Intelligente Methoden in der Medizin – Moderne Ansätze der Informatik für die biomedizinische Forschung

Brauch H

Dr. Margaret Fischer-Bosch-Institut für Klinische Pharmakologie, Stuttgart
Auerbachstraße 112
70376 Stuttgart

Die biomedizinische Grundlagenforschung liefert eine Fülle potenziell nutzbarer Informationen für die Medizin. Die Umsetzung molekularbiologischer Ergebnisse in die klinische Praxis erfordert jedoch deren kritische Überprüfung und Bestätigung an relevanten Patienten- und Kontrollkollektiven. Dabei spielt die Vergleichbarkeit von Kohorten innerhalb geplanter Studien, aber auch der Vergleich zu publizierten Daten eine große Rolle. Zur genauen Erfassung und Beschreibung sowie zur Vermeidung von Bias werden zu diesem Zweck große Datensätze generiert, die kontinuierlich ergänzt werden. Diese beinhalten neben Personen-bezogenen und klinischen Daten vor allem auch Daten, die mittels vielfältiger molekularer Analysen zur Beschreibung molekularer Profile (Genotyp – Phänotyp) der Patienten gewonnen werden.

In diesem Beitrag wird an einer konkreten Fragestellung aus der Tumorforschung die Anforderung an komplexe Datensätze verdeutlicht. Im speziellen geht es dabei um den Zusammenhang zwischen genetischer Konstitution und dem Ansprechen bzw. Versagen einer bestimmten Therapie zur Behandlung von Brustkrebs. Die Leistungsfähigkeit und Zuverlässigkeit mathematischen und bioinformatischer Verfahren bestimmt dabei die Aussagekraft der zu analysierenden Datensätze und legt den Grundstein für eine individualisierte Medizin.