



Aktuelle Ergebnisse der  
**Gesundheitsforschung**

März  
2021

### Aus dem Inhalt

- Neues Testverfahren ermöglicht eine gezieltere Sepsis-Behandlung ..... 5
- REGIMS-Register erhöht Therapie-sicherheit bei Multipler Sklerose ..... 10
- Künstliche Intelligenz verbessert Behandlung von COPD ..... 13
- Hepatitis D wird endlich behandelbar ..... 18
- 5 Fragen an Professor Dr. Michael Baumann ..... 21

# Inhaltsverzeichnis

<b>Aktuelle Themen</b>	<b>2</b>
<hr/>	
PREPARE: Ein Forschungsnetzwerk für seltene Koordinationsstörungen .....	2
Neues Testverfahren ermöglicht eine gezieltere Sepsis-Behandlung .....	5
SYSIMIT: Ein Computermodell für die medizinische Forschung .....	8
REGIMS-Register erhöht Therapiesicherheit bei Multipler Sklerose .....	10
Künstliche Intelligenz verbessert Behandlung von COPD .....	13
<b>Neues aus den Deutschen Zentren der Gesundheitsforschung</b>	<b>15</b>
<hr/>	
Gemeinsam im Bilde mit der Joint Imaging Platform .....	15
Hepatitis D wird endlich behandelbar .....	18
<b>Nationale Dekade gegen Krebs</b>	<b>21</b>
<hr/>	
5 Fragen an Professor Dr. Michael Baumann .....	21

## Aktuelle Themen

# PREPARE: Ein Forschungsnetzwerk für seltene Koordinationsstörungen

**Genetisch vererbte Ataxien sind sehr schwer zu erforschen. Um den Betroffenen trotzdem helfen zu können, haben internationale Forschungsgruppen eine systematische Forschungsstrategie geschaffen, die Therapiestudien ermöglicht und bereits erste Erfolge zeigt.**

Leichte Störungen der Bewegungsabläufe – etwa beim Gehen oder Stehen – sind oft die ersten Anzeichen einer Koordinationsstörung, einer sogenannten Ataxie. Schreitet die Erkrankung fort, leidet auch das Sprech- und Schluckvermögen. Viele Betroffene können zu diesem Zeitpunkt bereits nicht mehr ohne Unterstützung laufen oder richtig greifen.

### PREPARE-Netzwerk

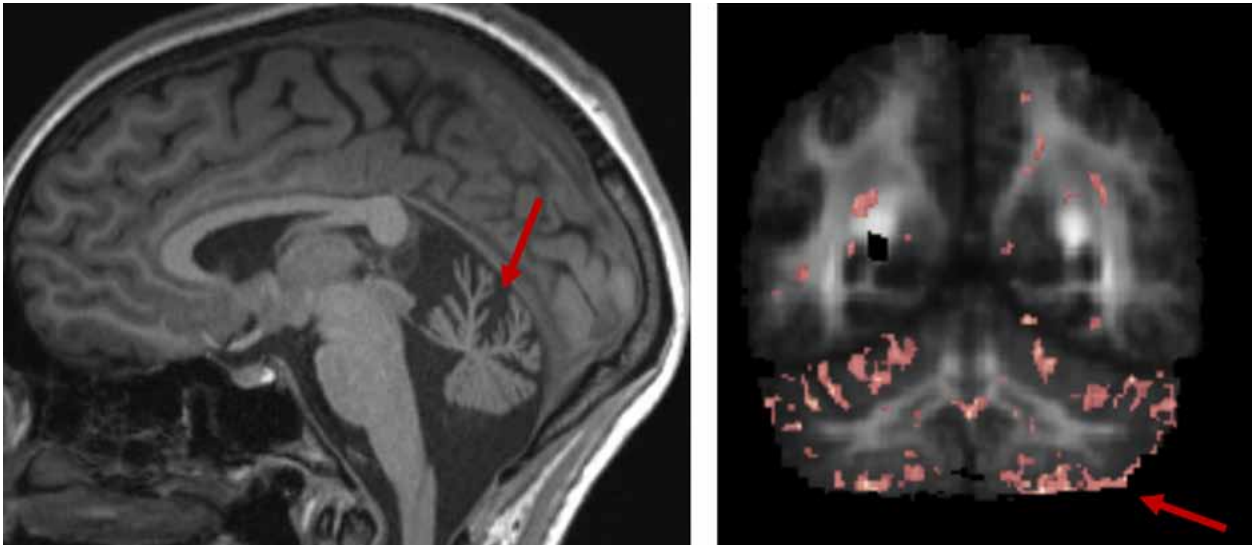


Das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) förderte den Aufbau und die Etablierung des PREPARE-Netzwerkes im Rahmen der ERA-Net Initiative E-Rare von 2016 bis 2019 mit rund 350.000 Euro. Unter der Koordination des Hertie-Instituts für klinische Hirnforschung ist das Netzwerk seit seiner Gründung kontinuierlich gewachsen.

Ataxien können sehr unterschiedliche Ursachen haben. Ihnen ist gemein, dass Teile des Nervensystems geschädigt werden, beispielsweise aufgrund einer Verletzung oder einer Tumorerkrankung. Wesentlich seltener sind genetische Ursachen. Deshalb sind die genetisch bedingten Formen der Ataxie sehr schwer zu erforschen und es fehlen bislang wirkungsvolle Therapieoptionen.

Professor Dr. Matthis Synofzik und sein Team des Hertie-Instituts für klinische Hirnforschung in Tübingen forschen zu einer besonders seltenen Gruppe von genetisch bedingten Ataxien, den „autosomal-rezessiven cerebellären Ataxien“ (ARCAs). Diese werden über einen gemeinsamen Mechanismus vererbt, allerdings durch unterschiedliche genetische Veränderungen hervorgerufen. Zwar sind mehr als 100 verschiedene Formen dieser Erkrankungen bekannt, doch oft gibt es nur eine Handvoll betroffene Familien weltweit. Alle genetisch bedingten Formen zusammengenommen leiden etwa drei bis sechs von 100.000 Menschen unter diesen Erkrankungen, die im fortgeschrittenen Stadium dazu führen können, dass die Betroffenen bettlägerig werden und sich nicht mehr selbst versorgen können.

Das Ziel der Tübinger Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler ist es, systematische Therapiestudien für Menschen mit ARCAs zu ermöglichen. Dafür arbeiten sie eng mit sieben weiteren internationalen Partnern im PREPARE-Netzwerk zusammen, um ausreichend viele Erkrankte rekrutieren zu können und geeignete Voraussetzungen für hochqualitative Studien zu schaffen. „Inzwischen ist das PREPARE-Register das größte ARCA-Register weltweit – mehr als 20 europäische und amerikanische Zentren sind daran beteiligt. Wir konnten bereits die Daten von mehr als 1.000 Patientinnen und Patienten zusammenführen und auswerten. Das ist ein enormer Erfolg für derart seltene und komplexe Erkrankungen“, fasst Synofzik die bisherigen Erfolge zusammen.



Das Kleinhirn von Betroffenen mit COQ8A-Ataxie zeigt einen fortschreitenden Nervenzellabbau, sodass es immer dünner wird, gleich einem Baum im Winter (Pfeil linke Abbildung). Dies betrifft nahezu alle Anteile der äußeren Nervenzellschichten des Kleinhirns (Pfeil rechte Abbildung), aber auch teilweise des Großhirns (rote Markierungen rechte Abbildung).

### Eine systematische Strategie sichert die wissenschaftliche Aussagekraft

Um geeignete Voraussetzungen für aussagekräftige Therapiestudien zu schaffen, entwickelten die Forschenden des PREPARE-Netzwerks eine eigene Strategie. Diese sieht vor, dass zunächst einmal alle Patientinnen und Patienten genetisch charakterisiert und klassifiziert werden. Findet sich bei den Erkrankten keine der bereits bekannten genetischen Veränderungen, so wird im Erbgut gezielt nach weiteren Ursachen gesucht. Mehr als zehn neue Gene im Zusammenhang mit der Ataxie-Entstehung konnten die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler so bereits identifizieren und im Tiermodell bestätigen – zuletzt das Gen PRDX3. Diese Ataxie-Erkrankung, die auf eine Veränderung in diesem speziellen Gen zurückzuführen ist, lässt sich möglicherweise mit Medikamenten behandeln, die bereits für andere Erkrankungen zugelassen sind. Die Partner des Netzwerks planen nun erste Untersuchungen mit den entsprechenden Substanzen.

Um den Erfolg einer möglichen Therapie sicher beurteilen zu können, ist es zudem wichtig, den natürlichen Krankheitsverlauf möglichst genau zu kennen. Nur dann lassen sich sogenannte Endpunkte definieren. Gemeint sind bestimmte Stadien oder Zeitpunkte der Erkrankung, an denen sich der Behandlungserfolg messen lässt – beispielsweise das Ausbleiben bestimmter Symptome oder ein verlangsamtes Fortschreiten der Erkrankung. Für einige

der unterschiedlichen ARCAs-Formen konnten die beteiligten Forscherteams diese Endpunkte bereits erfolgreich definieren.

