

Bioinformatik in Österreich

Perspektiven und Strategie

Antonielli Livio
Aszodi Andras
Berghold Andrea
Birngruber Erich
Bock Christoph
Borgmann Daniela
Dohm Juliane
Dorfer Viktoria
Dorffner Georg
Egger Bernhard
Feichtinger Julia
Flamm Christoph
Frank Karl
Goldmann Daria
Graf Alexandra
Groselj-Strele Andrea
Gruber Karl
Gruber Markus
Gyenesei Attila
Gülly Christian
Hackl Hubert
Hanel Rudolf
Hartler Jürgen
Herbold Craig

Himmelbauer Heinz
Hochreiter Sepp
Hofacker Ivo L.
Junttila Sini
Klambauer Günter
Kosiol Carolin
Kreil David Philip
Lackner Peter
Lirk Gerald
Luberacki Borries
Menche Jörg
Mohr Thomas
Moissl-Eichinger Christine
Nodine Michael
Oostenbrink Chris
Pabinger Stephan
Pasterk Markus
Peymann Armin
Pröll Karin
Rattei Thomas
Rieder Dietmar
Schaller Susanne
Schlick-Steiner Birgit C.
Schreiner Wolfgang

Schuster Michael
Sensen Christoph
Sippl Manfred
Soh Jung
Steinkellner Georg
Stöggel Wolfgang
Sykacek Peter
Tatto Nadine
Technau Uli
Thallinger Gerhard
Thurner Stefan
Trajanoski Slave
Trajanoski Zlatko
Vierlinger Klemens
Villanova Laura
von Haeseler Arndt
Widder Stefanie
Wiederstein Markus
Winkler Stephan
Wischnitzki Elisabeth
Zatloukal Kurt
Zhou Qi
Zimmermann Bob

0. Kurzfassung

Die Bioinformatik ist ein interdisziplinäres Gebiet an der Schnittstelle zwischen Informatik und Lebenswissenschaften, mit wichtigen Anwendungen in der Grundlagenforschung und angewandten Forschung für Themenbereiche wie molekulare Medizin, gesunde Gesellschaft, Landwirtschaft, Biotechnologie, grüne Energie, usw. Bioinformatik unterstützt die Informationsinfrastruktur, mit der diese Bereiche ihre stark wachsenden Repertoire an molekularen Daten analysieren. Darüber hinaus wird die Bioinformatik auch zur Daten-Wissenschaft und Integrations-Wissenschaft, die wichtige neue Entdeckungen hervorbringt und damit den Investitionen der Gesellschaft bezüglich Lebenswissenschaften zum Durchbruch verhilft. Aus diesen Gründen, und wie in jedem anderen Land mit starker biomedizinischer Forschung, ist die Bioinformatik von strategischer Bedeutung für Grundlagen- und angewandte Forschung in Österreich.

Um die Potenziale der Bioinformatik in den Lebenswissenschaften zu realisieren und die aktuellen Engpässe der Dateninterpretation und Nutzung zu überwinden, stehen wesentliche Herausforderungen vor uns: Den Aufbau nationaler Kapazitäten für die Forschung, Entwicklung und Ausbildung in allen Bereichen der Bioinformatik, Einrichtung der erforderlichen Kapazitäten von Rechenressourcen für Informationen in den Lebenswissenschaften, und die Nachhaltigkeit und Sichtbarkeit der in Österreich entwickelten Ressourcen zu gewährleisten.

Die Herausforderungen können nur effektiv und kosteneffizient durch Koordinierung, Zusammenarbeit und Netzwerkbildung angesprochen werden. Wir, eine Gruppe von 71 ForscherInnen und PraktikerInnen aus allen Bereichen der Bioinformatik in Österreich, empfehlen daher die Bildung einer verteilten und vernetzten **Plattform für Bioinformatik in Österreich**. Ähnlich wie bei dem Schweizer Institut für Bioinformatik (SIB), wird diese Plattform unsere Ressourcen, unser Fachwissen, und die Infrastruktur für weltweit führende Qualität und Sichtbarkeit koordinieren und vernetzen. Sie wird exzellente Bioinformatik-Forschung und ihre vielfältigen Einsatzmöglichkeiten fördern. Sie wird auch Verbesserungen und neue Funktionen für die Forschung, Entwicklung und Industrie in den Lebenswissenschaften in Österreich ermöglichen.

Die vorgeschlagene Plattform für Bioinformatik sollte als unabhängige, gemeinnützige Institution etabliert und anerkannt werden, um Dienstleistungen und Austausch für alle Bioinformatiker zur Verfügung zu stellen. Die Plattform wird intensive Beziehungen zu internationalen Bioinformatik-Organisationen unterhalten. Entsprechend der Schlüsselrolle der Bioinformatik in den Lebenswissenschaften, die in der nahen Zukunft nur mehr ansteigen kann, empfehlen wir eine enge Zusammenarbeit aller Beteiligten in der fachlichen Ausbildung in Österreich. Eine solche Zusammenarbeit sollte somit in allen Sektoren, Universitäten, Instituten und Unternehmen etabliert werden. Die Fortbildungsmaßnahmen sind auf den Ebenen "User" und "Spezialist" erforderlich, und erfordern die Zusammenarbeit zwischen den verschiedenen Standorten in Österreich.

Eine starke Infrastruktur für Information in den Lebenswissenschaften in Österreich kann nur in Integration mit nationalen und internationalen Forschungsinfrastrukturen eingerichtet werden. Zusammen mit der Bildung einer Plattform für Bioinformatik in Österreich, empfehlen wir, dass Österreich ELIXIR beitreten sollte, Europas Forschungsinfrastruktur-Initiative für Daten und Informationen in den Lebenswissenschaften. Wichtige Aktivitäten von ELIXIR sind wissenschaftliche Programme, internationale Projektförderung, technische Koordination, Unterstützung der Industrie, und Pilotmaßnahmen. ELIXIR unterstützt die BioinformatikerInnen auch durch die Definition von Kern-Datenressourcen, durch einen Name-Service, und durch eine Werkzeug- und Service-Registry. Österreichs Mitgliedschaft in ELIXIR sollte durch eine enge Zusammenarbeit der Bioinformatik-Plattform in Österreich mit allen relevanten nationalen und internationalen Forschungsinfrastrukturen, wie beispielsweise die BBMRI-ERIC und de-NBI. ergänzt werden.

1. Einleitung

1.1 Bioinformatik

Die Bioinformatik ist eine interdisziplinäre Wissenschaft an der Schnittstelle zwischen den Lebenswissenschaften und der Informatik. Die Bioinformatik wurde allgemein anerkannt, als Bioinformatiker Schlüsselprobleme in einer der größten wissenschaftlichen Bemühungen gelöst haben - die Entschlüsselung des gesamten menschlichen Genoms. Bioinformatik ist heute als unabhängiges wissenschaftliches Feld in Lehre und Forschung etabliert. Vielschichtiges „big Data“ in den Lebenswissenschaften, wie Biologie, Medizin, Pharmakologie und Ökologie werden gespeichert, organisiert, analysiert, verglichen und interpretiert, und die integrierten Ergebnisse visualisiert durch bioinformatische Methoden. Bioinformatiker entwickeln und nutzen Rechenalgorithmen und Methoden, um Probleme, die in den Lebenswissenschaften entstehen, zu lösen. Zu diesem Zweck dienen angrenzende Bereiche, wie Biomathematik, Biostatistik, Medizinische Informatik und Laborinformationstechnologie, als Ergänzung und Unterstützung der Bioinformatik.

