

HOLLÓSY FERENC

# Felhő alapú genomika

A 2003-ban befejeződött Humán Genom Projektnek köszönhetően, az orvostudomány hatalmas lépést tett a betegségek genetikai okainak feltárásában. A nagyszabású projekt által megismertük az emberi DNS-molekula teljes nukleotidsorrendjét. A program által indukált új szekvenálási módszerek kifejlesztésének köszönhetően és a bioinformatikai elemzések robbanásszerű fejlődése révén vizsgálhatóvá váltak azok a komplex genomikai változások, amelyek a súlyos és gyógyíthatatlan betegségek (rosszindulatú daganatok, szív- és érrendszeri betegségek, Alzheimer-kór stb.) kialakulásáért felelősek. A Human Genom Projekt mintegy 13 évig tartott és 3 milliárd dolláros költségvetéssel zárult. A teljes genom ma már 40 óra alatt megszekvenálható, és az eljárás „csupán” 1500–2500 dollárba kerül. A genom részleges szekvenálása még ennél is olcsóbb: 100–200 dollárért elérhető. Ennek során a teljes genomnak csak pár százalékát analizálják. A kapott adatokat több ezer ember megfelelő szekvenciáival hasonlítják össze annak érdekében, hogy kiderítsék a vizsgált személyről, hogy az örökölt szekvenciális eltérések milyen kockázatot jelenthetnek számára.

Az elemzők szerint a genomszekvenálás költségeinek további drasztikus csökkenése várható (1. ábra). Jelenleg is komoly erőfeszítések történnek mind a magáncégek, mind az állami szervezetek részéről annak érdekében, hogy a vizsgálat olcsóbbá válásával ez a módszer az egészségügyi ellátás mindennapos részévé váljon. Ugyancsak kiemelt cél, hogy minél nagyobb számú digitalizált genommintát álljon a kutatók rendelkezésére, hogy minél eredményesebben tudják feltárni a genetikai jellemzők és a betegségek közötti összefüggéseket, s ennek eredményeképpen új, hatékonyabb kezeléseket dolgozhatnak ki.

A DNS- és RNS-szekvenciák, valamint a fehérjemintázat-változás komplex elemzésével feltérképezhetők bizonyos kóros állapotok kiváltó okai. Így az új típusú kezelésénél az orvosok már figyelembe tudják venni a betegek egyedi genetikai felépítését, aktuális egészségi állapotát és életkorát. Az elemzések segítségével pedig személyre szabott, célzott terápiát tudnak javasolni például egy daganatos beteg esetében a szóba jöhető kemoterápiás

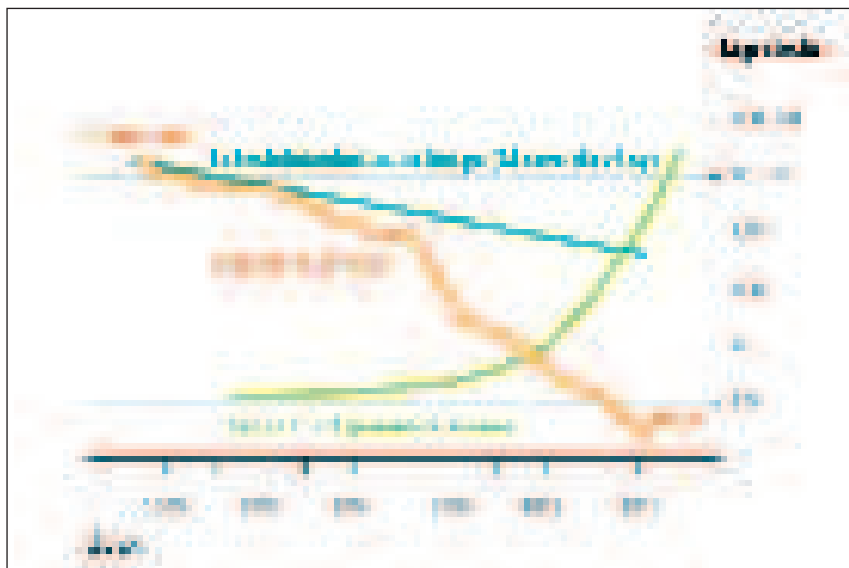
módszerek közül arra, hogy melyik a leginkább alkalmas az adott páciens és ráktípus kezelésére.

A 3,2 milliárd nukleotidot számláló teljes emberi genom mintegy 100 gigabájtnyi adattömeget jelent. A kutatók korán szembesültek azokkal a nehézségekkel, amelyek ekkora méretű adatállomány le- és feltöltéséből, szűréséből, továbbításából adódtak. Kezdetben intézményi szerveren tárolták az adatokat, majd titkosított me-

genetikai eltérések közegek bennük, amelyek felelőssé tehetők a kóros állapotért.

Nem véletlen, hogy ez a nagy kihívás mozgósította azokat az egyetemi kutatóintézeteket, egészségügyi intézményeket és az egészségügyi szektorban tevékenykedő vállalatokat, akik a probléma megoldásában érdekeltek voltak.

