

PRESSEINFORMATION

Zukunftsweisende Software zur multiplen Genomanalyse in der Biomedizin aus Österreich und Spanien

Mr.SymBioMath auf der ECCB2016

Von 3. Bis 7. September 2016 fand die 15. European Conference on Computational Biology in Den Haag, Niederlande statt. Die Projektmitglieder des EU-Projekts Mr.SymBioMath nutzten dieses hochkarätige Konferenz um ihre Forschungs- und Projektergebnisse in der Forschungscommunity zu präsentieren. Ein halbtägiges Tutorial, welches als offizielles Pre-Meeting der Konferenz abgehalten wurde, ermöglichte den interessierten Teilnehmern die neu entwickelten Verfahren selbst auszuprobieren. Oscar Torreno Tirado und Michael Krieger präsentierten Teilnehmern aus 14 verschiedenen Ländern unter dem Titel "Scientific Workflows under Galaxy. Use Case: multiple genome comparison" den Umgang mit der im Projekt entwickelten Software zum Genomvergleich. Weitere Ergebnisse des Projekts Mr.SymBioMath wurden in der Postersession mit dem Plakat "High resolution refinement of Large Scale Genomic Rearrangements using repetitions: A case study" von Jose Arjona-Medina, Guillermo Thode und Oswaldo Trelles präsentiert.

Cloud Computing für Genomanalyse

Im Rahmen des EU-geförderten Forschungsprojekts Mr.SymBioMath wird an der Optimierung und Leistungssteigerung von Berechnung aus dem Bereich der Biomedizin und Bioinformatik geforscht. Anwendungsbereiche sind hierbei beispielsweise die Erforschung von allergischen Reaktionen auf Medikamente sowie die Erstellung von evolutionären Stammbäumen unterschiedlicher Tierarten basierend auf genetischer Information.

Computer als Grundlage für Forschung und Entwicklung lösen heute Aufgaben mit einer Geschwindigkeit und Effizienz, die vor einigen Jahren nicht durchführbar und vor Jahrzehnten gar unvorstellbar waren. Jeden Tag werden heute riesige Datenmengen auf Desktoprechnern, Laptops, Tablets, Smartphones und selbstverständlich auch auf so genannten Supercomputern verarbeitet. Letztere ermöglichen u.a. auch die Simulation von Wetterereignissen durch die Lösung von komplexen Gleichungssystemen, helfen bei der Lösung schwieriger Probleme der Quantenphysik oder ermöglichen die Entschlüsselung der Genome von Organismen.

Insbesondere die Genetik ist ein Forschungsbereich, der eine große Fülle an Daten benötigt und auch viele Daten produziert. So benötigt zum Beispiel das sequenzierte Genom eines einzigen Menschen ca. 3 Gigabyte (3.000 Megabyte) an Speicherplatz. Auf Grund dieser Datenmengen und der

Notwendigkeit diese Daten möglichst rasch zu verarbeiten, haben Experten begonnen sich mit Lösungsansätzen zur Analyse und Verwaltung von großen Datenmengen, so genannten Big Data, zu beschäftigen.

Projektinfo Mr.SymBioMath (<http://www.mrsymbiomath.eu>)

Das Projekt "High Performance, Cloud and Symbolic Computing in Big-Data Problems applied to Mathematical Modeling of Comparative Genomics" (Mr.SymBioMath) wird von Februar 2013 bis Januar 2017 im Rahmen des 7. EU-Rahmenprogramms für Forschung, Technologie und Demonstrationen als Industrie-Academia Partnerships and Pathways (IAPP) Projekt im Rahmen der Finanzhilfvereinbarung Nr 324.554 gefördert.

Firmeninfo RISC Software GmbH (<http://www.risc-software.at>)

Seit der Gründung im Jahr 1992 durch Prof. Bruno Buchberger forscht und entwickelt die RISC Software GmbH für die Wirtschaft. Dabei werden in einzigartiger Weise die Kernkompetenzen Symbolisches Rechnen, Mathematik und Informatik im Rahmen der Kompetenzbereiche Logistik-Informatik, Industrielle Softwareanwendungen, Medizin-Informatik und modernste Rechentechnologien zur Entwicklung praxisgerechter Softwarelösungen eingesetzt. Das Unternehmen steht zu 80% im Eigentum der Johannes Kepler Universität Linz sowie zu 20% im Eigentum der Upper Austrian Research GmbH (Land OÖ). Mehr Informationen unter www.risc-software.at.

Über UMA (<http://www.bitlab-es.com/>)

Das Institut für Computerarchitektur an der Universität von Malaga (AC-UMA) ist eine akademische und Forschungsgruppe mit besonderer Erfahrung in experimentellen und theoretischen Arbeiten in High Performance Computing. Forschungsthemen umfassen die Entwicklung von neuen parallelen Compilern, den Entwurf von VLSI-Schaltungen und die Zuordnung von Anwendungen über Cluster, Multi-Prozessor-Maschinen und Grid-Umgebungen. Ein anwendungsnaher Forschungsbereich dieses Instituts beschäftigt sich vor allem mit rechenintensiven Problemstellungen aus der Bioinformatik.

Über das Institut für Bioinformatik JKU Linz (<http://www.bioinf.jku.at/>)

Das Institut für Bioinformatik der Johannes Kepler Universität Linz unter Leitung von Prof. Hochreiter führt international anerkannte Forschung und bietet fundierte Ausbildung in der Bioinformatik durch. Es verfügt über große Erfahrung bei der Entwicklung von Methoden des maschinellen Lernens und umfangreiche Erfahrung in der Datenanalyse von biologischen und medizinischen Daten.

Bilder

Bild 1 & 2 © Alessia Peviani, Bildtext: Oscar Torreno Tirado präsentiert Ergebnisse aus dem Projekt MrSymBiomath.

Bild 3 © RISC Software GmbH, Bildtext: Michael Krieger bei der Posterpräsentation

Abdruck honorarfrei

Kontakt

RISC Software GmbH, Softwarepark 35, 4232 Hagenberg, Austria

Tel: +43 (7236) 3343-234, E-Mail: office@risc-software.at, Web: www.risc-software.at

Pressekontakt: Mag. Cornelia Staub, E-Mail: cornelia.staub@risc-software.at