

12. April 2017

Bioinformatik: Krebstherapien besser planen

Die Behandlung von Lungenkrebspatienten schneller, exakter und effizienter planen: Darauf zielt ein neuer Ansatz ab, der am Lehrstuhl für Bioinformatik der Uni Würzburg entwickelt wird. "Das nicht-kleinzellige Lungenkarzinom existiert in verschiedenen Unterarten", erläutert der Würzburger Bioinformatiker Meik Kunz. In seiner Doktorarbeit hat er sich mit der Frage beschäftigt, inwieweit es mit Hilfe des Computers möglich ist, Lungenkrebspatienten besser zu behandeln.

Auf der Basis von Labordaten gelang es dem jungen Wissenschaftler, das Verhalten von Lungentumoren am Computer abzubilden. Was eine äußerst komplizierte Angelegenheit ist: Hunderte biologische Moleküle haben Einfluss darauf, wie sich ein Tumor verhält, und an jeder Stelle ihrer Aktivität kann es theoretisch zu Fehlregulierungen kommen – mit dem Ergebnis, dass dauerhaft ein falsches Signal weitergeleitet wird und zu einem unkontrollierten Zellwachstum führt.

Mit Hilfe des Computers lässt sich laut Kunz herausfinden, an welcher Stelle in einem komplexen Tumor Fehlinformationen weitergeleitet werden. Das wiederum sei die Voraussetzung dafür, eine passende Therapie zu finden, die das weitere Wachsen des Tumors stoppt.

Daten aus der Krebsforschung als Basis

Für seine Modellierungen fütterte Kunz den Computer mit vielen tausend Daten aus der Krebsforschung. Besonders wichtig für seine bioinformatische Signalweg-Analyse waren Daten aus Experimenten mit einem Tumormodell, das am Lehrstuhl für Tissue Engineering des Würzburger Universitätsklinikums entwickelt wurde. Kunz erfuhr dadurch, welche Gene bei den drei Tumorarten nicht richtig reguliert waren. Am Computer konnte er die konkrete Signalwirkung abbilden und zeigen, „wie die einzelnen Komponenten zusammenhängen.“

Das zu wissen ist wichtig, um am Rechner Erkenntnisse darüber zu gewinnen, wie eine medikamentöse Behandlung im konkreten Fall ansprechen wird. Aus seinen Computermodellen erkannte Meik Kunz, welcher „Patient“ von welchem Therapieansatz profitieren und wo es zu Resistenzen gegen die Behandlung kommen würde. Weiter war es ihm möglich, exakt darzustellen, wie die Therapie nach Beginn der Medikamentengabe verläuft.

Akribische Vorgehensweise nötig

Das klingt simpel. Doch wenn man Tumorzellen untersucht, muss man laut Kunz höchst akribisch vorgehen. „Bin ich beispielsweise beim Zusammenstellen der Komponenten unvorsichtig und übersehe einen wichtigen Partner, werden alle weiteren Ergebnisse und folglich Therapieansätze falsch“, erklärt er. Bioinformatik heiße nun einmal nicht, lediglich auf einen Knopf zu drücken. Der Versuch, die Fehlregulierungen einer bestimmten Zelle zu analysieren, sei „harte Arbeit“.

Der innovative Analyseansatz des jungen Bioinformatikers helfe an der Schnittstelle zwischen Labor und Klinik, erläutert Doktorvater Professor Thomas Dandekar, Inhaber des Lehrstuhls für Bioinformatik an der Universität Würzburg. Dass die experimentell gewonnenen Laborergebnisse in ein Computermodell mündeten, mit dem sich neue Therapieansätze überprüfen lassen, erspare Tierversuche. Und es beschleunige den Transfer in die Klinik,

da es am Computer viel schneller möglich sei als per Hand, Daten zu gewinnen und auszuwerten.

Anwendbar auch für andere Gebiete

Was Meik Kunz entwickelt hat, soll in Zukunft nicht nur Lungenkrebspatienten zu Gute kommen. Die weitere Forschungsarbeit des promovierten Biologen könnte auch anderen Patienten helfen. „Ich habe das Potenzial meines Ansatzes auch für Herz-Kreislauf-Erkrankungen untersucht“, erklärt er. Und sogar im Pflanzenschutz wäre eine Anwendung denkbar: „Mit meinen Analysen kann ich auch abbilden, wie Krankheitserreger die Netzwerke der pflanzlichen Immunabwehr beeinflussen.“

Quelle: Julius-Maximilians-Universität Würzburg