

Statistik mit Pfiff: Datenanalyse fördert Krebsgene zutage

Forschende der Universität Basel haben eine Analysemethode entwickelt, um Gene aufzuspüren, die an der Entstehung von Krebs beteiligt sind. Mit diesem Ansatz konnten sie eine Reihe neuer Krebsgene identifizieren, darunter eines, das eine Rolle bei Brustkrebs spielt.

Noch unbekannte Krebsgene aufzuspüren ist die Grundlage dafür, neue Zielstrukturen für Krebsmedikamente zu entdecken. Die Suche nach Krebsgenen ist dank neuer Techniken so effizient geworden wie noch nie. Schalteten Forschende früher ein Gen nach dem anderen in Zellen aus, um so den Effekt und die Rolle des Gens zu untersuchen, gelingt dies heutzutage parallel in Tausenden von Zellen. Mithilfe spezieller Biomoleküle, sogenannter «short hairpin RNAs», können zielgerichtet jeweils unterschiedliche Gene ausgeschaltet werden. Diese sogenannten «Screening»-Experimente erzeugen riesige Datensätze.

Forschende um Dr. Salvatore Piscuoglio von der Universität Basel und Dr. Ng von der Universität Bern haben eine statistische Analyseplattform entwickelt, um die Datensätze aus Screening-Experimenten systematisch nach Genen zu durchforsten, die an der Entstehung von Krebs beteiligt sind. Von diesem neuen wichtigen Werkzeug für die Forschung berichten sie im Fachjournal «Nucleic Acid Research».

Bei der Analyse geht es vor allem auch darum, durch Vergleiche solcher Experimente in verschiedenen Krebszelllinien Gene aufzuspüren, die spezifisch für bestimmte Krebsarten sind.

Brustkrebsgen identifiziert

Die Wirksamkeit ihrer Analyse-Plattform namens [APSiC](#) (Analysis of Perturbation Screens for identifying novel Cancer genes) konnten die Forschenden unter Beweis stellen, indem sie aus vorhandenen Datensätzen eine Reihe von Genen identifizierten, die erwiesenermassen bei der Krebsentstehung eine Rolle spielen. Neben bekannten Krebsgenen spürten sie allerdings auch einige noch unbekannte auf.

So konnten sie bei einem der identifizierten Gene mit der Bezeichnung LRRC4B nachweisen, dass es in die Entstehung von Brustkrebs involviert ist. Derzeit arbeiten sie daran, die genaue Rolle des Gens und weiterer Kandidatengene zu entschlüsseln.

«Der Vorteil unserer Analyseplattform ist, dass sich Kandidatengene auch beim Vergleich nur weniger Krebszelllinien identifizieren lassen», erklärt Piscuoglio. «Bisherige Analysen konnten zuverlässige Ergebnisse nur auf Basis des Vergleichs hunderter Zelllinien liefern.» Mit APSiC möchten Piscuoglio und sein Team die Forschung an Krebsgenen beschleunigen und damit die Grundlage für neue therapeutische Ansätze schaffen.

Originalpublikation

Hesam Montazeri et al.

[Systematic identification of novel cancer genes through analysis of deep shRNA perturbation screens](#)

Nucleic Acid Research (2021), doi: 10.1093/nar/gkab627

Links

[Forschungsgruppe Dr. Piscuoglio](#)