

## Linzer Bioinformatiker entwickeln Alternativen zu Labortests

10. August 2014, 16:06

### **Bioinformatik-Institut der Johannes-Kepler-Universität wurde wissenschaftlicher Partner von Johnson & Johnson**

Linz - Die Entwicklung von Computerprognosen als Alternativen zu Labortests bei der Entwicklung neuer Medikamente hat sich für das Bioinformatik-Institut an der Linzer Johannes-Kepler-Universität (JKU) bezahlt gemacht: Die Forscher der Firma Janssen, die Forschungsabteilung des US-Konsumgüter- und Healthcarekonzerns Johnson & Johnson, haben es als wissenschaftlichen Partner ausgewählt.

### **Weniger Versuchstiere, schnellere Versuchsreihen**

In einer Presseaussendung der Linzer Uni erklärte der Leiter des Institutes, Sepp Hochreiter, das Interesse der Pharmaindustrie an speziellen Vorhersagemodellen damit, dass die Computermodelle und deren Vorhersagen immer genauer und besser würden. Damit würden nicht nur weniger Versuchstiere benötigt, die Unternehmen könnten auch die Anzahl ihrer Fehlschläge verringern, wodurch mehr Geld in neue Projekte investiert werden könne. Außerdem würden die Versuchsreihen viel schneller ablaufen.

Den Ansatz der Linzer Forscher erläutert Hochreiter wie folgt: "Wenn man beispielsweise ein Eiweiß identifiziert hat, das eine Krankheit verursacht oder vorantreibt, möchte man das Eiweiß manipulieren, um die Krankheit zu stoppen oder zu heilen. Dafür setzt man chemische Stoffe, also Moleküle ein. Aber welche Moleküle wirken auf ein spezielles Eiweiß ein und können somit zu einem Medikament weiterentwickelt werden?"

### **Medizin trifft Informatik**

Die im Institut entwickelten Computermodelle sagen nicht nur die Auswirkungen des eingesetzten Moleküls auf das fragliche Eiweiß, sondern auch auf andere Bereiche des Körpers vorher. Beispielsweise nütze es nichts, wenn Medikamente zwar die gewünschte Blutdrucksenkung bringen, aber auch die Leber schädigen.

Das Institut verbindet dazu Medizin mit Informatik, speziell mit maschinellem Lernen und künstlicher Intelligenz. Der Computer muss dabei biologische Zusammenhänge in großen Datenmengen erkennen. Denn eine Molekül-Versuchsreihe besteht aus Millionen chemischer Verbindungen, die jeweils wiederum durch Hunderte von Millionen Eigenschaften beschrieben werden.

Dass Methoden des maschinellen Lernens in Kombination mit großen Datenmengen ihre Stärke sind, haben die oberösterreichischen Forscher im Vorjahr bei der "Toxicogenetics Challenge" bewiesen. Dabei mussten die Teilnehmer aus 83 Forschungsinstituten prognostizieren, ob chemische Stoffe als potentielle Wirkstoffe in Medikamenten gelten können oder ob sie schädlich wären. Platz eins bis fünf ging an die Kepler-Uni, erst dahinter fanden sich die Namen renommierter Universitäten. (APA/red, derStandard.at, 10.8.2014)