Debian-Med

Integrative Softwareumgebung für alle medizinischen Bereiche auf der Basis von Debian GNU/Linux

Andreas Tille

Copyright © 2007 Andreas Tille

In der Medizin wird Freie Software nach wie vor eher selten und im wesentlichen in bestimmten Teilbereichen eingesetzt. Die Ursachen dafür sind vielschichtig. Eine Hauptursache ist die im Vergleich zu Standardsoftware (z.B. Browser oder Mailclient) der Anwenderkreis sehr klein ist und sich damit die Bildung einer aktiven Community als problematisch erweist.

Ziel des Debian-Med Projekt ist es, den existierenden Projekten, die Freien Software für die Medizin erstellen, technische Unterstützung bei der Erstellung und Verteilung ihrer Software zu bieten und somit den Prozeß der Bildung einer Community zu unterstützen. Das heißt, durch Debian-Med wird selbst keine Software entwickelt, sondern lediglich vorhandene Software in Debian integriert und Werkzeuge zur Verfügung gestellt, die eine leichte Installation und Administration dieser Software ermöglichen. Weiterhin wird garantiert, daß die nötigen Systemvoraussetzungen für die jeweiligen Projekte in Debian zur Verfügung stehen.

Die Analyse der vorhandenen Software durch Debian-Med ergab, daß Bereiche wie mikrobiologische Forschung und medizinische Bildverarbeitung bereits ausgesprochen gut mit Freier Software abgedeckt sind. Ein großer Teil der wichtigen Projekte wurde bereits erfolgreich in Debian integriert. Allerdings ist sind auf dem Gebiet der Praxisverwaltung noch längst nicht alle Aufgaben zufriedenstellend lösbar auch wenn es hier in Form des GNUmed Projekts vielversprechende Ansätze gibt.

Der Artikel gibt einen Überblick über bereits in Debian integrierte Software, die im weitesten Sinne in der Medizin zum Einsatz kommen kann und gibt einen Ausblick, welche Projekte demnächst integriert werden sollen.

1. Motivation

Freie Software ist momentan in der Medizin verglichen mit anderen Bereichen noch nicht sehr stark etabliert. Die Gründe dafür sind vielschichtig und es finden sich auch Bereiche innerhalb der elektronischen Datenverarbeitung in der Medizin, die durchaus sehr gut mit Freier Software abgedeckt werden können. Hiermit sei gleich eingangs darauf explizit hingewiesen, daß unter medizinischer Datenverarbeitung nicht nur Praxis- und Patientendatenverwaltung verstanden werden soll, sondern das Anliegen von Debian-Med deutlich weiter gefaßt ist. Insbesondere im präklinischen Bereich der Mikrobiologie und der Genetik sowie in der medizinischen Bildverarbeitung steht ein umfangreicher Pool an Freier Software zur Verfügung

Leider steht diese Software oft nicht in einer leicht zugänglichen Form zur Verfügung und selbst wenn leicht zu verwendende Installer dem Nutzer die Installation erleichtern ist es in vielen Fällen für potentielle Nutzer schwer herauszufinden, ob Freie Software existiert, mit der sie ihr Problem lösen können und wo diese zu beziehen ist. Es fehlt ein zentraler Anlaufpunkt, der Informationen über die zur Verfügung stehende Software bietet und dem Anwender technische Unterstützung bei der Installation und Pflege dieser Software bietet. Diese Lücke soll durch das Debian-Med Projekt geschlossen werden.

2. Nutzerprofil

Debian-Med richtet sich vor allem an solche Nutzer, für deren alltägliche Aufgabenbewältigung keine tiefgreifenden Computerkenntnisse erforderlich sind. Experten in der Medizin sind schlicht auf funktionierende Werkzeuge angewiesen und können oder wollen sich in der Regel nicht detailliert mit der Administration ihres Systems befassen. Kurz: Ein Arzt soll seine menschlichen Patienten heilen - und nicht zusätzlich einen elektronischen wiederbeleben.

Glücklicherweise schließt ersteres letzteres nicht aus und so sind die "multitalente" unter den Medizinern die erste Keimzelle für eine Community eines spezifisch medizinischen Softwareprojekts. Leider zeigt die Beobachtung, daß der Prozeß der Bildung einer Community bei Expertensoftware ausgesprochen schleppend vorangeht.

Der nötige Aufwand, um Freie Software selbst aus dem Internet zu holen, sie eventuell aus dem Quellcode zu compilieren, was oft mit dem Studium umfangreicher und komplizierter Installationsanweisungen verbunden ist, und schließlich die Installation der compilierten Software auf dem eigenen Computer ist schlicht inakzeptabel, weil der Nutzer in der Regel weder Qualifikation noch Zeit für derlei Aufgaben hat. Er benötigt einfach ein fertig benutzbares System, mit dem er seine eigentliche Arbeit optimal erfüllen kann.

3. Community-Bildung

Ein wesentliches Paradigma Freier Softwareentwicklung ist die Tatsache, daß Freie Software sowohl

hinsichtlich der Qualität des Codes als auch der Benutzbarkeit (einschließlich einfacher Installation) um so besser ist, je mehr Anwender und damit auch potentielle Entwickler sich für eine spezielle Anwendung interessieren. Die Gemeinschaft der Entwickler und Nutzer wird als *Community* bezeichnet. Die Bildung einer vitalen Community ist damit eine wesentliche Voraussetzung für ein erfolgreiches Freies Softwareprojekt.

3.1. Förderlich

Universitäres Umfeld

Aus gutem Grund existiert sehr viele freie medizinische Software auf dem Gebiet der medizinischen Mikrobiologie und Genetik. Die Entwicklung findet hier sehr oft an Universitäten und Forschungseinrichtungen statt. Die enge Verknüpfung der Fachwissenschaft mit Technikern und Informatikern sowie der Charakter der ergebnisorientierten Forschung, die nicht in erster Linie auf gewinnorientierte Softwareentwicklung ausgerichtet ist, wirkt sich sehr förderlich aus. Der Gedanke einer gemeinsamen Softwareentwicklung zum Vorteil einer Forschungsgemeinschaft in denen die Forschungsergebnisse das primäre Ziel sind erlauben eine fruchtbare Zusammenarbeit bei der Entwicklung der Werkzeuge, die zur Erreichung des Ziels notwendig sind. Vergleichbarkeit von Ergebnissen und die Schaffung von Standardmethoden stellen sich als Triebfeder für Freie Software dar.

Organisierte Förderung

Die wahrscheinlich größte Sammlung von Open Source Software für die Anwendung im stationären Gesundheitswesen stellt DHCP/VISTA (http://www.hardhats.org/) (Decentralized Hospital Computer Program) dar. Das Projekt wurde 1982 durch das U.S. Department of Veterans Affairs ins Leben gerufen. Schon im Jahr 1994 unterhielt das Department 173 medizinische Zentren, 389 Kliniken und 131 Pflegeheime. Im Jahr 1995 wurde DHCP für den Smithsonian Preis für die beste Anwendung der Informationstechnologie nominiert. Da diese Software durch und für die US-Regierung entwickelt wurde, ist der Quellcode größtenteils Public Domain.

Damit ist VISTA ein gutes Beispiel dafür, wie eine auf der Erkenntnis der Vorteile Freier Software fußende öffentliche Förderung zu einem erfolgreichen Softwareprojekt führen kann - schon lange bevor Linux und Open Source in den Fokus einer nennenswert großen Anwendergemeinschaft rückte. Nach wie vor ist VISTA vorwiegend in den USA ein Erfolgsprodukt. Leider ist es auf Grund seiner Komplexität noch nicht in Debian integriert.