Ein weiterer Baustein der Strategie des Netzwerks ist die Entwicklung und Etablierung von Zell- und Tiermodellen, die den Krankheitsverlauf darstellen. Die Krankheitsmodelle sind notwendig, um zu untersuchen, ob die potenziellen Therapiesubstanzen die gewünschte Wirkung zeigen und den Betroffenen nicht schaden. Erst wenn diese Voruntersuchungen erfolgreich abgeschlossen sind, können Therapiestudien mit Erkrankten durchgeführt werden.

### Therapieoptionen für eine seltene Form der Ataxie in Sicht

Wie effektiv die Strategie des PREPARE-Netzwerks ist, konnten die Forschenden exemplarisch für die COQ8A-Ataxie bereits unter Beweis stellen. Bei dieser Ataxie ist das Gen COQ8A verändert; infolgedessen wird das Coenzym Q10 nicht mehr ausreichend oder nur fehlerhaft vom Körper gebildet. „Wir haben diese ARCAs-Form gewählt, da es hier bereits eine mögliche Therapieoption gibt: das Nahrungsergänzungsmittel Coenzym Q10. Es wird in nahezu jedem Drogeriemarkt angeboten, seine Wirkung bei COQ8A-Ataxie wurde bislang allerdings noch nicht wissenschaftlich geprüft. Mit unseren vorläufigen Untersuchungen konnten wir bereits zeigen, dass es acht von elf Menschen, die unter einer COQ8A-Ataxie leiden, helfen kann. Wir suchen jetzt nach chemischen Formen

## Seltene Erkrankungen



Allein in Deutschland leben rund vier Millionen Menschen mit einer Seltenen Erkrankung. Per Definition ist eine Erkrankung selten, wenn weniger als fünf von 10.000 Menschen betroffen sind. Viele der mehr als 6.000 Seltenen Erkrankungen sind noch weitgehend unerforscht und es bestehen oftmals nur unzureichende Diagnose- und Therapiemöglichkeiten.

Aufgrund der geringen Anzahl an Betroffenen pro Seltener Erkrankung ist die fächerübergreifende und internationale Forschung zu diesem Themengebiet besonders wichtig. Deshalb beteiligt sich das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) an europäischen Förderinitiativen zu Seltenen Erkrankungen wie E-RARE und EJP RD. Seit 2007 wurden zwölf gemeinsame Fördermaßnahmen durchgeführt, die das BMBF mit bislang 35 Millionen Euro gefördert hat. Es fördert zudem seit 2003 deutschlandweit vernetzte Forschergruppen. In der nunmehr vierten Förderphase (2019 bis 2022) werden elf Forschungsverbände mit insgesamt 65 Projektgruppen und einer Gesamtsumme von 33 Millionen Euro gefördert.

Auch die vom BMBF initiierte Medizininformatik-Initiative widmet sich den Seltenen Erkrankungen. Der mit rund 6 Millionen Euro geförderte Anwendungsfall CORD-MI will digitale Informationen aus Diagnostik, Therapie und Forschung datenschutzkonform nutzen, um die Lebensqualität von Menschen mit Seltenen Erkrankungen zu verbessern.

dieser Substanz, die die betroffenen Nervenzellen noch besser erreichen können“, erläutert Synofzik. Im nächsten Schritt wollen die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler die Wirkung von Coenzym Q10 in einer klinischen Studie mit einer Kontrollgruppe testen.

Für die bereits durchgeführten Untersuchungen rekrutierten die Tübinger Forschenden und ihre internationalen Partner 59 Patientinnen und Patienten mit dieser Form der Ataxie und untersuchten sie genauer. Dabei fanden sie 44 kritische genetische Veränderungen, die möglicherweise unterschiedlich erfolgreich auf eine Coenzym Q10-Substitution ansprechen.

Zudem konnten sie zeigen, dass die Erkrankung im Vergleich zu anderen Ataxien langsamer verläuft – wobei es auch Kinder gibt, die derart schwer betroffen sind, dass sie nie richtig laufen lernen. Eine detaillierte Analyse zeigte darüber hinaus, dass im Verlauf der Krankheit gehäuft Symptome auftreten können, die bislang nicht für Ataxien beschrieben wurden, etwa Krampfanfälle und geistige Leistungsstörungen. Als klinische Endpunkte für die nun folgende klinische Therapiestudie konnten die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler zudem Gehirnveränderungen identifizieren, die im Kernspintomografen sichtbar sind und einen Ataxie-Score definieren, der einen Anstieg der Ataxie-Schwere widerspiegelt. Mithilfe dieses Scores konnten sie erstmals den genauen Wert der mittleren Zunahme der Ataxie-Schwere im Jahresverlauf ermitteln.

### Originalpublikation:

Traschütz, A., Schirinzi, T., Laugwitz, L. et al. Clinico-genetic, imaging and molecular delineation of COQ8A-ataxia: a multicenter study of 59 patients, *Annals of Neurology* 2020; 88(2): 251-263. doi: 10.1002/ana.25751

---

### Ansprechpartner:

Prof. Dr. Matthis Synofzik  
Abteilung für Neurologie und Hertie-Institut für klinische Hirnforschung  
Universitätsklinikum Tübingen  
Hoppe-Seyler-Straße 3  
72076 Tübingen  
Tel.: +49 7071 29-82060  
E-Mail: [matthis.synofzik@uni-tuebingen.de](mailto:matthis.synofzik@uni-tuebingen.de)

---



# Neues Testverfahren ermöglicht eine gezieltere Sepsis-Behandlung

**Sepsis ist eine lebensbedrohliche Komplikation. In einem BMBF-geförderten Projekt haben Jenaer Forschende eine Diagnostikmethode entwickelt, die innerhalb weniger Stunden Sepsis-Erreger identifizieren und das wirkungsvollste Antibiotikum bestimmen kann.**

Bei einer Sepsis, umgangssprachlich oft als Blutvergiftung bezeichnet, reagiert der Organismus auf eine Infektion, die meist durch Bakterien, in zunehmendem Maße aber auch durch Viren oder Pilze verursacht wird. Gelangen die Eindringlinge oder ihre Stoffwechselprodukte in die Blutgefäße, können sie sich im ganzen Organismus verteilen, eine systemische Entzündung hervorrufen und letztendlich viele Organe gleichzeitig schädigen – es kommt zu einem sogenannten Multiorganversagen. Unbehandelt endet eine Sepsis meist tödlich. Aber selbst nach erfolgreicher intensivmedizinischer Behandlung können Spätschäden bleiben. In Deutschland erkranken jährlich ca. 280.000 Menschen an Sepsis, fast ein Viertel dieser Patientinnen und Patienten stirbt daran.

## Erreger schneller erkennen

Besonders wichtig ist es, die Erreger möglichst schnell mit den richtigen Medikamenten zu bekämpfen. Dafür muss aber bekannt sein, welcher Erreger die Sepsis ausgelöst hat. Bei den heutigen Diagnosemethoden dauert es über einen Tag bis zum Ergebnis. In der Zwischenzeit wird mit hoch dosierten Breitbandantibiotika behandelt – mit ungewissem Ausgang für die Patientinnen und Patienten und verbunden mit dem schwerwiegenden Risiko zunehmender Antibiotikaresistenzen vieler Bakterien.

Im Center for Sepsis Control and Care, kurz CSCC, hat ein interdisziplinäres Forschungsteam des Leibniz-Instituts für Photonische Technologien (Leibniz-IPHT) und des Universitätsklinikums Jena ein Verfahren entwickelt und getestet, das eine Zuordnung des Erregers und seiner möglichen Resistenzen bereits nach wenigen Stunden zulässt. Die Ergebnisse lassen zudem Rückschlüsse auf eine wirkungsvolle Therapie zu. „Eine potenziell lebensrettende Entwicklung – sowohl für den einzelnen Patienten als auch für das Gesundheitssystem“, urteilt Forschungspartner Professor Dr. Michael Bauer, der die Klinik für Anästhesiologie und Intensivmedizin am Universitätsklinikum Jena leitet und Sprecher des CSCC ist. „Denn sie könnte helfen, uns aus der Resistenz-Misere zu

befreien.“ Diese ist in der Tat ein Teufelskreis: Mit den Reserve- oder Breitbandantibiotika, mit denen Patientinnen und Patienten mit lebensbedrohlichen Infektionen unter Zeitdruck zunächst behandelt werden, schossen Medizinerinnen und Mediziner unter Umständen „mit Kanonen auf Spatzen“, so Bauer. „Das begünstigt das Entstehen neuer Resistenzen.“

## CSCC



Das Center for Sepsis Control and Care, kurz CSCC, ist eines von acht integrierten Forschungs- und Behandlungszentren (IFB), die vom Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) gefördert wurden. Das CSCC ist am Universitätsklinikum Jena angesiedelt und widmet sich der Erforschung von Sepsis und deren Folgeerkrankungen. IFBs sind Modellzentren für ein spezifisches Krankheitsgebiet. Grundlagenforschung wird hier mit klinischer Forschung verbunden und direkt mit der Patientenversorgung vereint. Dies ist ein entscheidender Schritt, um Ergebnisse aus der Forschung schneller in der Klinik umzusetzen, z. B. als neue und wirksamere Therapien. Deutschlandweit förderte das BMBF seit 2010 acht IFBs mit knapp 380 Millionen Euro. Dadurch wurden nachhaltige Strukturen geschaffen.

