



„Big Data in den Lebenswissenschaften der Zukunft“ – Kurzdarstellung der geförderten Projekte:

Projekttitel:	Das nephrologische eHealth-System der Region Hannover zur Digitalisierung der Versorgung, Etablierung von Entscheidungsunterstützungssystemen und Analyse der Versorgungsqualität (NEPHRO-Digital)
Koordinator/in:	Prof. Dr. Lars Pape
Universität:	Medizinische Hochschule Hannover
Kurzbeschreibung:	Es wird eine regionale eHealth-Plattform aufgebaut, die einen integrierten, sektorenübergreifenden Datenaustausch inklusive Telekonsultationen zwischen ambulanten nephrologischen Behandlern, primärversorgenden Haus – und Kinderärzten und nephrologischen Kliniken ermöglicht. Ein intraoperables, klinisches Entscheidungsunterstützungssystem zur frühen Identifizierung von Patienten mit kardiovaskulärer Co-Morbidität und Progression der Niereninsuffizienz wird etabliert. Durch eine Einbindung der Patienten in die Datenerhebung und -analyse soll eine Verbesserung von Prognose, Patientenzufriedenheit und Lebensqualität erreicht werden.

Projekttitel:	Eine automatisierte Datenintegrationsplattform für die Interpretation genomischer Daten und die Berichterstattung über Behandlungsoptionen in molekularen Tumorboards
Koordinator/in:	Prof. Dr. Tim Beißbarth
Universität:	Universitätsmedizin Göttingen / Universität Göttingen
Kurzbeschreibung:	Mit wachsendem Wissen über Biomarker und neuartigen Entwicklungen von Sequenzier-techniken werden genomische Daten heutzutage äußerst wertvoll und unverzichtbar für die Diagnose und Therapieempfehlungen bei Tumorpatienten. Die Komplexität der Interpretation genomischer Daten behindert jedoch ihre Anwendung im klinischen Routine-Kontext. Das Ziel dieses Projekts ist die Entwicklung eines Systems für ein molekulares Tumorboard zur automatischen Annotation genomischer Daten mit geeigneten Behandlungsoptionen, welches dem Kliniker helfen soll, Daten schnell und quantitativ zu interpretieren.

Projekttitel:	Vernetzung von One Health Daten für eine integrierte Krankheitsvorsorge (Connect OHD)
Koordinator/in:	Prof. Dr. Lothar Kreienbrock
Universität:	Tierärztliche Hochschule Hannover
Kurzbeschreibung:	In der öffentlichen Gesundheits- und Veterinärverwaltung werden große Mengen an Daten mit hochkomplexen Strukturen generiert, ohne dass diese gegenseitig nutzbar sind. Gerade zoonotische Krankheitsgeschehen oder das Problem der Antibiotikaresistenz erfordern einen schnellen Austausch an Informationen sowie deren epidemiologischen Analyse. Ziel des Projektes ist es, ein Konzept und ein Tool zur gemeinsamen Nutzung dieser Daten im Sinne des One Health zu entwickeln, welches die bestehenden Informationen zur gezielten Analyse nutzt. Hierbei sollen auch der rechtliche Rahmen zur Nutzung der Daten für die Forschung geklärt und Fragen des Datenschutzes adressiert werden.

Projekttitel:	BacData - Entwicklung analytischer Pipelines für die individualisierte Diagnostik und Therapie Biofilm-assoziiierter Infektionen
Koordinator/in:	Prof. Dr. Meike Stiesch

Universität:	Medizinische Hochschule Hannover
Kurzbeschreibung:	Biofilm-assoziierte Infektionen wie Implantat-Infektionen oder Cystische Fibrosen gehören zu den größten Herausforderungen der modernen Medizin, da in Biofilmen organisierte Bakterien extrem widerstandsfähig und häufig nicht therapierbar sind. Durch die Kombination moderner Technologien wie Omics Profiling, maschinellem Lernen und Data Mining sollen in diesem interdisziplinären Projekt erstmals die Struktur und Dynamik relevanter Biofilme entschlüsselt und basierend auf diesen Erkenntnissen neue diagnostische und personalisierte Therapiestrategien für das Gesundheitssystem entwickelt werden.

Projekttitle:	Aufdecken versteckter Informationen hinter MR-Bildern: Erlernen quantitativer Imaging Biomarker aus BigData Rohdaten der MRT
Koordinator/in:	Prof. Dr. Martin Uecker
Universität:	Universitätsmedizin Göttingen / Universität Göttingen
Kurzbeschreibung:	Die Magnetresonanztomographie (MRT) ist eine Bildgebungsmethode, die heute schon fantastische Möglichkeiten bietet. MRT-Messungen dauern aber relativ lange. Deshalb kann das volle Potential der MRT heute noch gar nicht vollständig zum Nutzen des Patienten ausgeschöpft werden. Ziel dieses Projektes ist es, mit Methoden des maschinellen Lernens neue Techniken zu entwickeln, um für eine Diagnose wichtige quantitative Informationen schon aus sehr kurzen Messungen gewinnen zu können. Um die notwendigen Modelle aus MRT-Messdaten lernen zu können, ist der Aufbau von großen Datenbanken erforderlich.