3.2. Hinderlich

Werbung für proprietäre Software

Oft steht hinter proprietären Softwareprodukten eine zugkräftige Werbestrategie, die aus verschiedenen Gründen bei Freier Software keinen Einsatz findet. Daher ist der Kontakt potentieller Anwender mit proprietären Konkurrenzprodukten sehr viel wahrscheinlicher als mit einem eventuell gleichwertigen freien Produkt. Dieser Effekt wird bei Standardsoftware durch eine

positive Mund-zu-Mund-Propaganda innerhalb einer Community weitgehend ausgeglichen. Das Problem bei Spezialsoftware ist allerdings, daß die Bildung einer Community problematisch ist und daher eine Verbreitung von Informationen auf diesem Weg stark eingeschränkt ist. Insofern ist Freie Software in Spezialgebieten hinsichtlich einer Produktentscheidung durch den Anwender seinen proprietären Pendants unterlegen.

Unterschiedliche Präferenzen von Initiatoren

Ein weiteres Problem bei Spezialsoftware ist die Tatsache, daß die wenigen Programmierer, die sich eines solchen Problems annehmen, oft unterschiedliche Entscheidungen über die verwendeten Werkzeuge und Techniken fällen. Die Folge ist eine Aufsplittung der ohnehin geringen Entwicklerzahl in zahlreiche einzelne Projekte, die sich kaum gegenseitig befruchten können.

4. Status Freier Software in der Medizin

Seit dem Start des Debian-Med Projekts vor über fünf Jahren hat sich die Verfügbarkeit von freier medizinischer Software in einigen Bereichen drastisch verbessert in anderen Bereichen zeichnen sich erfolgversprechende Lösungsansätze ab.

Table med-bio. Integration von Software in Debian-Med

	Mikrobiologie	Bildverarbeitung
2002:	4 Packete	2 Packete
2004:	20 Packete	6 Packete
2007:	40 Packete	9 Packete

Da die Mikrobiologie in vielen Bereichen der Medizin eine wesentliche Rolle spielt, unterstützt Debian-Med auch diese Gruppe von Programmen. Die Tatsache, daß diese oft in Bereichen von Forschung und Lehre eingesetzt werden, in dem traditionell häufig Freie Software anzutreffen ist, ist ein wesentlicher Grund dafür, daß die Mikrobiologie ein ausgesprochen gut besetzter Teilbereich von Debian-Med ist. Ähnlich gut vertreten ist auch der Bereich der medizinischen Bildverarbeitung.

Im Gegensatz dazu sind freie Programme zur Patientenverwaltung noch nicht so weit entwickelt, daß proprietäre Systeme abgelöst werden könnten. Es gibt zwar in diesem Bereich zahlreiche Ansätze in unterschiedlichen Techniken - ein prominenter Vertreter ist GNUmed (http://www.gnumed.org/), das auch in Debian-Med integriert ist - doch ist der Entwicklungsstand der Patientenverwaltungssoftware noch nicht allen Anforderungen der Praxisverwaltung gewachsen. Leider sind auch einige Projekte, die sich mit diesen Aufgaben befassen wieder verwaist.

5. Was ist Debian-Med?

Debian-Med ist vollständig integriert in die Debian GNU/Linux (http://www.debian.org) Distribution,

das heißt, alle Arbeit der am Debian-Med Projekt beteiligten fließt unmittelbar in Debian ein und ein kompletter Satz Datenträger eines Debian Releases (zur Zeit aktuell Debian 4.0 Codename "Etch") enthält alle Komponenten von Debian-Med.

Im wesentlichen bedeutet die Integration das erstellen von Debian-Paketen der jeweiligen medizinisch relevanten Freien Software Projekte. Darüber hinaus existieren sogenannte Meta-Pakete. Diese bestehen im wesentlichen nur aus Abhängigkeiten, so daß die Installation eines Meta-Pakets durch die Auflösung der Abhängigkeiten die gleichzeitige Installation aller zum jeweiligen Bereich gehörigen Pakete erzwingt.

6. In Debian-Med integrierte Software

Wie bereits eingangs erläutert wurde, existieren nicht in allen Teilbereichen der Medizin gleich viele Freie Software Projekte. An dieser Stelle sollen nur die Projekte der Molekularbiologie und medizinischen Genetik sowie der medizinischen Bildverarbeitung aufgelistet werden. Einen vollständigen Überblick über alle Teilbereiche gibt die Debian-Med Webseite (http://www.debian.org/devel/debian-med).

6.1. Molekularbiologie und medizinische Genetik

Amap (http://bio.math.berkeley.edu/amap/)

> AMAP ist ein Kommandozeilenwerkzeug, um mehrfache Alignments von peptidischen Sequenzen durchzuführen. Es verwendet *Posterior*-Dekodierung, ein Sequenz-heilendes Alignment anstelle der traditionellen fortschreitenden Alignment-Methoden. Es ist das einzige Alignment-Programm, das erlaubt, den Empfindlichkeit/Genauigkeits-Kompromiß zu kontrollieren. Es basiert auf dem Quellcode von ProbCons, verwendet aber metrische Alignment-Genauigkeit (*alignment metric accuracy*) und beseitigt die Konsistenz-Transformation.

ARB (http://www.arb-home.de/)

> Die ARB-Software ist ein grafisch orientiertes Paket, das aus mehreren Werkzeugen für die Bearbeitung von Sequenz-Datenbanken und Datenanalyse besteht. Eine zentrale Datenbank mit bearbeiteten Sequenzen (erstellte Alignments) sowie jegliche Art von zusätzlichen Daten, die mit den entsprechenden Sequenzen zusammenhängen, kann auf Grund der Phylogenetik oder anderen benutzerdefinierten Kriterien strukturiert werden.

BioPerl (http://www.bioperl.org/)

> Das Bioperl-Projekt ist eine gemeinsame Anstrengung, Berechnungsmethoden zu sammeln, die routinemäßig in der Bioinformatik benutzt werden. Aus dieser Sammlung wird ein Satz von CPAN-artigen, gut dokumentierten und frei verfügbaren Perlmodulen erstellt.

BioPython (http://www.biopython.org/)

Das Biopython-Projekt ist eine internationale Vereinigung von Entwicklern frei verfügbarer Python-Werkzeuge zur Entwicklung von Python-Bibliotheken und -Applikationen, die auf die Anforderungen der aktuellen und zukünftigen Arbeit in der Bioinformatik zugeschnitten sind.

BioSQUID (http://selab.wustl.edu/cgi-bin/selab.pl?mode=software)

BioSQUID ist eine Bibliothek von C Code-Funktionen zu Sequenz-Analyse. Es enthält auch eine Reihe von kleinen Hilfswerkzeugen um Sequenzdateien zu konvertieren, Statistiken anzuzeigen, diese zu manipulieren und andere Funktionen auf sie anzuwenden.

BLAST2 (http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/)

Das berühmte Sequence-Alignments-Programm. Dies ist die *offizielle* NCBI-Version #2. Das *blastall*-Kommando ermöglicht Ihnen, dem Programm eine Nukleotid- oder Proteinsequenz zu übergeben. Diese wird mit Datenbanken verglichen und eine Zusammenfassung der Übereinstimmungen wird dem Benutzer zurückgegeben.

Boxshade (http://www.ch.embnet.org/software/BOX_form.html)

Boxshade liest als Eingabe ein Sequenz-Alignment (z.B. von ClustalW) und gibt Dateien aus, die in Textverarbeitungssoftware übernommen werden können (TeX über xfig, Word und OpenOffice über RTF). Das PostScript-Format wird ebenfalls unterstützt.

ClustalW (ftp://ftp.pasteur.fr/pub/GenSoft/unix/alignment/ClustalW/)

Dieses interaktive Konsolenprogramm ermöglicht das gleichzeitige Alignment von vielen Nukleotid- oder Aminosäuresequenzen. Es erkennt, welches Format benutzt wird und ob die Sequenzen Nukleinsäuren (DNS/RNS) oder Aminosäuren (Eiweiße) sind. Es gibt Alignments in verschiedenen Formaten aus, z.B. im PHYLIP-Format.

