen zu generieren ohne von Informatikern abhängig zu sein und ohne falschen Fährten zu folgen“,* meint auch Peter Park, Harvard Medical School Professor für Pädiatrie am Boston Children’s Hospital.

Die Software mit dem Namen „StratomeX“ wurde entwickelt, um Forschern bei der Klassifizierung von Krebsarten und bei der Auswertung der enormen Datenmengen des „The Cancer Genome Atlas“-Projektes zu helfen. Eine effiziente Identifikation unterschiedlicher Tumortypen ist die Basis für eine effizientere und individuellere Krebstherapie in der Zukunft.

Daten sammeln und darstellen

„StratomeX“ vergleicht Tumordaten auf molekularer Ebene von hunderten von Patienten und erkennt Muster, die auf Gemeinsamkeiten oder Unterschiede zwischen Patientengruppen hinweisen. Die Ergebnisse werden visuell aufbereitet, um sie Biologen und Medizinern möglichst klar und verständlich zu präsentieren. Aus den Ergebnissen kann man etwa erkennen, ob manche Patienten eine längere Lebenserwartung haben – und was sie von anderen Patienten unterscheidet. *„Der Forscher kann relevante Fragen stellen, die Antworten erheben und über modifizierte Fragestellungen zu immer besseren Ergebnissen gelangen“,* erklärt Ass.Prof. Marc Streit vom JKU Institut für Computergrafik, der als Gastprofessor in Harvard geforscht und gelehrt hat. Forscher können dann die gefundenen Resultate in klinischen Studien testen.

Allgemein anwendbar

„StratomeX“ ist zwar nicht die erste Software zur Visualisierung großer Datensätze, aber die erste, speziell auf die Identifikation von Tumortypen zugeschnittene. *„Obwohl für Krebsforschung entwickelt, kann die Software auch zur Analyse von Daten anderer Krankheiten verwendet werden“,* so Alexander Lex, PostDoc an der Harvard Universität. „StratomeX“ ist über <http://caleydo.org> frei verfügbar. *„In Zukunft hoffen wir, dass wir noch zielgerichteter Details in den Daten finden können, die eine Rolle in Krankheiten spielen“,* erklärt Streit abschließend.

Das austroamerikanische Projekt erlangte bereits großes Aufsehen in der Fachwelt und wird unter anderem durch den österreichischen *Wissenschaftsfond FWF* und das US *National Institute of Health (NIH)* gefördert. Das Projekt ist ein Beleg für das Knowhow auf medizinischem Gebiet, das die JKU bereits jetzt aufweist. Neben Ass.Prof. Streit forschen bereits 66 Institute und Abteilungen der JKU im medizinischen oder medizinnahen Bereich. „Mit der neuen Medizinischen Fakultät werden hier an der JKU in Zukunft sicher noch weitere Impulse gesetzt“, erwartet Streit.

Dieser Text basiert auf folgender Presseaussendung der Harvard Medical School vom 2.10.2014: <http://hms.harvard.edu/news/pattern-recognition>

Rückfragen:

Ass.Prof. Marc Streit

Institut für Computergrafik

Johannes Kepler Universität Linz

Tel.: 0732 / 2468 - 6635

E-Mail: marc.streit@jku.at