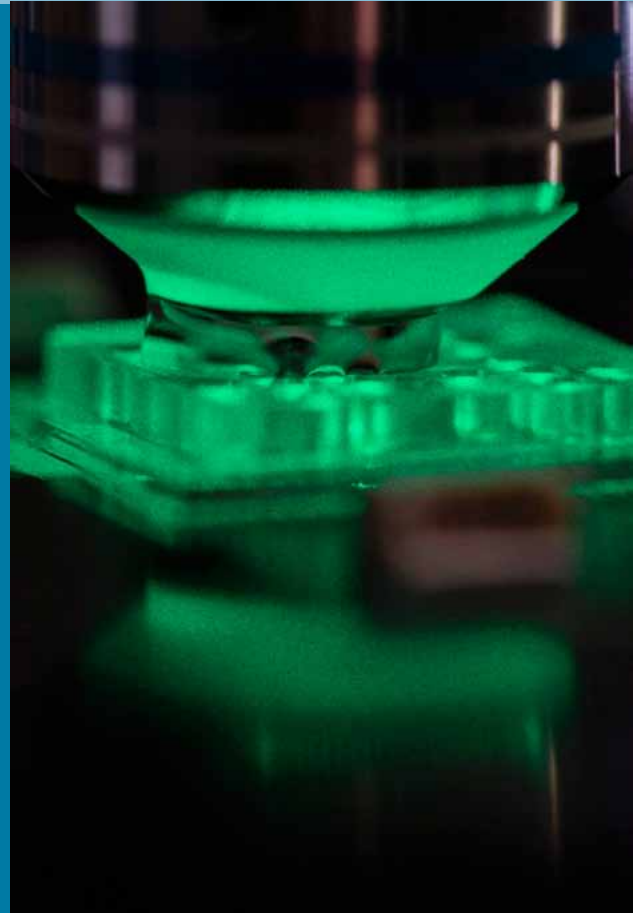
Die Forscherinnen und Forscher nutzten für ihr Testverfahren die spezifische Licht-Materie-Wechselwirkung. Die zugrunde liegende Idee ist das Prinzip der Raman-Spektroskopie, das auf einer Streuung von Laserlicht beruht. „Mithilfe des Laserlichts gewinnen wir einen molekularen Fingerabdruck des Erregers, den wir dann mit künstlicher Intelligenz auswerten“, erläutert Professor Dr. Jürgen Popp, wissenschaftlicher Direktor des Leibniz-IPHT, der die Erforschung des Verfahrens mit seinem Team vorangetrieben hat. „Dadurch können wir innerhalb kürzester Zeit feststellen, um welchen Erreger es sich handelt und welches Antibiotikum dagegen wirkt.“

## Raman-Spektroskopie



In der Spektroskopie nutzt man die spezifischen Wechselwirkungen von Licht und Materie und untersucht dann die daraus resultierenden veränderten physikalischen Eigenschaften des Lichts wie die Wellenlänge an sich oder die Intensität bestimmter Wellenlängen. Zum Messen wird dabei oft das Licht in einem Spektrometer in seine Bestandteile zerlegt, ähnlich wie das Sonnenlicht an einzelnen Regentropfen in seine unterschiedlichen Wellenlängen zerlegt wird und einen bunten Regenbogen bildet. Bei der Raman-Spektroskopie wird die zu untersuchende Materie mit einem Laser bestrahlt und das an den Molekülschwingungen unelastisch gestreute Licht gemessen. Für jedes Material ergibt sich dabei ein charakteristisches Muster, das die chemische Zusammensetzung in einem „spektroskopischen Fingerabdruck“ widerspiegelt. So lassen sich anhand des erhaltenen Spektrums auf die untersuchte Substanz rückschließen und Änderungen beispielsweise durch Einwirkung von Antibiotika direkt verfolgen.

Eine Bakterienprobe (z. B. aus einer Patientenurinprobe) wird im Raman-Mikrofluidik-Chip mit grünem Laserlicht unter einem Mikroskop bestrahlt. Das zurückgestreute Licht wird analysiert und liefert binnen weniger Stunden wertvolle Informationen über Identität und Antibiotikaresistenzen der in der Probe enthaltenen Bakterien.



### Kleinstlabor auf einem Chip

„Die Herausforderung bestand darin, die oft nur ein millionstel Meter kleinen bakteriellen Erreger direkt aus den komplexen Urinproben der Patientinnen und Patienten im Laserfokus zu fangen und zu charakterisieren“, sagt Professorin Dr. Ute Neugebauer. Sie hat am CSCC das Projekt maßgeblich durchgeführt und leitet derzeit dort die Core Unit Biophotonik und am Leibniz-IPHT die Forschungsabteilung Klinisch-Spektroskopische Diagnostik. Zur Probenvorbereitung und spektralen Analyse wurden mehrere Mikrofluidik-Chips entwickelt, die ein Labor in Kleinstform darstellen. So enthält ein am CSCC designer und am Leibniz-IPHT gefertigter Chip kleinste Elektroden und nutzt ungleichmäßige elektrische Felder, um die in der Probe verteilten Bakterien im Vorfeld der spektroskopischen Untersuchung an einer bestimmten Stelle im Chip anzureichern. Ein anderer, vom CSCC gemeinsam mit dem Biomedical Diagnostics Institute Dublin entwickelter, kostengünstiger Chip aus Kunststoff weist v-förmige

Fangstrukturen auf. In diesen können die Bakterien durch Zentrifugieren gesammelt und anschließend untersucht werden. Für solche Chipsysteme sind nur geringe Probenvolumina notwendig, die weniger als ein tausendstel Liter umfassen.

Im CSCC haben die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler ein optimales Umfeld für ihre Arbeit gefunden. Denn hier arbeiten Grundlagenforschung und Klinik eng zusammen und profitieren voneinander. Hinzu kommt, dass das in Jena ansässige Leibniz-IPHT eng mit dem CSCC kooperiert. „Erste am CSCC erforschte Konzepte konnten hier mit der vorhandenen Reinraumtechnologie schnell in funktionsfähige Muster überführt und am CSCC im kliniknahen Umfeld getestet werden“, so Neugebauer.

Ein sehr ähnliches Verfahren, das am CSCC zusammen mit Kolleginnen und Kollegen des Leibniz-IPHT entwickelt wurde, basiert ebenfalls auf der Raman-Spektroskopie und bietet den Ärztinnen und

Ärzten die Möglichkeit, Leukozyten mit minimalem Aufwand aus einer kleinen Blutprobe detailliert zu charakterisieren. So ist es möglich, den Aktivierungszustand der Leukozyten nach einer Infektion mit Bakterien und Pilzen, aber auch Viren zu erfassen. Auch dieses Verfahren bietet ein großes Potenzial für die Sepsis-Diagnostik, wie das CSCC im Rahmen eines europäischen Projektes zusammen mit seinen Partnern mit einer ersten klinischen Studie zeigen konnte. Die Entwicklung des „spektroskopischen Blutbildes“ treibt das CSCC gemeinsam mit seinen Projektpartnern weiter voran.

Infektionen überführt werden. Die Ergebnisse haben außerdem zu einer Firmenausgründung geführt: Die „Biophotonics Diagnostics“ entwickelt und vertreibt Systemlösungen, mit denen lebensbedrohliche Krankheitserreger sowie deren mögliche Resistenzen schnell und einfach identifiziert werden können.

### Ausgezeichnete Projekte



Die Forschungsarbeiten zur photonischen Bestimmung von Bakterien wurden 2018 mit dem 3. Platz beim Berthold Leibinger Innovationspreis und 2019 mit dem Thüringer Forschungspreis für Angewandte Forschung ausgezeichnet.

Patente wurden für die schnelle Erregerdiagnostik und Resistenztestung sowie für das spektroskopische Blutbild angemeldet. Letzteres gewann 2016 eine Goldmedaille bei der Internationalen Fachmesse „Ideen – Erfindungen – Neuheiten“ (iENA) in Nürnberg. Die Ergebnisse des spektroskopischen Blutbildes im Rahmen des EU-Projektes HemoSpec wurden 2019 mit dem Ralf-Dahrendorf-Preis für den Europäischen Forschungsraum vom Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) ausgezeichnet.

Zudem evaluieren die Forscherinnen und Forscher in einer klinischen Studie unter der Leitung der Klinik für Anästhesiologie und Intensivmedizin der Universitätsklinik Jena die Potenziale dieser Technologien für die Corona-Diagnostik. Dafür arbeiten sie mit dem Zentrum für Innovationskompetenz (ZIK) Sepsis der Universität Jena und dem Leibniz-IPHT zusammen.