Dialign (http://dialign.gobics.de/)

DIALIGN2 ist ein Befehlszeilen-Werkzeug, um mehrere Alignments von Eiweiß- oder DNS-Sequenzen zu berechnen. Es konstruiert Alignments aus Gap-freien Paaren ähnlicher Segmente der Sequenzen. Dieses Punktesystem für Alignments ist der grundlegende Unterschied zwischen DIALIGN und anderen globalen oder lokalen Alignment-Methoden. Beachten Sie, daß DIALIGN keinerlei *Gap-Penalty* anwendet.

e-PCR (http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/sts/epcr.cgi)

Elektronische PCR, die eine DNS-Sequenz auf das Vorhandensein von Sequenz-markierten Sites überprüft. e-PCR sucht nach STSs in DNS-Sequenzen, indem es nach Subsequenzen sucht, die den PCR-Primern gut entsprechen und die richtige Reihenfolge, Orientierung und Abstände aufweisen, so daß sie wahrscheinlich die Amplifikation eines PCR-Produkts mit dem korrekten Molekulargewicht primen (Schuler, Genome Research 7:541-50, 1997).

fastDNAml (http://geta.life.uiuc.edu/%7Egary/programs/fastDNAml.html)

fastDNAml ist abgeleitet von Joseph Felsensteins DNAML Version 3.3 (Teil seines Pakets PHYLIP). Bevor Sie fastDNAml verwenden, sollten Sie die Dokumentation für DNAML heranziehen. fastDNAml ist der Versuch, das gleiche Problem wie DNAML effektiver zu lösen, damit größere Bäume und/oder *bootstrap*-Replikate behandelt werden können. Das geschieht in der

Regel auch recht schnell. Vieles von fastDNAml ist ein Umkodieren des Programms PHYLIP DNAML Version 3.3 von Pascal zu C.

Fastlink (http://www.ncbi.nlm.nih.gov/CBBResearch/Schaffer/fastlink.html)

Fastlink ist sehr viel schneller als das ursprüngliche Linkage, implementiert jedoch nicht alle Programme.

Garlic (http://garlic.mefos.hr/garlic/index.html)

Garlic wurde zur Untersuchung von Membraneiweißen geschrieben. Es kann dazu benutzt werden, andere Eiweiße sowie geometrische Objekte darzustellen. Diese Version von garlic erkennt das PDB-Format in der Version 2.1. Garlic kann auch dazu benutzt werden, Eiweißsequenzen zu analysieren.

Glimmer (http://www.tigr.org/software/glimmer/)

Diese Software wurde vom TIGR-Institut entwickelt und erkennt kodierende Sequenzen in Bakterien und Archaebakterien. Glimmer ist ein System zum Auffinden von Genen in mikrobieller DNS, speziell den Genomen von Bakterien und Archaebakterien. Glimmer Markov-Modelle (IMMs), um kodierende Regionen zu identifizieren und von nicht-kodierender DNS zu unterscheiden.

GROMACS (http://www.gromacs.org/)

GROMACS ist ein vielseitiges Paket zur Darstellung molekularer Dynamik, d.h. die Simulation der Newtonschen Gleichungen für Systeme mit mehreren Hundert bis hin zu Millionen Partikeln. Es ist hauptsächlich für biochemische Moleküle wie Proteine und Lipide entworfen, die viele komplizierte Bindungsinteraktionen besitzen. Da GROMACS aber extrem schnell bei der Berechnung von Interaktionen ist, die nicht durch Bindungen bestimmt werden (die aber üblicherweise in Simulationen vorherrschen), benutzen viele Arbeitsgruppen GROMACS auch für die Forschung an nicht-biologischen Systemen, z.B. Polymeren.

HMMER (http://hmmer.wustl.edu/)

HMMER ist eine Implementation von Profile-Hidden-Markov-Modell-Methoden für empfindliche Durchsuchungen von biologischen Sequenz-Datenbanken unter Verwendung von mehrfachen Sequenz-Alignments als Anfragen. Wird eine mehrfache Sequenz-Alignment als Eingabe übergeben, baut HMMER ein statistisches Modell namens *hidden Markov model* auf, das dann als Anfrage für eine Sequenz-Datenbank verwendet werden kann, um zusätzliche Homologe des Sequenz-Familie zu finden (und/oder zu alignen).

Kalign (http://msa.cgb.ki.se/)

Kalign ist ein Kommandozeilenwerkzeug, um mehrfache Alignments von biologischen Sequenzen durchzuführen. Es wenden den Wu-Manber Zeichenketten-Abgleich-Algorithmus an, um sowohl die Genauigkeit als auch die Geschwindigkeit des Alignment zu verbessern. Es verwendet einen globalen, fortschreitenden Alignment-Ansatz, bereichert durch den Einsatz eines annähernden Zeichenketten-Abgleich-Algorithmus um Sequenz-Abstände zu berechnen und indem lokale Übereinstimmungen in ein ansonsten globales Alignment eingebaut werden. Bei Vergleichen, die durch seine Autoren durchgeführt wurden, war Kalign rund zehn mal schneller als ClustalW und, abhängig von der Größe des Alignments, bis zu 50 mal schneller als beliebte iterative Methoden.

Loki (http://loki.homeunix.net/)

Führt eine *Markov chain Monte Carlo multipoint linkage*-Analyse für große, komplexe Stammbäume durch. Das aktuelle Paket unterstützt nur Analysen von quantitativen Merkmalen, allerdings wird diese Beschränkung in späteren Versionen aufgehoben werden. Die *Joint estimation* der QTL-Nummer, Position und Effekten benutzt *Reversible Jump MCMC*. Es ist auch möglich, eine *affected only IBD sharing*-Analyse durchzuführen.

MOLPHY (http://ftp.cse.sc.edu/bioinformatics/molphy/)

ProtML ist ein Hauptprogramm innerhalb von MOLPHY, um evolutionäre Bäume von PROTein-(Aminosäure-)sequenzen abzuleiten, indem es die Maximum-Likelihood-Methode benutzt. Weitere Programme dieses Paketes sind: NucML (Maximum-Likelihood-Ableitung der Stammbäume von Nukleinsäuren), ProtST (Grundlegende Statistiken von Eiweißsequenzen), NucST (Grundlegende Statistiken von Nukleinsäuresequenzen), NJdist (*Neighbor Joining*-Stammbäume aus der Distance-Matrix) und andere.

Muscle (http://www.drive5.com/muscle/)

MUSCLE ist ein Programm für das Berechnen von mehrfachen Alignments bei Eiweißsequenzen. MUSCLE steht für *multiple sequence comparison by log-expectation*. In den Tests der Autoren erreichte MUSCLE die höchsten Punktzahlen aller getesteten Programme bei mehreren Benchmarks zur Genauigkeit der Alignments. Weiterhin ist es eines der schnellsten Programme, die derzeit existieren.

NJplot (http://pbil.univ-lyon1.fr/software/njplot.html)

NJplot kann beliebige Binärbäume zeichnen, die im phylogenetischen Standard-Baumformat (das Phylip-Paket benutzt z.B. dieses Format) niedergelegt sind. NJplot ist besonders nützlich, um wurzellose Bäume aus parsimony einzupflanzen, sowie für Distanz- und Maximum-Likelihood-Umformungen.

PerlPrimer (http://perlprimer.sourceforge.net/)

PerlPrimer ist eine in Perl geschriebene freie grafische Open-Source-Applikation, die Primer für die Standard-PCR, Bisulphit-PCR, Echtzeit-PCR (QPCR) und Sequenzierung entwirft. Das Ziel ist, den Prozeß des Primerentwurfs zu automatisieren und zu vereinfachen. Es kommuniziert gut mit dem Ensembl-Projekt, falls Sie online sind, um weitere Einsichten in die Gen-Struktur zu ermöglichen.

PHYLIP (http://evolution.genetics.washington.edu/phylip.html)

PHYLIP (*PHYLogeny Inference Package*) ist ein Paket von Programmen für Stammbaumableitungen (Evolutionsbäume) von Sequenzen. Methoden, die in diesem Paket verfügbar sind, beinhalten *parsimony*, *distance matrix* und *likelihood*-Methoden, inklusive *bootstrapping* und Übereinstimmungsbäumen. Datenarten, die benutzt werden können, sind molekulare Sequenzen, Genhäufigkeiten, Restriktionsstellen, Distanzmatrizen und 0/1-diskrete Zeichen.

POA (http://sourceforge.net/projects/poamsa/)

POA ist *Partial Order Alignment*, ein schnelles Programm für mehrfaches Sequenz-Alignment in der Bioinformatik. Seine Vorzüge sind Geschwindigkeit, Skalierbarkeit, Empfindlichkeit und die überragende Fähigkeit, Verzweigung / Indels im Alignment handzuhaben.

Primer3 (http://frodo.wi.mit.edu/primer3/primer3_code.html)

Primer3 wählt Primer für Polymerase-Kettenreaktionen unter Berücksichtigung der Kriterien Schmelztemperatur, Größe und GC-Gehalt der Oligonukleotide sowie Möglichkeiten von Primer-Dimeren; Größe des PCR-Produkts und Beschränkungen der Positionierung innerhalb der Ausgangssequenz. Alle diese Kriterien können vom Benutzer als Bedingungen spezifiziert werden, und einige können als Term in einer Zielfunktion angegeben werden, die ein optimales Primerpaar charakterisiert.

ProbCons (http://probcons.stanford.edu/)

Werkzeug, um mehrfache Alignments von Protein-Sequenzen zu erstellen. Unter Verwendung von einer Kombination von Wahrscheinlichkeits-Modellierung und Konsistenz-basierenden Alignment-Techniken hat PROBCONS heute die höchste Genauigkeit aller Alignmethoden erreicht. In der BAliBASE-Alignment-Benchmark-Datenbank zeigen die von PROBCONS erstellten Alignments statistisch signifikante Verbesserungen gegenüber aktuellen Programmen auf, sie enthalten im Schnitt 7% mehr an korrekt ausgerichteten Spalten als T-Coffee, 11% mehr an korrekt ausgerichteten Spalten als CLUSTAL W und 14% mehr an korrekt ausgerichteten Spalten als DIALIGN.

PyMOL (http://pymol.sourceforge.net/)

PyMOL ist ein molekulares Grafiksystem mit einem eingebetteten Python-Interpreter. Es wurde zur Echtzeit-Visualisierung und schnellen Erzeugung von qualitativ hochwertigen Molekular-Bildern und -Animationen entwickelt und ist vollständig erweiterbar und mittels der Python-Lizenz für jeden frei. Obwohl es auf diesem Gebiet ein Newcomer ist, kann PyMOL bereits benutzt werden, um erstaunliche Bilder und Animationen mit noch nicht dagewesener Leichtigkeit zu erzeugen. Es kann außerdem viele andere wertvolle Aufgaben (wie das Editieren von PDB-Dateien) übernehmen, um Sie bei Ihrer Forschung zu unterstützen.

R/qtl (http://www.biostat.jhsph.edu/%7Ekbroman/qtl/index.html)

R/qtl ist eine erweiterbare, interaktive Umgebung, um quantitative Merkmalsloki (QTLs) in experimentellen Kreuzungen abzubilden. Es ist als Zusatzpaket für die frei verfügbare und weit verbreitete statistische Sprache/Software R (http://www.r-project.org/) implementiert. Der Benutzer profitiert von der nahtlosen Integration der QTL-Abbildungssoftware in ein allgemeines statistisches Analyseprogramm.

Die aktuelle Version von R/qtl enthält Hilfen zum Abschätzen von genetischen Karten, Identifizieren von genotypischen Fehlern und führt Einzel-QTL-Genomscans sowie Zwei-QTL-, zweidimensionale Genomscans mittels Intervallabbildung (mit EM-Algorithmus), Haley-Knott-Regression und vielfacher Unterstellung durch. Dies alles kann in der Gegenwart von Kovarianten (wie Geschlecht, Alter oder Behandlung) durchgeführt werden. Die *fit of higher-order*-QTL-Modelle, mit ausgefeilten Techniken zum Vergleich und der Suche von Modellen, werden bald aufgenommen.

RasMol (http://www.umass.edu/microbio/rasmol/)

RasMol ist ein Grafikprogramm für die Visualisierung von Proteinen, Nukleinsäuren und kleinen Molekülen. Das Programm ist zur Anzeige, Schulung/Lehre und zur Erzeugung von qualitativ

hochwertigen Bildern gedacht. Momentan unterstützte Eingabeformate sind *Brookhaven Protein Databank* (PDB), *Tripos' Alchemy*, *Sybyl Mol2*, *Molecular Design Limited's* (MDL), *Minnesota Supercomputer Center's (MSC) XMol XYZ* und *CHARMm*. Das geladene Molekül kann als Drahtmodell, Zylinderverbindung, *alpha-carbon trace*, leerraumfüllende Kugeln, makromolekulare Bänder (entweder sanft schattierte feste Bänder oder parallele Stränge), Wasserstoffbindung und Punktoberfläche angezeigt werden.

Readseq (ftp://ftp.bio.indiana.edu/molbio/readseq/version1)

Liest und schreibt Zellkern-/Eiweißsequenzen in verschiedenen Formaten. Dateien können mehrere Sequenzen enthalten. Readseq ist besonders nützlich, weil es automatisch viele Sequenzformate erkennt und zwischen ihnen konvertiert.

SeaView (http://pbil.univ-lyon1.fr/software/seaview.html)

Dies ist ein grafischer Editor für den Umgang mit Biosequenzen. SeaView ist in der Lage, verschiedene Alignment-Formate zu lesen (MSF, CLUSTAL, FASTA, PHYLIP, MASE, NEXUS). Es ermöglicht einem, das Alignment manuell zu bearbeiten und außerdem ClustalW auszuführen, um das Alignment örtlich zu verbessern.

SIBsim4 (http://sibsim4.sourceforge.net/)

Das SIB (Swiss Institute of Bioinformatics) sim4-Projekt basiert auf sim4, einem Programm, daß entwickelt wurde, um die Expression einer DNS-Sequenz mit einer genomischen Sequenz zu alignen und dabei Introns zu erlauben. Sim4 wurde von Liliana Florea geschrieben, während sie im Webb Millers Labor in der Pennsylvania State University arbeitete. SIBsim4 ist eine recht umfangreiche Neuerstellung des ursprünglichen Codes mit den folgenden Zielen: Geschwindigkeitsverbesserung; Einsetzbarkeit auf auf großen (Größenordnung von Chromosomen) DNS-Sequenzen; detailliertere Ausgabe über Spleiß-Typen; detailliertere Ausgabe über Poly(A)-Schwänze.

Sigma (http://www.imsc.res.in/%7Ersidd/sigma/)

Sigma (*Simple greedy multiple alignment*) ist ein Alignment-Programm mit einem neuen Algorithmus und Beurteilungsschema, daß speziell für nichtkodierende DNS-Sequenzen entwickelt wurde. Sigma verwendet eine Strategie des Suchens nach dem bestmöglichen Gap-freien lokalen Alignment (eine Strategie, die früher von DiAlign verwendet wurde), bei der in jedem Schritt das best-mögliche Alignment erstellt wird, daß mit existierenden Alignments konsistent ist, und beurteilt die Signifikanz des Alignments basierend auf der Länge des alignt Fragments und des Hintergrundmodells, das bereitgestellt oder aus einer externen Datei von intergenetischer DNS geschätzt werden kann.

T-Coffee (http://igs-server.cnrs-mrs.fr/%7Ecnotred/Projects_home_page/t_coffee_home_page.html)

T-Coffee ist ein Programm für das Alignment mehrerer Sequenzen. Aus einem vorgegebenen Satz von Sequenzen (Proteine oder DNS) erzeugt T-Coffee Alignments. Version 2.00 und größer kann Sequenzen und Strukturen mischen.

TeXtopo (http://homepages.uni-tuebingen.de/beitz/textopo.html)

TeXtopo ist ein LaTeX2e Makropaket, das zwei neue TeX-Umgebungen bereitstellt: Die *textopo*-Umgebung wird zur Darstellung von Membranprotein-Topologiedaten aus PHD-Berechnungen, SwissProt-Datenbankeinträgen oder manuell eingegebenen Sequenz- und

Topologiedaten verwendet Die *helical wheel*-Umgebung zeichnet transmembranäre Domänen als Aufblick auf die Zellmembran entweder vom Extra- oder vom Intrazellulärraum aus gesehen.

TREE-PUZZLE (http://www.tree-puzzle.de/)

TREE-PUZZLE (früher PUZZLE) ist ein interaktives textorientiertes Programm, das einen schnellen Tree-Search-Algorithmus, so genanntes *Quartet Puzzling*, implementiert. Es erlaubt die Analyse großer Datenmengen und trifft automatisch Entscheidungen für die Anordnung der jeweiligen Verzweigungen. Weiterhin berechnet TREE-PUZZLE mittels der paarweisen Maximum-Likelihood-Methode Abstände sowie Längen von Verzweigungen für vom Nutzer definierte Cluster. Die Längen der Verzweigungen können auch unter der *Clock-Assumption* berechnet werden. Außerdem bietet TREE-PUZZLE eine neue Methode, das *Likelihood Mapping*, um die Anordnung einer hypothetischen internen Verzweigung zu untersuchen ohne den gesamten Cluster zu berechnen, und um den phylogenetischen Zusammenhang eines Sequenz-Alignments anzuzeigen.

Treetool (http://www.hgmp.mrc.ac.uk/Registered/Option/treetool.html)

Treetool ist ein interaktives Werkzeug für die Darstellung, Bearbeitung und den Ausdruck von Stammbäumen. Der Baum wird in verschiedenen Formaten grafisch auf dem Bildschirm angezeigt und der Benutzer ist in der Lage, das Format, die Struktur oder die Merkmale des Baumes zu ändern. Bäume können angesehen, verglichen oder für den Ausdruck formatiert werden. Sie können von kleineren Bäumen erstellt werden usw.

TreeView X (http://darwin.zoology.gla.ac.uk/%7Erpage/treeviewx/)

TreeView X ist ein Programm zur Anzeige von Stammbäumen auf Linux- und Unix-Plattformen. Es kann Baumdateien im NEXUS- und Newick-Format lesen und anzeigen (so wie die, die von PAUP*, ClustalX, TREE-PUZZLE und anderen Programmen ausgegeben werden).

6.2. Medizinische Bildverarbeitung

CTN (http://www.erl.wustl.edu/DICOM/ctn.html)

Die *Central Test Node*-Software (CTN) ist eine DICOM-Implementation, die für die Jahresversammlung der RSNA (*Radiological Society of North America*, Nordamerikanische Gesellschaft für Radiologie) entwickelt wurde, um kooperative Demonstrationen von Herstellern bildgebender Geräte zu fördern. Das Ziel war, eine zentralisierte Implementation zur Verfügung zu stellen, die die Teilnahme der Hersteller auf der Basis des sich entwickelnden DICOM-Standards vereinfachte.

CTSim (http://www.ctsim.org/)

CTSim enthält einen interaktiven Simulator für berechnete Tomografie. Berechnete Tomografie ist die Technik, das Innere eines Objektes durch Messung der Röntgenstrahlung-Absorption durch das Objekt zu schätzen. Es enthält sowohl Kommandozeilenwerkzeuge als auch eine grafische Benutzeroberfläche. CTSim besitzt sehr lehrreiche Modi zum Betrachten der Datensammel-Simulation als auch für die Rekonstruktion.

DCMTK - DICOM-Toolkit (http://dicom.offis.de/dcmtk.php.de)

DCMTK ist eine Sammlung von Bibliotheken und Anwendungen, die zusammen große Teile des DICOM-Standards für medizinische Bildkommunikation implementieren. DCMTK enthält Anwendungen zum Untersuchen, Erzeugen und Konvertieren von DICOM-Bilddateien, zum Bearbeiten von Speichermedien, zum Versenden und Empfangen von DICOM-Bildern in einem Netzwerk sowie Speicherung von Demonstrationsbildern und Arbeitslisten-Servern. DCMTK ist in einem Gemisch aus ANSI C und C++ implementiert.

Niftilib (http://niftilib.sourceforge.net/)

Niftilib ist ein Satz an I/O-Bibliotheken zum Lesen und Schreiben von Dateien im NIfTI-1 Datenformat. NIfTI-1 ist ein binäres Dateiformat zum Speichern von medizinischen Bilddaten, z.B. Kernspinresonanztomogrammen (MRI - magnetic resonance image) und funktionalen Kernspinresonanztomogrammen (fMRI) des Gehirns.

(X)MedCon (http://xmedcon.sourceforge.net/)

Der Projektname steht für *Medical Image Conversion* (Umwandlung medizinischer Bilder). Es stellt ein flexibles Kommandozeilen-Werkzeug (für Stapel-Umwandlungen) und eine hübsche grafische Oberfläche mittels der Gtk+-Bibliothek zur Verfügung. Unterstützte Formate sind: Acr/Nema 2.0, Analyze (SPM), Concorde, DICOM 3.0 (inkl. Siemens *mosaic*-Format), Ecat/Matrix 6.4, InterFile3.3, Gif87a/89a und binäre Daten. Die Bibliothek (libmdc) kann von anderen Programmen (siehe z.B. AMIDE) zum Import und Export dieser Formate verwendet und für neue Formate erweitert werden.

7. Ziele von Debian-Med

7.1. Integration

Durch die Paketierung einer Software und damit die Verteilung dieser Software mit der Debian GNU/Linux Distribution erfährt diese Software eine gewisse Popularität innerhalb der sehr großen weltweiten Debian-Nutzer Community. Auf diese Weise ist es möglich, daß interessierte Anwender und Entwickler die Software ohne großen Aufwand testen und kennenlernen können. Auf diese Weise könnte Debian-Med befruchtend für die Bildung einer Community wirken. Um dieses zu fördern werden auch gezielt Entwickler von Software angesprochen, ob sie gemeinsam an einem vereinten Projekt arbeiten möchten, das dann in Debian verteilt werden kann. Leider ist es nämlich insbesondere bei Software für die Patientenverwaltung so, daß es hier viele kleine mehr oder weniger erfolgreiche Projekte gibt, die vollkommen unterschiedliche Konzepte verfolgen und mit unterschiedlichen Techniken arbeiten. Daher ist Debian-Med bestrebt, eine Zusammenarbeit der Entwickler zu fördern.

Dabei kann auch Konkurrenz im Open Source Bereich durchaus fruchtbar sein und große Projekte wie Gnome und KDE profitieren durchaus durch gegenseitige Befruchtung. Der Unterschied zwischen Speziallösungen wie Praxisverwaltungssoftware und großen Desktop-Projekten ist die um

Größenordnungen größere Entwickler und Nutzerbasis, die die Entwicklung auf eine qualitativ andere Stufe stellt. Daher gelten für Speziallösungen hier nicht die gleichen Regeln.

An dieser Stelle sei ausdrücklich darauf hingewiesen, daß Debian-Med nicht die Absicht hat, die entstandene Vielfalt zu unterdrücken. Es ist jedoch so, daß die Zeit der Debian Entwickler begrenzt ist und das Hauptaugenmerk zunächst auf denjenigen DFSG-kompatiblen Projekten liegt, die von einem Debian-Entwickler nach einer Analyse als so erfolgversprechend eingeschätzt wird, daß er in dieses Projekt seine Freizeit investiert. Das ist der Grund, warum versucht wird, die Entwickler freier Software auf die Möglichkeit der Kooperation hinzuweisen und sich auf die Aufgaben zu konzentrieren, von der alle Beteiligten profitieren würden. Darüber hinaus werden natürlich jederzeit diejenigen Entwickler unterstützt, die selbst Debian Pakete ihrer medizinischen Software erstellen, wenn ein offizieller Debian-Entwickler keine Zeit für diese Arbeit findet. Wie das genau funktioniert ist auf den Debian Webseiten (http://www.debian.org/devel/join/newmaint) unter dem Begriff "Sponsor" erklärt.

7.2. Debian Qualitäts-Standards sichern

Durch die Integration in Debian erkennt der Maintainer oft Probleme der Upstream Software (upstream im Debian-Jargon = Software, in der Form, wie sie von den eigentlichen Entwicklern zur Verfügung gestellt wird) z.B. hinsichtlich der Konformität zur Linux Standard Base (LSB) oder der Portierbarkeit auf andere Rechnerarchitekturen. In diesen Fragen kann der Debian Maintainer den Autoren der Software hin und wieder wertvolle Verbesserungshinweise geben.

Es kommt teilweise auch vor, daß die Lizenz eines Projektes nicht im Sinne von Debian frei (DFSG-frei) ist. Ein Beispiel für eine DFSG-inkompatible Lizenz ist zum Beispiel die des Programms phylip (http://evolution.genetics.washington.edu/phylip.html):

```
version 3.56c. (c) Copyright 1993 by Joseph Felsenstein.
Written by Joseph Felsenstein, Akiko Fuseki, Sean Lamont, and Andrew Keeffe.
Permission is granted to copy and use this program provided no fee is
charged for it and provided that this copyright notice is not removed.
```

Die Motivation des Autors ist durchaus verständlich, doch für Debian ist es unmöglich, dieses Programm auf eine offizielle Distributions-CD aufzunehmen. Normalerweise verkaufen Händler die gesamte Debian GNU/Linux Distribution für einen Betrag, der nur geringfügig über den Produktionskosten liegt. In diesem Fall ist es einfach unmöglich, den oben genannten Lizenzbedingungen zu genügen. Diese Tatsache ist auch nachteilig für die betroffene Software, da sie so nicht auf einfache Weise als Teil von Debian vertrieben werden kann und somit nicht den Verbreitungsgrad und die Nutzerbasis finden kann, die für die Entwicklung freier Software wesentlich ist.

7.3. Unterstützung von Entwicklern

Es gibt einige Anwendungsbereiche im Gesundheitswesens, in denen Freie Software Lösungen vollständig fehlen. Debian-Med entwickelt selbst keine Software doch Entwickler, die versuchen die

oben genannten offenen Probleme anzugehen, werden nach besten Kräften unterstützt, indem Ihre Software mit Debian verteilt wird.

7.4. Aufzeigen der Vorteile Freier Software für Programmierer

In manchen Bereichen des Gesundheitswesens wie der medizinischen Bildverarbeitung oder der Steuerung medizinischer Geräte treten spezielle Probleme mit proprietärer Software auf, z.B. patentierte Algorithmen und medizinische Geräte ohne Dokumentation für Programmierer.

Verschiedene proprietäre Bildformate von medizinischen Geräten verhindern die Entwicklung von Alternativen freien Programmen. Lizenz- und Patentprobleme bilden eine weitere Hürde.

Es gibt Fälle, in denen Anwender versuchten selbst freie Programme zu entwickeln, um ihre medizinischen Geräte zu Steuern, weil sie der mitgelieferten proprietären Software die mit dem Gerät geliefert wurde nicht vertrauten. Auf diese Weise entstand ein freier Ersatz für die proprietären Software, die z.B. Nachteile bezüglich Sicherheit oder Bedienung aufwies.

Debian-Med versucht diese Bemühungen zu unterstützen und auch den Softwarefirmen auseinanderzusetzen, daß Freie Software hier durchaus vorteilhaft sein kann.

7.5. Forderung nach soliden Installationsmechanismen

Hin und wieder ist das Erstellen von Debian-Paketen von medizinischer Software eine komplexe Aufgabe. Es existieren einige äußerst mächtige Anwendungen wie beispielsweise DHCP/VISTA (http://www.hardhats.org/). Dieses Programmpaket benötigt eine derart komplizierte Installationsprozedur, daß nur Spezialisten in der Lage sind, eine Produktionssystem aufzusetzen. Im allgemeinen wird auch Debian-Med es nicht erreichen, daß die Installation kinderleicht wird. Jedoch wäre eine Vereinfachung der Installation auch für die Dienstleister, die den Service für solche Systeme verkaufen eine willkommene Erleichterung, die ihnen Zeit sparen könnte.

7.6. Dokumentationen und Übersetzungen

Gute Dokumentation ist eine Art "traditionelle" Schwäche Freier Software. Der Grund für diese Tatsache ist, daß die Programmierer, die für die Erstellung der Freien Software ihre Freizeit opfern, eine geringe Motivation zum schreiben guter Dokumentation haben, da sie mehr an der eigentlichen Entwicklung interessiert sind. Wirklich gute Dokumentation stellt auch mehr Ansprüche an die Fähigkeit, gute Texte zu schreiben als guten Code zu schreiben. Hier tut sich eine gute Möglichkeit für engagierte Anwender auf, einen Beitrag für freie medizinische Software zu leisten, ohne über hohe technische Fähigkeiten zu verfügen.

Beispiele für Dokumentationen zu Freier Software für die Medizin, die bereits für Debian gepackt ist, sind:

The Medicine HOWTO (http://www.tldp.org/HOWTO/Medicine-HOWTO/)

ist Teil des Linux Documentation Project (LDP) (http://www.tldp.org/). Es beschreibt die existierende freie medizinische Software und bietet einen guten Überblick über dieses Thema. Sehr wünschenswert wären Übersetzungen dieses Dokuments.

Resmedicinae Analysis Document (http://resmedicinae.sourceforge.net/model/analysis/)

ist eine Analyse existierender Programme, die für das Gesundheitswesen nützlich sein könnten. Der interessanteste Teil dieses Dokumentes ist jedoch die detaillierte Spezifikation von Anforderungen, die an Praxisverwaltungssoftware zu stellen sind. Damit wird dieses Dokument zu einer wertvollen Ressource für alle Programmierer solcher Software. Leider existiert nur eine rudimentäre Englische Übersetzung. Es sollte unbedingt vollständig ins Englische übersetzt werden. Weiterhin werden ähnliche Dokumente für andere Bereiche des Gesundheitswesens benötigt.

7.7. Schema

Dieses Schema faßt die wesentlichen Elemente des Debian-Med Projektes zusammen: Das Erstellen von Paketen vorhandener Freier Software aus allen Bereichen der Medizin mit dem Anspruch einer optimalen Integration in Debian unter Berücksichtigung der oben genannten Ziele. Das soll alles vollständig innerhalb der Debian GNU/Linux (http://www.debian.org) Distribution geschehen.

8. Warum Debian als Integrationsplattform?

1. Die Debian GNU/Linux (http://www.debian.org) Distribution legt das Hauptaugenmerk auf Sicherheit und Stabilität, was eine selbstverständliche Voraussetzung für medizinische Aufgaben ist.
2. Die mächtigen Paketverwaltungswerkzeuge erlauben ausgeklügelte Kombinationen aus "hängt ab von" -- "widerspricht" -- "ersetzt" Beziehungen, die es ermöglichen, daß alle Komponenten fehlerfrei Zusammenarbeiten.
3. Debian hat eine strenge Qualitätskontrolle über alle Pakete. Ein Kernpunkt dieser Qualitätskontrolle ist das Bug Tracking System (http://bugs.debian.org), welches jedem zur Verfügung steht, um neue Fehler zu berichten oder sich über bekannte Fehler zu informieren.
4. Debian ist sehr sorgfältig getestet. Jedes Paket hat eine "Einstiegshürde" zu nehmen, die sogenannte *unstable* Distribution. Sollte ein Paket während dieser Phase keine wesentlichen Fehler zeigen, geht es über in die *testing* Distribution. Diese Distribution ist der Kandidat für die zukünftige *stable* Distribution, die erst dann freigegeben wird, wenn alle Fehler, die als kritisch eingeschätzt werden, behoben sind. Dieser sorgfältige Testprozeß ist der Grund, warum Debian eine deutlich längere Zeit

von einer stabilen Version zur nächsten benötigt, als andere Distributionen. Hinsichtlich der Stabilität ist jedoch genau das ein Vorteil.

5. Jedes Paket hat strengen Regeln, der sogenannten "Policy" zu genügen. Der Vorteil dieses Regelwerks ist, daß damit garantiert wird, daß die verschiedenen Pakete sauber zusammenarbeiten.
6. Unterstützung von 12 Hardware Architekturen (http://www.debian.org/ports/) (Automatische Übersetzer für: alpha (http://www.debian.org/ports/alpha/), amd64 (http://www.debian.org/ports/amd64/), arm (http://www.debian.org/ports/arm/), hppa (http://www.debian.org/ports/hppa/), i386 (http://www.debian.org/ports/i386/), ia64 (http://www.debian.org/ports/ia64/), m68k (http://www.debian.org/ports/m68k/), mips (http://www.debian.org/ports/mips/), mipsel (http://www.debian.org/ports/mips/), powerpc (http://www.debian.org/ports/powerpc/), s390 (http://www.debian.org/ports/s390/), sparc (http://www.debian.org/ports/sparc/))
7. Debian wird von mehr als 1000 Freiwilligen entwickelt. Das heißt, daß jeder Debian-Entwickler frei entscheiden kann, welche Programme er betreut. Da die Entwickler hauptberuflich oft mit sehr unterschiedlichen Dingen beschäftigt sind, zeigen sie auch an unterschiedlichen Programmen Interesse, die sie für ihre tägliche Arbeit benötigen. Das ist ein wesentlicher Grund, warum Debian so viele verschiedene Spezialgebiete mit Software abdecken kann -- Debian-Entwickler wollen einfach ihre eigenen speziellen Probleme lösen. Diese Breite an Anwendungsgebieten ist ein Unterschied zu kommerziellen Linux-Distributionen, die aus wirtschaftlichen Gründen nur Hauptanwendungsgebiete abdecken können.
8. Da Debian-Entwickler unabhängig von Strategieentscheidungen der Marketingabteilung eines kommerziellen Distributors sind - Debian ist ja eine von kommerziellen Interessen freie Distribution - haben sie die Möglichkeit, Nischen zu besetzten, die bei kommerziellen Distributionen nicht mit abgedeckt werden. Insofern wird medizinische Freie Software von kommerziellen Distributoren im Moment noch nicht unterstützt, da es dafür noch keinen größeren Markt gibt. Da es jedoch Debian-Entwickler gibt, die Interesse auf diesem Fachgebiet haben, können sie innerhalb Debians auf die Unterstützung der Medizin Einfluß nehmen. Ein Debian-Entwickler muß die Realisierung einfach nur *in Angriff nehmen* wenn er die Realisierung einer bestimmten Eigenschaft wünscht. Dieses Vorgehen wird auch mit dem Begriff "DoOcracy (http://www.communitywiki.org/en/DoOcracy)" bezeichnet.

9. Wie funktioniert Debian-Med?

9.1. Meta-Pakete

Meta-Pakete sind Debian-Pakete, die praktisch nichts weiter enthalten als Abhängigkeiten von anderen Debian-Paketen. Auf diese Weise erfordert die Installation eines Meta-Pakets, das von einer Sammlung von medizinischer Software für ein konkretes Aufgabengebiet abhängt, daß all diese Software auf dem Zielcomputer installiert ist. Diese Abhängigkeiten werden durch das Debian-Paketsystem aufgelöst und damit zieht die Installation eines Meta-Pakets die Installation aller Abhängigkeiten nach sich.

Für den Anwender heißt das, daß sich eine Recherche nach verfügbarer Software für sein Spezialgebiet erübrigt. Er muß lediglich das entsprechende Meta-Paket installieren und alles übrige wird vom Paketverwaltungssystem erledigt. Auf diese Weise ist der Anwender nicht gezwungen, die vollständige Paketliste (von mehr als 18000 Paketen) nach den Anwendungen zu durchsuchen, die er für seine tägliche Arbeit wirklich benötigt. Die gesamte Paketliste wäre ansonsten für den normalen Nutzer bestenfalls abschreckend.

Die einfache Technik, alle Debian-Pakete, die zu einem speziellen Aufgabenbereich gehören, in einem Schritt zu installieren, ermöglicht einen einfachen Vergleich zwischen Programmen, mit denen mehr oder weniger die selbe Aufgabe gelöst werden kann. Das erlaubt dem Anwender leicht herauszufinden, welches Programm am besten für ihn geeignet ist.

Meta-Pakete haben einen weiteren Vorteil: Sie sichern das System gegen versehentliches Löschen von Paketen, die für eine bestimmte Aufgabe notwendig sind.

Meta-Pakete sind also eine nützliche Technik für eine einfache Installation eines zuverlässigen spezialisierten System bei minimalem Aufwand für die Administration. Die Technik der Meta-Pakete und wie sie optimal genutzt werden ist detailliert in einem Paper über Custom Debian Distributions (http://people.debian.org/~tille/cdd/) von Andreas Tille (mailto:tille@debian.org) beschrieben.

9.2. Angepaßte Konfiguration innerhalb von Meta-Paketen

Meta-Pakete können speziell angepaßte Konfigurationen für bestimmte Pakete enthalten, um diese für ein optimales Arbeiten für den beabsichtigten Zweck einzurichten. Auf diese Weise ist es möglich für spezielle Bedürfnisse von Debian-Med Nutzern Sorge zu tragen.

9.3. Dokumentations-Pakete

Es wurde bereits erläutert, daß Dokumentation ein wichtiges Ziel von Debian-Med ist. Daher ist das Erstellen von Paketen, die nur Dokumentation enthalten, sowie das schreiben von Dokumentation ein wichtiger Bestandteil des Debian-Med Projekts.

Hinsichtlich der Übersetzung von Dokumenten könnte es sinnvoll sein, die Technologie des Debian Description Translation Projekts (http://ddtp.debian.org) einzusetzen.

9.4. Rolle: Debian-Med Nutzer

In der Regel sind deutlich mehr Anwendungen auf einem Computer verfügbar, als die Nutzer üblicherweise für ihre tägliche Arbeit benötigen. Andererseits sollten nicht immer alle Programme für jeden Nutzer leicht zugänglich sein. Aus diesen Feststellungen resultiert die Einführung eines Rollenkonzeptes.

Debian-Med definiert die Gruppe *med*, die durch den Administrator mit Hilfe von *debconf* verwaltet werden kann. Bei der Installation des Pakets *med-common*, von dem alle Debian-Med Pakete abhängen, definiert der Systemadminstrator eine Gruppe von "Medizin-Nutzern". Diesen Nutzern wird ein zusätzliches Menü "*Med*" präsentiert, das alle medizinischen Anwendungen, die auf dem System installiert sind enthält. Das erleichtert den Nutzern die Konzentration auf das wesentliche -- ihre tägliche Arbeit.

Darüber hinaus können Nutzer der Rolle *med* zusätzlicher Konfiguration ausgestattet werden, die die verwendeten Anwendungen für eine optimale Funktion vorbereitet.

