

VARIANZ-Studie

Newsletter 10: September 2016

Liebe Kolleginnen und Kollegen,

wir möchten Sie über die Fortschritte der VARIANZ-Studie informieren und Ihnen das Teilprojekt 2 des SYS-Stomach Konsortiums unter der Leitung von Dr. Dieter Maier, Biomax Informatics vorstellen.

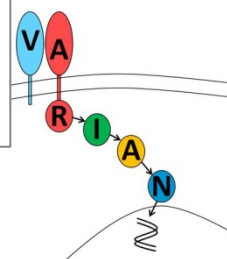
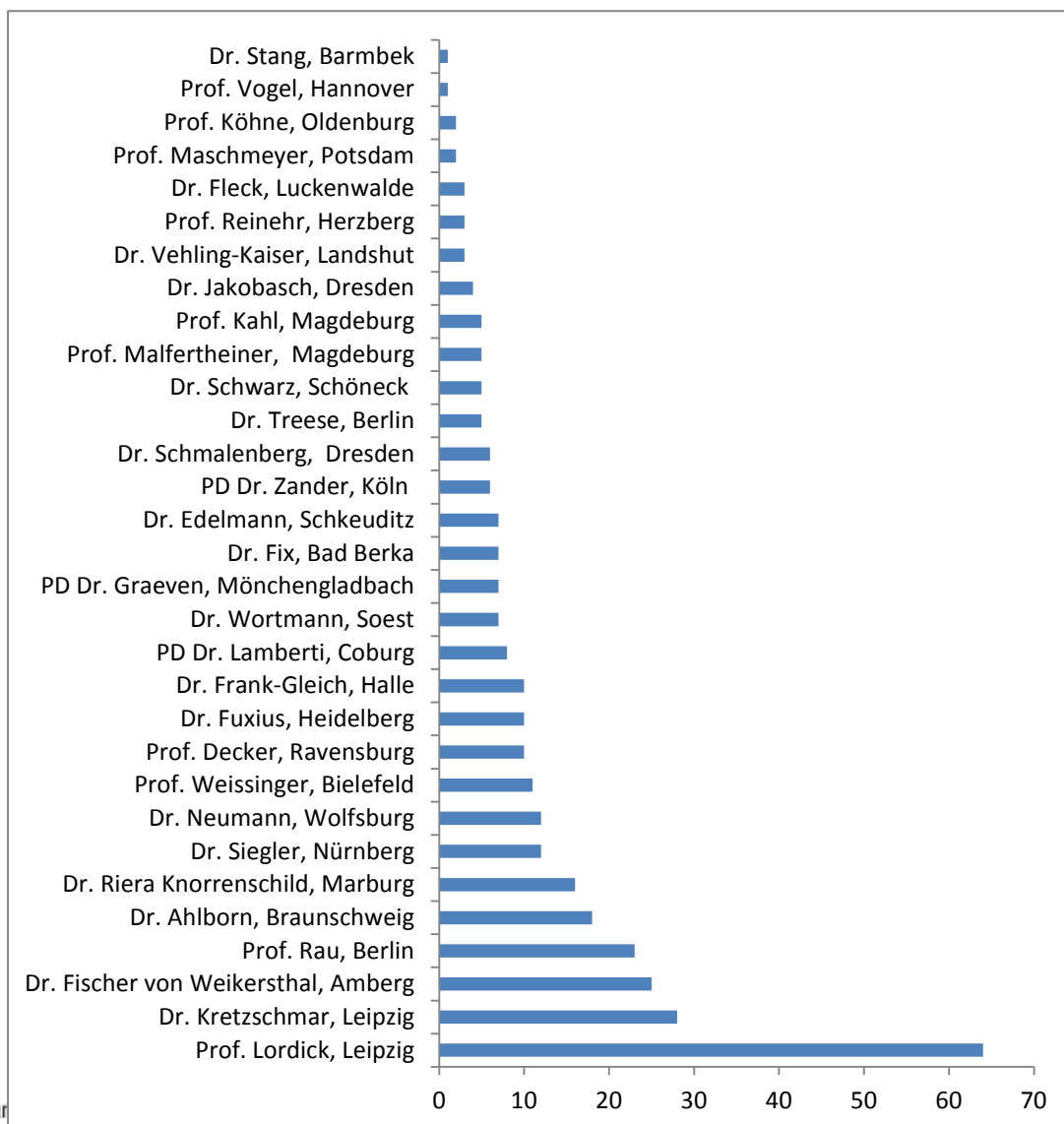
Gern stellen wir Ihnen darüber hinaus die Präsentation erster Ergebnisse der Varianz-Studie zum DGHO-Kongress zur Verfügung.