Forscher nähern sich den Forschungsthemen der Bioinformatik aus verschiedenen Perspektiven. Die "User" Perspektive wird durch das Lösen von lebenswissenschaftlichen Problemen gekennzeichnet - durch die Anwendung von bestehenden Bioinformatik Methoden - und deren Kombination, Verbesserung und Bewertung. Bioinformatiker, die auf diese Weise arbeiten, sind häufig in Forschungseinrichtungen oder Industriearbeitsgruppen eingebettet, die groß angelegte Daten erzeugen und Versuchsanlagen betreiben, um damit Vorhersagen direkt testen zu können. Allerdings stützt sich die wissenschaftliche Produktivität und der Erfolg der Forscher dieser "User" Perspektive, auf zwei andere Zweige der Bioinformatik: engagierte "Methoden-Entwickler" und "Ressourcen-Betreuer". Dies sind Spezialisten, die neue Algorithmen und Implementierungen entwickeln, die groß angelegte lebenswissenschaftliche Daten sammeln und organisieren, und die neuartige Ressourcen und Tools entwickeln. Obwohl Methoden-Entwickler und Ressourcen-Betreuer auch "eingebettete Bioinformatiker" sein können, arbeiten diese hauptsächlich in spezialisierten Bioinformatik-Arbeitsgruppen und -Instituten.

Technologische Fortschritte in den Lebenswissenschaften generieren immer mehr Daten und bringen somit die Bioinformatik ins Rampenlicht. DNA-Sequenzierung, Massenspektroskopie und bildgebende Verfahren sind zunehmend allgegenwärtig in vielen Bereichen der Biologie und Medizin. Folglich werden ambitionierte Forschungsbereiche, wie zum Beispiel in der personalisierten Medizin, Ernährung, Mikrobiomforschung, Bioenergie, und viele mehr, eine entscheidende und leistungsfähige Infrastruktur für Bioinformatik benötigen, welche die Kapazitäten für die Verarbeitung großer Mengen von lebenswissenschaftlichen Informationen auf den höchsten wissenschaftlichen Ebenen aufweist.

1.2 Bioinformatik in Österreich

Viele Vertreter der österreichischen Bioinformatik haben sich im Rahmen des Symposiums "Austrian infrastructure for life-science information" am 24. März 2015 getroffen. In dieser Sitzung wurde beschlossen, dieses Weißbuch zu entwickeln, um eine Zukunftsstrategie für Bioinformatik in Österreich zu definieren. Wir haben eine erste gemeinschaftliche Plattform für den Austausch von Material und Informationen etabliert. Dieses Online-Portal verbindet die BioinformatikerInnen, und dient als Keim für die empfohlene Bioinformatik-Plattform.

Wir stellen im Folgenden die Bioinformatik in der österreichischen Forschung, Industrie und Bildung in einem kurzen Überblick vor.

Raum Wien:

Bioinformatik-Institute oder Arbeitsgruppen existieren an den Universitäten in Wien (Universität Wien, Technische Universität, Medizinische Universität, Veterinärmedizinische Universität, Universi-

tät für Bodenkultur Wien "Boku"), an Instituten der Österreichischen Akademie der Wissenschaften (CeMM GMI, IMBA), am Forschungsinstitut für Molekulare Pathologie (IMP), am Institut für Wissenschaft und Technologie Österreich (ISTA), am Österreichischen Institut für Technologie (AIT), und an den Campus Science Support Einrichtungen (VBCF) des Vienna Biocenter. International sichtbare wissenschaftliche Stärken umfassen (unter anderem) die quantitative Biologie, Entwicklungen von Anwendungen und Methoden, RNA Bioinformatik, molekulare Evolution, Populationsgenetik, biomedizinische Genomforschung und Host-Mikroben-Interaktionen. Die Gruppen sind gut vernetzt, vor allem in den Bereichen Bildung (Zusammenarbeit innerhalb und zwischen den Institutionen) und Forschung (gemeinsame Projekte).

Graz:

Im vergangenen Jahr wurden zwei Professuren für Bioinformatik und Computergestützte Biotechnologie an der TU Graz gegründet. Eine zusätzliche Professur für Bioinformatik wird momentan an der Karl-Franzens Universität rekrutiert. Derzeit bestehende Institute/Abteilungen mit Bioinformatik-Kompetenz an der Medizinischen Universität Graz sind das Institut für Medizinische Informatik, Statistik und Dokumentation, und die Kerneinrichtung für Computergestützte Bioanalytik am Zentrum für Medizinische Forschung.

Innsbruck:

Die Medizinische Universität Innsbruck etablierte eine Professur für Bioinformatik im Jahr 2010 und erstellte eine Computer-Infrastruktur, um die lokalen Arbeitsgruppen u.a. hinsichtlich NGS-Daten Analyse zu unterstützen. Die Medizinische Universität Innsbruck koordiniert ein repräsentatives Horizon 2020-Projekt (APERIM: Fortschrittliche Methoden der Bioinformatik für die personalisierte Krebsimmuntherapie).

Raum Linz:

Die wichtigsten Bioinformatik-Arbeitsgruppen und -Institute werden vom Institut für Bioinformatik der Johannes Kepler Universität Linz, und der Bioinformatik-Forschungsgruppe an der Fachhochschule Hagenberg vertreten.

Salzburg:

Bioinformatik Forschungsgruppen sind innerhalb der Abteilung für Strukturbiologie und Bioinformatik und der Abteilung für Molekulare Biologie der Universität Salzburg etabliert.

2. Herausforderungen

2.1 Kompetenz und Training

Eine zentrale Herausforderung ist die projektspezifische, benutzerorientierte Ausbildung in der Bioinformatik, sowohl im Rahmen des Studiums als auch nach dem Studienabschluss. Die größte Zielgruppe besteht aus Wissenschaftlern, die wissen müssen, wie Sie ihre Daten speichern, richtig verarbeiten und analysieren, und wie sie ihre Ergebnisse umfassend interpretieren. Österreich muss daher Kapazitäten in der Bioinformatik-Ausbildung aufbauen. Diese besitzt eine immer größere Bedeutung für viele WissenschaftlerInnen, wie Biologen, Genetiker, Biochemiker, klinische Spezialisten, und für Pflanzen-, Umwelt- und Meeresforscher. In der Zukunft können auch Kliniker eine Grundausbildung in der Bioinformatik benötigen. In der Folge der raschen Fortschritte und Entwicklungen in der Bioinformatik, sowie der unterschiedlichen Bedürfnisse in verschiedenen Bereichen der Lebenswissenschaften, sollte eine solche Ausbildung spezifisch und problemorientiert sein. Dieser Sektor ist in Österreich noch unterentwickelt und benötigt daher besondere Aufmerksamkeit.

Methoden- und Ressourcenentwicklung in der Bioinformatik sind Bereiche für Spezialisten, die an der Schnittstelle zwischen sehr unterschiedlichen Disziplinen arbeiten. Talentierte Forscher in diesem

Bereich waren und sind immer noch selten. Ihre Rekrutierung unterliegt harter internationaler Konkurrenz, nicht nur zwischen verschiedenen Instituten, Orten und Ländern, sondern auch zwischen Wissenschaft und Industrie. Ausgezeichnete Bioinformatiker werden weltweit aktiv gesucht und es werden ihnen attraktive Stellen und Ausstattungen angeboten. Österreich hat das grundsätzlich erkannt: Der 2015 erfolgte Aufruf des Wiener Wissenschafts-, Forschungs- und Technologiefonds (WWTF) für exzellente Nachwuchswissenschaftler aus dem Ausland für den Aufbau und die Verwaltung einer unabhängigen Forschungsgruppe in dem Bereich der Computergestützten Biowissenschaften stellt ein typisches Beispiel dar.

