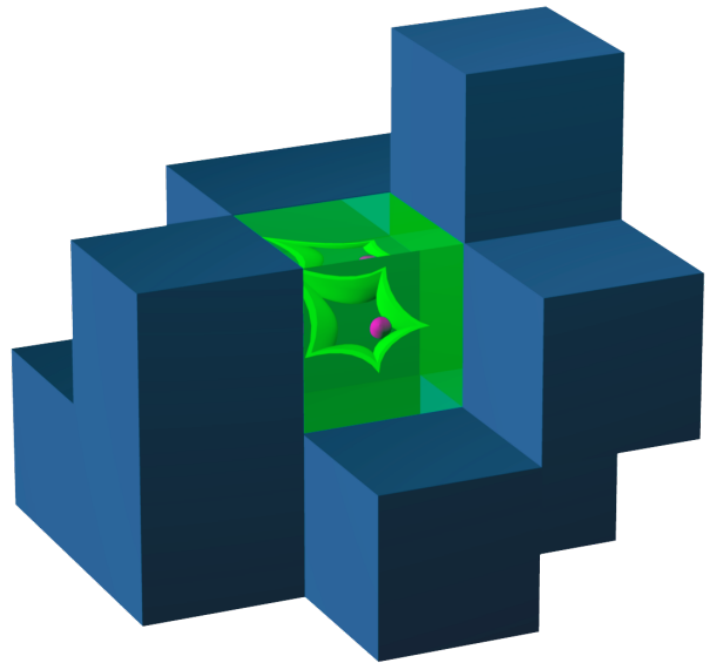




TECHNISCHE  
UNIVERSITÄT  
DRESDEN

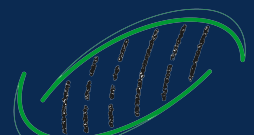
clsd  
computational  
life science lab  
Dresden



## Abschlussbericht für Phase II der BMBF Innovationsinitiative ForMaT

7.11.2008

Prof. Dr. Michael Schroeder  
Biotechnologisches Zentrum  
TU Dresden, 01062 Dresden  
Tel: 0351 463 40060



Zusammenfassung.....	3
Kurze Darstellung zu Aufgabenstellung.....	4
Aufgabenstellung.....	4
Voraussetzungen, unter denen das Vorhaben durchgeführt wurde.....	4
Planung und Ablauf des Vorhabens.....	5
Wissenschaftlicher und technischer Stand, an den angeknüpft wurde, insbesondere.....	5
Zusammenarbeit mit anderen Stellen.....	6
Verwendung der Zuwendung und Ergebnisse.....	7
Vorgegebene Ziele.....	7
Übersicht über Arbeitspakete und Balkendiagramm.....	7
Arbeitspaketbeschreibungen.....	8
TA 1: ProWiki.....	17
Übersicht zur wissenschaftlich-technischen Arbeit für TA1.....	17
TA 2: Powergraph.....	18
Übersicht zur wissenschaftlich-technischen Arbeit für TA2.....	18
TA 3: DURIN.....	19
Übersicht zur wissenschaftlich-technischen Arbeit für TA3.....	19
Wichtigste Positionen des zahlenmäßigen Nachweises.....	21
Notwendigkeit und Angemessenheit der geleisteten Arbeit.....	21
Voraussichtlicher Nutzen und Verwertbarkeit des Ergebnisses.....	21
Fortschritts auf dem Gebiet des Vorhabens bei anderen Stellen.....	22
Erfolgte oder geplante Veröffentlichungen der Ergebnisse.....	22
Anlage.....	29

## Zusammenfassung

Das computational life science lab CLSD der TU Dresden hat drei Technologieansätze für die biomedizinische Wirkstoff-Forschung entwickelt: In TA1 konnte eine neuartige Methode zur Vorhersage von Wirkstoff-Zielprotein Beziehungen entwickelt werden, in TA2 wurde ein Verfahren zur Vorhersage von Biomarkern entwickelt und in TA3 wurde ein Verfahren zur Analyse von Rasterkraftmikroskopiedaten entwickelt. Für jedes der drei TA wurde je ein Patent eingereicht. Insgesamt wurden 22 wissenschaftliche Artikel zu den Themen veröffentlicht, davon 13 in Top-Zeitschriften mit Impaktfaktor 4 und besser. CLSD hat insgesamt 12 Preise gewonnen. Darunter renommierte Auszeichnungen wie den Deutschen Innovationpreis und den Red Dot Design Award. Die Resultate des Projektes wurden auf mehr als 50 Treffen, Konferenzen und Messen präsentiert, darunter die Cebit, Bioanalytics und Biotechnica. Bzgl. der Verwertung der Resultate arbeitet die TU bzgl. TA1 eng mit der Transinsight GmbH, bzgl. TA2 mit der Qualitytype AG zusammen. Für TA3 wurde ein Geschäftsplan entwickelt, der u.a. auf dem renommierten nationalen Science4life-Businessplan Wettbewerb ausgezeichnet wurde.