Szerencsés körülményként értékelhető, hogy a genomika és a gyógyítás részéről jelentkező hatalmas számítástechnikai



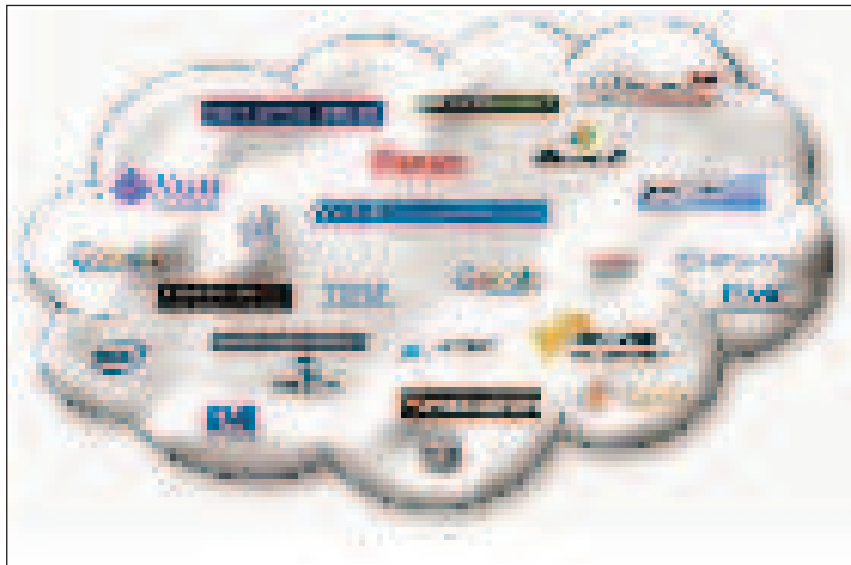
1. ábra. A teljes emberi genom szekvenálási költségének árváltozása az elmúlt 15 évben (Forrás: <https://app.tutegenomics.com/home/>)

revlemezeken küldözgették egymásnak a genetikai információkat. A módszer nem igazán működött. Nemcsak nehézkes volt, de lassú is egy olyan környezetben, ahol pont az adatok gyors elküldése és elemzése lett volna a cél.

További problémát jelentett, ha csak egyetlen beteg genetikai információit vizsgálták, akkor csak azt tudták megállapítani, hogy hány helyen és hol térnek el a vizsgált szekvenciák a referenciagenomtól. Arra a fontos kérdésre viszont nem kaphattak választ, hogy ezen genetikai különbségek közül melyek állhatnak az adott betegség hátterében. Ennek kiderítésére sok ezer páciens genetikai mintájának elemzésére volna szükség. Vagyis hatalmas és gyorsan analizálható adatmennyiségre annak megállapításához, hogy mely

igény találkozott a mai informatika kínálta, nagy adathalmaz (Big Data) elemzésekben és számítási felhőben rejtőzködő szinte korlátlan lehetőségekkel. A számítástechnikai eszközök folyamatos fejlődésének és a számítási teljesítmény utóbbi években tapasztalt ugrásszerű növekedésének köszönhetően ma egyre gyorsabban és egyre alacsonyabb költséggel végezhető el az orvoslást forradalmasító genomikai Big Data elemzések a számítási felhőben. Mit jelentenek ezek a kifejezések?

A Big Data alapvetően óriás adathalmazt jelent, ami túlságosan nagyméretű és sokrétű ahhoz, hogy a hagyományos módszerekkel és berendezésekkel tárolható, kereshető, megosztható és analizálható legyen. Mértékegysége a peta bájtt (1 millió gigabájt) és az exa bájtt (1 milliárd gigabájt).



**2. ábra. A felhő alapú szolgáltatások terén kiemelt fejlesztéseket folytató cégek. Csak idő kérdése, hogy felismerjük a genomikai információáramlásban rejlő hatalmas lehetőségeket** (Forrás: <http://www.consideritfixed.com/saas/>)

Az interneten naponta hozzáférhetőlegesen több mint 3 exa bájtnyi adat termelődik, a hétköznapi felhasználó eszköztárára átszámolva ez nagyjából 5–10 millió asztali gép tárolási kapacitásának felel meg. (Használják már a zetta bájt – 1000 milliárd gigabájt – mértékegységet is: a világ teljes adatmennyiségét jelenleg 2,7 zetta bájtra taksálják.)

