

Pressemitteilung

Max-Delbrück-Centrum für Molekulare Medizin in der Helmholtz-Gemeinschaft

Christina Anders

17.06.2020

<http://idw-online.de/de/news749546>

Forschungsprojekte, Personalia
Biologie, Informationstechnik
überregional



Jan Philipp Junker erhält Helmholtz-Förderung für KI

MDC-Forscher Jan Philipp Junker und seine Kollegin Maria Colome-Tatche am Helmholtz Zentrum München haben eine Förderung in Höhe von 200 000 Euro erhalten, um die Verarbeitung großer Datenberge voranzubringen. Sie wollen besser verstehen, wie genetische Netzwerke im Laufe von Entwicklung und Erkrankung miteinander „verkabelt“ sind.

Ein allgemeines Verständnis, wie aus Stammzellen spezialisierte Herz, Gehirn- oder Muskelzellen werden, haben Forscher*innen längst. Nun möchten sie es noch genauer wissen. Sie wollen die Anweisungen, die Zukunft und Funktion einer Zelle bestimmen, in jedem Teilschritt ergründen. Denn wer weiß, wie Gene während des normalen Zelldifferenzierungsprozesses nacheinander an- und abgeschaltet werden – also den exakten Fluss des „Genregulationsnetzwerks“ kennt – der gewinnt gleichzeitig Einsichten, was beispielsweise bei Krebs oder Herzerkrankungen schief läuft.

Die Forscher*innen am Max-Delbrück-Centrum für Molekulare Medizin in der Helmholtz-Gemeinschaft (MDC) und am Helmholtz Zentrum München werden mithilfe ihrer Helmholtz-Förderung für Künstliche Intelligenz versuchen, diese komplexen Netzwerke zu entschlüsseln. Dabei kombinieren sie hochspezialisierte Werkzeuge für Experimente, Sequenzierung und maschinelles Lernen. „Angesichts neuester technologischer Entwicklungen ist das bisher fast unerreichbar scheinende Ziel plötzlich greifbar nah“, sagt Dr. Jan Philipp Junker, der die Arbeitsgruppe Quantitative Entwicklungsbiologie am Berliner Institut für Medizinische Systembiologie des MDC leitet.

Anspruchsvolle Zusammenarbeit

Die Helmholtz-Förderprogramm für Künstliche Intelligenz (Helmholtz AI Grant program) unterstützt risikoreiche und zugleich höchst lohnende Forschung für den relativ kurzen Zeitraum von drei Jahren. Es ermutigt Forschende, neue Ideen auszuprobieren und, falls notwendig, „schnell zu scheitern“, um mit ihren Innovationen voranzukommen. „Das bedeutet nicht, dass es sich um vollkommen leichtsinnige Forschung handelt und wir bereit sind, das Geld zu verbrennen“, sagt Junker. „Es ist ein kalkuliertes Risiko.“

Die Förderung in Höhe von 200.000 Euro teilen sich Junker und seine Kollegin, Dr. Maria Colome-Tatche, Arbeitsgruppenleiterin am Institute of Computational Biology am Helmholtz Zentrum München, zu gleichen Teilen, um eine*n Post-Doc und eine Doktorand*in zu finanzieren, die Experimente durchführen, computerbasierte Werkzeuge entwickeln und Daten analysieren. Beide Zentren steuern gleichzeitig jeweils die gleiche Summe bei.

Wirklich große Datenmengen

Dank der Einzelzell-Sequenzierung können Wissenschaftler*innen nun sehen, welche Gene während der Entwicklung von undifferenzierten Zellen zu spezifischen Zelltypen (etwa Muskel- oder Gehirnzellen) in einzelnen Zellen aktiv sind. Bisher haben computerbasierte Werkzeuge jedoch nicht erfolgreich zusammenfügen können, wie genau sich die Gene

gegenseitig beeinflussen.

„Grundsätzlich können wir sehen, was geschieht – welche Gene eingeschaltet und welche ausgeschaltet werden, wenn eine Zelle sich ausdifferenziert. Aber zu verstehen, welches Gen welches einschaltet und wie die Aktivierungsnetzwerke in unterschiedlichen Zelltypen funktionieren, ist im Wesentlichen noch eine offene Frage“, erklärt Junker.

Die Beantwortung dieser Frage erfordert enorme Datenmengen – die Sequenzierung zehntausender aktiver Gene in zehntausenden einzelnen Zellen. Ein Datensatz umfasst wenigstens 20 000 Dimensionen. Hier können KI und maschinelles Lernen helfen, die gesamten Daten zu sichten und aussagekräftige Muster zu finden, die in diesem Fall die Genregulationsnetzwerke sind.