### Wie geht es weiter?

Für beide Verfahren, die Erregerdiagnostik mit Resistenztestung sowie das spektroskopische Blutbild, sind entsprechende Patente angemeldet und beide Verfahren sollen im neuen Leibniz-Zentrum für Photonik in der Infektionsforschung (LPI Jena) in leistungsstarke Technologieplattformen für die Diagnostik von

---

#### Ansprechpartnerin:

Prof. Dr. Ute Neugebauer  
Integriertes Forschungs- und Behandlungszentrum  
Sepsis und Sepsisfolgen (CSCC)  
Universitätsklinikum Jena  
Am Klinikum 1  
07747 Jena  
Tel.: +49 3641 9 390939  
E-Mail: [Ute.Neugebauer@med.uni-jena.de](mailto:Ute.Neugebauer@med.uni-jena.de)

Leibniz-Institut für Photonische Technologien e.V.  
Stellv. wissenschaftliche Direktorin  
Abteilungsleiterin Klinisch-Spektroskopische  
Diagnostik  
Albert-Einstein-Straße 9  
07745 Jena  
Tel.: +49 3641 206-103  
E-Mail: [ute.neugebauer@leibniz-ipht.de](mailto:ute.neugebauer@leibniz-ipht.de)

---



# SYSIMIT: Ein Computermodell für die medizinische Forschung

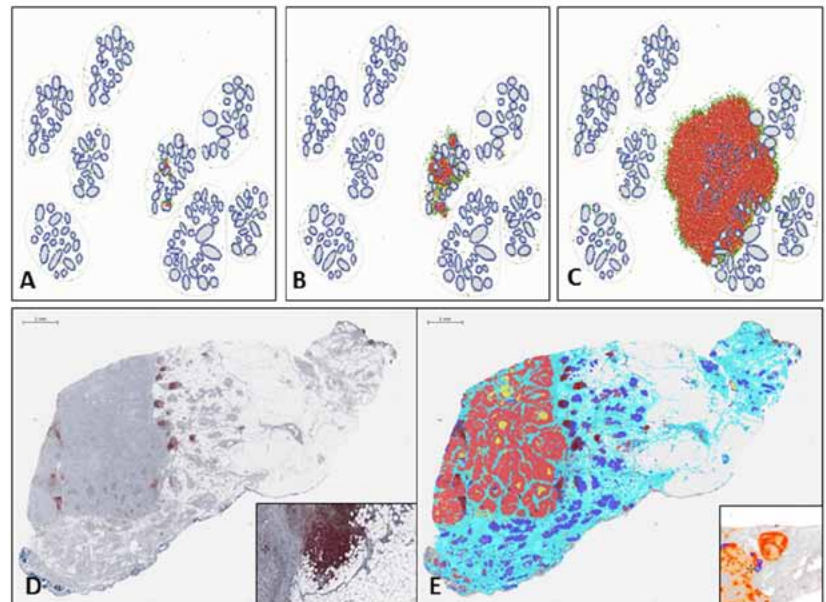
Ein interdisziplinäres Forschungsteam entwickelt ein Modell, das die Interaktionen zwischen Immunzellen und dem umliegenden Gewebe abbildet. Das ist nicht nur für die Krebsforschung, sondern auch für die Transplantationsmedizin von großer Bedeutung.

Um eine Krebserkrankung wirkungsvoll behandeln zu können, ist es wichtig, möglichst viel über die Tumore zu wissen. Gewebebiopsien spielen hierbei eine zentrale Rolle. Die mit einer feinen Nadel entnommenen Gewebeprobe werden mikroskopisch untersucht und molekularpathologisch aufgearbeitet. Dadurch gewinnen die Medizinerinnen und Mediziner wichtige Informationen über den Tumor und den möglichen Krankheitsverlauf. „Die Biopsie stellt aber immer nur eine Momentaufnahme dar. Sie spiegelt das Geschehen zum Zeitpunkt der Gewebeentnahme wider“, sagt Professor Dr. Friedrich Feuerhake vom Institut für Pathologie der Medizinischen Hochschule Hannover. „Die Prozesse im Körper sind sehr dynamisch und beeinflussen sich wechselseitig. Das wirkt sich auch auf den Krankheitsverlauf aus. Die bislang etablierte Auswertung der Biopsien kann diese Dynamik nur zum Teil abbilden.“ Feuerhake leitet das Forschungsprojekt SYSIMIT, das zum Ziel hat, mehr prognostische Informationen aus den Gewebebiopsien zu gewinnen, um so zu einem besseren Krankheitsverständnis beizutragen. Dafür will das Konsortium diese Momentaufnahmen in einen krankheitsübergreifenden und dynamischen Kontext einordnen. Um dieses Ziel zu erreichen, arbeiten die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler an einem mathematischen Modell, das die Prozesse im Gewebe simuliert – mithilfe neuer Methoden aus den Computerwissenschaften, der Bildanalyse, der Medizin, der Biologie und der Mathematik.

## Präzisere Therapien für die Krebsmedizin

Eine wichtige Rolle bei diesen dynamischen Prozessen spielt das Immunsystem. Bei Krebserkrankungen entstehen für Tumorzellen charakteristische Proteine,

die vom Immunsystem als körperfremd erkannt werden können. Ein vielversprechender Ansatz im Kampf gegen Krebs ist es, diesen körpereigenen Abwehrmechanismus gezielt zu beeinflussen. Der medizinische Bereich, der sich mit diesem Ansatz beschäftigt – die Immuno-Onkologie –, konnte in den vergangenen Jahren enorme Fortschritte erzielen.



Die grafisch dargestellten Ergebnisse der Modellierung (A–C) zeigen, wie Immunzellen (grün/gelb) zunächst mit gesundem Brustdrüsengewebe (blau) und im Lauf des Tumorwachstums mit den Krebszellen (rot) interagieren. Die Resultate von Computersimulationen werden dann mit den Mustern der Immunzellinfiltrate in echten Biopsien (D) verglichen und quantitativ mit modernen Methoden der Bildanalyse (E) analysiert, um so das Stadium der Erkrankung sowie mögliche Therapieformen zu bestimmen.

Das interdisziplinäre SYSIMIT-Team kombiniert die herkömmliche Mikroskopie mit mathematischen Modellierungen und innovativer Bildanalyse, um die Interaktionen zwischen Immun- und Krebszellen abbilden zu können. So konnten die Forscherinnen und Forscher bereits nachweisen, dass wechselnde hormonelle Einflüsse sich nicht nur auf das Drüsengewebe in der weiblichen Brust auswirken, sondern zugleich mit zyklischen Veränderungen des lokalen Immungeschehens einhergehen. Mit ihrem mathematischen Modell können die Forschenden den Einfluss

von hormonellen Schwankungen auf das Gewebe und die Immunantwort des Körpers auf krebsinduzierende Zellschädigung simulieren. Inzwischen entwickeln die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler ihr Modell weiter, um zukünftig auch fortgeschrittene Tumorstadien und die Wirkmechanismen von Medikamenten darstellen zu können. „So könnten wir in Zukunft dazu beitragen, neue Therapieansätze, die das Immunsystem zielgerichtet beeinflussen, sicherer, wirksamer und kosteneffizienter einzusetzen“, erläutert Feuerhake.

### Überlebenszeit von Spendernieren erhöhen

Die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler beschäftigen sich zudem mit weiteren Krankheitsprozessen, bei denen Wechselwirkungen zwischen Immunzellen und deren Zielstrukturen eine zentrale Rolle spielen. Mithilfe ihrer Simulationen wollen sie beispielsweise die Behandlung nach einer Nierentransplantation verbessern. Denn auch hier ist das Immunsystem von zentraler Bedeutung: Es erkennt Zellen der transplantierten Nieren als fremd und leitet eine entsprechende immunologische Reaktion ein. Damit diese beherrschbar bleibt und nicht zu einer Abstoßung des transplantierten Organs führt, müssen die Transplantationsempfänger zumeist lebenslang Medikamente einnehmen, die das Immunsystem unterdrücken. Eine solche Behandlung ist jedoch ein schwieriger Balanceakt, denn neben der erwünschten Reduzierung der Abstoßungsprozesse erhöht sie die Gefahr, dass der Körper bestimmte Infektionen nicht mehr so erfolgreich bekämpfen kann wie vor der Transplantation.

Auch hier liefern Gewebebiopsien wichtige Erkenntnisse, um die medikamentöse Therapie anzupassen und möglichst schnell auf akute Komplikationen zu reagieren. „Aus Sicht der digitalen Pathologie macht es für uns keinen großen Unterschied, ob wir die Interaktion von Immunzellen mit Krebszellen, mit gesundem Gewebe oder mit Zellen aus einer transplantierten Niere analysieren“, so Feuerhake. „Unser Ansatz, räumliche Informationen aus mikroskopischen Bildern in mathematische Modelle dynamischer Krankheitsprozesse zu integrieren, kann für verschiedene Organsysteme und Krankheitsprozesse wichtige Informationen liefern.“ Im Fall der Nierentransplantation dient die Forschung des Teams aus Hannover dem Ziel, dass Spenderorgane so lange wie möglich funktionstüchtig bleiben. Das hilft nicht nur den betroffenen Patientinnen und

Patienten, sondern trägt auch dazu bei, den Bedarf an Spendernieren zu verringern.

### Systemmedizin in Deutschland etablieren

Das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) unterstützt das SYSIMIT-Konsortium im Rahmen des Förderkonzeptes „e:Med – Maßnahmen zur Etablierung der Systemmedizin in Deutschland“. Ziel der Systemmedizin ist es, neue Einsichten in die Prozesse des Lebens anzuwenden, um Krankheiten genauer zu diagnostizieren und besser zu behandeln. Denn ob ein Mensch gesund oder krank ist, hängt von vielen Faktoren ab, unter anderem von genetischen Unterschieden oder Umwelteinflüssen. Die Frage ist, wie all diese Faktoren und Systeme ineinandergreifen und wie sie zu beeinflussen sind. Um diese Frage zu beantworten, verwendet die Systemmedizin Methoden der mathematischen Modellierung und die Rechenkapazitäten modernster Hochleistungscomputer.

#### Originalpublikationen:

Schaadt, N. S., Schönmeyer, R., Forestier, G., et al. Graph-based description of tertiary lymphoid organs at single-cell level. *PLoS Comput Biol.* 2020 Feb 21;16(2): e1007385. doi: 10.1371/journal.pcbi.1007385.

Schaadt, N. S., Alfonso, J. C. L., Schönmeyer, R., et al. Image analysis of immune cell patterns in the human mammary gland during the menstrual cycle refines lymphocytic lobulitis. *Breast Cancer Res Treat.* 2017 Jul;164(2): 305-315. doi: 10.1007/s10549-017-4239-z.

Alfonso, J. C., Schaadt, N. S., Schönmeyer, R., Brieu, N., et al. In-silico insights on the prognostic potential of immune cell infiltration patterns in the breast lobular epithelium. *Sci Rep.* 2016 Sep 23;6:33322. doi: 10.1038/srep33322.

---

#### Ansprechpartner:

Prof. Dr. Friedrich Feuerhake  
 Institut für Pathologie  
 Medizinische Hochschule Hannover  
 Carl-Neuberg-Straße 1  
 30625 Hannover  
 Tel.: +49 511 532-5238  
 E-Mail: [feuerhake.friedrich@mh-hannover.de](mailto:feuerhake.friedrich@mh-hannover.de)

---

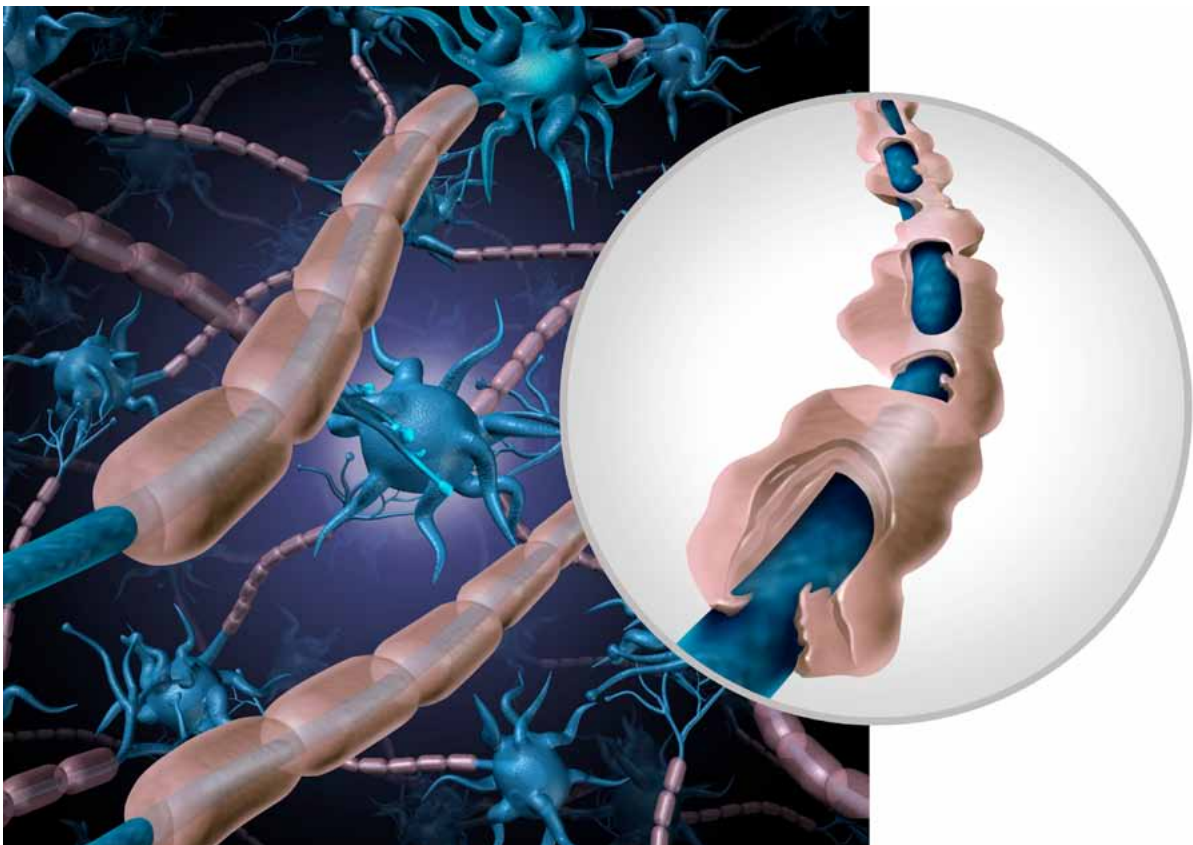
## REGIMS-Register erhöht Therapiesicherheit bei Multipler Sklerose

Zur Behandlung von Multipler Sklerose (MS) werden seit einigen Jahren auch sogenannte Biologika eingesetzt. Das REGIMS-Register dokumentiert mögliche Nebenwirkungen dieser neuen Medikamentenklasse und stärkt so die Arzneimittelsicherheit in der MS-Therapie.

Die Autoimmunerkrankung Multiple Sklerose (MS) ist eine der häufigsten entzündlichen Erkrankungen des zentralen Nervensystems. Doch trotz großer Forschungsanstrengungen sind ihre Ursachen und Verlaufsformen bis heute nicht ausreichend geklärt. Allerdings lässt sich der Krankheitsverlauf inzwischen in vielen Fällen positiv beeinflussen – immer mit dem Ziel, Selbstständigkeit und Lebensqualität der Betroffenen so lange und so gut wie möglich zu erhalten. Je früher eine auf das körpereigene Immunsystem einwirkende Behandlung einsetzt, desto höher sind auch die Chancen, ein Fortschreiten der MS zu verlangsamen. Hier kommen die sogenannten Biologika ins Spiel, eine neue Klasse therapeutischer Substanzen, die häufig mit großem biotechnologischem

Aufwand hergestellt werden. Sie greifen, je nach Wirkmechanismus, direkt in das komplexe Immungeschehen bei Multipler Sklerose ein und haben zahlreiche neue Therapieoptionen eröffnet.

Grundsätzlich erfolgen alle Neuzulassungen eines Medikaments auf der Grundlage von klinischen Studien der Phase III, die eine Überlegenheit der neuen Substanz gegenüber einem Vergleichspräparat aufgezeigt haben. Auch die MS-Therapie stütze sich auf Erkenntnisse aus derartigen Studien, erläutert Professor Dr. Klaus Berger von der Universität Münster. Sein Team am Institut für Epidemiologie und Sozialmedizin ging bei der Pharmakovigilanz – also der Überwachung der Sicherheit eines Arzneimittels – von



Der bei Multipler Sklerose fortschreitende Abbau des Schutzmantels der Nervenzellen kann mit biotechnisch hergestellten Medikamenten verlangsamt werden; sollten dabei Nebenwirkungen auftreten, wird dies im REGIMS-Register dokumentiert.

## Multiple Sklerose



Die Multiple Sklerose (MS) zählt zu den häufigsten chronisch-entzündlichen Erkrankungen des zentralen Nervensystems. Hochrechnungen zufolge sind mindestens 200.000 Menschen in Deutschland von MS betroffen, zwei Drittel davon Frauen. MS wird auch als „Krankheit mit tausend Gesichtern“ bezeichnet, weil sie höchst unterschiedlich und nicht vorhersehbar verläuft. Sie geht mit einer Zerstörung des Schutzmantels der Nervenzellen einher, in der Fachwelt Myelinscheiden genannt. Bei jeder Patientin und jedem Patienten können individuelle Gewebeschäden und Vernarbungen in Gehirn und Rückenmark entstehen und unterschiedlich ausgeprägt sein. Die Symptome von MS reichen von einem leichten Kribbeln in Händen oder Füßen über Gefühlsverlust bis hin zu schweren Störungen des Sehvermögens und der Bewegungsfähigkeit. Die Krankheit verläuft meist in Schüben und ist nicht heilbar. Ursachen und Verlaufsformen von MS sind bis heute nicht ausreichend geklärt, der Krankheitsverlauf lässt sich aber in vielen Fällen positiv beeinflussen. Die medizinische Forschung setzt deshalb vor allem auf Verbesserungen bei der MS-Diagnose und -Therapie.

MS-Medikamenten neue Wege und baute das Immuntherapierregister REGIMS auf. Dort werden Häufigkeit, Charakteristika und Auswirkungen von Nebenwirkungen bereits bestehender und neuer Immuntherapien systematisch dokumentiert.

