



Research Institute of Molecular Pathology

Institut für Molekulare Pathologie GmbH
Dr. Bohr-Gasse 7, 1030 Wien, Österreich
Tel: ++43-1-797 30/Klappe
Fax: ++43-1-798 71-56
www.imp.univie.ac.at

Wien, 1. September 2004

Neuer Supercomputer für Bioinformatik erhöht internationale Wettbewerbsfähigkeit des IMP

Am Forschungsinstitut für Molekulare Pathologie (IMP) in Wien wurde im August 2004 ein Computercluster installiert, dessen Leistungsfähigkeit neue Dimensionen an Rechnerkapazität erschliesst. Mit der neuen Anlage betreibt das IMP den größten Supercomputer Österreichs - und einen der größten Europas - für bioinformatische Anwendungen.

Vor fünf Jahren wurde am IMP eine eigene Forschungsgruppe für Bioinformatik eingerichtet. Seither macht das Institut nicht nur mit grundlegenden Entdeckungen in der experimentellen Genetik, Zellbiologie und Immunologie von sich reden, sondern auch mit neuen Erkenntnissen in der biomolekularen Sequenzanalyse und der Funktionsvorhersage bisher nicht charakterisierter menschlicher Gene. Mit dem soeben installierten Supercomputer, der ausschliesslich bioinformatischen Anwendungen vorbehalten sein wird, ist das IMP nun für die theoretische Analyse der rasant wachsenden Zahl genomischer Sequenzen und anderer biologischer Daten bestens gerüstet.

Der neue Supercomputer ist in seinen Dimensionen ein für biologische Forschungseinrichtungen noch ungewöhnliches Gerät. Der Computercluster umfasst 140 Prozessoren der Opteron-Klasse (mit 64bit Verarbeitungsbreite und 2,2 GHz Taktfrequenz), etwa 500 GB Hauptspeicher und etwa 7 Terabyte Plattenspeicher. Zusätzlich gibt es spezialisierte, um den Faktor 100 beschleunigende Prozessorensets für Mustervergleiche in Sequenzen. Ein grosser Teil der Hardware kommt von der Firma Sun Microsystems, die mit dem IMP im Rahmen eines virtuellen „Center of Excellence“ für Bioinformatik zusammenarbeitet.

Frank Eisenhaber, Leiter der Bioinformatik-Gruppe am IMP, sieht vielfältige Anwendungsmöglichkeiten: „Mit dieser Computerausstattung kommen neue wissenschaftliche Aufgaben in Reichweite, wie die Vorauswahl von Genen nach komplexen Kriterien zur späteren experimentellen Analyse, die Vergleiche von ganzen Genomen unterschiedlicher Arten oder die regelmäßig erneuerte Funktionsvorhersage für tausende bisher nicht charakterisierte Gene.“

Möglich wurde die Investition von deutlich mehr als einer halben Million Euro in erster Linie durch die Unterstützung der Firma Boehringer-Ingelheim, den Hauptsponsor des IMP. Die Anschaffung ist auch ein Beispiel für die enge Kooperation des IMP mit den Forschern der biologischen Institute der Universität Wien und des IMBA-Instituts der Österreichischen Akademie der Wissenschaften. Auch ihnen werden bioinformatische und massenspektrometrische Anwendungen auf der neuen Computeranlage zugänglich sein. Die zunehmenden Kooperationsaktivitäten haben die Bioinformatik-Gruppe von ursprünglich drei Wissenschaftlern auf mittlerweile fünfzehn anwachsen lassen, ein Drittel davon Gastwissenschaftler.

Kontakt:
Dr. Frank Eisenhaber
(Gruppenleiter)
+43 1 79730-557
eisenhaber@imp.univie.ac.at

Dr. Heidemarie Hurlt
(IMP Pressereferentin)
+43 1 79730-358
mobil: +43 664/8247910
hurlt@imp.univie.ac.at

Links:
IMP Website
<http://www.imp.univie.ac.at>

IMP Bioinformatik
<http://mendel.imp.univie.ac.at>



Dr. Frank Eisenhaber,
Foto: Lembergh © IMP

Noch vor fünf Jahren hatte niemand vorhersehen können, daß theoretische Analysen von biomolekularen Sequenzen und anderen biologischen Daten in so großem Maß zu dem neuen biologischen Wissen beitragen würden, welches das IMP Jahr für Jahr produziert. Besonders deutlich wurde der Beitrag der Bioinformatik am Beispiel der Vermutung von neuen, bisher unbekanntem Enzymaktivitäten auf der Basis sequenzanalytischer Berechnungen. So ist zum Beispiel die vorhergesagte und von der Gruppe um Kim Nasmyth experimentell bestätigte Eco1 Acetyltransferase (ein Enzym, das kleine Molekülgruppen überträgt) ein wichtiger Regulator der Zellteilung. Ein anderes Beispiel betrifft ein Enzym namens Histonmethyltransferase. Auch hier wurde die Aktivität von sogenannten SET-Domänenproteinen von den Bioinformatikern vorhergesagt und durch Thomas Jenuweins Gruppe experimentell bestätigt. Das Enzym steuert die epigenetische Regulation der Genaktivität.

Die Erfolge der letzten Jahre und neue Entwicklungen von sogenannten High-Throughput Technologien, wie das Sequenzieren von Genomen oder das Expressionprofiling (simultanes Messen der Aktivitäten vieler Gene), führen dazu, dass die Bioinformatik zunehmend untrennbarer Bestandteil der Forschungsanstrengungen in Biologie und Medizin wird.

Das IMP betreibt biomedizinische Grundlagenforschung im internationalen Firmenverband Boehringer Ingelheim.