

## Krankhaft veränderte Proteinmuster sicher erkennen

**Proteinmuster können Aufschluss über viele Erkrankungen geben / Forscher\*innen des Universitätsklinikums Freiburg beschreiben jetzt, wie diese Muster in Patient\*innenproben sicher erfasst werden können / Wichtig für künftige Diagnostik und Therapie**

In Krankheiten wie Krebs weisen die erkrankten Zellen oft deutliche Unterschiede an Typ und Menge der vorhandenen Proteine auf. Doch während genomische Veränderungen immer öfter in der Diagnostik berücksichtigt werden, ist dies in der Proteinanalyse aufgrund ihrer enormen Komplexität bislang nur eingeschränkt möglich. Der rasante technische Fortschritt eröffnet jedoch neue Chancen, allerdings nur in Kombination mit neuen, geeigneten Auswertungsverfahren. Wie zuverlässig und anwenderfreundlich die verschiedenen Verfahren sind, kann sich aber insbesondere bei der Untersuchung echter Patient\*innenproben stark unterscheiden. Welche Kombination an Verfahren besonders gut geeignet ist, um die veränderten Proteinmuster in Erkrankungen zu erfassen, haben Forscher\*innen des Universitätsklinikums Freiburg nun gezeigt. Für die Analyse verglichen sie fast drei Millionen Auswertungen. Sie konnten dabei auch zeigen, dass bestimmte Open-Source-Programme für die Analyse der komplexen Daten sehr erfolgreich eingesetzt werden können. Die Studie erschien am 12. Mai 2022 im Fachmagazin *Nature Communications*.

„Unsere Studie zeigt sehr deutlich, dass die Protein-Analyse ein geeignetes Mittel sein kann, um die Diagnostik, beispielsweise zu Krebs, künftig weiter zu verfeinern. Aber auch für viele andere Krankheiten wie Herz-Kreislauf-Erkrankungen könnte diese Form der Diagnostik künftig relevant werden“, sagt Ko-Studienleiter Prof. Dr. **Oliver Schilling**, Heisenberg-Professor für Translationale Proteomics am Institut für Klinische Pathologie des Universitätsklinikums Freiburg.

### Grundlage für neue Diagnose-Ansätze

Die Forscher\*innen untersuchten Lymphknotengewebe von 92 Krebspatient\*innen. Mittels Massenspektrometrie bestimmten sie Typ und Menge von mehr als 7.000 Proteinen. Die Messergebnisse analysierten sie gemeinsam mit Wissenschaftler\*innen des Instituts für Biometrie und Statistik des Universitätsklinikums Freiburg und verglichen dabei 1.400 verfügbare Auswertprogramme in jeweils rund 2.100 unterschiedlichen Datensätzen. In der Studie zeigen sie nun, welche der rund 1.400 Kombinationen für die Analyse menschlicher Proben geeignet sind und welche nicht. „Damit haben wir eine wichtige Grundlage für die Entwicklung neuer Diagnostikverfahren geschaffen“, ergänzt Ko-Studienleiter Dr. **Clemens Kreutz**, Wissenschaftler am Institut für Medizinische Biometrie und Statistik (IMBI) des Universitätsklinikums Freiburg. In internationalen Forschungsverbänden gehen sie weiter der Frage nach, ob sich anhand entsprechend veränderter Proteinmuster der Verlauf oder ein Ansprechen auf eine Therapie absehen lässt.

**Original-Titel der Studie:** Benchmarking of analysis strategies for data-independent acquisition proteomics using a large-scale dataset comprising inter-patient heterogeneity

**DOI:** 10.1038/s41467-022-30094-0

**Link zur Studie:** [www.nature.com/articles/s41467-022-30094-0](https://www.nature.com/articles/s41467-022-30094-0)