### Risikoprofile helfen bei individueller Behandlungswahl

Vor REGIMS erstreckte sich die Pharmakovigilanz vor allem auf spontane Berichte über Nebenwirkungen seitens der behandelnden Ärztinnen und Ärzte. Unerwünschte Wirkungen würden so aber nur unzureichend erfasst, unterstreicht Berger die Bedeutung des Registers: „Eine systematische, registerbasierte Erfassung möglicher Nebenwirkungen ist gerade beim Einsatz von Biologika in der MS-Therapie besonders wichtig. Schwerwiegende Nebenwirkungen sind zwar selten, treten aber oft erst nach längerer Zeit auf und können lebensbedrohlich sein.“ Eine standardisierte Dokumentation trage maßgeblich dazu bei,

die Anwendungssicherheit von Medikamenten, auch von Substanzklassen wie Biologika, quantitativ und qualitativ deutlich zu verbessern. „Die teilnehmenden Zentren übermitteln die bei Routinebesuchen erfassten Nebenwirkungen direkt an unser Studienteam“, so Berger. „Darauf aufbauend konnten wir Risikoprofile für bestimmte Immuntherapien ermitteln, die nun als Grundlage für individuelle Therapieentscheidungen genutzt werden können.“

### Breite Mitwirkung von Betroffenen und Behandlungszentren

Das Team um Berger lud zunächst Kliniken, Ambulanzen und Schwerpunktpraxen zur Teilnahme ein, an denen Menschen mit diagnostizierter MS-Erkrankung mit einer Immuntherapie behandelt werden. Bis zum Ende der durch das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) geförderten Projektlaufzeit im Jahr 2019 konnten 1.450 Patientinnen und Patienten in das Register eingeschlossen werden; künftig soll es Angaben zu mehr als 3.000 Betroffenen aus 60 teilnehmenden Zentren umfassen.

## REGIMS



Über das REGIMS-Register wollen die Forschenden Anhaltspunkte gewinnen, wie MS-Patientinnen und -Patienten auf eine immuntherapeutische Behandlung mit Biologika ansprechen und welche Nebenwirkungen möglicherweise damit verbunden sind. Der Aufbau des Registers wurde zwischen 2016 und 2019 mit rund 498.000 Euro durch das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) gefördert. Ziel des Registers ist es, unbekannte Nebenwirkungen, die vor allem neue Therapien mit sich bringen können, frühzeitig zu erkennen.

Vor der Aufnahme in das Register füllen die behandelnden Ärztinnen und Ärzte sowie die Patientinnen und Patienten unabhängig voneinander zunächst einen Fragebogen zur Basiserhebung aus. Bei Folgeuntersuchungen in sechsmonatigen Abständen werden zudem soziodemografische und krankheitsspezifische Daten sowie potenzielle Nebenwirkungen erfasst. Dank der breiten Mitwirkung der Betroffenen an der Dokumentation ist es möglich, Auswirkungen der jeweiligen Therapie auf die Lebensqualität zu



berücksichtigen. Regelmäßig werden aufgetretene Nebenwirkungen pseudonymisiert sowohl an die teilnehmenden MS-Zentren als auch an pharmazeutische Hersteller und Behörden gemeldet.

### Krankheitsbezogenes Kompetenznetz Multiple Sklerose



Um die Diagnostik und Behandlung der Multiplen Sklerose zu verbessern, haben sich Forschende im Krankheitsbezogenen Kompetenznetz Multiple Sklerose (KKNMS) zusammengeschlossen. Das KKNMS ist interdisziplinär und bearbeitet Vorhaben in der Grundlagen- sowie der klinischen Forschung. Das Netzwerk mit Sitz in Münster ist eines von 21 Kompetenznetzen in der Medizin, die das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) initiierte, und wurde von 2009 bis 2019 mit rund 23 Millionen Euro gefördert.

### Monitoring wird mit der Zulassung neuer Substanzen immer wichtiger

Eine enge Zusammenarbeit kennzeichnet den Aufbau des REGIMS-Registers – Kooperationspartner kommen aus der Präventionsforschung, der Epidemiologie und der Pharmaindustrie. Gemeinsam mit der Deutschen Multiple Sklerose Gesellschaft (DMSG) führen die Münsteraner Forscher derzeit Gespräche mit mehreren Pharmaunternehmen über eine längerfristige Finanzierung eines gemeinsamen Pharmakovigilanzregisters. „In den kommenden Jahren ist die Zulassung zahlreicher neuer Substanzen zur MS-Therapie zu erwarten, ein solches Monitoring wird also immer wichtiger werden“, betont Berger. Auch nach dem Auslaufen der BMBF-Förderung wird das REGIMS-Register deshalb für zunächst drei Jahre weitergeführt – mit Unterstützung des Innovationsfonds des Gemeinsamen Bundesausschusses (G-BA).

---

#### **Ansprechpartner:**

Prof. Dr. med. Klaus Berger, MPH, MSc  
Direktor des Instituts für Epidemiologie und  
Sozialmedizin der Universität Münster  
Albert-Schweitzer-Campus 1, Gebäude D3  
48149 Münster  
E-Mail: [bergerk@uni-muenster.de](mailto:bergerk@uni-muenster.de)

---



# Künstliche Intelligenz verbessert Behandlung von COPD

**Über 65 Millionen Menschen weltweit leiden an der unheilbaren Lungenerkrankung COPD. Ein Forschungsteam aus Marburg will die Betroffenen mit einem Maschinenlernverfahren besser klassifizieren und so eine maßgeschneiderte Behandlung ermöglichen.**

Erste Symptome wie Husten und Atemnot beim Treppensteigen ignorieren die Betroffenen häufig; dabei ist die atemwegsverengende Lungenerkrankung COPD (chronic obstructive pulmonary disease) eine ernst zu nehmende Erkrankung. Unbehandelt entstehen irreparable Lungenschäden und die Krankheit verschlimmert sich stetig. Im späteren Verlauf haben viele Patientinnen und Patienten bereits Atemnot, wenn sie nur auf dem Sofa sitzen. Mit Medikamenten lassen sich die Symptome abmildern und eine Verschlimmerung zumindest verlangsamen. Bisher gibt es jedoch keine Methode, um den Krankheitsverlauf ganz aufzuhalten oder gar umzudrehen. Problematisch ist, dass die Erkrankung bei den Patientinnen und Patienten sehr unterschiedlich verläuft. Insbesondere weitere Beeinträchtigungen wie Diabetes oder Osteoporose spielen eine große Rolle. Je nach Begleiterkrankung und gesundheitlichem Zustand der Erkrankten sind

daher jeweils andere Therapieansätze notwendig. Hier setzt das Team um den Marburger Lungenspezialisten Professor Dr. Bernd Schmeck an. Mit Hilfe von Methoden, die sich auf maschinelles Lernen stützen, wollen sie Patientinnen und Patienten besser klassifizieren und so eine personalisierte Behandlung ermöglichen. Dabei unterstützt sie das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) im Rahmen der Fördermaßnahme ERACoSysMed mit knapp 600.000 Euro.

Das Team um Schmeck verwendet Daten von mehreren Tausend Patientinnen und Patienten. Sein Marburger Kollege Professor Dr. Claus Vogelmeier konnte eine Studiengruppe mit Daten von über 2.700 Behandelten über einen Zeitraum von mehr als fünf Jahren aufbauen. Neben klinischen Daten zum Krankheitsverlauf erfassen die Medizinerinnen und Mediziner auch speziellere Daten aus Laboruntersuchungen, so



Auch Untersuchungsdaten aus dem Labor fließen in den komplexen Computeralgorithmus zur besseren Klassifizierung der COPD-Patientinnen und -Patienten ein.

etwa bestimmte Proteine und molekulare Marker, um noch mehr über die Erkrankung zu erfahren. „Bei der Fülle an Daten brauchen wir einen Ansatz mit künstlicher Intelligenz – für einen Menschen ist das ohne dieses Hilfsmittel nicht mehr erfassbar“, erklärt Schmeck.

## COPD



COPD steht für die englische Bezeichnung „chronic obstructive pulmonary disease“ (dauerhaft atemwegsverengende Lungenerkrankung). In Deutschland leidet schätzungsweise jeder zehnte Mensch über 40 Jahre an COPD. Zu den typischen Symptomen zählt Atemnot, anfangs bei körperlicher Belastung und später, bei fortgeschrittener COPD, bereits in Ruhe. Außerdem können täglicher Husten über einen längeren Zeitraum, Pfeif- oder Brummgeräusche beim Atmen und verstärkte Beschwerden bei Erkältungen oder Grippeerkrankungen auftreten.

### Begleiterkrankungen im Blick behalten

Der Algorithmus lernt anhand Tausender Kombinationen aus Labordaten und Krankheitsverläufen, Übereinstimmungen bei verschiedenen Patientinnen und Patienten zu erkennen und Gruppen mit ähnlichen Symptomen und Verläufen zu bilden. Diese Ergebnisse wiederum vergleichen die Forscherinnen und Forscher im Rahmen einer europäischen Zusammenarbeit mit Daten aus einer Studiengruppe in den Niederlanden. Insbesondere wollen sie so herausfinden, welche Parameter und Daten für den Krankheitsverlauf relevant sind und welche nicht. Ihr Ziel ist es, die Patientinnen und Patienten möglichst früh einer Gruppe zuzuordnen zu können und so eine optimale Behandlung zu ermöglichen.

Gerade bei einer Erkrankung wie COPD, die vorwiegend Menschen ab dem 50. Lebensjahr trifft und häufig mit weiteren gesundheitlichen Problemen wie Herz-Kreislauf-Erkrankungen, Diabetes, Osteoporose oder auch psychischen Erkrankungen einhergeht, ist es wichtig, alle Aspekte im Blick zu behalten. Wenn Erkrankte in die Klinik kommen, zielt die Behandlung in der Regel auf das augenscheinlich größte Problem und konzentriert sich darauf, zunächst die Lungenfunktion zu verbessern. In einigen Fällen ist es jedoch

notwendig, zuerst die Begleiterkrankung zu behandeln, um eine Verbesserung des Gesamtzustands zu erreichen: So ist es möglich, dass die Patientinnen und Patienten aufgrund von Osteoporose Schmerzen bei Bewegungen haben und deshalb weniger atmen. Auch hier erhofft sich das Team eine Unterstützung durch die neue Software. Nach Auswertung der vorliegenden Daten könnte das System beispielsweise eine Knochendichtemessung vorschlagen und die behandelnden Ärztinnen und Ärzte auf die genannte Problematik mit der Osteoporose aufmerksam machen.

