

## Einfacher Bluttest kann den Verlauf von Nierenerkrankungen vorhersagen

**Ein Forschungsteam der Universität zu Köln hat einen neuartigen Ansatz entwickelt, um anhand von Blutproben vorherzusagen, wie schnell eine Nierenerkrankung fortschreiten wird. Die Wissenschaftler\*innen entdeckten 29 Proteine, die mit der Abnahme der Nierenfunktion zusammenhängen / Veröffentlichung in „Nature Communications“**

Die autosomal-dominante polyzystische Nierenerkrankung (ADPKD) ist die häufigste Erbkrankheit, die zu Nierenversagen führen kann. Eine genaue Vorhersage des Krankheitsverlaufs ist sehr wichtig, um die richtigen Behandlungsmethoden zu wählen und Patient\*innen wirksam zu beraten. Die derzeit verfügbaren Prognoseinstrumente sind jedoch nicht sehr genau. Zudem erfordern sie MRT-Bilder oder genetische Untersuchungen, die nicht immer umsetzbar sind. Ein Forschungsteam der Universität zu Köln hat eine neue Methode zur Identifizierung von Biomarkern entwickelt, die am Fortschreiten des Krankheitsverlaufs beteiligt sind. Die Studie wurde unter dem Titel „Developing serum proteomics based prediction models of disease progression in ADPKD“ im Fachjournal Nature Communications veröffentlicht.

In dieser Studie untersuchten die Forscher\*innen Proteine im Blut, um herauszufinden, ob sich damit das Fortschreiten der Krankheit besser voraussagen lässt. Das Team bestand aus Wissenschaftler\*innen der Translationalen Nephrologie (Exzellenzcluster für Altersforschung CECAD) und des Zentrums für Seltene und Erbliche Nierenerkrankungen Köln (Universitätsklinikum Köln) unter der Leitung von Professor Dr. Roman-Ulrich Müller, in Zusammenarbeit mit der Gruppe Computational Biology of Ageing am Zentrum für Molekulare Medizin Köln (CMMC) unter der Leitung von Dr. Philipp Antczak. Die Arbeit ist das Ergebnis einer engen Zusammenarbeit zwischen einer klinischen Wissenschaftlerin, Dr. Sita Arjune, und einer Datenwissenschaftlerin, Hande Aydogan Balaban.

Mithilfe der Massenspektrometrie erstellte das Team das Proteom – eine Liste aller Proteine, die in Blutproben von Patient\*innen einer der weltweit größten und am besten untersuchten ADPKD-Kohorten nachgewiesen wurden. Durch die Integration einer neuartigen Roboter-Pipeline in diesen Prozess analysierten sie mehr als 1.000 Proben und erstellten ein proteombasiertes Vorhersagemodell. Sie identifizierten 29 Proteine, die am Immunsystem, am Fetttransport und am Stoffwechsel beteiligt sind. Damit spielen sie auch eine entscheidende Rolle dabei, wie schnell die Nierenfunktion von Jahr zu Jahr abnimmt.

„Unsere Studie zeigt, dass Blutproteine aussagekräftige Hinweise darauf geben können, wie schnell die Nierenfunktion wahrscheinlich abnimmt. Das ermöglicht eine individuellere Behandlung von ADPKD, einer der häufigsten genetischen Ursachen für Nierenversagen“, sagt Professor Dr. Roman-Ulrich Müller. Die Proteomikdaten liefern nicht nur Biomarker, sondern auch wichtige Informationen über die Mechanismen, die ADPKD vorantreiben.

„Durch die Identifizierung spezifischer Proteine, die mit dem Krankheitsverlauf zusammenhängen, haben wir einen wichtigen Schritt in Richtung einer genaueren und früheren Vorhersage gemacht. Diese Methode übertrifft die Leistungsfähigkeit der aktuell eingesetzten klinischen Instrumente“, fügt Müller hinzu.

Die Wissenschaftler\*innen wollen nun untersuchen, wie aktuelle Behandlungsmethoden die Proteom-Muster von Patient\*innen beeinflussen, und neue proteombasierte Marker entwickeln, die die klinische Routineversorgung verbessern können.

Professor Roman-Ulrich Müller ist Principal Investigator am CECAD und Forschungsgruppenleiter am Zentrum für Molekulare Medizin Köln (CMMC). Dr. Philipp Antczak ist Nachwuchswissenschaftler und Mitglied im Career Advancement Program (CAP) am Zentrum für Molekulare Medizin (CMMC). Die Arbeit wurde von der CECAD Proteomics Facility und durch die teilnehmenden Patient\*innen möglich gemacht.

**Originalpublikation:**

<https://www.nature.com/articles/s41467-025-61887-8>