

Eine Landkarte für Zellen: ArchMap macht Einzelzellforschung leichter zugänglich

AI, New Research Findings, Computational Health, ICB

Welche Zellen stecken in einer Gewebeprobe, und wie unterscheiden sie sich von gesunden Zellen? Mit ArchMap können Forschende solche Fragen jetzt ohne Programmierkenntnisse beantworten. Die kostenfreie Online-Plattform wurde bei Helmholtz Munich gemeinsam mit der Technischen Universität München (TUM), dem Wellcome Sanger Institute und dem Deutschen Zentrum für Lungenforschung (DZL) entwickelt. Sie vergleicht neu gewonnene Messdaten mit detaillierten Referenzkarten des menschlichen Körpers.

Moderne Einzelzelltechnologien messen die Aktivität Tausender Gene in jeder einzelnen Zelle. So wird sichtbar, wie unterschiedlich Zellen selbst innerhalb eines Organs sind und wie sie sich bei Krankheiten verändern. Die dabei entstehenden Datenmengen auszuwerten, erforderte bisher Programmierkenntnisse, Know-how im maschinellen Lernen und leistungsstarke Rechner.

Zellatlanten nutzen: Neue Zellen werden auf bekannten Karten verortet

ArchMap funktioniert ähnlich wie ein digitaler Kartendienst: Forschende laden ihre Daten hoch und wählen einen passenden Zellatlas aus, also eine Referenzkarte, die beschreibt, welche Zelltypen in einem Organ vorkommen.

Mithilfe von maschinellem Lernen ordnet ArchMap jede Zelle in diese Karte ein und schlägt vor, um welchen Zelltyp es sich handelt. Die Plattform gibt dabei auch an, wie sicher diese Zuordnung ist. Passt eine Zelle schlecht zur Referenz, kann das auf einen ungewöhnlichen oder krankheitsbedingt veränderten Zellzustand hinweisen – oder aber auch technische Ursachen haben. Diese Zellen lassen sich deshalb direkt in der Plattform genauer untersuchen.

„Zellatlanten enthalten einen enormen Wissensschatz. Mit ArchMap machen wir ihn auch für Forschende nutzbar, die keine Spezialist:innen für Programmierung oder maschinelles Lernen sind“, sagt Prof. Dr. Fabian Theis, Direktor des Computational Health Center bei Helmholtz Munich und Inhaber des Lehrstuhls für Mathematische Modellierung biologischer Systeme an der Technischen Universität München (TUM).

Praxisnahe Forschung: Auffällige Zellen bei Lungenfibrose erkannt

Wie das in der Praxis aussieht, zeigte das Team an der idiopathischen Lungenfibrose, einer schweren Erkrankung, bei der die Lunge zunehmend vernarbt. Die Forschenden verglichen Zellen von Patientinnen und Patienten mit dem Human Lung Cell Atlas, der Zellen von gesunden Donoren enthält.

Der Großteil der Zellen ließ sich zuverlässig zuordnen. Bestimmte Bindegewebszellen – sogenannte adventitielle Fibroblasten – wichen jedoch deutlich von ihren gesunden Gegenstücken ab. Bei genauerer Analyse zeigten sie typische Merkmale der Fibrose, darunter eine erhöhte Aktivität des Gens CTHRC1, eines bekannten Markers für narbenbildende Zellen.

Gemeinsam forschen, Daten schützen

Gewonnene Ergebnisse lassen sich in ArchMap gezielt mit anderen Teams teilen und gemeinsam auswerten. Alle Daten werden verschlüsselt übertragen und gespeichert. Wer möchte, kann die Plattform auch auf der eigenen Infrastruktur betreiben.

ArchMap enthält bereits zahlreiche geprüfte Atlanten verschiedener Organe, darunter offizielle Referenzen des Human Cell Atlas. Forschende können zudem eigene Atlanten ergänzen.

Krankheiten erkennen, bevor Symptome auftreten

Viele Krankheiten beginnen mit Veränderungen in einzelnen Zellen, lange bevor Symptome auftreten. Wer diese Veränderungen versteht, kann Krankheiten früher erkennen und gezielter behandeln.

Bisher blieb das Wissen der großen Zellatlanten vor allem spezialisierten Computerlaboren vorbehalten. ArchMap öffnet es für Labore und Kliniken, die selbst Proben erheben, aber keine eigenen Bioinformatik-Teams haben.

Wenn mehr Forschende ihre Daten an denselben geprüften Referenzen ausrichten, werden Ergebnisse vergleichbarer und krankheitsrelevante Zellzustände schneller gefunden.

„Die referenzbasierte Analyse revolutioniert, wie wir Einzelzelldaten auswerten. Anstatt alles manuell zu erarbeiten, übertragen wir neue Daten einfach auf eine passende Referenz und erkennen sofort, welche Zelltypen im Datensatz vorkommen. Was früher Monate gedauert hat, ist jetzt in wenigen Stunden erledigt“, sagt Dr. Malte Lücken, Gruppenleiter am Institut für Computational Biology und am Institut für Lungengesundheit und Immunität von Helmholtz Munich sowie Mitglied des Deutschen Zentrums für Lungenforschung (DZL).

Damit schafft die Wissenschaft eine wichtige Grundlage, um langfristig neue Ansatzpunkte für Diagnose und Therapie zu entwickeln – wie etwa bei chronischen Lungenerkrankungen.

ArchMap ist kostenfrei verfügbar unter www.archmap.bio

Original-Publikation:

Lotfollahi et al., 2026: ArchMap: A web-based platform for reference-based analysis of single-cell datasets. [Nature Genetics](https://doi.org/10.1038/s41588-026-02756-y). DOI: [10.1038/s41588-026-02756-y](https://doi.org/10.1038/s41588-026-02756-y)