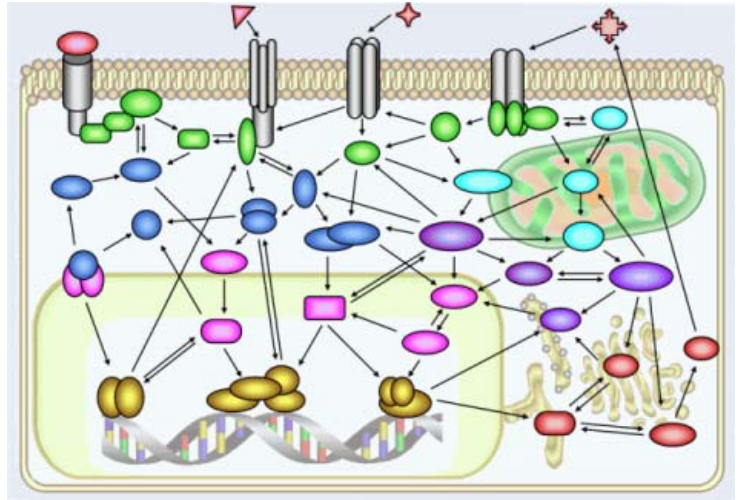


Ingenieurs en het kankergenoom: een interessante mix

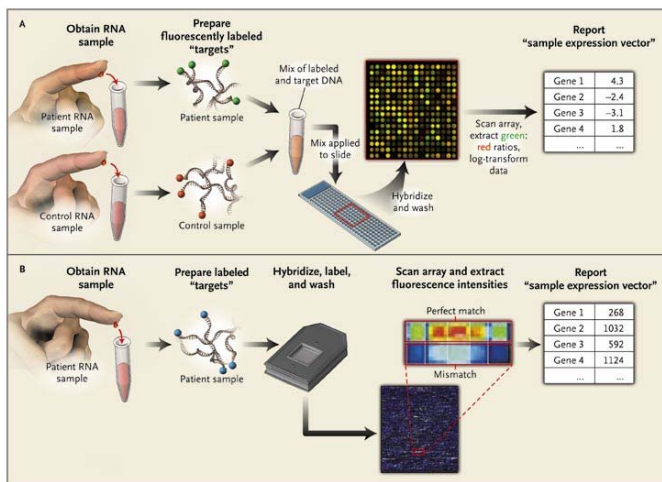
Dankzij het Human Genome project kennen we de opeenvolging van de 3 miljard baseparen die het menselijk genoom bepalen. Dit project heeft geleid tot een beter begrip van hoe de mens in moleculair-biologisch in elkaar zit maar heeft ook geleid tot vele vragen.

We kennen nu weliswaar het woordenboek maar weten niet wat de woorden betekenen. Het menselijk genoom bevat naar schatting ~25000 genen die allen een functie hebben maar van heel wat genen is nog maar weinig bekend. Bovendien corresponderen deze ~25000 genen “slechts” met ongeveer 2% van het volledig menselijk genoom. De overige stukken van het DNA worden wel eens junk-DNA genoemd. Recent onderzoek heeft echter aangetoond dat het junk-DNA ook een functie zou kunnen hebben.

Het doel van deze demo is het achterhalen van de functie van genen door het ontrafelen van de netwerken die genen met elkaar verbinden. De figuur rechts toont een overzicht van de complexe interacties die



aanwezig zijn in iedere van de 100 biljoen (10^{14}) cellen die een mens heeft. Meer specifiek bestuderen we de netwerken die kunnen leiden tot de ontwikkeling van kanker. Om dit mogelijk te maken gebruiken we nieuwe technologieën zoals microroosters (zie figuur onderaan) of massa-spectrometrie die toelaten om de activiteit van alle genen na te gaan in verschillende omstandigheden. Bijvoorbeeld, we kunnen uitzoeken welke genen een verschillende activiteit vertonen tussen kankerpatiënten met een goede en een slechte prognose.



Om dit onderzoek tot een goed einde brengen zijn ingenieurs nodig om de massale hoeveelheden data die door deze technologieën geproduceerd worden, te verwerken. Ingenieurs maken hierbij gebruik van een mix van wiskunde, statistiek en artificiële intelligentie methoden.

Deze discipline wordt vaak bio-informatica of computationele biologie genoemd en is onmisbaar om tot nieuwe inzichten te komen.