

Presseerklärung

Heidelberg und Weingarten, 07.09.2008:

Molekulare Charakterisierung von Lungentumoren: Neue Erkenntnisse durch chromosomales Screening und Analyse von Proteinexpression

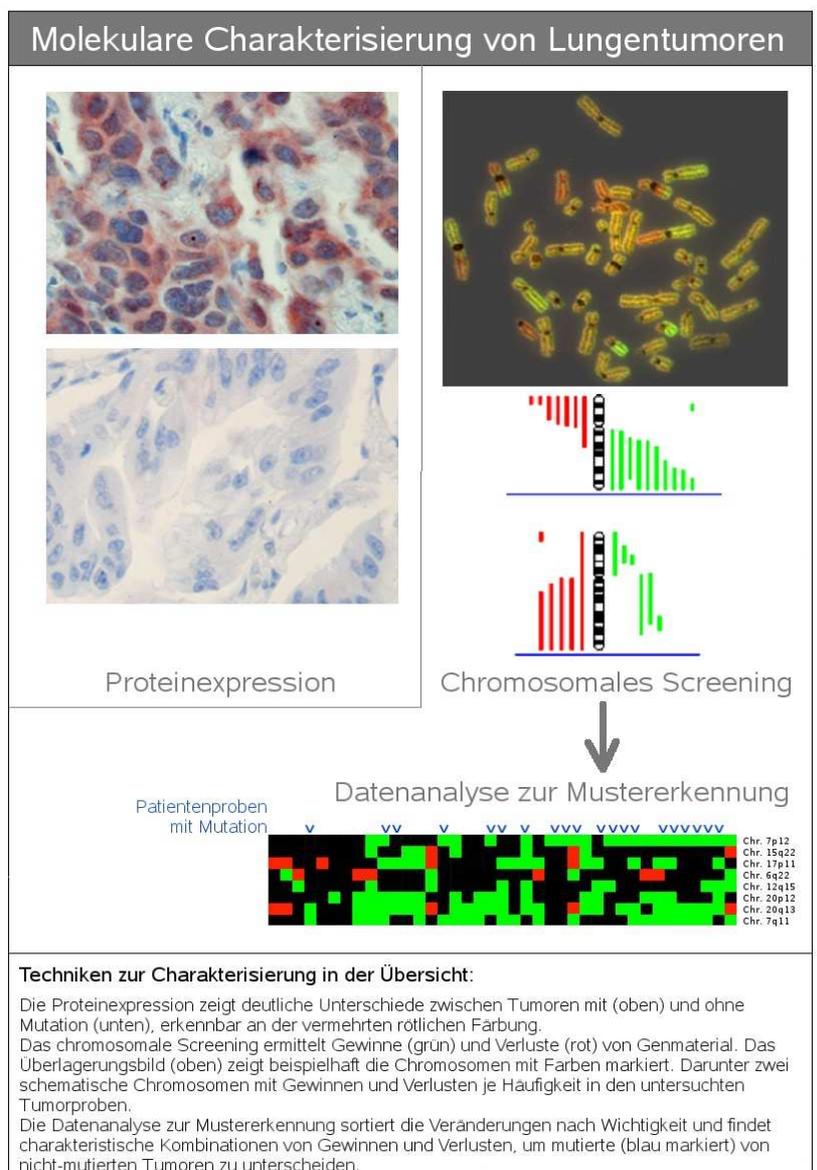
Die Entwicklung von bösartigen Krebsgeschwüren ist ein komplexer, oft nur in Ansätzen erforschter Vorgang, der auf Störungen im Erbgut beruht und sich in einer veränderten Proteinzusammensetzung der Krebszellen äußert. In vielen Tumoren spielen dabei Mutationen eines bestimmten Gens eine wichtige Rolle und deren Vorhandensein konnte mit unterschiedlichem Verlauf der Erkrankung in Verbindung gebracht werden. Ein genaueres Verständnis kennzeichnender Erbgutveränderungen ist auch von entscheidender Bedeutung für die Behandlung bösartiger Tumoren. Die Thoraxklinik Heidelberg und quantiom bioinformatics haben aus diesem Grund eine häufige Art von Lungentumor ins Visier genommen, um hier charakteristische molekulare Veränderungen und spezifische Proteinexpressionsmuster aufzuspüren.