Projekttitle:	Wege hin zu einer personalisierten Prävention und Behandlung von schwerer Norovirus-Gastroenteritis (PRESENT)
Koordinator/in:	Prof. Dr. Gisa Gerold
Universität:	TWINCORE Zentrum für Experimentelle und Klinische Infektionsforschung
Kurzbeschreibung:	Noroviren verursachen einen Großteil der Gastroenteritiden. Akute Ausbrüche z.B. auf Kreuzfahrtschiffen sowie chronische Infektionen in immungeschwächten Patienten stellen ein Gesundheitsrisiko dar. Dennoch gibt es bisher keinen Impfstoff und keine spezifische Therapie. Mittels datenintensiver Technologien und ‚machine learning‘ Methoden werden die PRESENT Partner aufdecken, welche individuellen Parameter die Anfälligkeit und den Infektionsverlauf beeinflussen. Ziel ist die Entwicklung von Strategien für eine personalisierte Prognose, Prävention und Behandlung schwerer Norovirus Infektionen.

Projekttitle:	Internationale Standardunfallnummer zum virtuellen Zusammenführen von Unfall und Notfalldaten (ISAN)
Koordinator/in:	Prof. Dr. Thomas Deserno
Universität:	Technische Universität Braunschweig
Kurzbeschreibung:	Smarte Wohnungen oder Fahrzeuge erkennen Unfälle und alarmieren Rettungsdienste, die Opfer in Krankenhäuser bringen. Die ISAN ermöglicht es, Vitalparameter, Rettungsdaten und Befunde zwischen den beteiligten IT-Systemen missbrauchssicher auszutauschen. Künftig wird die einen Sturz erkennende Wohnung dem Rettungsdienst einen Grundriss senden, in dem die Lage des Gestürzten markiert ist. Der Rettungsdienst meldet seine Ankunft der Wohnung, die dann die Eingangstür öffnet. Mit dem virtuellen Braunschweiger Notfallregister wird die ISAN konzeptuell validiert und der Mehrwert demonstriert.

Projekttitle:	Deep-Learning Methoden für Assoziationsstudien der transkriptomischen und systemischen Dynamik in morphogenetisch aktiven Geweben
Koordinator/in:	Prof. Dr. Jörg Großhans
Universität:	Universität Göttingen

Kurzbeschreibung: In dieser Initiative arbeiten WissenschaftlerInnen aus Informationstheorie, Theoretischer Neurowissenschaft, Transkriptomik sowie Zell- und Entwicklungsbiologie zusammen, um erstmals Bildgebungs- und Expressionsdaten zu kombinieren und so die Zusammenhänge zwischen der Genexpression einzelner Zellen und dem Verhalten von Zellverbänden zu verstehen. Ziel ist die Automatisierung der dynamischen Geweberekonstruktion aus großflächigen Live-Bildgebungsdaten mittels Deep-Learning für die Echtzeit-Identifikation von Einzelzellen an Schlüsselstellen des Embryos und deren transkriptomischer Analyse.

Projekttitel: Anwendung maschinellen Lernens auf große Datenmengen zwecks Erkenntnisgewinn zur Ergebnisvariabilität bei der Cochlea-Implantat-Versorgung
Koordinator/in: Prof. Dr. Andreas Büchner
Universität: Medizinische Hochschule Hannover
Kurzbeschreibung: Die interindividuelle Variabilität des Hörerfolgs mit dem Cochlea Implantat (CI) ist bisher nicht ausreichend verstanden und soll im Rahmen dieses Projekts mit aktuellen Methoden des maschinellen Lernens untersucht werden. Das Projekt bedient sich dabei der weltgrößten monozentrischen Datenbank für CI Patienten an der MHH mit fast 10.000 Implantationen und entsprechenden prä- und postoperativ longitudinal erhobenen Daten, wie z.B. Hörergebnisse, demografische Daten, Bilddatensätze, genetische Daten und Millionen von technischen Parametern der individuellen CI Programmierungen.

Projekttitel: Von der Genomforschung zu klinisch relevanten Erkenntnissen für Patienten mit Lungenfibrose
Koordinator/in: Dr. David DeLuca
Universität: Medizinische Hochschule Hannover
Kurzbeschreibung: Das Projekt wird über die integrative Analyse von Transkriptom-Datensätzen zu einem besseren Verständnis der zugrundeliegenden Mechanismen der Lungenfibrose und hieraus ableitbarer therapeutischer und diagnostischer Strategien führen. Das interdisziplinäre Konsortium verbindet klinische und molekularbiologische Expertise mit bioinformatischen Kompetenzen. Das ermöglicht die Integration von Daten aus der neuartigen Technologie der RNA-Sequenzierung auf Einzelzellebene. Das Projekt verspricht, neue Instrumente zur verbesserten Diagnostik und Therapien der Lungenfibrose zu entwickeln