## Kurze Darstellung zu Aufgabenstellung

### Aufgabenstellung

Ziel des CLSD war es, Softwarelösungen zur Wirkstoffforschung zu entwickeln, die den Workflow akademischer und industrieller Forscher unterstützt und Analysen erleichtert. Die Ergebnisse basieren auf drei Technologien, die Protein-Wirkstoff-Krankheits-Zusammenhänge aus Literatur und Patenten extrahieren, mit Proteinnetzen Nebeneffekte modellieren und die Struktur von Membranproteinen als Wirkstoffziel untersuchen. Die Integration dieser Technologien und ihre enge Verzahnung mit Ergebnissen aus Experimenten stellen einen neuartigen Ansatz dar, um die ersten Phasen der Wertschöpfungskette in der Wirkstoffentwicklung zu unterstützen. Neben der Weiterentwicklung der Technologien wurde ein Innovationslabor zur schnelleren kommerziellen Verwertung der Entwicklungen aufgebaut. Um die Nachhaltigkeit des Innovationslabors und die Verwertung voranzutreiben, wurde ein Verwertungskonzept begonnen umzusetzen und ein umfangreiches Transfernetzwerk aufgebaut.

Mit dem oben beschriebenen Forschungsvorhaben wurden drei wesentliche Aufgaben verfolgt.

- a) Erfassung von Verwertungsmöglichkeiten und Ausschöpfung des Innovationspotenzials Proteinsuchmaschine (TA1: PROWIKI)
- b) Erfassung von Verwertungsmöglichkeiten und Ausschöpfung des Innovationspotenzials einer Software zur Analyse krankheitsbezogener Hochdurchsatzdaten (TA2: POWERGRAPH)
- c) Erfassung von Verwertungsmöglichkeiten und Ausschöpfung des Innovationspotenzials einer Software zur Hochdurchsatzanalyse von Proteinstrukturen und Biomolekülen aus SMFS Messungen (TA3: DURIN)

### Voraussetzungen, unter denen das Vorhaben durchgeführt wurde

Das Vorhaben wurde im Zeitraum von April 2009 bis März 2011 durchgeführt. Für die jeweiligen Teilprojekte wurden mehrere wissenschaftliche Mitarbeiter der Forschungsgruppe Bioinformatik in das Projektteam integriert. Die Mitarbeiter wurden nach ihren Qualifikationen und Forschungsschwerpunkten auf die jeweiligen Teilprojekte eingesetzt (meist keine vollen Stellen).

Team:

Forschungsgruppe TA1: Dr. Liliana Barrio-Alvers, Dr. Heiko Dietze, Dr. Thomas Wächter, Dr. Dimitra Alexopoulou, Conrad Plake, Ruslan David

Forschungsgruppe TA2: Dr. Dr. Christof Winter, Dr. Bingding Huang, Dr. Loic Alain Royer, Matthias Reimann, Janine Roy, Rainer Winnenburg

Forschungsgruppe TA3: Dr. William Andreopoulos, Dr. Frank Dressel, Dr. Annalisa Marsico, Anne Tuukkanen