Um weiterhin aktive, international wettbewerbsfähige und erfolgreiche Bioinformatik Gruppen zu erhalten, müssen wir eine Umgebung schaffen, die top Bioinformatik-Forscher und -Lehrende in Österreich fördert und hier hält. Sonst werden die besten Talente aus Österreich abwandern, ein schmerzhafter Verlust von Investitionen für unser Forschungsumfeld. In diesem Bereich ist die aktuelle Situation unbefriedigend und eine Verbesserung der Karrierechancen für BioinformatikerInnen dringend erforderlich. Dies wird auch anderswo erkannt, z.B. in der Deutschen Gemeinsamen Fachgruppe für Bioinformatik (FABI), die in ihrem neusten Arbeitspapier einen Vorstoß in diese Richtung macht.

Die Ausbildung neuer Forscher in der Bioinformatik bildet eine besondere Herausforderung aufgrund der Interdisziplinarität des Feldes und seiner rasanten Entwicklung. Undergraduate-Ausbildung an Universitäten und Fachhochschulen dominiert die traditionelle Ausbildung der Bioinformatik und wird von Post-Graduate-Ausbildungen und speziellen Angeboten für Quereinsteiger ergänzt. Die Bioinformatik-Ausbildung sollte sich auf zwei unterschiedliche Zielgruppen konzentrieren. Anwender von Bioinformatik-Methoden benötigen solides Verständnis der Grundprinzipien, Annahmen und Einschränkungen der Computermethoden in den Lebenswissenschaften. Viele Universitäten bieten daher Bioinformatik-Ausbildung als Teil ihrer Studiengänge in der Biologie, Ökologie, Medizin und Pharmazie. Die Ausbildung der Bioinformatiker mit Schwerpunkten auf Methodenentwicklung und Ressourcenpflege erfordert jedoch eigenständige Bioinformatik-Studiengänge. Studenten werden in den relevanten Themen der Informatik (beispielsweise Algorithmen, Software-Entwicklung, Datenbanken), Mathematik und Statistik trainiert, und lernen, Computerprobleme in den Lebenswissenschaften zu verstehen und zu lösen. Es ist wichtig, dass die Bioinformatik als heterogene Wissenschaftsdisziplin gesehen wird in der eine frühe Spezialisierung für das Erreichen ausreichender Tiefe erforderlich ist. Kürzere Nachdiplomstudiengänge reichen dafür nicht aus. Die Vermittlung von spezifischen Themen und die Entwicklung spezifischer Fähigkeiten zur Problemlösung in der Bioinformatik sollten daher einen wesentlichen Teil der Bioinformatik-Studiengänge bilden. Daher besteht ein Bedarf für eigenständige und gut betreute Bioinformatik-Studien. Bioinformatik-Curricula die nur Kombinationen aus Lebenswissenschaften und Informatik sind, reichen nicht aus.

2.2 Computer-Ressourcen

Die meisten Bioinformatik Gruppen arbeiten mit oder haben einen gewissen Zugang zu spezialisierten High-Performance Recheninfrastruktur (HPC) für Lebenswissenschaften. Der Hauptunterschied zu herkömmlichen HPC Einrichtungen, die in erster Linie auf Physik, Astronomie oder Klimawissenschaften ausgerichtet sind, ist die Ausstattung mit dedizierter Hardware für die Analyse großer Datenmengen, ergänzt von einem umfassenden, flexiblen und aktuell gehaltenen Bioinformatik-Software-Repository. Ebenfalls wichtig ist die Verfügbarkeit von großen biologischen Datenbanken vor Ort. Nur derartig angelegte Infrastruktur ermöglicht es Benutzern, ihre enormen Datenmengen effektiv zu analysieren.

Die Bioinformatik-Infrastruktur muss einerseits für Nichtspezialisten benutzbar sein, die laufende Datenanalyse in Forschungsprojekten unterstützen, sowie andererseits Methodenentwicklung und -Evaluation. Das typische Betriebsmodell für Bioinformatik ist ein Vollzeit -Betrieb mit kurzen Wartezeiten. Das ist wichtiger als höchste Verfügbarkeit, da die Daten iterativ analysiert werden müssen, und dies in vielen Fällen über mehrere Jahre (die Dauer des Projekts) erfolgt. Das exponentielle

Wachstum der Datenvolumen in den Lebenswissenschaften ist deutlich steiler als Moores Gesetz der verdoppelten CPU Kapazitäten alle 18 Monate. Dies erfordert zwar Upgrades von Computer-Hardware und Datenspeicherung mindestens alle 3-5 Jahre, aber betont auch den dringenden Bedarf an neuen Algorithmen und Methodenentwicklung in der Industrie und der Wissenschaft.

In der Wissenschaft ist die typische HPC-Infrastruktur für Bioinformatik oft auf mittelgroße Rechenclustern realisiert. Sie bestehen aus Endknoten für Job-Tests und -Steuerung, Rechenknoten, und einer schnellen Speichergruppierung. Kopien aller relevanten biologischen Datenbanken (in der Regel im Bereich von Terabytes) müssen als lokale Kopien auf High-Speed-Festplatten in allen Rechenknoten zur Verfügung stehen, um Engpässe im Netz zu verhindern. Dies realisieren in der Regel dedizierte Datenbankserver und redundante Virtualisierungsserver. Virtuelle Maschinen werden vor allem für die öffentlich zur Verfügung stehenden Ressourcen verwendet, wie Web-Portale, Datenbanken und Tools. Die beschriebenen HPC-Infrastrukturen sind in der Regel nicht nur für eine Bioinformatik-Gruppe selbst verfügbar, sondern auch für andere Abteilungen in deren Umfeld und Kooperationspartner. Zu diesem Zweck stellen die Bioinformatik-Arbeitsgruppen nicht nur den Zugriff auf die Bioinformatik HPC Einrichtungen zur Verfügung, sondern auch Software und wissenschaftliche Unterstützung für die Benutzer. Sie erfüllen damit eine wichtige Rolle in der Etablierung der lokalen Forschungsinfrastruktur für Informationen aus den Lebenswissenschaften. Neben generischer Rechenhardware werden auch dedizierte Systeme (wie DeCypher TimeLogic Boards) zur Hardware-Beschleunigung der zeitkritischen Schritte in der Analyse verwendet, wie Datenbanksuchen oder der Erstellung von Stammbäumen für alle Gene eines gesamten Genoms.

Doch in Österreich steht eine externe Finanzierung für Hardware, Software, Verwaltung und Benutzerunterstützung in der Regel nicht ohne weiteres zur Verfügung - so dass es für Bioinformatik Gruppen schwierig ist, ihre technische Infrastruktur auf lange Sicht zu erhalten. Daher sind gemeinsame Aktivitäten ins Leben gerufen worden, wie das jüngste HRM Projekt von mehreren Universitäten, die Rechenknoten mit mittlerem und hohem Speicher und schnelle zentrale temporären Arbeitsspeicher in Phase-3 des Wiener Scientific Cluster (VSC-3) etabliert haben. Diese Investition in Hardware für Big Data war ein entscheidender Schritt und wird für die Nutzer im Jahr 2016 zur Verfügung stehen. Der Aufbau der Verwaltungsstrukturen (z.B. Steering Group) dieser spezifischen HPC-Ressourcen, welche die Nutzung mit kurzer Latenz und hoher Spitzenauslastung ermöglicht, wie sie oft in der Bioinformatik benötigt wird, steht noch aus. Zukünftige Entwicklungen inkludieren notwendigerweise die sichere Archivierung der umfangreichen Originaldaten und der Analyseergebnisse. Darüber hinaus muss eine langfristige Unterstützung für den Aufbau und die Pflege von aktuell gehaltenen Software- und Datenbankinstallationen gefunden werden. Es wird daher notwendig sein, größere Infrastrukturen an verschiedenen Bioinformatik-Instituten miteinander zu verknüpfen.

