

Neue Methode zur Analyse von Wechselwirkungen

Molekularmediziner/innen der ÖAW entwickelten ein neues mathematisches Modell, das präzise beschreibt, wie sich Medikamente gegenseitig beeinflussen. Ihre Analyse von über 30.000 auf Zelllinien angewendeten Arzneimittelpaaren identifizierte 1.832 Wechselwirkungen zwischen 242 verschiedenen Medikamenten und wirft ein neues Licht darauf, wie Arzneien die zugrundeliegenden molekularen Netzwerke stören. Die Ergebnisse wurden nun in der Fachzeitschrift „Nature Communications“ veröffentlicht.

Die Kombination von zwei oder mehr Medikamenten kann sowohl wirksame Behandlung verschiedener Krankheiten wie Krebs sein, als auch in falscher Kombination zu schwerwiegenden Nebenwirkungen führen. Wie sich verschiedene Medikamente gegenseitig beeinflussen, ist bisher in vielen Bereichen weitgehend ungeklärt. Dieses Verständnis wäre daher ein wichtiger Schritt für bessere Behandlungen von Krankheiten.

Auf molekularer Ebene beeinflussen Medikamente verschiedene zelluläre Prozesse in unserem Körper. Diese Prozesse werden durch ein komplexes Netzwerk molekularer Interaktionen, das sogenannte Interaktom, gesteuert. In den letzten Jahren haben zahlreiche Studien einen engen Zusammenhang zwischen der Struktur des Interaktoms und der Struktur der molekularen Vorgänge in der Zelle aufgezeigt.

Effektivere Arzneimitteltherapien möglich

Dies eröffnete vielversprechende Möglichkeiten, mit netzwerkbasierenden Ansätzen den Unterschied von Gesundheits- zu Krankheitszuständen zu untersuchen. Diesem Trend folgend entwickelten Forscher/innen am [CeMM – Forschungszentrum für Molekulare Medizin der Österreichischen Akademie der Wissenschaften \(ÖAW\)](#) ein neuartiges mathematisches Modell, um genau zu bestimmen, wie sich verschiedene Störungen des Gesamtnetzwerkes der molekularen Wechselwirkungen gegenseitig beeinflussen.

Die neue Studie stellt den ersten allgemeinen Lösungsansatz dar, um genau zu quantifizieren, wie Medikamente miteinander interagieren. „Wir haben eine völlig neue Methodik zur Klassifizierung von Arzneiwechselwirkungen entwickelt“, ist Studien-Erstautor Michael Caldera überzeugt. Diese Methodik könnte auch auf andere wichtige Herausforderungen angewendet werden, wie z.B. die Analyse der kombinierten Auswirkungen genetischer Variationen oder die Vorhersage der Wirkung eines Medikaments auf einen bestimmten Krankheitsphänotyp. Die Forschungsergebnisse eröffnen somit neue Perspektiven für das Verständnis und die Entwicklung effektiverer Arzneimitteltherapien in der Zukunft.

Auf einen Blick

Publikation

„Mapping the perturbome network of cellular perturbations“, Michael Caldera, Felix Müller, Isabel Kaltenbrunner, Marco P. Licciardello, Charles-Hugues Lardeau, Stefan Kubicek und Jörg Menche, Nature Communications, 2019
DOI: 10.1038/s41467-019-13058-9.

Die Studie wurde durch den Wiener Wissenschafts-, Forschungs- und Technologiefonds (WWTF) finanziert.