

Биомедицината е една от основните приложни области в рамките на проекта EGEE. Вече са разработени общо 23 приложения, разделени в три направления: обработка на медицински изображения, биоинформатика и откриване на нови лекарства.

Тези приложения налагат върху мидълуера специфични изисквания, свързани със сигурността (чувствителност на данните), управлението на данни (сложна структура и разпределеност на данните) и изпълнението на голям брой кратки изчислителни задачи (интензивен процес на обработка на данните). Биомедицинските приложения вече се наложиха като постоянни потребители на грид-инфраструктурата (почти 15 000 изчислителни задачи се изпълняват на месец). Като пример може да се посочи изключително интензивния в изчислително отношение процес на анализиране на молекулните свързвания с цел откриване на нови лекарства. Това би отнело 80 години на един персонален компютър, докато чрез грид-инфраструктурата експериментът беше завършен в рамките на един месец.

Кратко описание на биомедицинските приложения, които са разработени до момента, е дадено по-долу.

Секторът на **медицинските изображения** е насочен към компютъризиран анализ на цифрови медицински изображения. Той включва интегрирани медицински данни, интензивни в изчислително отношение медицински процедури, обработка на голям обем данни и статистически проучвания на големи популации.

- **GATE** е симулатор, базиран на метода Монте Карло, за планиране на радиотерапия. Той използва грид-инфраструктурата на EGEE за реализиране на Монте Карло симулациите в реално време, така че да могат да се използват в клиничната практика (вижте <http://www-lphe.epfl.ch/~PET/research/gate/>).
- **CDSS** (Система за подпомагане при вземането на клинични решения, Clinical Decision Support System) използва класификация на изображенията, направена на основата на експертно проучване с цел подпомагане на практикуващия лекар в неговата практика. Грид-системата се използва както за съхраняване на голям набор данни, така и за ефективно тестване на софтуера за класификация върху тези данни.
- Приложенията, посветени на **фармакокинетиката**, изучават дифузията на контрастния агент в черния дроб чрез серия изображения от магнитния резонанс. Артефактите, дължащи се на движенията на пациента, правят изображенията практически несравними. Затова пък паралелният процес на обработка на изображенията в грид-средата позволява серията снимки да се анализира в реално време.
- **SiMRI3D** – средство за изготвяне на изкуствени, но реалистични, тримерни изображения по време на извършване на магнитен резонанс, с цел анализ, изучаване и оптимизиране на процедурата.
- **gPTM3D** (Интерактивна система за визуализация и обработка на рентгенови снимки) позволява интерактивна реконструкция на 3-мерни медицински изображения, например обемно възстановяване на големи или сложни органи. Качество на услугите, необходимо за постигане на интерактивност, означава, че някои сайтове от грид-системата трябва да дефинират по-висок приоритет за този клас изчислителни задачи.
- **Bronze Standard** е приложение за оценяване на алгоритмите за регистрация на медицински изображения. Размерът на наборите данни за обработка и себестойността на изчислителния процес надхвърлят възможностите на стандартните компютри. От друга страна, приложението лесно може да бъде пригодно за работа в грид-среда.
- Софтуерният пакет **SPM** се използва от изследователите в областта на неврологията за ранна диагноза на болестта на Алцхаймер. Той се базира на сравнителен анализ на състоянието на пациента с богат набор от данни за хора, които не страдат от това заболяване. Грид-технологиите позволяват лесен достъп до силно разпределени данни и изчислителни ресурси.

Секторът на **биоинформатиката** е посветен на изследвания на генома.

- **GPS@** (Grid Protein Sequence Analysis) е Интернет портал, предоставящ интерфейс с биоинформатичните ресурси в EGEE грид-системата. Прототип на GPS@ е достъпен в диалогов режим с 13 грид-приспособени програми от общо 46 в оригиналния портал (вижте <http://gpsa-pbil.ibcp.fr>).
- **xmipp_MLrefine** (Macromolecular 3D structure analysis) се използва за тримерен макромолекулен структурен анализ. В процеса на възстановяване се използват много изображения, получени от електронни микроскопи, съответстващи на различни тестове върху взетата проба. В записаните изображения обикновено се натрупва много шум, в резултат на което са необходими много итерации за намирането на най-подходящия модел за експерименталните данни.
- Изображенията, получени от електронни микроскопи, обикновено се характеризират с различни смущения. Разликата между теоретичната проекция и експериментално получената се моделира математически чрез функция на трансфера (contrast transfer function, CTF). За да се определи истинското поведение на функцията при конкретните експериментални данни, са необходими симулации - **Xmipp_assign_multiple_CTFs** (Micrographia CTF calculation).
- **SPLATCHE** (SPatial And Temporal Coalescences in Heterogeneous Environment) е средство за моделиране на еволюцията на човешкия геном. Той позволява възстановяването на глобалното разпространение на човека от предишни стадии на еволюцията в реалистични ландшафти, както и генериране на молекулярното разнообразие на различни човешки популации.

Секторът за **откриване на нови лекарства** цели ускоряването на процеса за откриване на нови медикаменти чрез симулации *in silico* на протеиновите структури.

- Приложението **WISDOM** осъществи голям обем пресмятания с цел откриване на лекарства срещу различни заболявания. Тези пресмятания определят колко добре лекарствените структури се прикачват към специфични точки на целевия вирус – много вероятно е тези, които се свързват с вируса, да го атакуват. Приложението завърши успешно експериментите в борбата със заболявания като малария и птичи грип, като в бъдеще се планира изследванията да продължат и с други заболявания.
- **GridGRAMM** (Molecular Docking web) е улеснен интерфейс за създаване на молекулярни връзки в мрежата. Резултатите включват оценка на качеството и различни методи за достъп до 3-мерната структура на молекулярния комплекс. Молекулярното свързване може да се използва за изучаване на взаимодействията между молекули, за анализиране на взаимодействията от типа ензим-субстрат, за проектиране на лекарствени структури, за изучаване на поведението на патологични мутации.
- **GROCK** (Grid Dock) е удобна мрежова услуга за подбор на молекулните взаимодействия по масата на молекулите. Потребителите могат да проучат една молекула на основата на база от данни за известни структури.

Проектът EGEE е отворен и за други приложения. Повече информация за приложенията и за това как да се включите в проекта ще намерите в **User and Application Portal** на страницата <http://egeena4.lal.in2p3.fr/>.

Последно обновен на: 04/10/2006