2.3 Nachhaltigkeit und Sichtbarkeit von Ressourcen, entwickelt in Österreich

Österreichische Bioinformatiker, die in Ressourcen-Entwicklung und -Pflege arbeiten, erleben derzeit spezifische Finanzierungsherausforderungen. Meistens werden neue, innovative Tools und Ressourcen von der Grundlagenforschung inspiriert, und im Rahmen eines Forschungsprojektes umgesetzt. Nach der Veröffentlichung der Ressource und dem Ende solcher Projekte kämpfen die Autoren, den Betrieb dieser Dienstleistungen über einen längeren Zeitraum aufrecht zu erhalten, vor allem, wenn Rechenwerkzeuge als Web-basierte Community-Ressource angeboten werden. Finanzierung durch Eigen- und Fremdinstitutionen steht in der Regel für diesen Zweck nicht zur Verfügung. Öffentliche Ressourcen über einen langen Zeitraum aufrecht zu erhalten erfordert daher wesentliche Initiative und finanzielle Mittel aus den Gruppen selbst. Diese sind oft begrenzt; daher verschwinden viele interessante Bioinformatik Ressourcen bereits kurz nach ihrer Veröffentlichung oder werden, sobald sie populär genug sind, mit externen Anfragen überlastet.

In Österreich gibt es derzeit kein Konzept, um die Stärken der hier entwickelten Ressourcen zu identifizieren (beispielsweise über Einflussfaktoren, Verwendungszählungen und Zitate). Darüber hinaus gibt es keine Plattform, über die Benutzer Ressourcen verlangen könnten, die ihren unerfüllten Be-

dürfnissen entsprechen. Zusammenfassend ergeben sich der Mangel an einer gemeinsamen Infrastruktur und Finanzierung für die langfristige Wartung von Methoden und Ressourcen, dies führt oftmals zu einer Verschwendung von Investitionen.

3. Lösungen

Wir schlagen drei primäre Aktionen vor, um die oben beschriebenen Herausforderungen in Angriff zu nehmen. Diese werden nicht nur für die Bioinformatik von Vorteil sein, sondern auch von strategischer Bedeutung für die gesamte Lebenswissenschaft in Österreich. Wir empfehlen (i) die Gründung einer Bioinformatik-Plattform in Österreich, (ii) die nationale Zusammenarbeit in der Bioinformatik-Ausbildung und Weiterbildung, und (iii) die langfristige Unterstützung von Investitionen in gemeinsam genutzten Infrastruktur und Ressourcen und deren Integration mit nationalen und internationalen Forschungsinfrastrukturen.

3.1 Eine verteilte und vernetzte Plattform für Bioinformatik in Österreich

Mit dem Ende des GENAU Programms (Österreichische Genomforschungsprogramm 2001-2012), ist auch die zentrale Networking-Plattform für österreichische Bioinformatiker verschwunden. Dieses Programm hatte dazu beigetragen, die internationale Wettbewerbsfähigkeit der österreichischen Genomforschung zu etablieren, und war daher sehr wichtig um eine produktive Bioinformatik Gemeinschaft zu entwickeln. Im Vergleich zur Schweiz, einem ähnlich großen Nachbarland, wo das Schweizer Institut für Bioinformatik (SIB) die nationale Infrastruktur in einer weltweit führenden Qualität und Sichtbarkeit organisiert, fehlt Österreich bisher eine ähnliche Einrichtung. Wir empfehlen daher die Gründung einer Bioinformatik-Plattform in Österreich. Es sollte als Rechtsträger etabliert werden, sodass es ein Partner für die Institutionen und Entscheidungsträger in Wissenschaft, Industrie und Politik wird.

Die Plattform wird exzellente Bioinformatik fördern und die erfolgreiche Entwicklung der Lebenswissenschaften in Österreich unterstützen. Sie sollte als unabhängige Non-Profit-Einrichtung gegründet und anerkannt werden. Die Plattform soll der effizienten Koordination der Bioinformatik-Aktivitäten in Österreich in den Bereichen Forschung, Bildung und gemeinsamer Finanzierung dienen. Die Plattform soll allen BioinformatikerInnen offen stehen. Mitgliedern werden Dienstleistungen, Austausch und Ausbildung geboten. Durch künftige Finanzierungen können durch die Plattform Instrumente wie Stipendien für Aufbaustudien und Weiterbildungen sowie Forschungspreise etabliert werden. Ein besonderer Schwerpunkt wäre die Minimierung der Redundanz von Investitionen und langfristige Nachhaltigkeit.

Wir empfehlen eine Führungsstruktur, mit (i) einem Verwaltungsrat: Festlegung der wissenschaftlichen Strategie und Verfahren der Plattform, (ii) einem Direktor, vom Verwaltungsrat gewählt und verantwortlich für die Gesamtleitung der Plattform, und (iii) einem internationalen wissenschaftlichen Beirat, der Empfehlungen zu den Aktivitäten der Plattform ausspricht.

Die Plattform für Bioinformatik in Österreich wird ihre Beziehungen zu internationalen Organisationen im Bereich computergestützte Lebenswissenschaften, wie die International Society for Computational Biology (ISCB, einschließlich der nationalen ISCB Studierendengruppen), ELIXIR, das Deutsche Netzwerk der Bioinformatik-Infrastruktur (de.NBI), und andere, entwickeln und pflegen.

3.2 Bildung, Ausbildung und Karriereentwicklung

Wir empfehlen eine enge Zusammenarbeit von Universitäten, Instituten und Unternehmen im Bachelor- und Masterstudium in Bioinformatik. Austausch zwischen verschiedenen Standorten sollte

gefördert werden und wird für die Qualität und Vollständigkeit der Curricula von großem Vorteil sein. Diese Aktivitäten sollten durch landesweite Programme auf der Post-Graduate-Ebene ergänzt werden, beispielsweise von einem österreichischen PhD-Programm in der Bioinformatik und durch thematisch fokussierte Sommerschulen. Im Interesse der praxisbezogenen Ausbildung regen wir die Industrie an, zur Bioinformatik-Ausbildung beizutragen.

Es dauert lange, hochwertige Curricula zu entwickeln. Die Plattform für Bioinformatik in Österreich könnte somit eine hervorragende Basis bieten, um die Kräfte in den computergestützten Lebenswissenschaften zu vereinen, indem Kursmaterialien geteilt werden, Fortbildungsveranstaltungen koordiniert werden und ein wirklich umfassendes Trainingsportfolio aufgebaut wird, das experimentell arbeitenden Wissenschaftlern bei der Verwaltung und Analyse ihrer Daten viel effizienter helfen kann.

Talentierte Wissenschaftler verlassen österreichische Universitäten und Forschungseinrichtungen oft nach dem Studium oder Abschluss ihres PhDs, weil sie in anderen Ländern oder in der Industrie bessere Karriereperspektiven haben. Um das aktuelle "brain drain" zu stoppen und in nationale Talente zu invertieren, empfehlen wir daher eine höhere Wertschätzung der Bioinformatik in den Förderinstrumenten für die Karriereentwicklung und Forschungsfinanzierung in den Lebenswissenschaften. Die jüngste Förderung der WWTF für Nachwuchs-Forschungsgruppenleiter in der computergestützten Biowissenschaft ist in diesem Zusammenhang ein ermutigendes Signal.

