Fortschritt in der Krebsforschung: Neue Software erleichtert die Analyse komplexer Gewebebilder

Dank moderner Bildgebungsverfahren ist es inzwischen möglich, mit nur einer Gewebeprobe zu ermitteln, welche Zellen im Gewebe vorhanden sind und wie diese organisiert sind. Ein Fortschritt, der die Diagnostik und Erforschung verschiedener Erkrankungen maßgeblich vereinfacht hat. Ein interdisziplinäres Forschungsteam der Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf (HHU), des Universitätsklinikums Düsseldorf (UKD) und des Europäischen Laboratoriums für Molekularbiologie (EMBL) hat nun eine Software entwickelt, die bei der Analyse dieser Ergebnisse künftig unterstützen soll. Ihre Ergebnisse veröffentlichten die Forschenden nun in der renommierten Fachzeitschrift Nature Methods.

Moderne Mikroskopiemethoden ermöglichen es, durch die multiparametrische Bildgebung, eine Art Landkarte von Gewebeproben zu erstellen, die bei der Untersuchung des Gewebes eingesetzt und so zum Beispiel zur Diagnostik genutzt werden können. Dabei betrachten Wissenschaftler mehrere Aspekte, wie zum Beispiel die Häufigkeit oder räumliche Verteilung unterschiedlicher Zelltypen. Gerade für die Krebsforschung ist dies besonders relevant, denn Krebszellen sind nicht isoliert, sondern stehen in engem Austausch mit Immunzellen, Blutgefäßen und Bindegewebszellen. Die räumliche Anordnung dieser Zellen kann beeinflussen, wie eine Erkrankung verläuft und wie gut eine Therapie wirkt. Im Unterschied zu klassischen Untersuchungen, bei denen meist nur wenige Merkmale gleichzeitig betrachtet werden, ermöglichet die multiparametrische Bildgebung die detaillierte Charakterisierung vieler Tausend bis Millionen einzelner Zellen und kann so die Forschung und Diagnostik von Krebserkrankungen vereinfachen.

Doch die Auswertung dieser Aufnahmen ist komplex: Die verschiedenen Zelltypen müssen identifiziert, gemessen und gezählt werden. Erst dann kann untersucht werden, welche Zellen Auffälligkeiten zeigen, zum Beispiel in Form von räumlichen Häufungen. Bisher waren hierfür mehrere Programme und aufwendig angepasste Analyseschritte notwendig. Durch die neue Software spatialproteomics, die die Forschenden rund um Erstautor Matthias Meyer-Bender (EMBL) nun in der renommierten Fachzeitschrift *Nature Methods* vorstellten, soll dieses Verfahren künftig deutlich vereinfach werden. Sie ermöglicht es, die verschiedenen Arbeitsschnitte zu bündeln und begleitet die Analyse der ursprünglichen Mikroskopiebilder.

In ihrem Paper demonstrierten Matthias Meyer-Bender, Dr. Peter-Martin Bruch (geteilter Letztautor, HHU, UKD) und ihr Team die Arbeitsweise der Software am Beispiel von B-Zell Non-Hodgkin Lymphomen. Durch die Verwendung der Software war es möglich, die Verteilung unterschiedlicher Zelltypen innerhalb einer Biopsie zu analysieren. So konnte spatialproteomics bei der Unterscheidung zwischen gut- und bösartigen Lymphomen unterstützen.

„Einfach zugängliche Analyseprogramme sind eine wichtige Voraussetzung dafür, dass neue Bildgebungstechnologien breit eingesetzt werden können. Sie reduzieren technische Einstiegshürden, verbessern die Vergleichbarkeit von Untersuchungen und erleichtern es, komplexe Daten reproduzierbar auszuwerten“, erläutert Erstautor Meyer-Bender. Bruch ergänzt: „Damit kann spatialproteomics nicht nur die Lymphomforschung unterstützen, sondern grundsätzlich für die Untersuchung unterschiedlicher Tumorerkrankungen, entzündlicher Prozesse und anderer komplexer Gewebe eingesetzt werden.“

Als besonderen Erfolg wertet Bruch die interdisziplinäre Zusammenarbeit zwischen der HHU und dem UKD und dem EMBL. „Wir konnten die klinische und experimentelle Expertise aus Düsseldorf mit der methodischen Kompetenz des EMBL in Bioinformatik, Datenwissenschaft und Softwareentwicklung verbinden. Diese enge Zusammenarbeit war entscheidend, um ein Werkzeug zu schaffen, das sowohl technisch leistungsfähig als auch an konkreten biologischen und medizinischen Fragestellungen ausgerichtet ist“, freut sich Bruch.

Die Software ist frei verfügbar, um so möglichst viele Forschungsprojekte unterstützen zu können. Neben der HHU, dem UKD und dem EMBL waren außerdem die Universität Heidelberg und das Center für integrierte Onkologie (CIO) Aachen, Bonn, Köln, Düsseldorf beteiligt.

Publikation

M. Meyer-Bender, et al., Spatialproteomics: an interoperable toolbox for analyzing highly multiplexed fluorescence image data, *Nature Methods* 2026.
DOI: 10.1038/s41592-026-03155-1

Pressemitteilung

27.07.2026
Quelle: Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf

Weitere Informationen

- Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf
- European Molecular Biology Laboratory (EMBL)