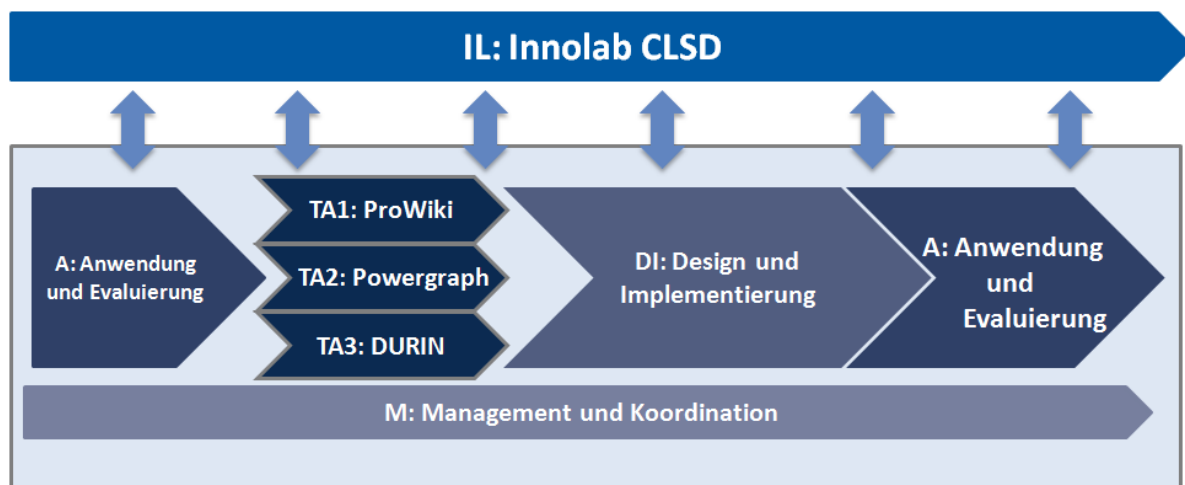
Betriebswirt: Joscha Köllner

Ort: Biotechnologisches Zentrum der TU Dresden, BioCampus

Erfahrungen/Publicationen: Für die jeweiligen Forscherteams wurden die Mitarbeiter der Forschungsgruppe Bioinformatik je nach Erfahrungen und Kompetenzen ausgewählt, die die technische Weiterentwicklung der Teilprojekte sowie die Ausschöpfung der Innovationspotenziale dieser Teilprojekte vorangetrieben haben und weiterhin vorantreiben.

## Planung und Ablauf des Vorhabens

Um das InnoLab CLSD zu realisieren, enthielt der Arbeitsplan sieben Arbeitspakete (siehe Abb. 11). In TA1-3 wurden die Ideen und Algorithmen für die drei Technologienansätze entwickelt. Im Arbeitspaket DI (Design und Implementierung) wurden die Resultate aus TA1-3 umgesetzt. Dazu wurde die Architektur der Systeme designed und implementiert, sowie softwaretechnisch getestet und dokumentiert. Die Arbeitspakete TA1-3 erhielten Anforderungen aus dem Arbeitspaket A, in dem zwei unabhängige Anwendungen aus der Krebs- und Stammzellforschung bearbeitet wurden. Diese beiden Anwendungen dienten am Ende des Projektes wiederum der inhaltlichen Evaluierung der in DI realisierten Software. Neben diesen fünf technischen/wissenschaftlichen Arbeitspaketen gab es das Arbeitspaket InnoLab, in dem die Transferstruktur realisiert wurde und das Managementarbeitspaket M, zur Verwaltung des Projektes. Diese Abhängigkeiten sind in Abb. XX illustriert.



**Abb. 1.** Abhängigkeiten der Arbeitspakete. Die Anwendung (A) bildet den Ausgangspunkt für die Technologieansätze TA1-3. Diese wurden im Arbeitspaket DI implementiert und dann in Arbeitspaket A inhaltlich evaluiert. Alle Aktivitäten wurden durch das Paket InnoLab und Management betreut.

## Wissenschaftlicher und technischer Stand, an den angeknüpft wurde, insbesondere

Angabe bekannter Konstruktionen, Verfahren und Schutzrechten die für die Durchführung des Vorhabens benutzt wurden

Für jeden Technologieansatz wurde ein Patent wie unten aufgeführt eingereicht. Diese Patentanmeldungen enthalten umfangreiche Informationen zu verwandten Schutzrechten, Verfahren, etc.

TU Dresden. **Datenverarbeitungssystem**. Eingereichtes Patent (German Patent Application Number DE 10 2009 043 708.8), 2009

TU Dresden. **Verfahren und Mittel zur Vorhersage der Überlebensdauer beim Pankreaskarzinom durch Analyse von Biomarkern**. Eingereichtes Patent (German Patent Application Number DE 10 2009 054 793.2), 2009

nanometis and TU Dresden. **Automatic analysis of bio-molecules**. Eingereichtes Patent (European Patent Application Number EPO 9180269.4), 2009