3.3 Wissenschaftliches Rechnen

Die Plattform für Bioinformatik in Österreich sollte die Schaffung und den Betrieb exzellenter wissenschaftlicher und High-Performance-Rechen-Plattformen für alle Forschungsgruppen im Bereich Lebenswissenschaften auf eine skalierbare, nachhaltige und wirtschaftliche Weise fördern. Dieses Gesamtziel umfasst mehrere wichtige Aspekte:

- Sichere Rechen- und Speicherkapazitäten für die Bearbeitung der umfangreichen Daten und Analyseergebnisse im Bereich der Lebenswissenschaften.
- Sicherstellung der langfristigen Unterstützung für den Aufbau und die Pflege von up-to-date-Software und Datenbankinstallationen.
- Erleichtern des wissenschaftlichen Rechnens durch benutzerfreundliche Tools, wie beispielsweise Analyse-Pipelines, vorkonfigurierte virtuelle Maschinen, Software als Service usw.
- Bereitstellung von hervorragenden Anwenderdienstleistungen, Unterstützung durch in silico Experimente, methodische Beratung und Schulungen.
- Erhaltung einer state-of-the-art Software-Umgebung (wissenschaftliche Anwendungen und Datenbanken), und Ergänzung dieser Werkzeuge durch projektspezifische Software-Entwicklung wenn nötig.
- Last but not least: Erreichen dieser Ziele in optimaler Weise durch die Bündelung finanziellen, personeller und struktureller Ressourcen.

Wir sind davon überzeugt, dass der beste Weg zum Erreichen dieser Ziele eine Gruppe von Computing- und Bioinformatik-Experten innerhalb der Plattform für Bioinformatik in Österreich ist. Diese Expertengruppe sollten Strategien für HPC im Bereich Lebenswissenschaften entwickeln und synchronisieren, und sollte in alle relevanten Entscheidungen einbezogen werden, um sicherzustellen, dass der lebenswissenschaftlichen Forschungsgemeinschaft erstklassige Leistungen zur Verfügung gestellt werden.

3.4 Integrationen mit nationalen und internationalen Forschungsinfrastrukturen

Wir empfehlen, dass Österreich ELIXIR beitreten sollte, Europas Forschungsinfrastruktur Initiative für lebenswissenschaftliche Daten und Informationen. Gestartet im Jahr 2014, ist ELIXIR eine einzigartige

und beispiellose Initiative, um Europas führende nationale Bioinformatik-Zentren, Dienstleistungen und Kernressourcen zu verbinden. Aktivitäten von ELIXIR inkludieren deren wissenschaftliches Programm, technische Koordination, Unterstützung der Industrie, Pilotaktionen, und gemeinsames Einwerben von Projektfinanzierungen. Methodenentwickler und Ressourcen-Betreuer werden durch die Definition von Kern-Ressourcen, mit dem Name-Service und durch die Werkzeug- und Service-Registry unterstützt.

ELIXIR ist eine pan-europäische Forschungsinfrastruktur für molekularbiologische Daten. Priorisiert vom Europäischen Rat und ESFRI im Jahr 2014 als eine von Europas drei neue Prioritäts-Infrastrukturen, baut sie auf bestehenden Datenressourcen und Dienstleistungen auf und folgt einem Netzwerk-Modell, mit einem Koordinierenden Hub in Hinxton, Cambridge, und einer wachsende Zahl an nationalen Knoten, die sich an Kompetenzzentren in ganz Europa befinden (www.elixir-europe.org/about/elixir-nodes). Das Ziel von ELIXIR ist die Sammlung, Qualitätskontrolle und Archivierung großer Mengen biologischer Daten aus lebenswissenschaftlichen Experimenten, und die Bereitstellung von offenem Zugang zu den weltweit führenden Daten, Rechentools, Standards, Ausbildungen und Industriedienstleistungen.

Derzeit haben elf Länder (Tschechische Republik, Dänemark, Estland, Finnland, Israel, Niederlande, Norwegen, Portugal, Schweden, Schweiz, Großbritannien) und EMBL die ECA ratifiziert und sind Vollmitglieder; weitere sechs Länder (Frankreich, Spanien, Italien, Slowenien, Griechenland und Belgien) sind Beobachter und sind in verschiedenen Stadien der entstehenden Mitgliedschaft.

Sollte Österreich ELIXIR beitreten, wäre der Mitgliedsbeitrag für den laufenden Zeitraum des ELIXIR Programm: 2015 - €95.563, 2016 - €101.356, 2017 - €119.286, 2018 - €162.687. Die Vorteile für Österreich bezüglich einer Mitgliedschaft sind im Anhang beschrieben. Wir empfehlen, dass Österreich als Beobachter unmittelbar beitrifft, und zielen darauf ab, Vollmitgliedschaft, so bald wie möglich zu erreichen.

Österreichs Mitgliedschaft in ELIXIR sollte durch eine enge Zusammenarbeit der Plattform für Bioinformatik in Österreich mit einschlägigen nationalen und internationalen Forschungsinfrastrukturen, Initiativen und Kooperationen ergänzt werden, u.a.:

- Biobanking and Biomolecular Resources Research Infrastructure (BBMRI-ERIC)
- Partnership for Advanced Computing in Europe Research Infrastructure (PRACE)
- German Network of Bioinformatics Infrastructure (de.NBI)
- Austrian Academic Computer Network (Aconet)
- Austrian Center for Industrial Biotechnology (ACIB)

Aufgrund ihrer nationalen und internationalen Bedeutung empfehlen wir insbesondere die Entwicklung einer engen Zusammenarbeit zwischen ELIXIR und BBMRI in Österreich als eines der Pilotprojekte der Plattform für Bioinformatik. Nachbarländer haben bereits damit begonnen, ihre nationale Bioinformatik-Infrastruktur zu stärken. In Deutschland begann die neue de.NBI Bioinformatik-Infrastruktur, das Förderprogramm des BMBF mit einer ersten Finanzierungsrunde (22 Millionen Euro), die durch mehrere zusätzliche Finanzierungsrunden über die nächsten 10 Jahre ergänzt wird. Ähnliche Förderinitiativen müssen für Österreich hergestellt werden, um leistungsstarke Rechen- und Speicherinfrastruktur zu verbessern und zu erhalten. Zusätzliche Mittel für die Identifizierung von wertvollen Bioinformatik-Ressourcen, die in Österreich entwickelt werden, und ihre langfristige Pflege, müssen gefunden werden. Der Vorsitzende der de.NBI Gutachtergruppe ist Prof. Dr. Sensen von der TU Graz. Enge Verbindungen mit de.NBI sind für Österreich sinnvoll, da diese Initiative für die künftige Entwicklung der Bioinformatik-Infrastruktur in Deutschland und ihre Integration in das europäische Netzwerk maßgeblich sein wird.

