

Neue Methode, um Auswirkungen degenerativer Erkrankungen auf einzelne Zellen zu untersuchen

Kölner Wissenschaftler*innen entwickeln eine Methode, um Schäden auf der Ebene einzelner Zellen nachzuverfolgen. Die Studie eröffnet neue Wege, um altersbedingte degenerative Erkrankungen zu erforschen / Veröffentlichung in „Cell Genomics“

Wissenschaftler*innen der Universität zu Köln, des Universitätsklinikums Köln und des Max-Planck-Instituts für Stoffwechselforschung haben eine Methode entwickelt, mit der sich Schäden an einzelnen Zellen erstmals präzise quantifizieren lassen. Die Methode nutzt molekulare Marker, konkret die Genexpression, und ermöglicht damit Krankheitsverläufe detailliert in einzelnen Gewebeproben, etwa einer Biopsie, zu analysieren. Die Studie „Cell-type-specific damage scores reveal kidney and liver disease trajectories in single-cell and spatial transcriptomics“ ist im Journal Cell Genomics erschienen.

Die Methode basiert auf einem computergestützten Ansatz, der spezielle Marker-Gene identifiziert, um Schäden an Nierenzellen (Podocyten) und Leberzellen (Hepatozyten) zu messen. Beide Zelltypen sind von zentraler Bedeutung für altersbedingte Erkrankungen. „Unser Konzept funktioniert mit Einzelzell-RNA-Sequenzierungsdaten sowie mit räumlichen Transkriptom-Daten. Somit ist die Methode universell einsetzbar – auch für andere Zelltypen und Organe“, sagt Professor Dr. Andreas Beyer vom Exzellenzcluster für Alternsforschung CECAD, der die Studie leitete.

Hinter der Studie steht eine enge Zusammenarbeit zwischen Grundlagenforschung und klinischer Medizin. Beyer, Experte für computergestützte Biologie, und Dr. Martin Kann, Nephrologe, starteten das Projekt mit dem Ziel, langsam fortschreitende degenerative Erkrankungen besser zu verstehen. Mittlerweile haben sich weitere Teams, darunter Leber- und Stoffwechselexpert*innen, dem Konsortium angeschlossen.

Die Methode ermöglicht es nun, frühe Krankheitsmechanismen von späteren Veränderungen zu unterscheiden oder sogar patientenspezifische von generellen Krankheitsverläufen abzugrenzen. „Das ist ein wichtiger Schritt, um Therapien präziser auf individuelle Bedürfnisse abzustimmen“, erklärt Kann.

„Mit unserer Methode können wir Zellen quasi nach ihrem Schädigungsgrad sortieren – und dann am Computer analysieren, welche biologischen Prozesse zeitlich nacheinander auftreten. So lassen sich kritische Frühphasen identifizieren, in denen eine Intervention besonders wirksam wäre“, ergänzt Beyer.

Die Anwendungsmöglichkeiten der Methode sind vielfältig. Zum Beispiel entwickeln die Wissenschaftler*innen die Methode nun weiter, um Krankheitsverläufe bei Patient*innen besser vorhersagen zu können.

Originalpublikation:

<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2666979X26001990>