

# Pressemitteilung

## Mit Datenbankprojekt zur verbesserten Leukämiediagnostik

Münchner Leukämielabor GmbH gründet Schwesterunternehmen MLLi

**München, 11. Dezember 2018. Das vom Münchner Leukämielabor (MLL) gegründete Schwesterunternehmen MLLi startete im Dezember mit seinem Datenbankprojekt MLLi:db. Hierbei werden Wissenschaftlern, Forschern und Ärzten webbasierte Tools zur Interpretation von molekularen, zytogenetischen und immunphänotypischen Daten zur Verfügung gestellt. Übergreifendes Ziel ist es, die hämatologische Diagnostik zu verbessern und somit letztendlich den Patienten eine zielgerichtete Therapie zu ermöglichen.**

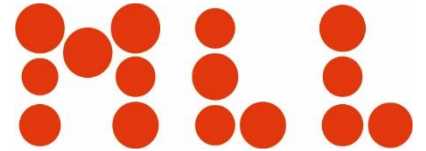
Jährlich gehen beim MLL Münchner Leukämielabor mehr als 78.000 Blut- und Knochenmarkproben ein, die in der Routinediagnostik untersucht werden. Bei insgesamt 40% der Einsendungen ist eine unterschriebene Einverständniserklärung des Patienten beigelegt, die es erlaubt das Material zu asservieren und für zukünftige Forschungszwecke zu nutzen. „Das Patientenmaterial wird zusätzlich zur Routine auch retrospektiv untersucht, wodurch wir wissenschaftliche Erkenntnisse über neue molekulare Marker gewinnen können“, so Dr. Manja Meggendorfer, Leitung des Bereichs Molekulargenetik am Münchner Leukämielabor. Die aus 1,2 Millionen Asservaten bestehende Biobank ist die Grundlage für die Gründung des Unternehmens MLLi (i = innovation).

Bereits am 31.08.2017 wurde das Unternehmen MLLi ins Handelsregister eingetragen. Nach ausführlicher Testphase mit seinem Datenbankprojekt, geht MLLi Ende November 2018 erstmals live ([www.mlli.com](http://www.mlli.com)). In dem Datenbankprojekt MLLi:db (db = database) werden manuell kuratierte Sequenzvarianten und deren Interpretation anonym veröffentlicht, die in den letzten zwölf Jahren mittels Next Generation Sequencing (NGS) in einem ISO 15189 akkreditierten Umfeld am MLL erhoben wurden.

Genau wie in der klassischen Routinediagnostik hat jede in der Datenbank enthaltene Variante eine Klassifikation in einem 3-stufigen Bewertungssystem: mutiert, Variante oder Polymorphismus. Diese Klassifikation einer Sequenzvariante stellt die Grundlage einer klinischen Interpretation und deren Bedeutung für eine Erkrankung dar. Niroshan Nadarajah, Bereichsleiter Bioinformatik am MLL, erklärt, warum genau hier der Mehrwert der Applikation im Vergleich zu anderen, bereits bestehenden Datenbanken liegt: „Das Problem aktuell mit Variantenklassifikation ist, dass durch eine Vielzahl an Datenbanken eine starke Heterogenität herrscht. Die gleiche Variante kann in einer Datenbank als Polymorphismus, in einer anderen als somatische Veränderung beschrieben sein. Manchmal herrscht sogar Uneinigkeit in der gleichen Datenbank, wenn beispielsweise zwei Submitter in diese Datenbank unterschiedlicher Meinung waren. Wir lösen mit MLLi:db diese Diskrepanzen auf und geben ein eindeutiges Ergebnis an. Jedes Ergebnis haben wir selbst bei mindestens fünf Patienten beobachtet und wurde von mindestens zwei Molekulargenetik-Wissenschaftlern unabhängig voneinander gleich bewertet, unter Einbeziehung eigener und externer Datenquellen.“

### Pressekontakt

MLL Münchner Leukämielabor GmbH, Presseabteilung, Kristina Kneis, Max-Lebsche-Platz 31, 81377 München  
Tel. +49 (0)89 99017 506, Mail: [presse@mll.com](mailto:presse@mll.com); [www.mll.com](http://www.mll.com)



Mit dem „MLL Predictor“, einem hauseigenem Machine-Learning Algorithmus, welcher mit Variantendaten aus der Routinediagnostik gespeist wurde, wird aus 14 Datenquellen automatisch eine Konsensus-Klassifikation berechnet. Vergleichbar ist das Ergebnis mit dem Wissensstand eines Mitarbeiters mit ca. zehn Jahren Erfahrung in der Diagnostik. Das Besondere: die Daten sind über die Webapplikation unmittelbar zugänglich und verständlich aufbereitet. Zudem bietet MLLi den Service, dass bei nachträglichen Änderungen einer Klassifikation ein entsprechender Hinweis an den Nutzer geschickt wird.

Prof. Dr. Dr. Torsten Haferlach, einer der drei Geschäftsführer des MLL, möchte mit MLLi:db die Diagnostik in der Hämatologie voranbringen: „Wir hoffen, dass wir mit diesem Projekt die Akzeptanz für Next-Generation-Sequencing (NGS) und seine Verwendung in der Diagnostik erhöhen können und potenziell Labore, die bislang gezögert haben NGS einzusetzen, dazu zu bewegen. Dateninterpretation ist aufwändig und nicht trivial zu skalieren. MLLi:db ist das erste von weiteren Softwareangeboten, um hierbei zu unterstützen.“

### **MLL Münchner Leukämielabor GmbH**

*Die MLL Münchner Leukämielabor GmbH ist ein national und international arbeitendes Labor für die Diagnostik von Leukämien und Lymphomen. Die im Unternehmen verankerte Expertise, Qualitätssicherung und Turnaround-Zeit garantieren optimale Untersuchungsverfahren bei der Verdachtsdiagnose auf eine Leukämie oder ein Lymphom. Der moderne Gerätepark und die Analysemethoden auf wissenschaftlich neuestem Stand ermöglichen eine optimale Diagnostik für Patientinnen und Patienten. Das Münchner Leukämielabor gilt weltweit als führend hinsichtlich der Breite des Diagnostikportfolios. Die Kombination der ineinandergreifenden Methoden der Zytomorphologie, Zytochemie, klassischen Chromosomenanalyse, FISH, Immunphänotypisierung und einer Vielzahl von molekulargenetischen Untersuchungsverfahren ermöglicht es, ein umfassendes Bild der vorliegenden Erkrankung zu erstellen und im nächsten Schritt eine optimal zugeschnittene medizinische Behandlung für die Patienten zu gewährleisten.*

### **MLLi**

*MLLi (i = innovation) widmet sich der digitalen Aufarbeitung von Daten aus der Leukämiediagnostik. Die MLLi stellt dazu u.a. webbasierte Tools zur Interpretation von molekularen, zytogenetischen und immunphänotypischen Daten zur Diagnostik hämatologischer Neoplasien zur Verfügung.*

### **Pressekontakt**

MLL Münchner Leukämielabor GmbH, Presseabteilung, Kristina Kneis, Max-Lebsche-Platz 31, 81377 München  
Tel. +49 (0)89 99017 506, Mail: [presse@mll.com](mailto:presse@mll.com); [www.mll.com](http://www.mll.com)