4. Anhang

4.1 WissenschaftlerInnen mit Schwerpunkt Bioinformatik in Österreich

Name	Einrichtung	Forschungsthemen	Web
Antonielli Livio	AIT-Austrian Institute of Technology	Microbial community analysis; (Meta-)genome assembly	
Aszodi Andras	VBCF: Vienna Biocenter Core Facilities	theoretical computational biology, high-performance computing, training and teaching	www.csf.ac.at
Berghold Andrea	Institute for Medical Informatics, Statistics and Documentation	RU Statistical Bioinformatics, Genetic epidemiology, Biostatistics and Medical Informatics	
Birngruber Erich	Gregor Mendel Institute of Molecular Plant Biology GmbH; Dr. Bohr-Gasse 3; 1030 Vienna, Austria	HPC Specialist	www.gmi.oeaw.ac.at
Bock Christoph	CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences	Medical Epigenomics, Bioinformatics, Single-cell Sequencing, Personal Genomes, Epigenomics	epigenomics.cemm.oeaw.ac.at
Borgmann Daniela	Bioinformatics Research Group-University of Applied Sciences, Upper Austria School for Bioinformatics, Communications and Media, Campus Hagenberg, Dept. of Medical and Bioinformatics		research.fh-ooe.at/de/orgunit/842
Dohm Juliane	University of Natural Resources and Life Sciences Vienna (BOKU), Department of Biotechnology, Bioinformatics Group	Plant genomics; genome sequencing, assembly, annotation, biological interpretation; high throughput sequencing data analysis	
Dorfer Viktoria	Bioinformatics Research Group-University of Applied Sciences, Upper Austria School for Bioinformatics, Communications and Media, Campus Hagenberg, Dept. of Medical and Bioinformatics		research.fh-ooe.at/de/orgunit/842
Dorffner Georg	Center for Medical Statistics, Informatics and Intelligent Systems; Medical University of Vienna	Data science for personalized medicine; machine learning and pattern recognition in molecular data; automated quantitative immunohistochemistry	cem-siis.meduniwien.ac.at/ds4pm
Egger Bernhard	Institute of Zoology, University of Innsbruck	Assembly, phylogenetics	www.uibk.ac.at/zoology/research/regeneration
Feichtinger Julia	PostDoc at IMBT Graz,	Tools for Genome Annotation	

	Genome Annotation Pipelines		
Flamm Christoph	Institute for theoretical chemistry, University of Vienna		www.tbi.univie.ac.at/~xtof
Frank Karl	CAME – Center of Applied Molecular Engineering, Division of Structural Biology & Bioinformatics, Department of Molecular Biology, University of Salzburg	Protein structure and sequence	
Goldmann Daria	Division of Drug Design and Medicinal Chemistry, Dep. of Pharmaceutical Chemistry, University of Vienna		pharminfo.univie.ac.at
Graf Alexandra	FH Campus Wien, Department of Applied Life Sciences; ACIB GmbH	Sequence analysis and annotation, Metagenome,	
Groselj-Strele Andrea	Core Facility Computational Bioanalytics, Center for Medical Research, Medical University Graz	Research support in applied Biostatistics and Bioinformatics	
Gruber Karl	Institute of Molecular Biosciences, University of Graz	Structural bioinformatics, structural biology, molecular modeling	molekularbiologie.uni-graz.at
Gruber Markus	CAME – Center of Applied Molecular Engineering, Division of Structural Biology & Bioinformatics, Department of Molecular Biology, University of Salzburg	Protein structure and sequence	zmf.medunigraz.at
Gülly Christian	Center for Medical Research, Medical University of Graz	OMICS technologies	
Gyenesi Attila	Bioinformatics and Scientific Computing, Vienna Biocenter Core Facilities (previously known as CSF)	Next generation sequencing, Data mining, Integrative data analysis	www.csf.ac.at
Hackl Hubert	Biocenter, Division of Bioinformatics, Medical University of Innsbruck	computational genomics, cancer immunology	icbi.at
Hanel Rudolf	Medical University of Vienna, CeMSIIS, Section for Science of Complex Systems		www.complex-systems.meduniwien.ac.at/people/rhanel
Hartler Jürgen	PostDoc at IMBT Graz, Tools for MassSpec Analysis	Lipidomics, MassSpec Data Analysis	

Herbold Craig	DOE-Division of Microbial Ecology, Department of Microbiology and Ecosystem Science, University of Vienna		dmes.univie.ac.at
Himmelbauer Heinz	University of Natural Resources and Life Sciences Vienna (BOKU), Department of Biotechnology, Bioinformatics Group	Plant genomics; genome sequencing, assembly, annotation, biological interpretation; high throughput sequencing data analysis	
Hochreiter Sepp	Institute of Bioinformatics, Johannes Kepler University Linz	Machine learning; Deep learning; Biclustering; Next generation sequencing; Genetics; Genomics; Clinical studies	www.bioinf.jku.at
Hofacker Ivo L.	Institute for theoretical chemistry, University of Vienna		www.tbi.univie.ac.at/~ivo
Junttila Sini	VBCF:Vienna Biocenter Core Facilities	RNAseq, non-model organisms	
Klambauer Günter	Institute of Bioinformatics, Johannes Kepler University Linz	Cheminformatics; Machine learning; Microarray data analysis; Next generation sequencing; Copy number variations	www.bioinf.jku.at
Kosiol Carolin	Institute of Population Genetics, Vetmeduni Vienna		www.vetmeduni.ac.at/en/population-genetics/forschung/research-groups/kosiol-lab
Kreil David Philip	Department of Biotechnology, University of Natural Resources and Life Sciences, Austria		bioinf.boku.ac.at
Lackner Peter	Department of Molecular Biology, University of Salzburg	Protein structure bioinformatics, Immunoinformatics	www.unisalzburg.at/lackner
Lirk Gerald	Bioinformatics Research Group-University of Applied Sciences, Upper Austria School for Bioinformatics, Communications and Media, Campus Hagenberg, Dept.of Medical and Bioinformatics		research.fh-ooe.at/de/orgunit/842
Luberacki Borries	Gregor Mendel Institute of Molecular Plant Biology GmbH; Dr. Bohr-Gasse 3; 1030 Vienna, Austria	Lab-Manager / Head of HPC	www.gmi.oeaw.ac.at
Menche Jörg	CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences	Network Medicine, Systems Biology, Molecular Networks, Computational Biology	www.cemm.oeaw.ac.at/research/groups/bioinformatics-joerg-menche

Mohr Thomas	Medical University of Vienna, Institute of Cancer Research / ScienceConsult – DI Thomas Mohr KG	Network Analysis in conjunction with -omics data, Endothelial cells – focus inflammation and angiogenesis	
Moissl-Eichinger Christine	Internal Medicine, Medical University Graz	Microbiome	www.medunigraz.at/microbiome
Nodine Michael	Gregor Mendel Institute of Molecular Plant Biology	Development; small regulatory RNAs, transcriptomics	www.gmi.oeaw.ac.at/research-groups/michael-nodine
Oostenbrink Chris	University of Natural Resources and Life Sciences Vienna (BOKU), Institute for Molecular Modeling and Simulation	Biomolecular Modeling and Simulation	www.map.boku.ac.at/mms
Pabinger Stephan	AIT Austrian Institute of Technology	Genome sequencing, Genome assembly, NGS, RNASeq, data integration, molecular dynamics simulation, software development	www.ait.ac.at/bioinformatics
Pasterk Markus	BBMRI-ERIC	Biobanking	www.bbmri-eric.eu
Peymann Armin	ACIB GmbH (Austrian Center of Industrial Biotechnology)	de novo genome assembly, genome annotation, RNA-Seq data analysis and interpretation, phylogenetic analysis	
Pröll Karin	Bioinformatics Research Group-University of Applied Sciences, Upper Austria School for Bioinformatics, Communications and Media, Campus Hagenberg, Dept. of Medical and Bioinformatics		research.fh-ooe.at/de/orgunit/842
Rattei Thomas	CUBE - Division of Computational Systems Biology, Department of Microbiology and Ecosystem Science, University of Vienna	Microbiome; Microbial symbionts and pathogens; Comparative genomics	cube.univie.ac.at
Rieder Dietmar	Biocenter, Division of Bioinformatics, Medical University of Innsbruck	computational genomics, transcriptional regulation	icbi.at
Schaller Susanne	Bioinformatics Research Group-University of Applied Sciences, Upper Austria School for Bioinformatics, Communications and Media, Campus Hagenberg, Dept. of Medical and Bioinformatics		research.fh-ooe.at/de/orgunit/842
Schlick-Steiner Birgit	Institute of Ecology, Uni-	Molecular Ecology	www.uibk.ac.at/ec

