

de.NBI – Netzwerk für Bioinformatik-Infrastruktur wird weiter ausgebaut

Das 2015 gegründete Deutsche Netzwerk für Bioinformatik-Infrastruktur, kurz de.NBI, ist ein Erfolgsmodell für Infrastrukturen in den Lebenswissenschaften und der Biomedizin. Jetzt wird de.NBI weiter ausgebaut. Das Netzwerk profitiert von mehr Hardware, mehr Personal, mehr Projekten und einer eigenen Cloud. Außerdem wird es in das europäische Netzwerk ELIXIR eingebunden.



Das de.NBI ist ein Gewinn für alle Lebenswissenschaftler, die ihre Arbeiten mithilfe der Bioinformatik erledigen. Und das sind inzwischen viele, wenn nicht die meisten. Keine der heute üblichen Hochdurchsatzmethoden etwa zur DNA- oder Protein-Analyse ist ohne Informationstechnologie zu bewältigen. Bioinformatik-Dienstleistungen reichen von der Beratung bei der Projekt- und Experimentplanung über die Datenerstellung und -auswertung bis zur Visualisierung der Ergebnisse und Archivierung der Daten. Da es weder wirtschaftlich noch praktikabel ist, in jedem Institut eine eigene Bioinformatik dafür anzusiedeln, übernehmen das zentrale Einrichtungen der Universitäten und Forschungsinstitute mit jeweils unterschiedlichen Schwerpunkten.

Um sie besser miteinander zu vernetzen und möglichst vielen Forschern qualitativ hochwertige und umfassende Dienstleistungen auf neuestem Stand der Technik zu bieten, rief das BMBF das de.NBI ins Leben. Das Netzwerk ging 2015 mit acht Zentren an den Start, die zu diesem

Prof. Dr.-Ing. Oliver Kohlbacher gründete bereits 2003 an der Universität Tübingen eine Arbeitsgruppe für angewandte Bioinformatik.
© de.NBI

Zeitpunkt in der Bioinformatik bereits gut aufgestellt waren. Tübingen ist einer der Standorte, die in das Netzwerk eingebunden sind. Prof. Dr.-Ing. Oliver Kohlbacher leitet hier das Zentrum für Quantitative Biologie (QBiC) und die de.NBI-Aktivitäten.

Zudem koordiniert er mit dem CIBI (Center for Integrative Bioinformatics) ein Netzwerk im Netzwerk, das besondere Expertisen im Bereich der Omics-Technologien aufgebaut hat. Das heißt, das CIBI begleitet schwerpunktmäßig Forschungsprojekte, bei denen Analysen aus der Genomik, Proteomik, Transkriptomik und Metabolomik anfallen, also aus allen Stoffwechselbereichen von der Zellebene bis zum gesamten Organismus. Beteiligt sind seit 2015 neben der Universität Tübingen die FU Berlin und die Universität Konstanz.

Mit dem Ausbau des de.NBI sind seit November 2016 auch das MPI für molekulare Zellbiologie und Genetik Dresden und das Leibniz-Institut für Pflanzenbiochemie in Halle am CIBI beteiligt. Sie schließen thematische Lücken im Bereich Metabolomik (Halle) und Bildbearbeitung aus der Mikroskopie (Dresden). Insgesamt wurde das Netzwerk 2016 um acht Partnerprojekte erweitert, die zusätzlich 17 Teilprojekte einbringen, auch aus den Bereichen Epigenetik, Metaproteomik, systembiologische Modellierung, Proteinstrukturdaten, RNA-Sequenzierung und Lipidomik.

Bioinformatik wächst deutschlandweit zusammen – mit hohem Synergieeffekt

Nach rund zwei Jahren de.NBI-Laufzeit zieht Kohlbacher eine positive Zwischenbilanz: „Das de.NBI hat sich inzwischen gut etabliert und als Bioinformatik-Dienstleister bewährt. Das Netzwerk ist auf den großen wissenschaftlichen Tagungen präsent und hat auch in der Lehre viel erreicht. Dank des de.NBI konnten wir deutschlandweit deutlich mehr Lebenswissenschaftler in der Bioinformatik ausbilden. Allein 2016 gab es 40 Weiterbildungsangebote, die sich mit unterschiedlichen Formaten auf 131 Tage erstreckten und an denen rund 800 Personen teilgenommen haben.“

Da die Bioinformatik nach wie vor unter Nachwuchsmangel leidet, ist die Aus- und Weiterbildung auf diesem Sektor ein wichtiges Ziel des de.NBI. Kohlbacher geht davon aus, dass das Netzwerk in Sachen Lehre noch deutlich zulegt: „Wir erwarten, dass die Zahlen in 2017 erheblich anwachsen. Bereits im Dezember 2016 waren 44 Kurse für 2017 angekündigt.“ Die Teilnehmer sind mehrheitlich keine Bioinformatiker, sie kommen aus den unterschiedlichsten Zweigen der Lebenswissenschaften. Studierende machen rund 50 Prozent aus. „Wir passen die Kurse an unterschiedliche Vorkenntnisse an und entwickeln auch spezielle Online-Trainings. Ziel ist es, möglichst vielen Studenten und Wissenschaftlern die Methoden und Werkzeuge der Bioinformatik so weit nahe zu bringen, dass sie ihre bioinformatischen Fragen möglichst selbstständig lösen können. Dazu gehört zum Beispiel, dass wir Forschern anbieten, eigene Tools zu schreiben auf Basis unserer Software-Bibliotheken“, so Kohlbacher.