Dazu ist außerdem erforderlich, die zeitlichen Verläufe zahlreicher Datenströme so aufeinander abzustimmen, dass sie sinnvoll analysiert werden können und genaue Erkenntnisse liefern. Das Forschungsteam arbeitet daran, diese Abstimmung zu verbessern. Insbesondere haben sie dafür eine Methode namens SLAM-seq so verändert, dass frisch transkribierte RNA-Moleküle markiert. Diese deuten auf neu aktivierte Gene hin. Die Identifizierung alter RNA in einer Zelle im Gegensatz zu neuer RNA wird dabei helfen, die Reihenfolge von Gen-Aktivierungen zu klären. Die Kombination dieser Daten mit Daten zur Zugänglichkeit der DNA sollte helfen, die Netzwerk-Rekonstruktionen zu präzisieren.

Zukünftige Anwendungen

Zu Beginn wollen Junker und seine Kolleg*innen Gen-Netzwerke in der normalen embryonalen Entwicklung von Zebrafischen zu rekonstruieren, einem Modelorganismus für Wirbeltieren inklusive der Menschen. Sobald sie die computergestützten Herangehensweisen überprüft haben, wollen sie sie nutzen, um die Entwicklung von Krankheiten beim Menschen zu untersuchen. Dies kann Türen zu neuen Therapien öffnen.

„Wenn uns in fernerer Zukunft das komplette Zelldifferenzierung-Netzwerk eines Organs vorliegt“, sagt Junker, „könnten wir am Reißbrett entscheiden, welchen Pfeil oder Knoten wir mit einer Therapie angreifen wollen.“

Kontakt

Christina Anders
Redakteurin, Kommunikationsabteilung
Max-Delbrück-Centrum für Molekulare Medizin in der Helmholtz-Gemeinschaft (MDC)
+49 (0)30 9406 2118
christina.anders@mdc-berlin.de oder presse@mdc-berlin.de

Das Max-Delbrück-Centrum für Molekulare Medizin

Das Max-Delbrück-Centrum für Molekulare Medizin in der Helmholtz-Gemeinschaft (MDC) wurde 1992 in Berlin gegründet. Es ist nach dem deutsch-amerikanischen Physiker Max Delbrück benannt, dem 1969 der Nobelpreis für Physiologie und Medizin verliehen wurde. Aufgabe des MDC ist die Erforschung molekularer Mechanismen, um die Ursachen von Krankheiten zu verstehen und sie besser zu diagnostizieren, verhüten und wirksam bekämpfen zu können. Dabei kooperiert das MDC mit der Charité – Universitätsmedizin Berlin und dem Berlin Institute of Health (BIH) sowie mit nationalen Partnern, z.B. dem Deutschen Zentrum für Herz-Kreislauf-Forschung (DHZK), und zahlreichen internationalen Forschungseinrichtungen. Am MDC arbeiten mehr als 1.600 Beschäftigte und Gäste aus nahezu 60 Ländern; davon sind fast 1.300 in der Wissenschaft tätig. Es wird zu 90 Prozent vom Bundesministerium für Bildung und Forschung und zu 10 Prozent vom Land Berlin finanziert und ist Mitglied in der Helmholtz-Gemeinschaft deutscher

Forschungszentren. www.mdc-berlin.de

wissenschaftliche Ansprechpartner:

Jan Philipp Junker

Leiter der Arbeitsgruppe „Quantitative Entwicklungsbiologie“

Berliner Institut für Medizinische Systembiologie (BIMSB)

des Max-Delbrück-Centrums für Molekulare Medizin in der Helmholtz-Gemeinschaft (MDC) for

+49 (0)30 9406 1860

JanPhilipp.Junker@mdc-berlin.de

URL zur Pressemitteilung: <https://www.mdc-berlin.de/de/news/news/wie-zellen-entscheidungen-treffen> Porträt: Wie Zellen Entscheidungen treffen

URL zur Pressemitteilung: <https://www.mdc-berlin.de/de/junker> AG Junker

URL zur Pressemitteilung: <https://www.helmholtz.de/aktuell/presseinformationen/artikel/artikeldetail/helmholtz-foerdert-19-ki-projekte-zur-loesung-draengender-gesellschaftlicher-herausforderungen/> Pressemitteilung der Helmholtz-Gemeinschaft



Junker mit Zebrafischen.

Pablo Castagnola/MDC

Pablo Castagnola/MDC