C.	iversity of Innsbruck		ology/forschung/molecular_ecology.html
Schreiner Wolfgang	Division of Biosimulation and Bioinformatics, CeMSIIS - Center for Medical Statistics, Informatics and Intelligent Systems, Medical University of Vienna	OMICS data analysis for systems medicine; Molecular simulation; Immunoinformatics; Pharmacokinetics	cem-siis.meduniwien.ac.at/en/bsb/research
Schuster Michael	CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences	Bioinformatics, Next Generation Sequencing, Genomics	biomedical-sequencing.at
Sensen Christoph	Head of IMBT Graz: Genome Annotation, Data Visualization, Virtual Human	Markers for chronic diseases in mammals, Metagenomics, Expressomics	www.tugraz.at/institute/imbt/home
Sipl Manfred	CAME – Center of Applied Molecular Engineering, Division of Structural Biology & Bioinformatics, Department of Molecular Biology, University of Salzburg	Protein structure and sequence	
Soh Jung	Senior Scientist at IMBT Graz, Development of Bioinformatics Tools and Analysis Pipelines for Genomics	Pipeline Development for Large Scale Analyses	
Steinkellner Georg	ACIB GmbH., Austrian Centre of Industrial Biotechnology, Graz	structural bioinformatics; structural enzymology; molecular modeling and docking; structure	acib.at
Stögl Wolfgang	Institut für Botanik, Universität Innsbruck		
Sykacek Peter	Department of Biotechnology, University of Natural Resources and Life Sciences, Austria	computational biology in medicine, probabilistic modelling, multimodal interference	bioinf.boku.ac.at
Tatto Nadine	ACIB GmbH (Austrian Center of Industrial Biotechnology), FH Campus Wien, Department of Applied Life Sciences	Databases, Genome Browser,	
Technau Uli	Dept. for Molecular Evolution and Development Centre for Organismal Systems Biology Faculty of Life Sciences University of Vienna		molevodevo.univie.ac.at
Thallinger Gerhard	Senior Project Scientist at IMBT Graz, Mostly Lip-	Lipidomics	

	idomics		
Thurner Stefan	Medical University of Vienna, CeMSIS, Section for Science of Complex Systems		www.complex-systems.meduniwien.ac.at/people/sthurner
Trajanoski Slave	Core Facility Computational Bioanalytics, Center for Medical Research, Medical University Graz	Microbiome; Metagenome; RNASeq, CHipSeq, targeted resequencing	zmf.medunigraz.at
Trajanoski Zlatko	Biocenter, Division of Bioinformatics, Medical University of Innsbruck	computational genomics, cancer immunology	icbi.at
Vierlinger Klemens	AIT Austrian Institute of Technology	biostatistics, classification and feature selection, computational genomics, data integration, systems biology	www.ait.ac.at/bioinformatics
Villanova Laura	starts at IMBT in September 2016 as Senior Scientist: Biostatistics	Statistical Analyses, Experimental Design	
von Haeseler Arndt	CIBIV Max F Perutz Laboratories University of Vienna, Medical University of Vienna.	Phylogenomics, High Throughput Methods, Population biology, Modelling of evolutionary processes	
Widder Stefanie	CUBE - Division of Computational Systems Biology, Department of Microbiology and Ecosystem Science, University of Vienna	Systems biology of microbial communities/microbiome and gene regulation, process-oriented modeling, network	cube.univie.ac.at
Wiederstein Markus	CAME – Center of Applied Molecular Engineering, Division of Structural Biology & Bioinformatics, Department of Molecular Biology, University of Salzburg	Protein structure and sequence	
Winkler Stephan	Bioinformatics Research Group-University of Applied Sciences, Upper Austria School for Bioinformatics, Communications and Media, Campus Hagenberg, Dept. of Medical and Bioinformatics		research.fh-ooe.at/de/orgunit/842
Wischnitzki Elisabeth	AIT-Austrian Institute of Technology	Transcriptome; Comparative genomics; Comparative transcriptomics; Marker development; GWAS	
Zatloukal Kurt	Biocenter, Division of Bioinformatics, Medical University of Innsbruck	computational genomics, cancer immunology	icbi.at

Zhou Qi	Dept. for Molecular Evolution and Development Centre for Organismal Systems Biology Faculty of Life Sciences University of Vienna	Sex Chromosome Evolution of Birds and Drosophila	
Zimmermann Bob	Dept. for Molecular Evolution and Development Centre for Organismal Systems Biology Faculty of Life Sciences University of Vienna		molevodevo.univie.ac.at

4.2 Need matching: Eine Fallstudie für Bioinformatik und Biobanken

"Big Data" ist auch ein "großes Thema" in den biologischen und medizinischen Bereichen. Daten aus einer Vielzahl von Quellen wie elektronische Patientenakten, Labordaten, molekulare Daten (Genom-Sequenzierung, Metabolomik, Proteomik) sowie für Patienten erzeugte Datensätze (Lebensstildaten, medizinische Daten) können kombiniert werden, um neue Erkenntnisse für die Forschung (z.B. Arzneimittelentwicklung), Krankenhaus-Management (z.B. prädiktive Analytik), die öffentliche Gesundheit, (z.B. Simulation für Planungsaufgaben im Gesundheitswesen) und die Stärkung der Patientenrechte zu erhalten.

ELIXIR, die Forschungsinfrastruktur für biologische Informationen, ist verantwortlich für die Verwaltung und Sicherstellung der großen Datenmengen, die in der biologischen und lebenswissenschaftlichen Forschung erzeugt werden. BBMRI-ERIC, die Forschungsinfrastruktur für Biobanken und biomolekulare Ressourcen, bearbeitet alle Proben- und patientenbezogenen Informationen. Die Zusammenarbeit zwischen diesen beiden paneuropäischen Forschungsinfrastrukturen wird in einem Memorandum beschrieben, und es gibt mehrere gemeinsame (H2020 finanzierte) Forschungsprojekte, welche die zwei Forschungsinfrastrukturen verbinden.

Eine enge Zusammenarbeit, sowohl auf der europäischen als auf nationaler Ebene, zwischen BBMRI und ELIXIR adressiert folgende Bedürfnisse der Forschungsgemeinschaft und der Interessenvertreter aus öffentlichem Gesundheitssektor, Industrie und Patientenorganisationen.

Feedback von Forschungsdaten an die Kliniken

Die Nutzung von Daten aus klinischen Informationssystemen in der Forschung, und umgekehrt Feedback von Forschungsdaten an die Klinik, steigern das Potenzial, um schnell neue Ansätze in Forschung und klinischen Anwendungen zu entwickeln. Dies ist jedoch mehr als die meisten elektronischen Patientenakten heutzutage leisten können. Neue Techniken produzieren riesige Mengen an Daten, die nicht ohne weiteres von einem Arzt interpretiert werden können. Neue Analysen, neue Workflows und neue Visualisierungen werden benötigt. Inzwischen entstehen in der Forschung populationsbasierte Methoden für Daten-Integration, Visualisierung und Prognose, um das volle Potenzial der medizinischen Entscheidungsfindung zugänglich zu machen.

