Neues Forschungsprojekt in der mathematischen Onkologie

Anhand von mathematischen Modellierungen Informationen zu finden, die bei der Entschlüsselung von erblichem Darmkrebs helfen, ist das Ziel eines neuen interdisziplinären Forschungsprojektes. Dazu arbeiten Mathematiker und Tumorbiologen der Universität Heidelberg, des Heidelberger Instituts für Theoretische Studien, des Universitätsklinikums Heidelberg und des Deutschen Krebsforschungszentrums zusammen. Für die Entwicklung geeigneter Modelle und die Aufbereitung der dafür notwendigen medizinischen Daten erhalten die beteiligten Forscherinnen und Forscher eine dreijährige Förderung der Klaus Tschira Stiftung. Ziel der Verbindung von Mathematik und Medizin ist es, zu einem besseren Verständnis von Tumorentstehung, Tumorentwicklung und Tumorabwehr zu kommen sowie Ansätze zu entwickeln, mit denen erbliche Krebserkrankungen in Zukunft möglicherweise verhindert werden können.

Im Mittelpunkt der geplanten Forschungsarbeiten steht das sogenannte Lynch-Syndrom: Träger dieser genetischen Anlage haben ein erhöhtes Risiko für Darmkrebs, aber auch für bösartige Tumoren in anderen Organen. Bei der Entwicklung von effektiven Präventionsmaßnahmen spielen insbesondere die frühen Stadien der Tumorentwicklung eine entscheidende Rolle. Von der mathematischen Modellierung erhoffen sich die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler im Projekt „Mathematik in der Onkologie" nun neue Impulse für die translationale Forschung.

„Anhand von mathematischen Modellen können wir verschiedene zeitliche Verläufe der Tumorentstehung betrachten und vergleichen. Der Abgleich mit medizinischen Daten erlaubt es uns, Szenarien auszuwählen, die zutreffend erscheinen, um sie näher zu untersuchen", erläutert Prof. Dr. Vincent Heuveline, Forschungsgruppenleiter am Interdisziplinären Zentrum für Wissenschaftliches Rechnen der Universität Heidelberg sowie am Heidelberger Institut für Theoretische Studien. Für diesen Ansatz stellen erbliche Tumorerkrankungen wie das Lynch-Syndrom ein wichtiges Forschungsfeld dar, weil die frühen genetischen Schritte der Tumorentstehung bekannt sind und erste Modelle für die möglichen Tumorentwicklungswege bereits existieren, so Prof. Dr. Magnus von Knebel Doeberitz, Ärztlicher Direktor der Abteilung Angewandte Tumorbiologie am Universitätsklinikum Heidelberg und Leiter einer gleichnamigen Klinischen Kooperationseinheit am Deutschen Krebsforschungszentrum.

Zentral für das Projekt auf biomedizinischer Seite sind genetische und molekulare Analysen von Tumoren und ihren Vorstufen. Sie bilden die Grundlage für die medizinischen Daten und somit für die mathematische Modellierung. Da bestimmte Mutationen bei der Entstehung dieser Tumoren eine entscheidende Rolle spielen, sollen auch hochauflösende Mutationsprofile erstellt werden, die in Verbindung mit dem Lynch-Syndrom auftreten. „Die Förderung der Klaus Tschira Stiftung erlaubt es uns, innovative Methoden einzusetzen, die spezifisch auf die Mutationsspektren von Lynch-Syndrom-Tumoren zugeschnitten sind", betont Dr. Aysel Ahadova, Wissenschaftlerin in der Angewandten Tumorbiologie.

Entscheidend bei diesen Forschungsarbeiten ist nach Angaben der Wissenschaftler der enge interdisziplinäre Austausch zwischen Mathematik und Medizin. Mit der Entwicklung einer gemeinsamen „Sprache" wird es möglich sein, medizinische Hypothesen anhand mathematischer Modelle zu überprüfen, um daraus wiederum neue medizinische Erkenntnisse zu gewinnen. „Wir erhoffen uns von den Ergebnissen dieser Forschung entscheidende Informationen, um die Entstehung von Tumoren beim Lynch-Syndrom in Zukunft besser verhindern zu können", betont Dr. Matthias Kloor, Leiter der Arbeitsgruppe „Immunbiologie von MSI Tumoren" in der Angewandten Tumorbiologie. An dem Kooperationsprojekt wirken auch die Doktoranden Valentin Schmid und Saskia Haupt mit.

Pressemitteilung

09.12.2021
Quelle: Universität Heidelberg

Weitere Informationen

- Universität Heidelberg