'In dieser Studie konnten wir erstmals einen Zusammenhang zwischen Mutationen im Epidermalen Wachstumsfaktor Rezeptor (EGFR) Gen und einem erhöhten Proteingehalt des Vaskulären Endothelialen Wachstumsfaktors (VEGF) in Tumorgewebe nachweisen.' beschreibt Dr. Michael Meister, Leiter der Sektion Translationale Forschung der Thoraxklinik Heidelberg, einen Erfolg der Studie. 'Die Ergebnisse in Bezug auf die Expression des VEGF-Proteins, das die Gefäßbildung anregt, unterstützen dabei einen neuen Therapieansatz mit kombinierten Wirkstoffen.' erklärt Dr. Niels Reinmuth, ärztlicher Mitarbeiter der onkologischen Abteilung, Thoraxklinik Heidelberg

Zusätzlich wurden in dieser Studie quantitative Veränderungen im chromosomalen Material mit einer vergleichenden Genomanalyse gemessen, ein Verfahren, das sich Comparative Genomic Hybridization (CGH) nennt. Diese Methode liefert seit Mitte der 80er Jahre verlässliche Daten über genomweite Gewinne und Verluste chromosomalen Materials bei den unterschiedlichsten Erkrankungen. Inzwischen gibt es eine Microarray-basierte Variante, die den Vorteil einer höheren Auflösung bietet.

'Mit der statistischen Auswertung von CGH-Daten, wie sie in der aktuellen Studie zum Zuge kam, konnten aus einer Vielzahl detektierter Veränderungen diejenigen gefunden werden, die ein charakteristisches molekulares Muster ergeben.' erklärt Dr. Martin Granzow, Geschäftsführer von quantiom bioinformatics, die Funktion der speziell adaptierten Kombination von Merkmalsranking und statistischer Modellbildung.

Die Ergebnisse der Arbeit sind nun im Fachjournal 'Lung Cancer' veröffentlicht worden. Die künftige Zusammenarbeit von Thoraxklinik und quantiom bioinformatics wird neben der statistischen Auswertung von CGH-Daten auch Daten von Microarray-Genexpressionsarrays umfassen und sich auf weitere wesentliche Themen der häufigen Lungentumoren konzentrieren.



Originalveröffentlichung: Reinmuth N, Jauch A, XU EC, Muley T, Granzow M, Hoffmann H, Dienemann H, Herpel E, Schnabel PA, Herth FJF, Gottschling S, Lahm H, Steins M, Thomas M, Meister M. Correlation of EGFR mutations with chromosomal alterations and expression of EGFR, ErbB3, and VEGF in tumor samples of lung adenocarcinoma patients. Lung Cancer (2008), doi:10.1016/j.lungcan.2008.03.011 (in Druck).

Rückfragehinweis/Pressekontakt:

Dr. Michael Meister, Thoraxklinik Heidelberg, 69126 Heidelberg, unter +49-6221-396-1650 oder michael.meister@thoraxklinik-heidelberg.de.

Dr. Martin Granzow, quantiom bioinformatics, 76356 Weingarten, unter +49-7244-706614 oder contact@quantiom.de.

Über die Thoraxklinik Heidelberg:

Die Thoraxklinik-Heidelberg ist eine der ältesten und größten Lungenfachkliniken Europas und als Klinik der Maximalversorgung anerkannt. Sie ist eine Klinik an der Universität Heidelberg. Pro Jahr werden in der Klinik 5000 Patienten stationär behandelt. Die gleiche Zahl der Patienten wird zusätzlich ambulant betreut. Mit ihrem Leistungsspektrum nimmt die Klinik eine führende Position nicht nur in Deutschland, sondern auch in Europa ein. Die Klinik ist in das Nationale Centrum für Tumorerkrankungen Heidelberg (NCT) integriert, eine langjährige wissenschaftliche Kooperation besteht bereits mit dem Deutschen Krebsforschungszentrum (DKFZ).

Weitere Informationen zur Thoraxklinik Heidelberg finden Sie im Internet unter der Adresse www.thoraxklinik-heidelberg.de

Über quantiom bioinformatics:

Die quantiom bioinformatics GmbH & Co. KG ist ein auf Data-Mining und Zeitreihenanalyse spezialisiertes Unternehmen mit Wurzeln in der Universität Karlsruhe und der Universität Heidelberg bzw. dem Deutschen Krebsforschungszentrum. Das Geschäftsmodell von quantiom beinhaltet insbesondere die Umsetzung automatisierter Analysestrategien für die komplexen Datenanalyse-Probleme der Life-Science-Industrie. quantiom entwickelt adaptive Software, stellt Beratung und Support für Entwicklung und Implementierung von kundenspezifischen Analysestrategien bereit. Darüber hinaus bietet quantiom die statistische Auswertung biomedizinischer Daten als Dienstleistung an. quantioms Entwicklungsplattform 'Generic Signal Profiler' wurde beim doIT-Software Award 2006 ausgezeichnet und erhielt 2007 als Kategorie Sieger Biotechnik den Innovationspreis der Initiative Mittelstand. Die für CGH-Daten adaptierte Software 'CGH-gala' wurde unlängst beim Industriepreis 2008 der Initiative Mittelstand ausgezeichnet.

Weitere Informationen zu quantiom bioinformatics finden Sie im Internet unter der Adresse www.quantiom.de.