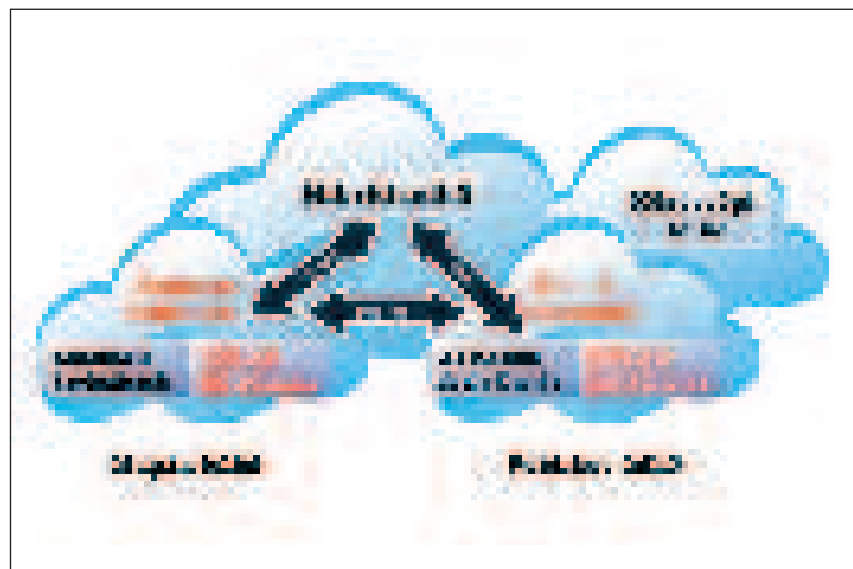
A nagy adathalmazok esetében azonban nem csak a méret számít. Doug Laney, a Gartner Group elemzője még 2001-ben elkészített egy háromdimenziós modellt, melyben szerinte három „V” határozza meg az adatmennyiség növekedésének kihívásait és a bennük rejlő lehetőségeket. Ezek a következők: a mennyiség (*volume*), a gyorsaság (*velocity*) és a változatosság (*variety*). Ez a modell ma is érvényes és ezt a modellt használja az adathalmazok hasznosításával foglalkozó szektor mind a mai napig. A mennyiség, noha fontos, mégsem a legfontosabb, mert ez a legdinamikusabban változó mérőszám. A sebesség azt jelzi, mennyire gyorsan kell feldolgozni a rendelkezésre álló adatmennyiséget ahhoz, hogy abból értékes információt lehessen nyerni. Végül a változatosság a megjelenő adatok széles választékára céloz, számtalan fájl- és adattípusra, melyek az információt tárolják.

A nagy adathalmazok feldolgozásához és kezeléséhez nem elegendők a hagyományos adatbázisok és az azokból statisztikákat és elemzéseket gyártó szoftverek. Az ehhez szükséges technológiák közül három kiemelkedő rendszert érdemes megemlíteni. A *Hadoop* nyílt forrású szoftver keretrendszer, amely lehetővé teszi nagyméretű adathalmazok hatéko-

nyabb kezelését és feldolgozását, strukturalását a lehető legrövidebb időn belül. A módszer lényege, hogy a befutó temérdek adatot a rendszer apró szeletekre osztva küldi el távoli számítógépekhez, majd a számítások elvégzése után egyesítve küldi vissza az eredményeket (*MapReduce*-

tosabb tulajdonsága a Hadooppal szemben nem az adathalmaz feldolgozása, hanem a hatalmas adatmennyiségek tárolása és a tárolt adatok állandó, akadálymentes rendelkezésre bocsátása. A harmadik megoldás a Big Data kezelésére a magas szintű párhuzamos feldolgozási rendszer, a *Massive Parallel Processing* (MPP). Ebben nagyszámú különálló processzor vagy számítógép végez irányított számításokat párhuzamosan, kölcsönös kommunikációt folytatva, de egyetlen program végrehajtása érdekében. Az MPP rendszerre épül például az *IBM Netezza* nevű, adattárolással és analízissal foglalkozó leányvállalata.

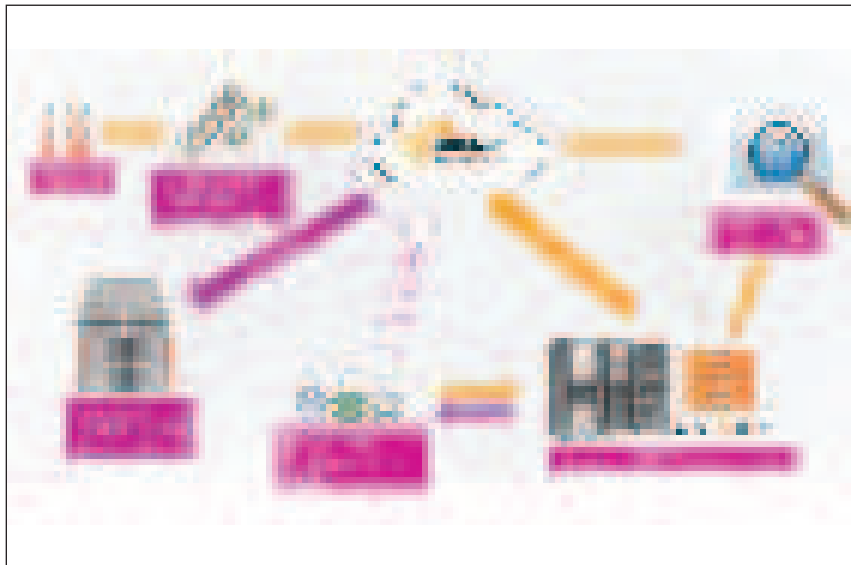
A felhő alapú számítástechnika (*angolul „cloud computing”*) a 2010-es évektől kezdődően a számítástechnika egyik fő irányának számít és ma már a legnagyobb internetes szolgáltató cégek kiemelt fejlesztései közé tartoznak (2. ábra). Többféle felhő alapú szolgáltatást különböztethetünk meg. Közös bennük az, hogy a szolgáltatásokat nem egy dedikált hardvereszközön üzemeltetik, hanem a szolgáltató eszközein elosztva, a szolgáltatás részleteit a felhasználótól elrejtve. Vagyis olyan programokkal, fájlokkal dolgoznak, melyek fizikailag nem a saját gépükön tárolódnak, hanem egy ismeretlen helyen vannak, valahol a „felhőben” (3. ábra). Ezeket a szolgáltatásokat a felhasználók hálózaton keresztül érhetik el. Publikus



