Von Inseln zu Brücken: Blutanalysen vereinheitlichen

Greifswalder Publikation in der Fachzeitschrift Nature Genetics

Blut kann viel verraten. Es gibt Hinweise zu möglichen Entzündungen, Gerinnungsstörungen oder bestimmten Organfunktionen. Es enthält tausende Eiweiße, also Blutproteine, die verraten können, ob ein Mensch gesund ist oder nicht.

Doch obwohl moderne Labortechnologien enorme Datenmengen liefern, gibt es ein Problem: Die Ergebnisse aus verschiedenen Studien lassen sich kaum vergleichen. Unterschiedliche Methoden und Probenstandards verhindern, dass die Daten zu einem großen Ganzen zusammengefügt werden. Ein Forschungsteam der Universitätsmedizin Greifswald hat zusammen mit weiteren internationalen Forschenden nun ein Konzept entwickelt, das die Analyse von Blut weltweit vergleichbar machen soll. Es wurde in der renommierten Fachzeitschrift Nature Genetics vorgestellt.

„Einheitliche Standards können helfen, Krankheiten frühzeitig zu erkennen oder genau zu erfassen, wie bestimmte Therapien wirken“, betont Prof. Uwe Völker, Abteilungsleiter der Funktionellen Genomforschung. Die bisherige Proteomik – also die Erforschung aller Proteine, die in einer Zelle oder einem Organismus vorliegen – ähnle einer Sammlung von Inseln. Unterschiedliche Instrumente, Messmethoden und Probenstandards führen zu heterogenen Datensätzen. „Jede Studie mit ihren jeweiligen Standards und Ergebnissen ist für sich zwar wertvoll“, so Völker, „doch die Ergebnisse sind kaum miteinander vergleichbar.“ Zudem erschwere es die Anwendung proteomischer Erkenntnisse im klinischen Bereich.

Das wollte das internationale Forschungsteam nun ändern: In ihrer aktuellen Publikation in der Fachzeitschrift Nature Genetics präsentierte es ein standardisiertes Framework für die Blutproteomforschung. Dieses Rahmenwerk soll durch den Einsatz von Referenzproben die Vergleichbarkeit von Ergebnissen sicherstellen. Es ist technologieunabhängig und kann daher in allen Plattformen als Standardkontrollen eingesetzt werden. „In unserer Arbeit schlagen wir zwei Arten von Referenzmaterialien vor“, erklärt Völker, „zum einen das sogenannte donor-basierte Plasma, das aus Blutspenden verschiedener Bevölkerungsgruppen zusammengestellt wird, und zum anderen synthetische Proben, die gezielt hergestellte Proteine oder Peptide enthalten.“

Solche Standards würden künftig mit jeder Analyse parallel gemessen, sodass Ergebnisse aus unterschiedlichen Laboren, Technologien und Studien miteinander abgeglichen werden können. „Mit Referenzproben bauen wir also Brücken und schaffen eine gemeinsame Basis“, hebt der Biologe hervor.
Dies habe direkten Einfluss auf die Patientenversorgung. So erleichtern die Standards die Suche nach neuen Biomarkern – das sind messbare Indikatoren, die Hinweise auf den Gesundheitszustand von Patientinnen und Patienten geben können. Sie spielen eine Rolle bei der Früherkennung von bestimmten Erkrankungen wie Alzheimer. Therapien können personalisierter angewendet werden, weil Biomarker im Blut anzeigen, ob ein Patient auf ein Medikament anspricht oder ob eine andere Behandlung besser geeignet ist.
„Das ist Medizin der Zukunft“, betont Prof. Karlhans Endlich, Wissenschaftlicher Vorstand der Unimedizin Greifswald. Denn für die Patientinnen und Patienten bedeuten die einheitlichen Standards präzisere, frühere und individuell zugeschnittene Diagnosen und Therapien – „und damit eine personalisierte Medizin, die weit über die heutigen Standard-Bluttests hinausgeht.“ Prof. Uwe

Alle Rechte: © MedWiss.Online / HealthCom | MWI | www.medwiss.de

Völker ergänzt: „Langfristig könnten so auch künstliche Intelligenzen mit vergleichbaren Datensätzen trainiert werden und Ärzte weltweit bei Diagnosen und Prognosen unterstützen.“

Originalpublikation:

Nature Genetics
Perspective, Published: 23 September 2025
A standardized framework for circulating blood proteomics
https://www.nature.com/articles/s41588-025-02319-7

Alle Rechte: © MedWiss.Online / HealthCom | MWI | www.medwiss.de