Damit das de.NBI in Zukunft noch effizienter arbeiten kann, hat das BMBF 2016 fünf Millionen Euro zusätzlich für Hardware bewilligt, die in den Aufbau einer de.NBI-eigenen Cloud fließen. Für diesen Aufbau und den Betrieb der Cloud werden bis zum Laufzeitende 2020 außerdem sechs Personalstellen finanziert. Die de.NBI-Cloud wird von den Standorten Heidelberg, Bielefeld, Gießen, Freiburg und Tübingen aus betrieben. „Die Idee dahinter ist, dass an allen fünf Standorten ein möglichst ähnliches Software-Setup aufgebaut wird. Dann kann sich der Nutzer im Prinzip von überall aus einloggen und dort arbeiten, wo gerade Kapazitäten frei sind“, erklärt Kohlbacher. In



Fünf Millionen Euro fließen in den Aufbau einer de.NBI-Cloud, die das vernetzte Arbeiten in der Bioinformatik künftig erleichtert.

© Aka /

[pixelio](#)

Tübingen wurden dafür Hochleistungsrechner für rund eine halbe Million Euro angeschafft. Sie umfassen mehrere Hundert Rechenkerne, die parallel an den Aufgaben arbeiten können. Ergänzt wird diese Rechenpower durch den vom Land Baden-Württemberg finanzierten Höchstleistungsrechner BinAC, der 2016 nach Tübingen kam und der für landesweite Arbeiten auf den Gebieten Bioinformatik sowie Astrophysik vorgesehen ist. „Je nach Bedarf können wir fünf bis 20 Prozent der Rechenkapazitäten des BinAC für das de.NBI nutzen“, sagt Kohlbacher.

Kurze Forschungswege über die de.NBI-Cloud

Grundsätzlich ist die de.NBI-Cloud auch für Unternehmen zugänglich. Dafür müssen jedoch noch die Rahmenbedingungen geschaffen werden. Voraussetzung für das Login ist in jedem Fall ein Forschungskontext. Zum Thema Datensicherheit sagt Kohlbacher: „Im Gegensatz zu kommerziellen Clouds wissen wir stets, wo die Daten liegen und wer sie nutzt – bereits das beugt einem Missbrauch vor. Natürlich gelten für den Umgang mit Daten aus der Hefe-Forschung andere Rahmenbedingungen als zum Beispiel bei Patientendaten. Das muss jeweils abgeklärt werden.“ Im Verlauf der Cloud-Nutzung und Nachfrage wird sich zeigen, welche zusätzlichen Sicherheitsmechanismen noch implementiert werden müssen.

Mit dem weiteren Ausbau des de.NBI wird das Netzwerk zukünftig auch in einen größeren, europäischen Rahmen eingebunden. Seit August 2016 ist Deutschland einer von 19 Partnern in der europäischen Infrastrukturinitiative ELIXIR (European Life Sciences Infrastructure for Biological Information). Das de.NBI wird den deutschen Knoten in diesem Verbund bilden. „Die Etablierung eines leistungsfähigen ELIXIR-Netzwerks ist ein aufwendiger Prozess. Im Moment befinden wir uns da noch in einem Zwischenzustand. Unser Vorteil ist, dass wir mit dem de.NBI eine funktionsfähige Struktur haben, die in manchen anderen Ländern erst noch aufgebaut werden muss“, sagt Kohlbacher zum Status quo. Wenn das Ganze erst einmal läuft, können sich die Forscher noch besser im internationalen Kontext austauschen, ihre Ressourcen und Expertisen ergänzen und erweitern.

Fachbeitrag

20.03.2017

Dr. Heike Lehmann

© BIOPRO Baden-Württemberg GmbH

Weitere Informationen

Universität Tübingen

Angewandte Bioinformatik, Zentrum für Bioinformatik

Prof. Dr.-Ing. Oliver Kohlbacher

Sand 14

72076 Tübingen

Tel.: +49 (0)707129-70457


E-Mail: oliver.kohlbacher@uni-tuebingen.de

- ▶ [Deutsches Netzwerk für Bioinformatik-Infrastruktur – de.NBI](#)
-

Der Fachbeitrag ist Teil folgender Dossiers



Data-Mining: Neue Chancen für Medizin und Gesundheit

de  NBI

GERMAN NETWORK FOR BIOINFORMATICS INFRASTRUCTURE

Bioinformatik

Netzwerkpartner

Kooperation

Dienstleistung

Datenbank