

Die Suche nach der einen Zelllinie: Software-Tool der Hochschule Koblenz soll Krebstherapie vereinfachen

Etwa 4,65 Millionen Menschen in Deutschland leben laut Angaben der Plattform Krebsdaten.de mit einer Krebsdiagnose. Wirkstoffe zur Behandlung der schwerwiegenden Erkrankung können in den seltensten Fällen direkt am Patienten erprobt werden. Daher sind Forschende hierbei auf bereits existierende Zelllinien angewiesen. Wie aber findet man die eine Zelllinie, die dem Tumor des oder der Erkrankten am ähnlichsten ist? Biomathematiker Prof. Maik Kschischo und Doktorandin Xiaoxiao Zhang vom Remagener RheinAhrCampus der Hochschule Koblenz haben mit MFmap (Model Fidelity Map) ein Software-Tool entwickelt, das bei der Suche nach der geeigneten Zelllinie helfen soll.

Mit der sogenannten „Deep-Learning-Technologie“, können Krebsforschende Zelllinien- und Tumordaten vergleichen, daraufhin im System die Zelllinie auswählen, die dem betroffenen Tumor am stärksten ähnelt – und so die Krebstherapie positiv beeinflussen.

Die Zelllinienforschung ist bei der Entwicklung von Krebstherapien bereits seit den 50er Jahren eines der wichtigsten Instrumente. Aber: Sie kann die biologische Realität nicht eins zu eins abbilden, da verschiedene Einflussfaktoren, wie das Immunsystem oder die Tumorumgebung eines Erkrankten, nicht berücksichtigt werden können. Um Ergebnisse aus in vitro – also im Reagenzglas durchgeführten – Experimenten in klinische Anwendungen zu übertragen, ist daher die Verwendung der am besten geeigneten Zelllinie für einen bestimmten Tumor oder Krebssubtyp von essenzieller Bedeutung. Die vom Biomathematik-Team aus Remagen entwickelte Software setzt genau dort an. Seit rund einem Jahr forschen Maik Kschischo und XiaoXiao Zhang im Rahmen von Zhangs Doktorarbeit an dem Projekt. „MFmap integriert Krebsgenomdaten von Patientinnen oder Patienten mit bestehenden, im System vorliegenden Zellliniendaten. So komprimiert das System komplexe genomische Merkmale von Tausenden von Genen in einen kleinen Satz von Merkmalen“, erklärt Zhang. „Dadurch werden Zelllinien- und Tumordaten vergleichbar und Krebsforschende können die beste Zelllinie auswählen, die einer bestimmten Tumorart oder sogar einem einzelnen Tumor sehr ähnlich ist. MFmap hilft quasi bei der Suche nach der sprichwörtlichen Nadel im Heuhaufen“, führt Kschischo weiter aus. Und liefert damit Daten, die für die Prognose und Behandlungsmöglichkeiten von Tumorerkrankten entscheidend sein können.

Durch die Klassifizierung von Krebszelllinien in Subtypen bietet die Software außerdem eine neue Möglichkeit, die Wirkung von therapeutischen Verbindungen in einem bestimmten Tumorsubtyp vorherzusagen. So zeigen Zhang und Kschischo in ihrem wissenschaftlichen Paper am Beispiel eines aggressiven Hirntumors, dass MFmap auch dazu verwendet werden kann, um die Veränderung der Zelle während des Krankheitsverlaufs zu untersuchen.

Aus Sicht der Forschenden ist MFmap eine vielversprechende und zukunftsweisende Methode der künstlichen Intelligenz, die unzählige Anwendungsmöglichkeiten in vielen anderen Bereichen der Biologie und Medizin bietet. Unter <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0261183> ist das veröffentlichte wissenschaftliche Paper abrufbar.

Weitere Informationen:

<http://www.hs-koblenz.de>