**3. ábra. „Felhőképződés” az informatika égén. Az egyre gyarapodó felhőzetet nem a légáramlatok hajtják, hanem a különböző érdekeket kiszolgáló információáramlások** (Forrás: <http://www.techinmind.com/what-is-cloud-computing-what-are-its-advantages-and-disadvantages/>)

módszer), melyek így már könnyen feldolgozható és értelmezhető formában állnak rendelkezésre. A Google, az Amazon és Facebook inkább a *NoSQL* adatbázis-kezelő rendszert használja. A *NoSQL* legfon-

felhő esetében az interneten keresztül, privát felhő esetében a helyi hálózaton vagy az interneten. Publikus felhőről akkor beszélünk, ha egy szolgáltató a saját eszközállományával (tárhely, hálózat, számítási



**4. ábra. A Virginia állambeli ITMI (Inova Translational Medicine Institute) az Amazon Web Services (AWS) és az Avere Systems Technologies összefogásával rendkívül gyors és biztonságos hibrid felhőt hozott létre alkalmazott genomikai kutatások céljából (Forrás: <http://www.averesystems.com/genomics-in-the-cloud-on-track-to-20000-genomes>)**

kapacitás) szolgálja ki ügyfelei szerverigényeit. A genom szekvenálásához több cég is az Amazon Web Services (AWS) publikus felhőt használja, amely részben az egészségügyi szektorra szakosodott, és biztosítja a betegadatok kezelését szabályozó törvényi előírásoknak való megfelelést ügyfelei számára (4. ábra). Privát felhőről akkor beszélünk, amikor saját vagy bérelt erőforrásokon keresztül történik a szolgáltatás. Ez megoldást jelent a publikus felhők problémáira, viszont az üzemeltetésről a privát felhő tulajdonosának magának kell gondoskodnia.

A felhő alapú számítástechnikai megoldásoknak számos előnyük van. *Helyfüggetlenek:* egy felhőalapú megoldás (főleg publikus felhő) esetében a szolgáltatás bárhol könnyen elérhető lehet. A szolgáltatás maga is lehet független egy adott szerverközponttól, például az *Amazon EC2* több adatközpontból kiszolgált szolgáltatásai. *Méretezhető:* a forgalomnak és a piaci körülményeknek megfelelően növelhető vagy csökkenthető a felhő szolgáltatása. Ennek alapján az induló cégeknek, valamint a kis- és középvállalkozásoknak a hosztolt nyilvános felhő, míg a nagyvállalatok esetében a privát felhő bevezetése a leghatékonyabb. *Rendelkezésre állás:* a felhőalapú szolgáltatások mögött meghúzódó cégek folyamatos fejlesztése és komoly beruházásai, hatalmas adatbankjai a garancia arra, hogy a szolgáltatások világszínvonalon és megfelelő minőségben álljanak rendelkezésre. *Költségkímélő:* a hardvereszközök megvásárlásának költségét a szolgáltatás használatának díja váltja

fel – ez például lehet a bérelt számítási kapacitás, hálózati forgalom, vagy felhasználók száma alapján kiszámolt összeg. Így a működtetési feladatok nem a felhasználókat terhelik és az alkalmazások frissítésének járulékos költségei is megtakaríthatók.

A felhő alapú számítástechnika legnagyobb előnye sokaknak egyben hátrányt is jelent: nincs az adat a felhasználó kezében. Nem tudja megfogni a szerver, ahol tárolódnak a számára nélkülözhetetlen adatok. Egyetlen felhasználónév/jelszó párossal elérhetőek az adatok, így ha ahhoz hozzájut valaki, gyakorlatilag az adott felhasználó jogosultságával elérhető összes adat hozzáférhető lesz számára. A hátrányok csökkentésére természetesen léteznek biztonsági megoldások, mint a biztonságos <https://> kapcsolat, jelszavak kötelező jelleggel történő havi megváltoztatása, VPN-kapcsolat használata és még sok más.

A leírtak fényében különösen figyelemre méltó az a fejlesztés, amelyet az IBM az utóbbi években hajtott végre (5. ábra). Az IBM egyik cégcsoportjának vezetője, *Michael Rhodin* így számolt be 2011-ben az IBM szuper intelligens számítógépének, a Watsonnak a bemutatásakor: „A Watson megalkotása az IBM százéves történetének egyik legfontosabb mérföldköve, amelyet most a felhő alapú kognitív technológiai innovációk révén lehetőségünk nyílik megosztani az egész világgal.” A 2011 óta eltelt időszak eredményei megmutatták, hogy valóban nem volt túlzás ez a bejelentés.

