



Sehen, ohne zu verstehen

TU-Wissenschaftler entwickeln Datenschutz für personalisierte Medizin

Darmstadt, 15.02.2010. Die Entschlüsselung der Erbinformationen, unter anderem von Genomen, macht rasante Fortschritte – weil die Kosten fallen und der Zeitaufwand immer geringer wird, steigt die Menge der sensiblen Genomdaten rasant an. Forscher der TU Darmstadt haben jetzt auch beim Schutz dieser Daten einen Schritt nach vorn gemacht: Mit Hilfe eines mathematischen Verfahrens zur Verschlüsselung können einzelne genetische Daten abgerufen werden, ohne dass der Datennutzer von ihrem Inhalt erfährt.

„In einigen, wenigen Jahren wird es möglich sein, ein komplettes Genom für nur rund 1.000 US-Dollar zu entziffern“, schätzt Prof. Dr. Stefan Katzenbeisser, Leiter des Fachgebiets Security Engineering der TU Darmstadt. Jeder Patient kann sich dann einmal in seinem Leben seine Erbinformationen erfassen lassen und in speziellen Datenbanken deponieren, um im Krankheitsfall darauf zurückzugreifen. Das Genom ist die Basis für eine personalisierte Medizin, wie sie heute bereits in Anfängen realisiert ist. „Abgestimmt auf die individuellen Erbinformationen wird dann ein Medikament optimiert aus verschiedenen Substanzen zusammengesetzt“, blickt Prof. Dr. Kay Hamacher vom Fachgebiet Computational Biology in die Zukunft. Auch könnten das Ausbrechen bestimmter Krankheiten beziehungsweise Nebenwirkungen von Medikamenten verhindert werden.

So wünschenswert und vorteilhaft die günstige und schnelle Entzifferung eines kompletten Genoms für die Patienten sein kann, so problematisch ist die Entwicklung für den Datenschutz. „Krankenkassen könnten bei Veranlagungen zu chronischen Erkrankungen die Mitgliedschaft, Arbeitgeber die Einstellung verweigern oder ähnliches“, so Hamacher. „Die Diskussionen beginnen erst“. Und Katzenbeisser ergänzt: „Wir wissen heute gar nicht, welche Informationen unser Genom enthält. In vielleicht dreißig Jahren werden wir ganz andere Dinge herauslesen können, als wir heute vermuten.“

Die Lösung: Daten einsehen, ohne sie zu verstehen

Ist das Tausend-Dollar-Genom eines Tages Realität, werden externe Dienstleister – etwa die Betreiber von Datenbanken oder Biomathematiker – Zugriff auf die kompletten Gendaten vieler Menschen haben. Sie werden spezifische, vom behandelnden Arzt angeforderte Informationen

Kommunikation und Medien
Corporate Communications

Karolinenplatz 5
64289 Darmstadt

Ihr Ansprechpartner:
Christian Siemens
Tel. 06151 16 - 32 29
Fax 06151 16 - 41 28
siemens.ch@pvw.tu-darmstadt.de

www.tu-darmstadt.de/presse
presse@tu-darmstadt.de



herausfiltern und weiterleiten. Dieser Prozess muss so gestaltet sein, dass der Dienstleister die von ihm gefundenen Informationen nicht weaternutzen und weitergeben kann, der Arzt oder eine andere Institution auf der anderen Seite aber auch nicht verstehen kann, mit welchen Methoden der Entschlüsselung der Datenlieferant gearbeitet hat.

„Es ist quasi das biomathematische Geschäftsmodell des Dienstleisters, das zusätzlich zu den persönlichen Daten der Patienten geschützt werden muss“, erläutert Hamacher. Und das haben die Darmstädter geschafft. „Wir haben eine Vertraulichkeit geschaffen, mit der verschiedene Parteien – vom Arzt über den Datenbankinhaber bis zum Bioinformatiker – mit den Daten arbeiten können, ohne den Datenschutz zu verletzen.“ Der Trick bei der Sache: Die Forscher benutzen bioinformatische Modelle, die genau die Eigenschaften codieren, die sie abfragen möchten. Dann analysieren sie wie genau die DNA, der Träger der Erbinformation, auf dieses Modell passt. Während des gesamten Vorgangs bleiben die Daten kryptographisch abgesichert, das heißt verschlüsselt. Der Datenschutz bleibt damit jederzeit gewährleistet.

Weiterer Forschungsbedarf

Einfache Anfragen können die Darmstädter schon beantworten, wie etwa: Steht an einer bestimmten Stelle der DNA eine Mutation? Sind spezifische Gene verändert und damit womöglich Auslöser einer konkreten Krankheit? Ziel ist jedoch, eines Tages in der klinischen Praxis auch kompliziertere Daten abfragen zu können, denn die personalisierte Medizin ist sehr komplex. „Bestimmte Erbkrankheiten lassen sich zwar bereits auf der Ebene von Einzelmolekülen verstehen“, gibt Hamacher zu bedenken. „Aber bei Krebs zum Beispiel ist ein ganzes Konzert von Einzelmolekülen beteiligt. Es ist ein Zusammenspiel enorm vieler Moleküle, die auf unterschiedlichste Weisen aufeinander einwirken; die Genregulierung ist nicht bis ins Letzte verstanden.“ Unklar ist auch noch, wie der Arzt, der bestimmte Erbinformationen angefragt hat, das Ergebnis der Bioinformatiker interpretieren könnte. „Es wird vielleicht Handbücher darüber geben, so wie heute für die Beschreibungen von Symptomen“, vermutet Katzenbeisser.

Pressekontakt

Prof. Dr. Kay Hamacher
Tel. 06151 / 16-5318
hamacher@bio.tu-darmstadt.de

Prof. Dr. Stefan Katzenbeisser
Tel. 06151 / 16-5016
katzenbeisser@informatik.tu-darmstadt.de

MI-Nr. 09/2011, Kneifel/csi