### Erste Tests der Software in einem Jahr

Damit ihre Software schnell den Weg in die Anwendung finden kann, kooperieren die Forscherinnen und Forscher bereits jetzt mit einer Firma, die Krankenhaussoftware entwickelt und einsetzt. Um im klinischen Alltag konkret Hilfestellung geben zu können, sollte die Software möglichst einfach, unkompliziert und ohne großen Zeitaufwand bedient werden können. Idealerweise sollte die Software im Rahmen der normalen Krankenhaus-IT installiert werden und auf die vorhandenen Patientendaten zugreifen, um den behandelnden Ärztinnen und Ärzten gleich vor Ort Vorschläge hinsichtlich Diagnostik und Therapie geben zu können. „Bereits in einem Jahr soll die Software für erste Tests in der Klinik eingesetzt werden“, so Schmeck. Langfristig soll es eine größer angelegte Testphase geben und dann auch eine Zulassung als Medizinprodukt erfolgen.

Die Unterteilung in Patientengruppen könnte neben der Unterstützung bei Therapieentscheidungen weitere Möglichkeiten bieten, etwa bei der Testung neuer Medikamente. Denn was einem Betroffenen hilft, führt beim nächsten mit anderen Begleitumständen noch lange nicht zu einer Besserung. Die Forscherinnen und Forscher erhoffen sich durch die Erkenntnisse der Software somit neben einem verbesserten Verständnis der Erkrankung auch neue Ansätze für die Entwicklung neuer Therapien.

---

#### Ansprechpartner:

Prof. Dr. Bernd Schmeck  
 Philipps-Universität Marburg  
 Institut für Lungenforschung  
 Hans-Meerwein-Straße 2  
 35043 Marburg  
 E-Mail: [bernd.schmeck@uni-marburg.de](mailto:bernd.schmeck@uni-marburg.de)

---

## Neues aus den Deutschen Zentren der Gesundheitsforschung

**DZG** DEUTSCHE ZENTREN  
DER GESUNDHEITSFORSCHUNG

### Gemeinsam im Bilde mit der Joint Imaging Plattform

**dkfz.**

Deutsches Konsortium für  
Translationale Krebsforschung  
Kernzentrum Heidelberg

Qualitativ hochwertige Daten sind in der Medizin ein kostbares Gut. Im DKTK ist deshalb mit der Joint Imaging Plattform (JIP) eine IT-Infrastruktur des Deutschen Krebsforschungszentrums (DKFZ) weiterentwickelt worden, die es den Forschenden ermöglicht, Bilddaten gemeinsam zu nutzen.

Auf der Aufnahme des Magnetresonanztomografen (MRT) ist eine verdächtige Stelle zu sehen: Ist es ein bösartiger Tumor oder eine gutartige Veränderung? Tagtäglich müssen Onkologinnen und Onkologen solche und ähnliche Fragen beantworten, wenn sie medizinische Bilder beurteilen. Hat sich die Tumorgöße verändert? Hat der Krebs in andere Organe gestreut? Radiologisches Bildmaterial auszuwerten

ist zeitintensiv und setzt erfahrene Fachkräfte voraus. Gleichzeitig wächst die Menge an Bilddaten mit dem technologischen Fortschritt der Geräte.

Algorithmen sollen deshalb zukünftig die Medizinerinnen und Mediziner bei der Diagnostik unterstützen. Mithilfe Künstlicher Intelligenz (KI) lassen sich Aufnahmen Pixel für Pixel analysieren. So kann eine



MRT-Aufnahmen sind in der Krebsdiagnostik heutzutage unverzichtbar.

KI feststellen, welcher Bildpunkt welcher Gewebeart entspricht oder wie sich ein Tumor über die Zeit verändert. Die Programme können lernen, welche Kombination von Merkmalen eine bösartige Veränderung anzeigt. Für diesen Lernprozess braucht es große Mengen hochqualitativer Daten. „Eine KI kann nur so zuverlässig sein wie die Daten, mit denen sie trainiert wurde“, sagt Professor Dr. Klaus Maier-Hein.



Professor Dr. Klaus Maier-Hein

Er leitet im Deutschen Krebsforschungszentrum (DKFZ) in Heidelberg, dem Kernzentrum des Deutschen Konsortiums für Translationale Krebsforschung (DKTK), die Abteilung Medizinische Bildverarbeitung. Gemeinsam mit Professor Dr. Heinz-Peter Schlemmer, dem Leiter der Radiologie am DKFZ, hat er deshalb vor drei Jahren die Entwicklung einer IT-Infrastruktur für Bildanalyse und maschinelles Lernen angestoßen – die Joint Imaging Platform, kurz JIP.

### Aufbau eines radiologischen Forschungsnetzwerks

Über eine Infrastrukturförderung im DKTK, das „Joint Funding Förderprogramm“, wurde die JIP seit 2017 sukzessive an den DKTK-Partnerstandorten ausgerollt. Sie vereinfacht den Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern an allen acht Standorten des DKTK die Arbeit mit radiologischen Aufnahmen und deren Analyse. Jede und jeder Einzelne kann dadurch viel größere Mengen an Bildmaterial für ihre oder seine Forschung nutzen. Das erhöht die Aussagekraft einer Studie oder lässt bestimmte Fragestellungen überhaupt erst zu. „Zudem unterstützen wir so die Verbreitung neuester radiologischer Methoden im Forschungsnetzwerk“, ergänzt Schlemmer. Von all dem profitieren letztlich auch die Patientinnen und Patienten, weil dadurch die Therapie verbessert und individuell genauer zugeschnitten wird.

Damit der Austausch und die Analyse der Bilder reibungslos funktionieren, müssen diese an allen beteiligten Standorten einheitlich aufbereitet und verwaltet werden. „Die JIP schafft einen gemeinsamen Nenner“, berichtet Maier-Hein, der mit seinem Team die technische Konzeption der Plattform



Professor Dr. Heinz-Peter Schlemmer

entwickelt hat. Die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler haben dabei Analysemethoden implementiert, die möglichst viele Information aus den radiologischen Aufnahmen herausholen. Forschende können verschiedene Auswertungstools anwenden oder diese über die Plattform tauschen und sogar weiterentwickeln.

### RACoon – erste deutschlandweite Radiologie-Plattform



Aufgrund der Corona-Pandemie entwickeln die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler im DKTK ausgehend von der JIP gemeinsam mit weiteren Experten eine IT-Infrastruktur, die es zulässt, radiologisches Bildmaterial von Covid-19-Patientinnen und -Patienten deutschlandweit genormt zu erfassen und auszuwerten. RACoon – „Radiological Cooperative Network zur Covid-19 Pandemie“ – heißt die erste deutschlandweite Radiologie-Plattform, die mithilfe der am DKFZ entwickelten Technologie entsteht und an der fast alle Universitätskliniken beteiligt sind. Die Mittel hierfür kommen aus der Initiative Nationales Netzwerk der Universitätsmedizin zu Covid-19 des Bundesministeriums für Bildung und Forschung (BMBF) zur Bewältigung der Pandemie. Denn computertomografische Aufnahmen der Lunge von Covid-19-Patientinnen und -Patienten helfen Ärzten dabei, den Verlauf der Erkrankung beurteilen zu können.



Neben reinen Bildinformationen werden zusätzlich auch die sogenannten Metadaten dokumentiert. Dazu zählen die Einstellungsparameter während der Aufnahme, etwa die Dosis der Röntgenstrahlung, die vergleichbar mit der Belichtungszeit bei der Fotografie die Bildqualität beeinflusst. Zusätzlich sind auch relevante Informationen über die Erkrankung mit den Bilddaten verknüpft. Dem Schutz der Daten kam deshalb bei der Konzeption der JIP eine wichtige Rolle zu. „Uns war zudem wichtig, dass jeder Standort die Hoheit über seine Daten behält“, sagt Maier-Hein. Über die Plattform können Forscherinnen und Forscher die Daten in ihre eigenen Analysen einbeziehen, die Bilder selbst verbleiben jedoch dort, wo sie entstanden sind.