Az IBM egymilliárd dolláros beruházással a New York-i Silicon Alley-ben, vagyis

csak „Szilícium-közként” emlegetett városrészben egy új központot hozott létre, ahol az IBM stratégiájának megfelelően olyan szoftverek, szolgáltatások és applikációk új generációját fejleszti ki, amelyek a kognitív technológiára építenek; használatuk során tanulnak az emberi interakciókból és adatokból, gondolkodnak, emberi nyelven kommunikálnak, miközben a Big Datát elemezve komplex kérdésekre is vilámgyorsan választ adnak. Hasznos belátásokkal segítik nemcsak az egészségügy, hanem a pénzügyi szektor, a kereskedelem vagy épp a telekommunikációs szektor szakembereit.

Az elmúlt években az IBM-nek sikerült a Watsonból kereskedelmi forgalomba hozható technológiát fejleszteni. A továbbfejlesztett Watson huszonnégyszer gyorsabb elődjénél, miközben mérete 90%-kal csökkent, így egy kisebb szoba helyett már három pizzás doboznyi helyen elfér.

A Watson által kifejlesztett 3 kognitív technológia alapú szolgáltatás egyike az ugyancsak felhő alapú számítástechnikát alkalmazó „Discovery Advisor” szolgáltatás, mely az egészségügyben és gyógyszeriparban folyó kutatás-fejlesztési projekteket gyorsítja fel azáltal, hogy a rendelkezésre álló dokumentációból gyors információgyűjtéssel, releváns adatok értelmezésével és összefüggések felismerésével új lendületet ad a kutatócsoportok munkájának. Ennek gyakorlati megvalósulását jelezte az a közös kezdeményezés, melyet a New York Genome Center (NYGC) és az IBM 2014 márciusában jelentett be. A projekt azt a célt tűzte ki, hogy alkalmazott analitikával támogassa az agresszív agydagatanban (glioblastómában) szenvedő betegek genomikai kezelését. (A glioblastóma évente 13 ezer ember életét követeli az Egyesült Államokban). Ennek keretében az IBM és a NYGC együtt tesztelte a Watson egy különleges prototípusát, amelyet kifejezetten genomikai kutatásokhoz terveztek, hogy segítségével az onkológusok személyre szabott terapiákat kínálhassanak betegeknek. A jelenleg is zajló vizsgálatokban a NYGC és orvosi társintézményei alaposan megvizsgálják és értékelik a Watson képességeit, hogy mennyiben képes segíteni az onkológusoknak a személyre szabottabb kezelése kialakításában glioblastómások esetében.

Az Egyesült Államokban egyelőre kevés beteg kap olyan személyre szabott kezelést, ami kifejezetten a rá jellemző daganat mutációjához alkalmazkodna. Nincs sem elegendő idő, sem eszköz arra, hogy a klinikák DNS-alapú kezelési lehetőségeket kínáljanak a betegeknek. Ez csak akkor valósulhatna meg, ha össze tudnák hasonlítani a DNS-szekvenálás adatait az orvosi szaklapokban megje-

lentetett cikkek tömkelegével és az eddig publikált klinikai tapasztalatokkal. Mintegy hatszázezer oldalnyi szakanyag, tudományos cikk, röntgenfelvételek, képek, leletek, kórlapok felhasználásával az IBM egy olyan szoftvert dolgozott ki, amelyet az Egyesült Államok pilótkórházaiban már használnak.

Erre építve, az új felhőalapú Watson-szolgáltatást arra tervezik, hogy genetikai információkat elemezzon együtt a biomedicina átfogó szakirodalmával és gyógyszeradatbázisokkal, ami ma még nem létező gyakorlat. Ráadásul Watson képes folyamatosan „tanulni”, ahogy újabb és újabb betegek kórképével találkozik, és ahogy egyre több információ válik elérhetővé az új orvostudományi kutatások, újságcikkek és klinikai vizsgálatok révén. Ezen kívül abban is segíti majd a New York Genome Center tudósait, hogy feldolgozassák azokat az adatokat, amelyek eltérő génszekvenciákat jeleznek a jóindulatú tumort vagy agydaganatot mutató szövettani vizsgálatoknál. Figyelembe véve Watson képességeit, a hatalmas adattömegek mély és gyors elemzését, az együttműködés célul tűzte ki a betegek számának növelését, akik így egyre nagyobb számban

okainak feltárásában. Az igazi kérdés most az, hogy miként vesszük hasznát a genetikai információknak, hogyan kötjük össze gyorsan a biomedicina elérhető szakirodalmával, és ezt az információt hogyan fordítjuk le jobb kezelésekké” – mondta *Robert Darnell*, a NYGC vezetője.

