

Neue Erkenntnisse zur Vorhersagekraft von Genexpressions-Signaturen bei Brustkrebs

Wird bei einer Frau Brustkrebs diagnostiziert, stellt sich die schwierige Frage, welche Behandlungsart die richtige ist. Ärztinnen und Ärzte nutzen neben weiteren Methoden auch sogenannte Genexpressionstests, um eine Prognose zum Krankheitsverlauf zu erstellen und darauf aufbauend eine geeignete Therapie auszuwählen. Wie verlässlich diese Tests sind, ist jedoch bislang nicht vollständig geklärt. Wissenschaftler:innen von der Universität Leipzig und der Pathologie Hamburg-West haben jetzt mithilfe von maschinellem Lernen große Datenmengen zu dieser Fragestellung analysiert und festgestellt, dass Genexpressions-Signaturen zwar eine hohe, aber keine vollständige Prognosesicherheit bieten.

Genexpressions-Signaturen beschreiben die Aktivitätsmuster von Genen. Im Falle einer Krebserkrankung können sie genutzt werden, um Vorhersagen darüber zu treffen, wie sich Tumore entwickeln. Sie sind somit für die Klassifizierung verschiedener Krebsarten, die Bestimmung der Prognose und die Festlegung der Behandlungsstrategien von entscheidender Bedeutung.

Prognosen anhand großer Datenmengen überprüft

Die aktuelle Studie von Dimitrij Tschodu, Doktorand am Peter-Debye-Institut für Physik der weichen Materie der Universität Leipzig, entstand in enger Zusammenarbeit mit Prof. Dr. Axel Niendorf von der Pathologie Hamburg-West und ist vor Kurzem in der renommierten Fachzeitschrift „Scientific Reports“ erschienen. Tschodu und seine Kolleg:innen analysierten etwa 10.000 Signaturen basierend auf renommierten Brustkrebs-Datenbanken unter Verwendung verschiedener Modelle des maschinellen Lernens, um ihre prognostische Kapazität gründlich zu bewerten.

Die Studienergebnisse zeigen, dass die untersuchten Genexpressions-Signaturen in nicht mehr als 80 Prozent der Fälle zu einer korrekten Patientenprognose führen. Die Forschenden weisen außerdem darauf hin, dass in Prognosen, die ausschließlich auf Genexpressions-Signaturen basieren, weniger als 50 Prozent der potenziell verfügbaren Informationen berücksichtigt sind. Sie empfehlen daher, zusätzlich zu Genexpressionstests weitere Parameter heranzuziehen. „Obwohl unsere Ergebnisse die Bedeutung von Genexpressions-Signaturen für die Vorhersage der Patientenprognose bestätigen, betonen sie auch die dringende Notwendigkeit eines ganzheitlichen Ansatzes, der molekulare, klinische, histologische und andere ergänzende Faktoren berücksichtigt, um eine genaue Prognose sicherzustellen“, erklärt Tschodu.

Ganzheitlicher Ansatz bei der Prognose notwendig

„Die Ergebnisse dieser Studie sind entscheidend für das Verständnis der Grenzen von Genexpressions-Signaturen bei der Krebsprognose,“ ergänzt Prof. Dr. Josef Käs, Leiter der Abteilung für Physik der weichen Materie an der Universität Leipzig. „Obwohl Genexpressions-Signaturen zweifellos wertvoll sind, verdeutlichen unsere Ergebnisse die Notwendigkeit eines ganzheitlichen Ansatzes, um präzise Prognosen zu erstellen und fundierte Behandlungsentscheidungen zu treffen.“

Die Veröffentlichung ist dem Forschungsbereich „Physics of Cancer“ zuzuordnen, der Krebs aus

einer physikalischen Perspektive betrachtet und auch die Mechanik von Zellen und Geweben untersucht. Käs sagt dazu: „Diese neue Studie unterstreicht die Bedeutung der ‚Physics of Cancer‘ im medizinischen Bereich und die Notwendigkeit einer interdisziplinären Zusammenarbeit, um innovative Lösungen für die Herausforderungen in der Krebsbehandlung zu finden.“ Erst vor Kurzem hatte eine Forschungsgruppe um Prof. Käs und Prof. Niendorf neue Erkenntnisse aus diesem Bereich veröffentlicht, die eine präzisere Diagnostik der Streuung und Bildung von Metastasen bei Brusttumoren befördern können.

Originalpublikation:

Originaltitel der Veröffentlichung in Scientific Reports: “Re-evaluation of publicly available gene-expression databases using machine-learning yields a maximum prognostic power in breast cancer”, <https://www.nature.com/articles/s41598-023-41090-9>

Weitere Informationen:

<https://www.uni-leipzig.de/newsdetail/artikel/forschende-entwickelten-neuen-marker-fuer-beweglichkeit-von-krebszellen-2023-07-11>