



Swiss Institute of
Bioinformatics

PRESSEMITTEILUNG

Molekulare Big Data, eine neue Waffe für die Medizin - Im September treffen sich Experten in der Schweiz

Lausanne, 28. August 2019 – Die Möglichkeit, die Übertragung eines Virus während eines Ausbruchs in Echtzeit zu visualisieren oder die Krebsbehandlung anhand der Mutationen in Einzelzellen eines Tumors besser anzupassen, sind nur zwei Beispiele dafür, was molekulare Big Data weltweit für Medizin und Gesundheit leisten können. Vom 9. bis 11. September treffen sich Wissenschaftler, die im Ausland und in der Schweiz auf diesem Gebiet tätig sind, zu der vom SIB Schweizerischen Institut für Bioinformatik organisierten [\[BC\]² Basel Computational Biology Conference](#), einer der wichtigsten Bioinformatik-Veranstaltungen Europas: eine hervorragende Gelegenheit, sich mit Beiträgen führender Experten auf diesem Gebiet – von der Präzisionsonkologie bis hin zu Infektionskrankheiten – auseinanderzusetzen.

Warum ist die rechnergestützte Biologie so wichtig? Der technologische Fortschritt hat uns mit Volldampf ins Zeitalter der Genomik befördert, wobei biologische und medizinische Daten mit exponentieller Geschwindigkeit in globale Datenbanken fließen. In Kombination mit der wachsenden Fülle an digitalen Gesundheitsakten und klinischen Studien versprechen diese Terabyte an Daten wertvolle Einblicke in die biologischen Mechanismen von Gesundheit, Alterung und Krankheiten des Menschen. Ohne modernste Berechnungsmethoden, -ressourcen und -lösungen – einschliesslich maschineller Lernansätze – ist es jedoch nahezu unmöglich, Wissen daraus zu extrahieren, geschweige denn klinische Anwendungen zu entwickeln. Die [BC]² Basel Computational Biology Conference zielt genau darauf ab, den Transfer dieses Wissens unter den heutigen Wissenschaftlern zu fördern.

Schweizer Fachkompetenz, internationale Reichweite. Dank dem vor 20 Jahren gegründeten SIB Schweizerischen Institut für Bioinformatik kann die Schweiz auf eine lange Tradition in der Pflege und Analyse biologischer Daten zurückblicken. Es organisiert alle zwei Jahre die [BC]² Basel Computational Biology Conference, die dieses Jahr dazu beitragen soll, die Lücke zwischen Big Data und klinischen Anwendungen zu schliessen. Zu diesem Zweck werden eine Reihe von Workshops und Fachvorträgen abgehalten, die den aktuellen Wissensstand aufzeigen. An der Konferenz werden namhafte Hauptreferenten und über 300 Personen aus aller Welt teilnehmen. Sie ist mit einem [wissenschaftlichen Komitee](#), das sich ausschliesslich aus Gruppenleitern des SIB zusammensetzt, unter anderem der Co-Vorsitzenden Niko Beerenwinkel (ETH Zürich) und Erik van Nimwegen (Universität Basel), tief in der Schweiz verwurzelt. Erik van Nimwegen erklärt: «Die Anwendung von Big Data in der Medizin ist vielversprechend, aber im Grossen und Ganzen müssen diese hohen Erwartungen zuerst noch erfüllt werden. Es ist ein echtes Privileg, die Experten aus aller Welt in der Schweiz zu versammeln, um zu erfahren, wo wir stehen, und zu diskutieren, welches die wichtigsten Herausforderungen bei der Erfüllung dieses Versprechens sind.»

Von der Präzisionsonkologie bis hin zu Infektionskrankheiten – was Fachleute zu sagen haben. Aus den zahlreichen Tracks und Veranstaltungen der Konferenz ergeben sich drei Themen von weitreichender Bedeutung:

1) *Von Einzelzell-Daten zur Präzisionsonkologie:* Genomweite Daten aus Einzelzellen sind in der Krebsforschung und der Präzisionsonkologie unerlässlich geworden. Die Identifizierung und Interpretation der Folgen von Mutationen in der DNA einzelner Zellen eines Tumors ist der Schlüssel zur Klassifizierung des Tumorstadiums und zur Ermittlung geeigneter Therapien. Der SIB-



Gruppenleiter Manfred Claassen (ETH Zürich), Co-Vorsitzender der Veranstaltung zu Einzelzell-Daten, meint dazu: «Dank neuer Techniken, die es uns ermöglichen, Tumore auf der Ebene einzelner Zellen zu erforschen, ändern wir unseren Weg zur Krebsbekämpfung: Ein Tumor wird heute als ein vielfältiges Ökosystem innerhalb des umgebenden Gewebes betrachtet, was die Grundlage für eine gezieltere Behandlung schafft.»