„Watson kognitív számítási képességei forradalmasítani fogják a genomikát, és megnövelik annak lehetőségét, hogy hatásos és személyre szabott kezelési megoldásokhoz jussanak a halálos betegségekben szenvedők”.

Természetesen a felhő alapú számítástechnikai megoldások és Big Data alkalmazások nem csak a genomika terén hódítanak. Egyre inkább teret követelnek az egészséggel kapcsolatos más területeken is. Az IBM itt is tovább folytatta sikeres piaci szereplését és kapcsolatteremtését az egészségügyi adatfeldolgozásban. Idén áprilisban az Apple-vel kötött egység alapján az IBM a Watson Health Cloud felhőszolgáltatással dolgozza fel és továbbítja az Apple HealthKit és ResearchKit platformjai által begyűjtött adatokat az érdeklődő egészségügyi vállalatoknak (Johnson & Johnson és a Medtronic), akik aztán azokkal saját szolgáltatásaikat bővíthetik. Utóbbi két vállalat ugyancsak részt vesz az együttműködésben.

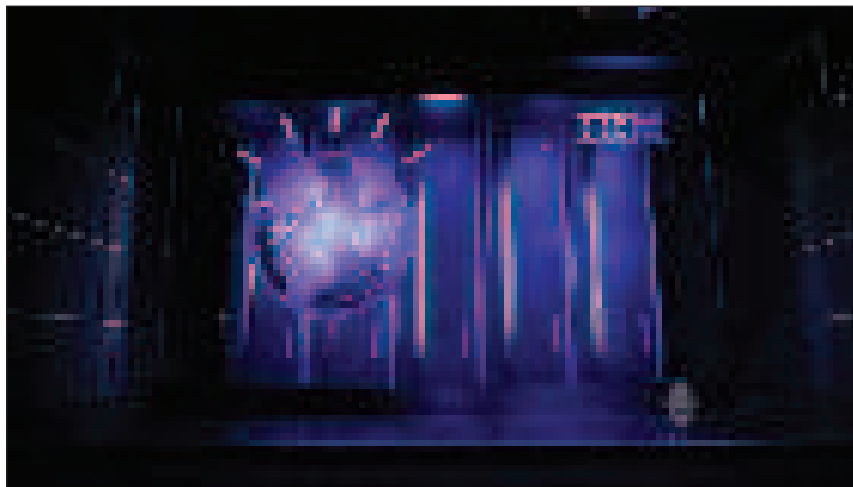
megbetegedéssel kapcsolatban.

Azzal a jó hírelle szolgálhatunk, hogy az új számítástechnikai megoldásokért az egészségügy területén nem kell feltétlenül külföldre mennünk. A Nemzeti Agykutatási Program támogatásával a Semmelweis Egyetem Genomikai Medicina és Ritka Betegségek Intézete olyan 250 millió forint értékű készülékhez jutott idén februárban, mellyel az idegrendszeri betegségek (Alzheimer-kór, Parkinson-kór, skizofrénia, autizmus stb.), ritka örökletes betegségek, daganatok és agyi áttétek kialakulásának vizsgálata, kutatása válik nagyságrendekkel hatékonyabbá. A készülék teljesítménye *százszor* nagyobb a térségben eddig elérhetőknél. A diagnosztikához, kutatáshoz és a személyre szabott kezelések fejlesztéséhez szükséges genomikai vizsgálatokat a világon elérhető legmagasabb szinten végzi a berendezés. Eddig ezekre a szomszédos országok közül csak Bécsben volt lehetőség.

A készülék a Semmelweis Egyetem és a Richter Gedeon NyRt. közös kutatási céljait szolgálja, de lehetőséget nyújt a fenti célok mellett más betegségek genomikai hátterének feltérképezésére is – mondta a gép átadása kapcsán rendezett sajtótájékoztatón *Szell Ágoston* rektor. Az új technológia nagy segítséget nyújthat azoknak a ritka betegségekben szenvedőknek, akik eddig az úgynevezett „diagnózis nélküli” csoportba tartoztak. Hazánkban több ezren szenvednek ritka kórban, többségük gyermek. A ritka betegségek diagnosztikája mellett alkalmas lehet a módszer a gyakoribbak (pl. daganatok, szív- és érrendszeri betegségek) rizikójának, valamint a gyógyszer mellékhatásokra való hajlamának becslésére is.

A modern technológia populációgenetikai vizsgálatok tömeges elvégzését is lehetővé teszi. A Semmelweis Egyetem kutatói azt remélik, hogy a közeljövőben K+F források támogatásával lehetőség nyílna 1000 magyar teljes genom szekvenálására is. Egy nemzeti genomikai adatbázis nemcsak a magyar lakosság egészségének megőrzését, személyre szabott kezelését szolgálja, hanem segítséget nyújthatna a magyarság eredetének kutatásában is.

