

Ausschreibung für Masterarbeit

Hintergrund:

Ein zentrales Problem in der onkologischen Wirkstoffforschung ist die fehlende Patientennähe bestehender Zellsysteme. Fortschritte in der Organoid-Technologie schaffen hierbei eine Methode, die eine verbesserte biologische Treue ermöglicht.

Am Klinikum haben wir über die letzten fünf Jahre Tumoroid-Zelllinien aus Patiententumoren von Leberkrebs (Hepatozelluläres Karzinom, HCC, und Cholangiokarzinom, CCC) etabliert und immunhistochemisch charakterisiert. Diese Zellen sollen im nächsten Schritt auf transkriptomischer Ebene analysiert werden, um festzustellen, inwiefern sie mit öffentlich verfügbaren HCC-Daten übereinstimmen und gleichzeitig unsere bioinformatische Analysepipeline optimieren.

Am Lehrstuhl für Pharmazeutische Biologie von Prof. Dr. Robert Fürst am Department Pharmazie der Ludwig-Maximilians-Universität München suchen wir eine motivierte Person für eine Masterarbeit, die sich mit modernen Methoden der Transkriptomanalyse und Bioinformatik auseinandersetzen möchte.

Ziel der Masterarbeit:

Die Arbeit hat das Ziel, eine transkriptomische Analyse von 10 HCC-Tumoroiden, 5 CCC-Tumoroid-Linien und 5 primären humanen Hepatozyten durchzuführen. Dabei soll die transkriptionelle Treue der Tumoroide im Vergleich zu öffentlich zugänglichen Einzelzell-RNA-Sequenzierungsdaten (scRNA-seq) bewertet werden. Zusätzlich soll eine bioinformatische Analysepipeline für Tumoroid-Daten etabliert werden.

Arbeitsplan:

1. Bioinformatische Analysen (fortlaufend)

- Verarbeitung und Analyse von öffentlich verfügbaren Single-Cell-RNA-Seq-Daten zu HCC und CCC; Kuration und Re-Labeling falsch annotierter Einzelzell-Reads; Testen der Analysepipeline mit vorhandenen RNAseq-Rohdaten.

2. Kultivierung von Tumoroiden und Vorbereitung der RNA-Proben

- Auftauen und Expansion der bestehenden Tumoroid-Linien. Assistenz bei der Isolierung von RNA aus Tumoroiden und primären humanen Hepatozyten.

3. Whole Exome Sequencing (WES) + Short-read RNA-Sequenzierung

- Analyse der WES mit bereits isolierter DNA aus Tumoroiden und Paraffin-Proben. Analyse der RNA-Sequenzierung für expandierte Tumoroide und primäre Hepatozyten. Aufbereitung der RNA-Seq-Daten, PCA und Tests zur Beurteilung der transkriptionellen Treue.

Was Du mitbringen solltest:

- Interesse an Krebsforschung und molekularbiologischen Methoden; Grundkenntnisse in RNA-Sequenzierung und Bioinformatik von Vorteil; Selbstständige und strukturierte Arbeitsweise

Was wir bieten:

- Ein hochaktuelles Forschungsprojekt im Bereich personalisierte Krebsmedizin; Enge Betreuung und Zusammenarbeit in einem interdisziplinären Team; Einblicke in modernste Technologien der Tumorforschung und Bioinformatik

Haben wir Dein Interesse geweckt?

Dann melde Dich bei uns! Wir freuen uns darauf, Dich kennenzulernen: s.munker@lmu.de