Projekttitel: Deep Movement Diagnostics: Mit Hilfe künstlicher Intelligenz krankhafte Bewegungsmuster erkennen
Koordinator/in: Prof. Dr. Alexander Gail
Universität: Deutsche Primatenzentrum, Leibniz-Institut für Primatenforschung
Kurzbeschreibung: Geh- und Greifbewegungen von Patienten zuverlässig zu bewerten, ist für die Diagnose und Therapie von Bewegungsstörungen essentiell, beispielsweise nach einem Schlaganfall oder bei Parkinson-Syndromen. Das von Alexander Gail, Wissenschaftler am Deutschen Primatenzentrum – Leibniz-Institut für Primatenforschung, koordinierte Projekt will Erkenntnisse aus maschinellem Lernen und Robotik nutzen, um die objektive Beurteilung von Bewegungsmustern zu verbessern. Neurophysiologische Untersuchungen von komplexen Bewegungsabläufen sollen zudem ein besseres Verständnis von Bewegungsstörungen ermöglichen.

Projekttitel: Den Weg zu individuellen Impfungen finden (i.Vacc)
Koordinator/in: Prof. Dr. Gérard Krause
Universität: Helmholtz-Zentrum für Infektionsforschung Braunschweig

Kurzbeschreibung: Mit steigender Anzahl neuer Impfungen steigen die Herausforderungen für die Kombination von Impfstoffen in Bezug auf deren Wirksamkeit, Sicherheit und Akzeptanz. Hierzu sollen neue epidemiologisch und molekular validierte, bioinformatische Algorithmen zu personalisierten Impfeempfehlung beitragen. Das Centre for Individualised Infection Medicine (CIIM) vereint hierzu Forscher der NAKO Gesundheitsstudie, des Helmholtz-Zentrum für Infektionsforschung, der Medizinischen Hochschule Hannover und der Ostfalia, um multidimensionale Daten aus molekularer Forschung und Epidemiologie zu verknüpfen.

Projekttitle: Integrative Datenanalyse für die RSV-Risikoabschätzung (INDIRA)
Koordinator/in: Prof. Dr. Thomas Pietschmann
Universität: Medizinische Hochschule Hannover
Kurzbeschreibung: Das Respiratorische Synzytial-Virus (RSV) ist die häufigste Ursache für schwere Atemwegserkrankungen bei Kleinkindern. Etwa 1% der Infektionen verläuft schwer, doch Risikofaktoren sind nur unzureichend bekannt. Anhand multi-dimensionaler OMICs-Daten und mit maschinellen Lernverfahren werden im INDIRA Verbundprojekt genetische Marker sowie Biomarker für die Prognose von schweren RSV-Infektionen identifiziert und deren Rolle im Infektionsverlauf geklärt. Diese Information soll in Zukunft für eine individualisierte Risikoabschätzung und maßgeschneiderte Prävention genutzt werden.

Projekttitle: Digitale Erhebung körperlicher Aktivität bei Menschen mit und ohne Typ-2-Diabetes zur Förderung gesundheitsbewusster Verhaltensweisen (ActiVAte)
Koordinator/in: Prof. Dr. Vanessa Mertins
Universität: Universität Vechta
Kurzbeschreibung: ActiVAte will durch eine datenschutzkonforme Sammlung und Verarbeitung objektiver Bewegungsdaten sowie gesundheitsbezogener Verhaltens- und Befragungsdaten von Individuen mit diagnostizierter oder unerkannter Typ-2-Diabetes eine Datenbasis implementieren, die in ihrer Interdisziplinarität und Detailtiefe neuartig ist. Durch den Einsatz kalibrierter Fitnessarmbänder werden die Aktivitätsdaten im Moment des Entstehens erfasst. Dadurch können gezielte individualisierte Interventionen evaluiert werden, was wiederum zur Entwicklung adaptiver und effektiver Präventionsstrategien genutzt werden kann.

Projekttitle: Aus Datenfluten Wissen machen: Erstellung immunologischer Profile bei Impfungen, infektiösen Erkrankungen und Transplantationen (ImProVIT)
Koordinator/in: Prof. Dr. Ulrich Kalinke
Universität: Medizinische Hochschule Hannover
Kurzbeschreibung: Ein interdisziplinäres Konsortium der Translationsallianz in Niedersachsen (TRAIN), zusammengesetzt aus Immunologen, Ärzten und Datenwissenschaftlern der MHH, des TWINCORE, des HZI und der Technischen Informationsbibliothek, wird Protokolle zur umfassenden Analyse von Immunzellen einzelner Patienten etablieren und standardisieren. Die gewonnenen Messwerte werden mit anderen Patientendaten und Informationen aus biomedizinischen Datenbanken kombiniert, um so einen „Knowledge-Graph“ zu generieren, der zu einem verbesserten Verständnis des humanen Immunsystems führen wird.

Projekttitle: Microbial metagenomics of chronic lung disease: Big Data mining to improve knowledge, diagnostics and patient care
Koordinator/in: Prof. Dr. Dr. Burkhard Tümmler
Universität: Medizinische Hochschule Hannover