Integration von Public Health-Daten

Die Integration öffentlicher medizinischer Daten ist ein entscheidender Faktor für zukünftige IT-Systeme im Gesundheitswesen. In der biomedizinischen Forschung ist die Deposition der veröffentlichten Daten in öffentlichen Datenbanken bereits gängige Praxis.

Neue Forschungsergebnisse und klinische Anwendungen erfordern zunehmend große Kohorten und Populationen, Daten mit hoher Auflösung und Proben von hoher Qualität. Die Daten aus der nächsten Generation von Messverfahren, basiert auf großen Biobank-Kohorten, müssen zunehmend mit molekularen und klinischen Daten verbunden werden, um das Verständnis und die Behandlung komplexer Erkrankungen, die Stratifizierung von Patienten für eine verbesserte Patientenversorgung, und genauere Diagnosen zu fördern.

Stärkung der Patientenrechte

Was, wenn die Patientendaten nicht unter Patientenkontrolle sind? Ein paradoxes Beispiel dafür, wie Benutzerdaten nicht zugänglich sind, sind Gesundheitsakten. Selbst, wenn die Gesetzgebung medizinisch Beteiligte zwingt, die Aufzeichnungen für die Patienten zur Verfügung zu stellen, sind diese nicht besonders hilfreich, wenn ein Patient nicht über die Existenz seiner Daten informiert ist.

Und die Situation wird noch komplizierter, wenn wir uns Daten ansehen, die von (Fitness) Sensoren und sozialen Netzwerken gesammelt wurden. Formell werden Datenbesitzer vom Gesetz aufgefordert, über das relevante Regelwerk aufzuklären: wie sie persönliche Daten des Nutzers schützen, was sie mit diesen Daten tun werden, und wie man Informationen über die Aktivitäten der personenbe-

zogenen Daten anfordert. In der Praxis ist es nicht einfach für Benutzer, der Verarbeitung ihrer Daten nachzugehen, die relevanten Informationen zu solchen Verarbeitungsvorgängen zu erhalten, und auf die Daten zuzugreifen. Natürlich sollte Controlling und Zugriff auf Patientendaten nicht nur ein Privileg sein. Das Datenschutzrecht wird mehr Transparenz schaffen und den Patienten ermöglichen zu wissen, was genau ein Datenkontrollierer und Datenverarbeiter sammelt, ob über eine Website, ein physisches Gerät oder andere Mittel. Das wiederum bringt den Datenbesitzer/betroffene Person in die Lage, zu entscheiden, vorausgesetzt er wird mit den notwendigen Informationen und Software-Tools unterstützt.

4.3 Vorteile für Österreich von der Mitgliedschaft in ELIXIR

Es gibt viele Vorteile für Österreich durch einen Beitritt zu ELIXIR, vor allem die Möglichkeit der Zusammenarbeit, und die gemeinsame Entwicklung einer Dateninfrastruktur, mit den führenden Partnern in Europa. Darüber hinaus profitieren Mitglieder von ELIXIR auch von den folgenden Aktivitäten:

Die Teilnahme an ELIXIR's EU-Einwerbungen

ELIXIR ist aktiv in der Einwerbung von EU-Mitteln. Es hat vor kurzem einen großen Implementierungszuschuss von Horizont 2020 erhalten. Das ELIXIR-EXCELERATE Projekt wird im September 2015 starten. Der Beitrag der Europäischen Kommission beträgt 19 Millionen Euro über 4 Jahre, und dies wird den ELIXIR Partnerorganisationen in 16 Ländern zugeordnet werden. Darüber hinaus ist ELIXIR auch der Koordinator von CORBEL, das neue 14,5 Mio. EUR ESFRI Clusterprojekt für die Bio Medical Science Forschungsinfrastrukturen. Dieses wird von BBMRI koordiniert.

ELIXIR war auch in anderen Horizont 2020 Ausschreibungen mit viel Erfolg aktiv. Die folgende Tabelle zeigt die erfolgreichen Einwerbungen in der ersten H2020 Runde, welche von ELIXIR geleitet wurden oder in denen ELIXIR Partner war.

H2020 Call	Projekt	ELIXIR's Rolle	Gesamtbudget des Projekts
INFRADEV3	EXCELERATE	Von ELIXIR Hub geleitet	€19,051,483
INFRADEV4	CORBEL	Von ELIXIR Hub geleitet	€14,837,806
INFRADEV4	ENVRI PLUS	Partner	€14,998,038
INFRADEV4	EMBRIC	Partner	€9,041,612
E-INFRA-1-2004	EGI-ENGAGE	Partner	€8,668,754
Teaming	ARTEMIDA	Von ELIXIR Slowenien geleitet	€499,833

Als Prioritäts-Forschungsinfrastruktur für Europa, inmitten zahlreicher Themen mit Relevanz für die Bioinformatik, z.B. Health Grand Challenge, Innovative Medizin Initiative, LEIT Biotechnologie, und Forschungsinfrastruktur Themen H2020, ist die Möglichkeit für die österreichische Bioinformatik sich an Horizont 2020 zu beteiligen durch ELIXIR immens.

Die Teilnahme an Pilotaktionen

ELIXIR finanziert Pilotaktionen (www.elixir-europe.org/about/pilot-projects), die vom ELIXIR Hub Budget finanziert, aber von ELIXIR Nodes durchgeführt werden. Unterstützung durch ELIXIR Pilotaktionen werden auf Länder fokussiert, welche die ECA unterzeichnet haben - das Budget für Pilotaktionen im Jahr 2015 liegt bei etwa 10-20% der Hub Betriebskosten. In Zukunft werden technische Aktivitäten aufgestockt und die Personalkosten im Hub stabil bleiben, so dass ein größerer Anteil des Budgets für solche technischen Maßnahmen in den Knoten gehen wird.

ELIXIR Dienstleistungen im Auftrag

Wir entwickeln derzeit Pläne für Auftragsdienstleistungen. Diese stellen langfristige Investitionen in ELIXIR Knoten dar, um Dienstleistungen für die Nutzer zu ermöglichen. In vielen Fällen werden sie auf ELIXIR Piloten aufbauen und vom ELIXIR Hub Budget unterstützt werden.

ELIXIR Knoten Entwicklungsprogramm

ELIXIR's Programm für Knoten-Entwicklung und Kapazitätsaufbau wird es Ländern erlauben, die ihre Nationale Bioinformatikinfrastruktur entwickeln, die besten Erfahrungen etablierter nationaler Knoten zu übernehmen, wie vom SIB Schweizerischen Institut für Bioinformatik. Folgende Unterstützung wird zur Verfügung gestellt: Gründung von rechtlichen und Administrationsmodellen für den Knoten, Benützung vom Third Party-Klausel in Horizont 2020, Entwicklung von Business Cases für nationale Roadmap-Anwendungen, und das Nutzen von EU-Strukturfonds.

ELIXIR's Industrie-Programm

ELIXIR Mitglieder können aus der ELIXIR Innovation und dem KMU-Programm (www.elixir-europe.org/industry/supporting-industry-users) profitieren, in denen lokale Ereignisse, gefördert von dem ELIXIR Hub, organisiert und in ELIXIR Knoten gehostet werden. Eine Veranstaltung in Österreich zu hosten könnte nationale forschungsintensive Unternehmen und KMUs direkt unterstützen. Durch lokales Hands-on Training, und das Vorführen von ELIXIR-Ressourcen, können die teilnehmenden Unternehmen ELIXIR Services in ihre eigene Forschung und Produktentwicklung integrieren.