

Reiner Zufall oder steckt System dahinter? Computerprogramm deckt Verteilungsauffälligkeiten in Genomsequenzen auf

Seit einigen Jahren steht Wissenschaftlern weltweit die komplette Basenabfolge des Humangenoms für ihre Analysen zur Verfügung. Dabei stellt sich häufig die Frage, ob bestimmte Sequenzmotive eine spezielle Funktion ausüben. Das ist dann wahrscheinlich, wenn das Motiv an einer bestimmten Stelle häufiger vorkommt, als es der reinen Zufallsverteilung entspricht. Solche Berechnungen gelangen bisher nur durch zeitaufwändige Computersimulationen.

Wissenschaftlern im Deutschen Krebsforschungszentrum und im Nationalen Centrum für Tumorerkrankungen Heidelberg gelang gemeinsam mit Kollegen aus Paris und London, eine mathematische Grundlage für solche Berechnungen zu entwickeln, die zu einer einfach zu bedienenden und schnell arbeitenden Software weiterentwickelt wird.

Die Forscher haben ihr mathematisches Modell an einem konkreten Fall aus der Praxis erprobt: Bei der Entwicklung von Gentherapien wird als Vehikel für die therapeutischen Gene oft ein Virus eingesetzt, das sein Erbgut in das Genom der Zelle einbaut. Oft ist dabei nicht genau bekannt, ob das Virus bestimmte Sequenzmotive für seine Integration bevorzugt. Mit Hilfe der Software kann nun die Genomsequenz in der Umgebung bereits integrierter Viren auf auffällige Verteilung bestimmter Sequenzmuster abgesehen werden.

„Das hat ganz praktische Konsequenzen“, erläutert **Professor Dr. Christof von Kalle**, Leiter der Abteilung Translationale Onkologie des Deutschen Krebsforschungszentrums. „Es ist leider bereits vorgekommen, dass in der Gentherapie eingesetzte Viren Krebsgene in ihrer unmittelbaren Nachbarschaft aktiviert haben. Kennen wir aber die bevorzugten Integrationsstellen des Virus, so können wir prüfen, ob sich in deren direkter Umgebung Gene mit hohem Gefahrenpotenzial befinden.“ Von Kalle sieht daher gerade im Bereich der klinischen Studien eine Vielzahl von Einsatzmöglichkeiten für das Programm.

Die Software soll in Kürze der wissenschaftlichen Gemeinschaft kostenfrei zur Verfügung gestellt werden.

Ulrich Abel, Annette Deichmann, Cynthia Bartholomae, Kerstin Schwarzwälder, Hanno Glimm, Steven Howe, Adrian Thrasher, Alexandrine Garrigue, Salima Hacein-Bey-Abina, Marina Cavazzana-Calvo, Alain Fischer, Dirk Jäger, Christof von Kalle, Manfred Schmidt: Real-Time Definition of Non-Randomness in the Distribution of Genomic Events. PloS One, DOI: 10.1371/journal.pone.0000570

Das Deutsche Krebsforschungszentrum hat die Aufgabe, die Mechanismen der Krebsentstehung systematisch zu untersuchen und Krebsrisikofaktoren zu erfassen. Die Ergebnisse dieser Grundlagenforschung sollen zu neuen Ansätzen in Vorbeugung, Diagnose und Therapie von Krebserkrankungen führen. Das Zentrum wird zu 90 Prozent vom Bundesministerium für Bildung und Forschung und zu 10 Prozent vom Land Baden-Württemberg finanziert und ist Mitglied in der Helmholtz-Gemeinschaft Deutscher Forschungszentren e.V.

Diese Pressemitteilung ist abrufbar unter www.dkfz.de/pressemitteilungen

Dr. Sibylle Kohlstädt
Presse- und Öffentlichkeitsarbeit

Deutsches Krebsforschungszentrum
Im Neuenheimer Feld 280
D-69120 Heidelberg
T: +49 6221 42 2854
F: +49 6221 42 2968