A Semmelweis Egyetem a molekuláris medicina területén is a csúcstechnológiák alkalmazásával szeretné innovációs potenciálját erősíteni, és ezáltal vezető szerepet betölteni a régióban. *Molnár Mária Judit* rektorhelyettes, az intézet igazgatója reméli, hogy Magyarország követi majd az USA és Nagy-Britannia példáját, ahol már látják: a molekuláris genetikai diagnosztika mindennapos rutinná válása a jelenkori egészségügy alapvető szükséglete. Ha ez megvalósul, úgy betegek szá-



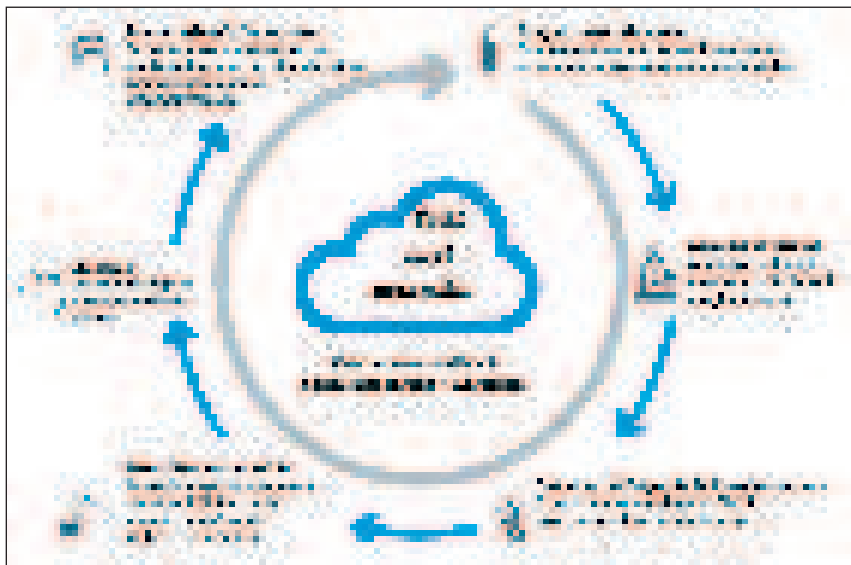
5. ábra. Az IBM Watson szuperszámítógépe (Forrás: [https://en.wikipedia.org/wiki/Watson\\_\(computer\)](https://en.wikipedia.org/wiki/Watson_(computer)))

juthatnak genomikai elemzéseken alapuló személyre szabott kezelési opciókhoz (6. ábra). Így olyan belátások születhetnek, amelyek közel hozzák a genomikai orvoslás ígérteit a betegekhez. Az IBM a NYGC genomikai és klinikai tapasztalataira építve más területeket is megcélozva továbbfejleszti és finomítja a Watson szolgáltatásait, ezzel is segítve a személyre szabott kezelések fejlesztését.

„Mióta először térképezték fel az emberi genomot egy évtizeddel ezelőtt, óriási előrelépést tettünk a betegségek genetikai

Az Apple HealthKit platformja egyetlen felületre tömöríti a különböző fitness applikációk által begyűjtött adatokat, ezzel áttekinthetőbbé téve azokat a felhasználók számára. Ehhez párosul még a tavaly őszszel debütált ResearchKit, mely egy nyílt forrású platform, amivel a kutatók a különböző betegségek diagnosztizálását vagy éppen mindennapi kezelését segítő egészségügyi szoftvereket hozhatnak létre. A ResearchKitet használó kutatók a felhasználóktól begyűjtött adatok alapján továbbá hasznos információhoz juthatnak egy-egy





6. ábra. A felhő alapú számítástechnikai alkalmazás sematikus folyamata a genomikai vizsgálatokban (Forrás: [http://www.hpcwire.com/2012/02/29/cloud\\_computing\\_helps\\_fight\\_pediatric\\_cancer/](http://www.hpcwire.com/2012/02/29/cloud_computing_helps_fight_pediatric_cancer/))

zezrei remélhetnek gyorsabb diagnózist és személyre szabott terápiát.

A Richter Gedeon Nyrt. orvostudományi igazgatója, *Németh György* korábban kifejtette: az új technológia a gyógyszeripari kutatásfejlesztésnek is szélesebb perspektívákat kínál az innovatív, új gyógyszer-célpontok azonosításában és az eddig nem gyógyítható betegségek kezelésére szolgáló gyógyszerek fejlesztésében.

Mindez még csak a kezdet. Elemzők szerint a genomszekvenálás költségeinek további drasztikus csökkenésével tömeges méretekben leszünk képesek kimutatni a rákot és más betegségeket, még mielőtt bármilyen jele lenne a kóros elváltozásoknak. Létrejöhét a megelőzést szolgáló orvoslás, amely születésünkkor vagy még magzatkorban kideríti a betegségeket okozó genetikai mutációkat, és megfelelő gyógyszerekkel megakadályozza a kóros állapotok kialakulását.

Szakértők szerint vérvizsgálat fogja felváltani a mammográfiás és kolonoszkópiás vizsgálatokat, amely képes lesz kimutatni a mikroszkopikus méretű daganatokat még jóval azelőtt, hogy a tumor növekedésnek indulna. Bár ma is létező technika a vérben keringő tumorsejtek (Circulating Tumor Cells) vizsgálata, ma még közel sem tekinthető rutin eljárásnak és igen drága. A genom szekvenálásával elérhetővé válik a testünkben élő mikroorganizmusok pontos feltérképezése is, ezek ugyanis jelentősen befolyásolják egészségi állapotunk alakulását.

