

NEWS

ÜBER UNS

VERANSTALTUNGEN

FOTOS

VIDEOS

DOWNLOAD

KONTAKT

LINKS

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

08. Oktober 2014, 12:24  
Alter: 21 Tage

**Mit Hilfe von Computern sammelt und analysiert die biomedizinische Forschung heute gewaltige Datenmengen über Patienten und Krankheiten. Eine neue Software hilft nun, diese zu analysieren und auszuwerten.**

Computeralgorithmen und Visualisierungen können Biologen und Medizinern bei ihrer Arbeit helfen. Allerdings müssen sich die Forscher oft auf Vermutungen verlassen, welche Gene oder andere Variablen die PatientInnen 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. 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.



Eine neue Software hilft Forschenden in Biologie und Medizin, aus Daten Sinn zu machen. (Foto: Caleydo Team)

### Hilfe ersetzt Selbsthilfe

Kurz: Es ist meist ein mühevoller Weg, der viel Zeit, Anstrengung und spezielle Computerkenntnisse erfordert. Genau hier haben ForscherInnen 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 BiologInnen und MedizinerInnen 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. ForscherInnen bekommen eine unverfälschte Sicht auf Muster in den Daten und können dann herausfinden, ob diese relevant sind“, so Nils Gehlenborg, einer der ForscherInnen an der Harvard Medical School und Co-Senior-Autor des „Nature Methods“-Artikels. „Wir wollen ForscherInnen, die keine StatistikexpertInnen 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 ForscherInnen 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 PatientInnen und erkennt Muster, die auf Gemeinsamkeiten oder Unterschiede zwischen PatientInnengruppen hinweisen. Die Ergebnisse werden visuell aufbereitet, um sie BiologInnen und MedizinerInnen möglichst klar und verständlich zu präsentieren. Aus den Ergebnissen kann man etwa erkennen, ob manche PatientInnen eine längere Lebenserwartung haben – und was sie von anderen PatientInnen unterscheidet. „ForscherInnen können 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. ForscherInnen 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 [caleydo.org](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.

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

« zurück

### TU Austria Broschüre



### TU Austria Positionspapier



### TU Austria Erfolge 2004-14



### TU Austria in 90 Sekunden

### TU Austria Durchlässigkeitspapier



Eine Kooperation von:

