

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

6. Oktober 2014

Medizin/Pharmakologie - Biowissenschaften

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 MedizinerInnen und BiologInnen, 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 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. 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 <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: hms.harvard.edu/news/pattern-recognition

Copyright - Scimetrix