

Wie man sequenzierte Genome in Zukunft effizient verarbeiten kann

26. Februar 2013, 14:07

EU-Projekt: Oberösterreichische Forscher arbeiten an Bewältigung großer Datenmengen in der Genetik

Linz/Hagenberg/Malaga - Bei der Untersuchung von Genomen fallen in der Regel riesige Datenmengen an. Oberösterreichische Wissenschaftler forschen derzeit gemeinsam mit deutschen und spanischen Kollegen an Methoden, wie man diese Datenberge effizienter Verarbeitung könnte. Unter anderem sollen dadurch Allergien und Reaktionen auf Medikamente bzw. Behandlungsmethoden rascher erkannt werden. Das am 11. Februar in Torremolinos (Spanien) gestartete EU-Projekt "High Performance, Cloud and Symbolic Computing in Big-Data Problems applied to Mathematical Modeling of Comparative Genomics" - kurz: Mr.SymBioMath - verfügt über ein Budget von 2,6 Millionen Euro, wie die Johannes Kepler Universität (JKU) Linz mitteilte.

An dem Projekt, das bis 2016 laufen soll, arbeiten Mediziner, Informatiker, Bioinformatiker, Statistiker und Mathematiker. Koordiniert wird es vom Laboratorium für Bioinformatik und Informationstechnologie der Universität Malaga. Weitere Partner sind das Krankenhaus Carlos Haya in Malaga und das spanische Bioinformatikunternehmen Integromics, das Leibniz-Rechenzentrum der Bayerischen Akademie der Wissenschaften in Garching bei München sowie - aus Österreich - das Institut für Bioinformatik der JKU und die RISC Software GmbH aus dem zur Uni gehörenden Softwarepark Hagenberg.

Drei Gigabyte Daten

Das sequenzierte Genom eines einzigen Menschen braucht rund drei Gigabyte (3.000 Megabyte) Speicherplatz. Um diese Menge rasch verarbeiten und analysieren zu können, sind vor allem ein effizienter Datentransfer sowie neue Methoden zum Vergleich von Genomen erforderlich. Oft können Zusammenhänge erst erkannt werden, wenn die Daten grafisch aufbereitet sind. Die RISC wird sich daher unter anderem mit der Visualisierung beschäftigen. Das JKU-Institut für Bioinformatik entwickelt neue Modelle für den Vergleich von Genomen, die Bestimmung der evolutionären Distanz zwischen unterschiedlichen Organismen und die Identifikation von Zusammenhängen zwischen genetischen Variationen. (APA/red, derStandard.at, 26.02.2013)

Link

High Performance, Cloud and Symbolic Computing in Big-Data Problems applied to Mathematical Modeling of Comparative Genomics (Mr.SymBioMath)

SITELINK

**Langes Wochenende.
Kurzer Trip.
Kleiner Preis.**



Die schönsten Metropolen Europas entdecken

Z.B. Hin+zurück Lissabon ab 179 €, Madrid ab 179 €, Marseille ab 179 €. Inkl. Bequemer Online Check-in, Freigepäck, Snacks & Drinks. Jetzt buchen!

BEZAHLTE ANZEIGE

© derStandard.at GmbH 2013 -

Alle Rechte vorbehalten. Nutzung ausschließlich für den privaten Eigenbedarf.

Eine Weiterverwendung und Reproduktion über den persönlichen Gebrauch hinaus ist nicht gestattet.