

Title: Ny beregningsmetode til kræftforskning hjælper med at identificere biomarkørkandidater

Michał Switnicki, bioinformatiker og ph.d.-studerende ved Afdeling for Klinisk Medicin, forsvarede 23. november sin ph.d.-afhandling med titlen Dz Integrative cancer genomics analysis of gene expression and DNA methylation.

Michał Świtnicki har udviklet en ny metode til identifikation af cancer-markører baseret på en kombination af molekylære karaktertræk. Traditionelle markører er baseret på enkelte molekylære karaktertræk (f.eks. genudtryk eller DNA-metylering), men forskellige cancerer af samme type påvirker ofte forskellige molekylære karaktertræk af de samme vigtige gener, og hver påvirkning kan have den samme effekt på progressionen af canceren. Den nye metode vurderer sådanne påvirkninger og giver mulighed for detektion af ellers oversete genpåvirkninger. Metoden er blevet anvendt til at finde lovende markører for brystkræft. Velvalgte markører hjælper klinikere med at håndtere cancer-patienter, vælge de rette behandlinger og planlægge overvågning af patienter med høj cancer-risiko.

Forsvaret er offentligt og finder sted i auditoriet i stueetagen på Afdeling for Molekylær Medicin (MOMA), Science Centre Skejby, klokken 14:00.