

»» PRODUKT-INNOVATION FÜR BIOLOGISCHE DATENVERARBEITUNG

# Big Data mit wenig Aufwand analysieren und verknüpfen

Das A.B.O.S.-Analyseverfahren ermöglicht die schnelle Erfassung, Klassifizierung und Bewertung von biologischen Eigenschaften oder Prozessen in komplexen Datenbeständen.

Moderne Technologieplattformen zur Erfassung von biologischen Prozessen (Expression, Transkription, Regulation, Modifikation etc.) generieren große Datenmengen. Die Auswertung und Bewertung der Daten stoßen häufig auf Schwierigkeiten. Dies gilt besonders dann, wenn die gesuchten Informationen nicht direkt in den Einzeldaten auszulesen sind. A.B.O.S. löst dieses Problem. Durch den Einsatz von selbstlernenden Algorithmen wird die Erfassung und Klassifizierung von Messwerten umfassend ermöglicht. Dabei werden über systemgestützte Lernprozesse differenzierte Schablonen zur Mustererkennung generiert. Umfangreiche Messdaten werden dann auf Basis der identifizierten Schablonen ausgewertet und der entsprechenden Gruppe zugeordnet.

Als effizientes und kostengünstiges Auswertungsverfahren verwendet A.B.O.S. eine bewusst visuell reduzierte Ergebnisdarstellung für die schnellen Analysezyklen. Die gewonnenen, leicht ablesbaren Erkenntnisse können umgehend für weitere Auswertungsläufe genutzt werden.

Anwendbar für:

- transkriptomische Daten
  - metabolomische Daten
  - massenspektrometrische Daten
  - Impedanzdaten
  - infrarotspektroskopische Daten
- (jeweils auch aus unterschiedlichen Quellen)

## Kosten- und Zeitoptimierung durch Standardisierung

Das dargestellte Verfahren unterscheidet sich hinsichtlich der Konzeption und Umsetzung von anderen am Markt erhältlichen Verfahren und vermeidet bewusst bekannte Ansätze. Entscheidend für das Vorgehen ist die Möglichkeit, erfasste Parameter hinsichtlich ihres Beitrages zur Gruppendifferenzierung zu gewichten und so aussagerelevant

te von nicht aussagerelevanten Parametern zu trennen.

Im Zusammenhang mit in-vitro-basierten Testverfahren bietet A.B.O.S. ein funktionales Tool zur Bewertung der Endpunkte Toxizität sowie allgemeiner physiologische Effekte.

Ein wichtiges Merkmal von A.B.O.S. ist die Möglichkeit, wahlweise bekanntes biologisches (Vor-)Wissen bei der Wahl von Lerngruppen zu berücksichtigen oder diese ohne jedes Vorwissen durch das Werkzeug definieren zu lassen. Dies ist ein entscheidender Unterschied zu den meisten am Markt bereits verfügbaren Softwarewerkzeugen.

## Leistungsmerkmale

- A.B.O.S trifft in wenigen Schritten fundierte Aussagen über nicht offensichtliche Zusammenhänge in komplexen biologischen Messdaten.
- Bekanntes Wissen über Gruppenzugehörigkeiten wird integriert, neue Gruppenmitglieder auf Basis gemeinsamer Wirkungen werden vom Werkzeug gefunden.
- Merkmale zur Identifikation von Gruppenzugehörigkeiten werden herausgearbeitet (Markersuche) womit eine Kostenreduzierung nachfolgender Experimente ermöglicht wird.
- Das integrierte QS-Modul sichert bereits die Eingangsqualität der Daten.
- Das anpassbare QS-Modul berücksichtigt notwendige Toleranzschwellen und kann gleichzeitig mit verschiedenen Datenquellen arbeiten.
- Performante Auswertungen und schnel-



- les Arbeiten in Iterationen ermöglicht jederzeit die Überprüfung von Hypothesen.
- Umfangreiche Unterstützung bietet das Werkzeug durch Entscheidungshilfen, Flexibilität, automatische Auswertungen und Integration von Expertenwissen.
  - Die stark reduzierte Komplexität der Ergebnisdarstellung unterstützt eine effiziente Bewertung der Ergebnisse und liefert Erkenntnisse für weitere Auswertungsläufe.
  - Die mögliche Detailübersicht ergebnisrelevanter Parameter ermöglicht die sehr gute Nachvollziehbarkeit der Ergebnisse
  - Das Verfahren ist als Stand-alone-Anwendung verfügbar und lässt sich einfach in bestehende Abläufe integrieren

## Kontakt

**BioTeSys GmbH**  
**Schelztorstraße 54-56**  
**73728 Esslingen, Deutschland**  
**bts@biotesys.com**  
**www.biotesys.com**  
**Tel: +49 711 31057 150**  
**Fax: +49 711 31057 151**

Eine Kooperation von:

