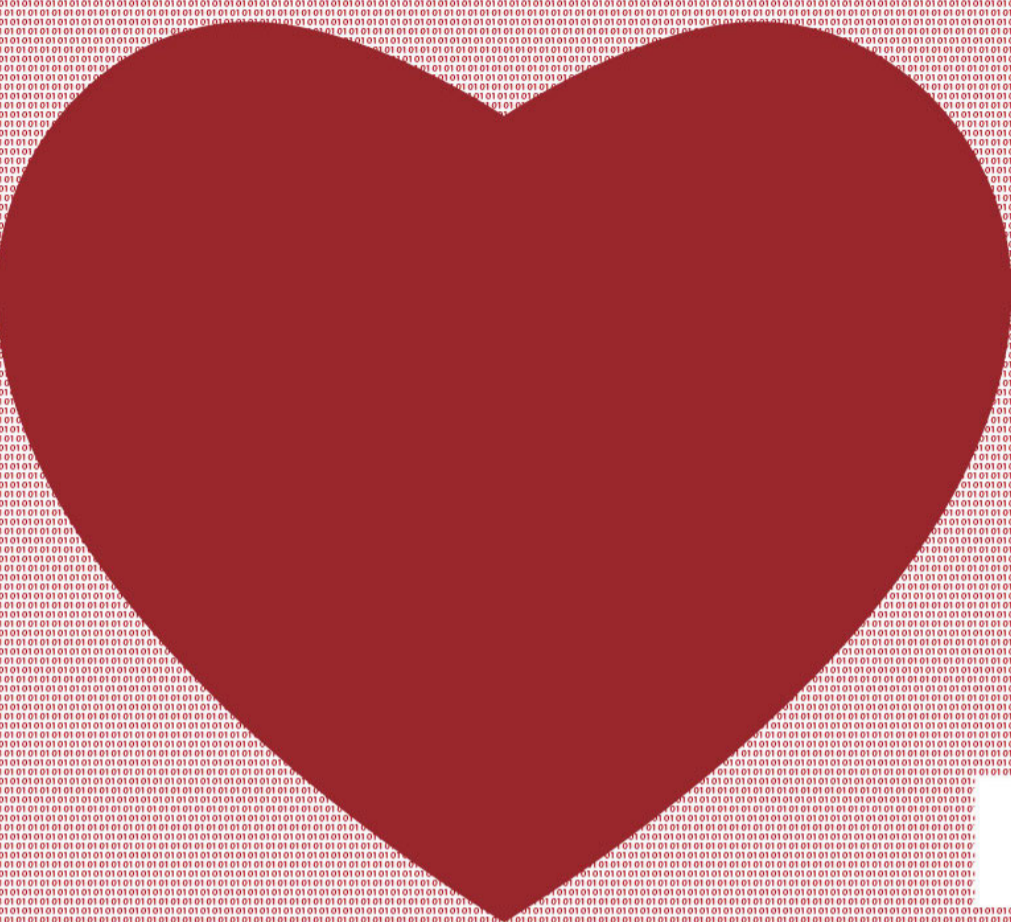


ETH zürich in Basel

25.10.2018



digital tag



Schweizer Digitaltag 2018: 25. Oktober 2018

— öffentlicher Vortrag mit Demonstration

— D-BSSE, Mattenstrasse 26, Rosental-Areal, 4058 Basel, Haus 1058

— 17 Uhr **Wie Computer lernen,
was in Krebszellen falsch läuft**

Dr. Martin Pirkel, Computational Biology

— 18 Uhr **Maschinelles Lernen für die
Medizin**

Caroline Weis, Machine Learning & Computational Biology



Departement für Biosysteme
www.bsse.ethz.ch

Wie Computer lernen, was in Krebszellen falsch läuft _Dr. Martin Pirkl

Damit unsere Zellen im Körper korrekt arbeiten, ist es notwendig, dass sie die richtigen Signale erreichen und sie diese verarbeiten können. Das Weiterleiten dieser Signale geschieht über Signalwege, die jeweils über mehrere Gene gesteuert werden. In Tumorzellen sind Signalwege gestört. Unser Körper versucht, kranke Zellen zu eliminieren. Krebszellen sind gegen diese Signale immun. Wir erforschen, wie sich Signalwege in gesunden und kranken Zellen voneinander unterscheiden und wo es Ansätze für einen Eingriff gibt, um gezielt Tumorzellen zu manipulieren, damit nur diese und keine gesunden Zellen eliminiert werden. Die Rekonstruktion der Signalwege erreichen wir durch das Zusammenspiel von biologischen Experimenten zur Datenerhebung und ihrer mathematischen Auswertung. In einem Experiment wird gezielt ein Gen ausgeschaltet und die Reaktion im Zellkern gemessen. Am PC vergleichen wir diese Reaktionen für verschiedene Gene und können so Hypothesen aufstellen wie diese Gene den Signalweg steuern. Da man sich die Weiterleitung des Signals auch wie den Verlauf eines Flusses mit Nebenarmen vorstellen kann, haben wir ein Model konstruiert in dem mit Ventilen (Gene) der Verlauf beeinflusst werden kann (Gen ein- oder ausschalten).

Maschinelles Lernen für die Medizin _Caroline Weis

Computer sind gut darin, Muster zu erkennen, sogar in genetischen Daten. Effiziente Algorithmen helfen, für die medizinische Forschung interessante Kombinationen herauszufiltern und auf diese Weise riesige Datensätze handhabbar zu machen. Warum erkranken manche Menschen an Diabetes oder an Alzheimer? Warum schlägt die gleiche Krebstherapie bei manchen Patienten sehr gut an und bei anderen gar nicht? Eine Antwort auf diese Fragen lautet: Alle Menschen haben unterschiedliche genetische Voraussetzungen, und die Gene beeinflussen, ob eine Person krank wird und wie Medikamente im Körper wirken. Die grosse Herausforderung ist, herauszufinden, welche Kombinationen von Genvarianten verantwortlich sind. Da das Erbgut des Menschen aus Milliarden von DNA-Bausteinen besteht und es somit eine gigantische Anzahl an Kombinationen gibt, gleicht diese Aufgabe der Suche nach einer Nadel im Heuhaufen. Mittels maschinellem Lernen können wir riesige medizinische Datenmengen analysieren und in der DNA nach Mustern suchen, die mit den Krankheiten zusammenhängen. Erfahren Sie mehr über Mustererkennung in der Medizin und über typische Probleme beim Umgang mit riesigen Datensätzen. In einem interaktiven Spiel können Sie ihre Fähigkeiten in der Mustererkennung unter Beweis stellen.