Mivel a genominformációkat a felhőben elemzik és tárolják, nem hagyhatók figyelmen kívül a személyes adatok védelmével kapcsolatos biztonsági kérdések sem. A helyzet komolyságára jellemző, hogy az egészségügyi adatok ellopására irányuló kiber-bűncselekményekkel manapság már több pénzt hoz a hackerek számára, mint a bankkártya-számok eltulajdonítása. Ráadásul az emberi genom nem csupán egyértelműen azonosítja tulajdonosát, hanem részletes információkat szolgáltat származásáról, betegségekre való hajlamáról is. Így, ha illetéktelenek kezébe kerül, komoly visszaélések forrása lehet. Az előbbieket alapján nyilvánvaló, hogy a technológiai fejlődés hatására kialakult helyzet a genomkutatás területén új adatvédelmi szabályozás kidolgozását igényli, amely biztosítja majd az örökítő anyagunkban kódolt, legszemélyesebb információink hatékony védelmét.

## Irodalom

- Mészáros Csaba: Felhővel a rák ellen. *Computerworld*, 2015. július 10.  
<http://computerworld.hu/computerworld/felhovel-a-rak-ellen.html>
- Beszáll Watson a genomikai orvoslásba. *Computerworld*, 2014. március 25.  
<http://computerworld.hu/computerworld/beszall-watson-a-genomikai-orvoslasba.html>
- [https://hu.wikipedia.org/wiki/Felhő\\_alapú\\_számitástechnika](https://hu.wikipedia.org/wiki/Felhő_alapú_számitástechnika)
- Mary Todd Bergman: Large-scale genetic analysis made easier, 16 JUNE 2015  
<http://news.embl.de/science/1506-genome-analysis/>

## E számunk szerzői

DR. ABONYI IVÁN, a fizikai tudomány kandidátusa, Budapest; DR. BENCZE GYULA, a fizikai tudomány doktora, MTA Wigner Fizikai Kutatóközpont, Budapest; DÁLYA GERGELY csillagász, MTA CSFK, Csillagászati Intézet, Eötvös Loránd Tudományegyetem, Budapest; FARKAS CSABA újságíró, Szeged; HANYECZ OTTÓ csillagász, MTA CSFK, Csillagászati Intézet, Eötvös Loránd Tudományegyetem, Budapest; DR. HOLLÓSY FERENC biológus, klinikai kutatási munkatárs, KCR, Budapest; HORVÁTH LÁSZLÓ, az MTA doktora, c. egyetemi tanár, Országos Meteorológiai Szolgálat, Budapest; DR. KALOTÁS ZSOLT természetvédelmi tanácsadó, Tolna; DR. KITTEL ÁGNES tudományos tanácsadó, MTA Kísérleti Orvostudományi Kutatóintézet, Gyógyszerkutatási Osztály, Molekuláris Farmakológia Kutatócsoport, Budapest; DR. KRASZNAHORKAY ATTILA fizikus, az MTA doktora, tudományos főosztályvezető, MTA Atommagkutató Intézet, Debrecen; DR. KUBASSEK JÁNOS geográfus, az Érdi Földrajzi Múzeum igazgatója, Érd; DR. KÜGLER SZILVIA PhD, tudományos segédmunkatárs, MTA Wigner FK Szilárdtest-fizikai és Optikai Intézet, Alkalmazott és Nemlineáris Optikai Osztály, Budapest; KERN ANIKÓ PhD, tudományos munkatárs, ELTE Geofizikai és Űrtudományi Tanszék Úrkutató Csoport, Budapest; LADÁNYI LÁSZLÓ geográfus, Budapest; LADÁNYI TAMÁS asztrofizikus, Veszprém; DR. MATOS LAJOS szívgyógyász, Szent János Kórház, Budapest; MARTON ANNAMÁRIA éghajlati szakértő, Országos Meteorológiai Szolgálat, Budapest; SZABÓ RÓBERT csillagász, MTA CSFK, Csillagászati Intézet, Eötvös Loránd Tudományegyetem, Budapest; SZILI ISTVÁN ny. főiskolai tanár, Székesfehérvár; DR. WEIDINGER TAMÁS kandidátus, egyetemi docens, ELTE TTK Földrajz és Földtudományi Intézet, Meteorológiai Tanszék, Budapest.

## Decemberi számunkból

*Szalkai Balázs–Kerepesi Csaba–Varga Bálint–Grolmusz Vince: Női agy – férfi agy*  
*Scheuring István: A menopauza evolúciója*  
*Tószegi Zsuzsa: Petzvál József és a 175 év múltán újjáteremtett objektívje*  
*Szelecsényi Ferenc: A nukleáris medicina új „svájci bicskója”*  
*Harangi Szabolcs: Tűzhányó-hírek*  
*Kalotás Zsolt: Az Év természetfotója*