Studienzentren und Rekrutierung

In den Monaten April-September wurden **67** Patienten für die VARIANZ-Studie rekrutiert. Ganz besonders möchten wir uns für das große Engagement bedanken bei:

Prof. Rau	11 Patienten
Dr. Frank-Gleich	5 Patienten
Dr. Siegler	5 Patienten

Wir freuen uns sehr über das neu geöffnete und rekrutierende Zentrum von Dr. Stang in Barmbek. Ein herzliches Dankeschön an alle **32** aktiven Zentren, die insgesamt **327** Patienten mit fortgeschrittenem Magenkarzinom in die VARIANZ-Studie rekrutieren konnten.



VARIANZ-Studie

Newsletter 10: September 2016

SYS-Stomach Teilprojekt 2: „Wissensmanagement und Identifizierung von Biomarkern“

Projektleitung: Dr. Dieter Maier, Biomax Informatics AG, Planegg

Mitarbeiterin: Dr. Birgitta Geier

Das SYS-Stomach Konsortium sucht Response- und Resistenzfaktoren bei zielgerichteter Therapie des Magenkarzinoms mit Cetuximab oder Trastuzumab. Zudem sollen spezifische Unterschiede in der Reaktion der Tumorzellen auf diese Therapeutika identifiziert werden. Unser systemmedizinischer Forschungsansatz setzt dazu Hochdurchsatzdaten aus der Zellkultur über bioinformatische Verfahren und mathematische Modellierung mit klinischen Daten in Beziehung.

In TP2 bringen wir biologischen Daten und Wissen in eine computerisierte Form. Erst dadurch können weitere Partner ihre modernen bioinformatischen und mathematischen Methoden effektiv anwenden.

Dazu werden in der Wissensmanagement Software, wie im menschlichen Gehirn, für die Krebsentwicklung wichtige Faktoren, wie Zelltypen, Proteine oder Gene, als abstrakte

Konzepte angelegt und dann mit Informationen aus verschiedenen Quellen angereichert. Dazu gehören Publikationen zum Magenkarzinom, Datenbanken zu Signaltransduktionswegen oder Protein-Protein Interaktionen. Auf das so entstandene Wissensnetzwerk bilden wir die SYS-Stomach Daten ab und ermöglichen damit deren integrierte Analyse (z.B. genomische Mutationen in der EGF Signaltransduktion wie oben abgebildet). Statt 80% ihrer Zeit mit der Vorbereitung von Daten und Informationen zu verbringen können sich die Experten dadurch vollständig auf die besten Analysemethoden konzentrieren.

Für die Identifizierung von Biomarkern verwenden wir ein Maschinenlernverfahren (Self-organising map, eine Variante der Neuronalen Netzwerke) das es erlaubt gleichzeitig über zelluläre, klinische und molekulare Daten zu lernen. Dabei werden die aus der Netzwerkanalyse und mathematischen Modellierung gewonnenen Erkenntnisse als Gewichtung einzelner Faktoren miteinbezogen. Aus dieser Kombination von klassisch assoziativ-statistischen Verfahren mit kausal-mechanistischer Evidenz erwarten wir eindeutigere, allgemeingültigere und besser validierbare prognostische Marker als sie die bisherigen Untersuchungen liefern.

Weitere Informationen:
<http://www.sys-stomach.de/>

<http://www.biomax.com/project/cancer-research/sys-stomach/>