Andere Nutzer, die nicht die Rolle *med* inne haben, kommen nicht mit diesem zusätzlichen Menü in Berührung.

9.5. Was ist Debian-Med nicht?

Debian-Med entwickelt keine medizinische Software. Eine oft gestellte Frage ist, ob Debian-Med eine Software für bestimmte Probleme entwickeln kann. Das ist ausdrücklich nicht das Ziel des Projektes, da dafür keine Ressourcen zur Verfügung stehen. Es wird lediglich für die problemlose Integration der freien medizinischen Software, die durch Dritte entwickelt wird, gesorgt.

Es wird dafür Sorge getragen, daß die für das Gesundheitswesen interessante Software innerhalb von Debian optimal funktioniert und von Dritten erstellte Software sauber integriert wird. Diese Autoren von medizinischer Software sind in der Regel froh, daß ihre Software durch die bekannte Debian GNU/Linux Distribution unterstützt wird, um den Bekanntheitsgrad der Software zu erhöhen und sicher zu gehen, daß sie reibungslos mit anderen Komponenten zusammenarbeitet.

10. Probleme bei der Realisierung

10.1. Zertifizierung

Krankenversicherungen fordern vom Arzt eine korrekte Übertragung von Daten gemäß den Gesetzten des jeweiligen Landes. Falls fehlerhafte Daten übermittelt werden, wird zunächst der Arzt dafür haftbar gemacht. Daher ist eine genaue Abrechnung ein entscheidende Anforderung an ein Praxismanagementsystem. Nur Software, die hinsichtlich dieses Kriteriums zertifiziert ist, kann am Markt bestehen. Das gilt sowohl für Freie als auch proprietäre Software. Nach Aussage des Bundesministeriums für Gesundheit (BMG) ist eine Zertifizierung von Freier Software durch die KBV nicht grundsätzlich ausgeschlossen. Es gibt bereits einen Präzedenzfall für eine technische Lösung dieses Problems: ISDN-Karten dürfen nur mit Zertifizierung durch das Bundesamt für Zulassungen in der Telefonkommunikation (BZT) betrieben werden. Eine Kartenzulassung erfolgt jedoch nur im Verbund mit der mitgelieferten Software, das heißt, die Kernel-internen Treiber müssen auch zertifiziert werden. Technisch ist das derart realisiert, daß der Quellcode durch eine Prüfsumme geschützt wird. Anhand

dieser Prüfsumme kann getestet werden, ob der Code unverändert ist und damit mit dem zertifizierten Code übereinstimmt.

10.2. Änderung gesetzlicher Vorgaben

In der Praxis kommt es nicht selten vor, daß gesetzliche Vorgaben an Praxisverwaltungsprogramme geändert werden, die eine sehr kurzfristige Anpassung der Software erfordern. Die Ärzte sind zwingend auf eine rechtzeitige Aktualisierung der Software angewiesen. Es bestehen oft Zweifel, ob Freie Software dieser Anforderung genügen kann, denn es besteht in der Regel die Ansicht, daß Freie Software vor allem durch nicht ernst zu nehmende Besessene entwickelt wird, die fern ab vom Tageslicht auf ihrer Tastatur herumhacken. Doch dieses Vorurteil ist so nicht mehr haltbar.

Im echten Betrieb eingesetzte Praxisverwaltungssoftware erfordert definitiv eine kommerziellen Dienstleistung. Die Nutzer müssen die Ansicht korrigieren, daß Freie Software wie Freibier funktioniert, daß man so wie es spendiert wird konsumieren kann. Die Tatsache, daß der Quellcode kostenlos zur Verfügung steht und der Anwender die Möglichkeit hat, diesen frei zu verwenden, impliziert nicht, daß der Entwickler der Software damit auch die Pflicht hat, dem Anwender bei allen seinen Problemen zu helfen. Für diese Hilfe müssen kommerzielle Dienstleister bereitstehen, die für ihre Leistung bezahlt werden müssen. In dieser Hinsicht unterscheidet sich Freie Software in keiner Weise von proprietärer, denn in jedem Fall muß für die Dienstleistung ein erheblicher Betrag bezahlt werden. Bei Freier Software entfallen lediglich die Anschaffungskosten für eine Lizenz. Darüber hinaus sind Analysten der Ansicht, daß die freie Verfügbarkeit des Quellcodes den Dienstleistern die Arbeit erleichtert, Zukunftssicherheit durch Unabhängigkeit vom Hersteller bietet und daher auf lange Sicht gesehen billiger ist als proprietäre Software. An diesem Beispiel soll generell klar gemacht werden, daß Freie Software nicht mit einer kostenlosen Nutzung gleichzusetzen ist. Natürlich können in größeren Institutionen wie Krankenhäuser auch Spezialisten eingestellt werden, die einen externen Dienstleister ersetzen, doch auch diese eigenen Spezialisten müssen bezahlt werden.

Die kommerzielle Dienstleistung erfordert das Spezialwissen von Medizin-Informatikern, die sowohl Kenntnisse in der Softwareentwicklung als auch in der Medizin besitzen. Ein Geschäftsmodell auf der Basis von Freier Software läßt sich für diese Spezialisten folgendermaßen skizzieren:

- Die Software selbst wird kostenlos zur Verfügung gestellt.
- Einnahmen werden erzielt durch Leistungen wie:

  Beratung

  : über sinnvolle Einsatzmöglichkeiten von Freier Software oder bei der Auswahl aus verschiedenen ähnlichen freien Softwareprojekten, was eine detaillierte Kenntnis des Freien Software Marktes voraussetzt. Hier beabsichtigt Debian-Med einen guten Überblick über vorhandene Lösungen zu verschaffen.

  Installation

  : der Software vor Ort. Idealerweise sollten die einzusetzenden Programme alle in Debian enthalten sein und damit die Installation reibungslos von statten gehen.

Dienstleistung

in Form von Anpassung der Software an spezielle Bedürfnisse nimmt die Firma eigenständig vor. Es ist jedoch im Interesse des Dienstleisters, wenn diese Anpassungen wieder an die Autoren des Programms weitergeleitet werden, um sie auch in zukünftigen Versionen der Software zur Verfügung zu haben. Hier kann das Bug Tracking System von Debian als technische Instanz zur Übermittlung von Änderungen (Patches) dienen.

Aktualisierung

der installierten Software bei Sicherheitsproblemen oder neuen Versionen. Hier liegt eine große Stärke von Debian, denn Aufgaben dieser Art werden technisch äußerst elegant gelöst. Debian-Med ist damit in der Hand eines Dienstleisters eine große Hilfe.

11. Zukunft

Obwohl in die Bereiche Mikrobiologie und Genetik schon sehr gut abgedeckt werden, gibt es noch sehr interessante Freie Software auf diesem Gebiet, die in Debian zu integrieren ist. Es darf davon ausgegangen werden, daß dieses Ziel bis zum nächsten Release von Debian (Codename Lenny) erreicht wird.

Hinsichtlich der Praxisverwaltung und der medizinischen Forschung (z.B. NetEpi (http://www.netepi.org/)) zeichnen sich auch Kandidaten ab, die bis zum nächsten Debian Release integriert sein könnten.

Weiterhin werden auch die Techniken der Custom Debian Distributions erweitert und verbessert werden, was Debian-Med als eine dieser CDDs auch zu Gute kommt.

Schließlich ist das Interesse der Entwickler von Freier Software für die Medizin gestiegen. Sie erhoffen sich von Debian-Med eine größere Popularität für ihr Projekt - andererseits lebt Debian-Med von der Arbeit der Entwickler. Hier ist eine Art Symbiose zu verzeichnen. Auf der anderen Seite wächst auch das Interesse potentieller Nutzer an Debian-Med, die das Projekt teilweise auch mit Zuarbeiten unterstützen wollen. Debian-Med wird seine Rolle als Bindeglied zwischen Entwickler und Nutzer weiter ausbauen.