2) *Von der Sequenzierung von Krankheitserregern bis zur Bekämpfung von Infektionskrankheiten:* Viele Krankheiten werden durch schnell mutierende und zunehmend arzneimittelresistente Mikroorganismen verursacht. Die Charakterisierung von Krankheitserregern auf molekularer und genomischer Ebene ist daher für die Entwicklung von Medikamenten und Impfstoffen sowie für die Überwachung von Krankheitsausbrüchen unerlässlich. «Schon jetzt spielen Tools wie [NextStrain](#) eine wichtige Rolle, um Ausbrüche von Krankheitserregern wie Ebola- oder Zika-Viren in Echtzeit zu analysieren und zu verfolgen. Massnahmen im Gesundheitswesen werden in Zukunft zunehmend auf solche Bioinformatik-Werkzeuge angewiesen sein, um ihre Ressourcen zuzuweisen», meint dazu Richard Neher, SIB-Gruppenleiter (Universität Basel), Co-Vorsitzender der Veranstaltung zur Evolutionsmedizin.

3) *Analysen und Verfahren für biologische Big Data:* Letztendlich stammen aus der Grundlagenforschung erhaltene Big Data aus vielen verschiedenen (z. B. Sequenz, Genexpression und biochemische Daten). Die Extraktion nützlicher Informationen aus solchen vielfältigen Daten erfordert genau zugeschnittene Werkzeuge und Methoden, einschliesslich spezieller Algorithmen für das maschinelle Lernen. SIB-Gruppenleiterin Julia Vogt (ETH Zürich), Co-Vorsitzende der Veranstaltung zur Integration von Daten auf mehreren Ebenen, stellt fest: «In der Präzisionsmedizin werden maschinelle Lerntechniken immer wichtiger - sowohl um die grosse Vielfalt der Datentypen zu integrieren, die zur Charakterisierung jedes Patienten verwendet werden, als auch um in diesen komplexen hochdimensionalen Daten versteckte Muster zu identifizieren. Letztere können dann als Biomarker verwendet werden, welche helfen die Anfälligkeit für eine Krankheit vorherzusagen.»

2019 wird [BC]² integraler Bestandteil von [BASEL LIFE](#), des führenden europäischen Kongresses für Life Sciences im Congress Center Basel sein. Die Veranstaltung wird somit den wissenschaftlichen Austausch zwischen computergestützten und experimentellen Disziplinen sowie zwischen Wissenschaft und Industrie fördern.

Auszeichnung des Nachwuchses an Bioinformatikern: die SIB Awards

Die Konferenz [BC]² wird auch den Rahmen für die Preisverleihung der [SIB Awards](#) bieten, die zum zehnten Mal die Exzellenz von zwei Nachwuchsforschern – sowohl international als auch aus der Schweiz – sowie einer Bioinformatik-Ressource (Datenbank oder Software) von besonderer Bedeutung für die Life Science Community würdigen. Wie uns frühere Preisträger in einer [Reihe von Gesprächen](#) mitgeteilt haben, dient diese Anerkennung als Sprungbrett für junge Forscher, aber auch für neue Tools.

HOCHAUFLÖSENDES LOGO UND BILDER

Über das SIB Schweizerische Institut für Bioinformatik

Das [SIB Schweizerische Institut für Bioinformatik](#) ist eine akademische, gemeinnützige Organisation. Auftrag des Instituts ist es, das Gebiet der Bioinformatik in der Schweiz zu leiten und zu koordinieren. Die Data-Science-Experten des SIB bündeln ihre Kompetenzen mit dem Ziel, die biologische und medizinische Forschung voranzubringen und das Gesundheitswesen zu verbessern, indem sie (i) für die nationale und internationale naturwissenschaftliche Forschung in Life Sciences hochmoderne bioinformatische Infrastruktur einschliesslich Ressourcen, Fachkompetenz und Dienstleistungen bereitstellen; (ii) Spitzenforscher verbinden und Fortbildung auf dem Gebiet der Bioinformatik durchführen. Das SIB besteht aus rund 80 Forschungs- und Dienstleistungsgruppen von Weltrang mit etwa 800 Forschern in den Bereichen Genomik, Proteomik, Evolution und Phylogenie,



Systembiologie, Strukturbiologie, Textmining und maschinelles Lernen sowie personalisierte Gesundheit.

MEDIENKONTAKT

Maia Berman - Communications Manager - maia.berman@sib.swiss - +41 21 692 40 54

Marie Dangles - Head of Communications - marie.dangles@sib.swiss - +41 21 692 40 75