

# Stau im Datenfluss

Je realitätsnäher die biomedizinischen Methoden sind, desto mehr Daten produzieren sie. **Leider fehlen Experten**, um sie auszuwerten.

VON TOBIAS STOLZENBERG



In Biobanken sind Gewebe- und DNA-Proben, Körperflüssigkeiten und Organoiden eingefroren. Sie sind die Grundlage dafür, dass Forschende immer wieder neue Daten für neue Fragestellungen erzeugen können.

Foto: Oliver Middendorp/HH/laif

**F**orscher des Europäischen Instituts für Bioinformatik haben es ausgerechnet: Jahr für Jahr verdoppelt sich die Datenmenge, die sie auf ihren Servern lagern. Und die ungezählten Datensammlungen, die anderswo Protein- und Genomsequenzen, Genexpressionsmuster, Stoffwechselforgänge oder molekulare Signalwege bereithalten, warten mit ähnlichen Zuwachsraten auf. Mit den modernen Organ- und Organoid-on-chip-Systemen kommen nun noch einmal mehr hinzu (siehe Seite 72).

Das ist einerseits gut, denn von diesen Zusammenhängen erhoffen sich Forscher neue Erkenntnisse über Krankheiten, die die Medizin bislang nicht in den Griff bekommt. In ihnen steckt zudem die Chance, auf den Patienten individuell zugeschnittene Behandlungsmethoden zu entwickeln. Andererseits jedoch wächst ein Datenlabyrinth, in dem sich kaum noch ein Forscher zurechtfindet. Denn Erkrankungen wie Krebs, Herzinfarkt oder Alzheimer entstehen durch ein unüberschaubares Zusammenspiel unterschiedlichster Faktoren.

**Drei Probleme behindern** derzeit die Auswertung: Erstens erfordert jede biomedizinische Frage individuelle Lösungsansätze. Es gibt daher keine standardisierten Lösungen wie bei den Big-Data-Aufkommen, mit denen Google, Netflix oder Amazon jonglieren. Forscher können also weder auf passende Algorithmen zurückgreifen noch existierende Schnittstellen nutzen, um die Datenbanken unterschiedlicher Forschungsgruppen zu verbinden. Zweitens sind Naturwissenschaftler und Mediziner in der Regel keine Informatiker. Es existieren also kaum Verbindungen zwischen den so unterschiedlichen Fächern wie Medizin und Biologie einerseits und Informatik andererseits. Und drittens mangelt es an versierten Bioinformatikern, um diese Lücke zu füllen, sagt Tim Hulsen von der Abteilung Translational Research IT bei Philips im niederländischen Eindhoven. Gesucht seien Fachleute, die nicht nur etwas von der Informatik verstehen. „Die müssen sich auch hervorragend mit

den einzelnen Krankheitsbildern und den verschiedenen Labormethoden auskennen.“

Die Datenarchive sind „gerade für unerfahrene Nutzer ohne ausreichende Expertise ein gewaltiges Hindernis“, bestätigt Sumit K. Chanda vom Sanford Burnham Prebys Medical Discovery Institute, einem gemeinnützigen medizinischen Forschungsinstitut im kalifornischen La Jolla. Um es zu überwinden, hat er zusammen mit Kollegen der Novartis Research Foundation und der University of California das Open-Access-Portal Metascope entwickelt, in dem mehr als 40 biomedizinische Datenbanken zusammengefasst sind. „Bisher musste ein Forscher eine proprietäre Software nutzen, um etwa anhand eines gefundenen Proteins auf die dazugehörige Gensequenz zu schließen. Ein anderes spezielles Software-Tool einer anderen Datenbank half ihm, die Stoffwechselforgänge zu verstehen. Mit einer dritten Plattform und einem Werkzeug, das wiederum vollkommen anders funktioniert, musste er dann die Proteininteraktionen klären“, beschreibt Chanda die mühevollen Arbeit eines Wissenschaftlers. „Und um das alles schließlich zu visualisieren, muss sich der Forscher dann noch mal in eine ganz neue Software einarbeiten.“

**Bei Metascope könne** der Forscher hingegen über eine zentrale Weboberfläche auf diese Datensätze zugreifen, ohne sich mit der dahinterstehenden Bioinformatik auskennen zu müssen. Der Nutzer muss sich also nicht immer wieder neu einarbeiten.

„Wir helfen den Biologen, ihre eigenen Daten besser zu verstehen. So können sie sich ihren eigentlichen Aufgaben widmen und Krankheitsursachen erforschen, bessere Impfstoffe oder neue Wirkstoffe für Patienten entwickeln.“ Zum Beispiel gelang es Züricher Forschern, mithilfe der Analysetools neue Moleküle zu identifizieren, die für die Vermehrung des Grippevirus eine wichtige Rolle spielen. Blockiert man diese Wirtspoteine, können sich die Viren weniger gut vermehren. <