## DKTK



Das Deutsche Konsortium für Translationale Krebsforschung, kurz DKTK, ist eines von sechs Deutschen Zentren der Gesundheitsforschung, die vom Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) gefördert werden. Im DKTK bündeln Forscherinnen und Forscher aus mehr als 20 universitären und außeruniversitären Einrichtungen in ganz Deutschland ihre Kräfte im Kampf gegen Krebserkrankungen. Das Deutsche Krebsforschungszentrum (DKFZ) in Heidelberg verbindet sich als Kernzentrum mit sieben universitären Partnerstandorten im Konsortium mit den stärksten Krebsforschungs- und Krebstherapiezentren in Deutschland.  
Weitere Informationen: [www.dktk.dkfz.de](http://www.dktk.dkfz.de)

### Künstliche Intelligenz erkennt Tumoren

Am DKFZ entwickelten Forschende jüngst ein künstliches neuronales Netz, das anhand einer Vielzahl von MRT-Aufnahmen lernt, woran sich verdächtige Gewebeveränderungen festmachen lassen. In Tests konnte die KI in 92 Prozent der Fälle klinisch relevanten Prostatakrebs erkennen – etwa genauso gut, wie Radiologen das leisteten. „Die Wahrscheinlichkeit für das Vorliegen eines klinisch relevanten Karzinoms war dann am höchsten, wenn sowohl Radiologen als auch die KI einen verdächtigen Befund als auffällig diagnostizierten“, berichtet Schlemmer. Nun soll die JIP den nächsten Schritt ermöglichen: Gemeinsam mit Kolleginnen und Kollegen aus dem DKTK-Netzwerk

möchten die Forschenden die Anwendung in größeren Patientengruppen validieren. Eine Studie soll zeigen, ob das Programm Ärztinnen und Ärzte sowohl im klinischen Alltag bei der Diagnose als auch beim Behandlungsmonitoring der Betroffenen mit onkologischen Erkrankungen unterstützen kann.

Die Plattform selbst sowie die entwickelten IT-Werkzeuge und KI-Anwendungen lassen sich jedoch nicht nur für die radiologische Forschung nutzen. Maier-Hein und Schlemmer sehen die JIP deshalb als Vorbild für andere medizinische Sparten, in denen es große Datenmengen auszuwerten gilt, beispielsweise bei klinischen Vorsorgeuntersuchungen. Daten sind kostbar – und geteilt können sie sogar noch wertvoller sein.

Mehr Informationen zum JIP finden Sie auf den Internetseiten des DKTK:

<https://jip.dktk.dkfz.de/jiphompage>

---

#### Ansprechpartner:

Prof. Dr. Klaus Maier-Hein  
Deutsches Krebsforschungszentrum (DKFZ)  
Abt. Medizinische Bildverarbeitung  
Im Neuenheimer Feld 280  
69120 Heidelberg  
Tel.: +49 6221 42-3545  
E-Mail: [k.maier-hein@dkfz-heidelberg.de](mailto:k.maier-hein@dkfz-heidelberg.de)

Prof. Dr. Heinz-Peter Schlemmer  
Abt. Radiologie  
Deutsches Krebsforschungszentrum (DKFZ)  
Im Neuenheimer Feld 280  
69120 Heidelberg  
Tel.: +49 6221 42-2563  
E-Mail: [h.schlemmer@dkfz-heidelberg.de](mailto:h.schlemmer@dkfz-heidelberg.de)

#### Pressekontakt:

Dr. Nadine Ogrissek  
Deutsches Konsortium für Translationale Krebsforschung (DKTK)  
Deutsches Krebsforschungszentrum (DKFZ)  
Stiftung des öffentlichen Rechts  
Im Neuenheimer Feld 280  
69120 Heidelberg  
Tel.: +49 6221 42-1646  
E-Mail: [nadine.ogrissek@dkfz.de](mailto:nadine.ogrissek@dkfz.de)

---



# Hepatitis D wird endlich behandelbar



Forschende der Universität Heidelberg und des Deutschen Zentrums für Infektionsforschung haben das erste Medikament gegen Hepatitis D entwickelt, den Virusblocker Hepcludex. Er wurde zur Behandlung dieser schwersten Form der Virushepatitis zugelassen.

Bisher konnten Hepatitis-D-Patientinnen und -Patienten nur im sogenannten Off-Label-Gebrauch mit Interferon alpha behandelt werden – außerhalb der eigentlichen Zulassung dieses Medikaments. Die Infektionskrankheit Hepatitis D gilt als besonders aggressiv, sie kann schnell zu einer Leberzirrhose oder zu Leberkrebs führen. Eine Lebertransplantation war deshalb bislang oft die einzige Überlebenschance für Hepatitis-D-Patienten.

Ende Juli 2020 wurde nun Hepcludex (Bulevirtide) in Europa zugelassen; zunächst zur Behandlung einer chronischen Infektion mit dem RNA-Virus Hepatitis D (HDV). Klinische Studien haben gezeigt, dass der Wirkstoff gut verträglich ist, sehr effektiv die Vermehrung von Hepatitis-D-Viren hemmt und zu einer deutlichen Verbesserung der Leberfunktion führt.

## Ohne Hepatitis B keine Hepatitis D

Eine Hepatitis-D-Infektion kommt nur als Co-Infektion mit einer Hepatitis-B-Infektion vor und beschleunigt den Krankheitsverlauf. Bis dato sind weder Hepatitis B noch D heilbar. Um vor einer Infektion mit beiden Viren zu schützen, gibt es zwar seit den 1980er-Jahren eine vorbeugende Impfung; bereits Infizierten hilft diese aber nicht mehr.

Sowohl HDV als auch HBV sind umhüllte Viren. „Um sich vermehren zu können, stiehlt das Hepatitis-D-Virus in der Leberzelle die Hüllproteine eines B-Virus“, erklärt Professor Dr. Stephan Urban, Professor für Translationale Virologie am Standort des Deutschen Zentrum für Infektionsforschung (DZIF) am Universitätsklinikum Heidelberg. Mittels dieser Hülle dringen die Viren in die Leberzellen ein – und zwar



Stephan Urban ist Professor für Translationale Virologie am Universitätsklinikum Heidelberg.

## Hepatitis D – eine tückische Infektionskrankheit



Hepatitis D ist eine Leberentzündung, die durch das Hepatitis-D-Virus (HDV) ausgelöst wird und sich anfangs durch Symptome äußert, die nicht eindeutig auf die Krankheit hinweisen: Die Patientinnen und Patienten fühlen sich krank, haben keinen Appetit und verspüren einen Druck im Oberbauch. Erst nach einiger Zeit kommt es zur typischen Gelbsucht, die Leber erleidet nach und nach schwere Schäden, sogar Leberkrebs kann sich entwickeln. Rund 25 Millionen Menschen sind weltweit mit HDV infiziert – Hotspots sind die Mongolei, Pakistan, Russland, der Balkan, Brasilien, Süditalien, Zentralafrika und der Vordere Orient; in Deutschland kommt Hepatitis D deutlich seltener vor. Nach Schätzungen sind etwa 6.000 Menschen betroffen, im Jahr 2018 wurden laut Robert Koch-Institut 59 neue Hepatitis-D-Virus-Infektionen gemeldet. Grund hierfür ist, dass zu wenige Patientinnen und Patienten auf Hepatitis D getestet werden. Häufig wird das Virus beim Geschlechtsverkehr oder durch verunreinigte Spritzenbestecke bei Drogenkonsum übertragen. In seltenen Fällen erfolgt die Ansteckung auch über Blutkonserven oder während der Geburt von der Mutter auf das Kind.

über den Gallensalztransporter NTCP. Dieser Rezeptor ist die Andockstelle für die Viren, um in der Leberzelle ihr Erbgut vervielfältigen zu können. Und genau hier setzt Hepcludex an: Das Medikament blockiert diesen Andockpunkt, und zwar durch eine Art „molekulares Mimikry“. Der Rezeptor ist nun belegt, die Viren haben somit keine Chance mehr, in die Zelle zu gelangen. Hepcludex ist das erste Medikament der sogenannten Entry-Inhibitoren für Hepatitis D, also ein Medikament, das den Eintritt des Virus in die Leberzelle verhindert.

Die Substanz hilft auch bei Patientinnen und Patienten, die schon mit Hepatitis D infiziert sind. „Denn das Virus muss, um langfristig überleben zu können, immer neue Leberzellen befallen, weil die erkrankten absterben oder vom Immunsystem eliminiert werden“, erklärt Urban. Bei Hepatitis-D-Patienten bilden sich Leberzellen sehr rasch. Hepcludex schützt die neu gebildeten Zellen vor einer Infektion, während die

infizierten Zellen nach und nach vom Immunsystem vernichtet werden.

### Zweieinhalb Jahrzehnte Forschungsarbeit

Auf insgesamt 25 Jahre intensiver Arbeit kann das Team um Stephan Urban – darunter DZIF-Wissenschaftlerinnen und -Wissenschaftler vom Universitätsklinikum und von der Medizinischen Fakultät Heidelberg – bei der Entwicklung des nun für die Behandlung von Hepatitis D zugelassenen Medikaments zurückblicken. Dabei hatte Urban als Grundlagenforscher ursprünglich „nur“ das Hepatitis-B-Virus im Fokus: Es war stark verbreitet und hatte das Interesse vieler Forscherinnen und Forscher weltweit auf sich gezogen. Urban wollte wissen, wie HBV gezielt und ausschließlich in die Leberzellen gelangt. Er fand heraus, dass das Protein aus der Virushülle an den besagten NTCP-Rezeptor der Leberzelle bindet und dass dies der erste Schritt einer Infektion ist. Es gelang ihm, Teile des Hüllproteins als Peptid im Labor herzustellen und auf gesunde Leberzellen zu geben: Das Protein blockierte den Rezeptor, der Viruseintritt wurde verhindert. Alle diese präklinischen Untersuchungen erfolgten zunächst an tierischen Modellorganismen, in diesem Fall von Pekingtonenten. Wurde den Enten das Peptid injiziert, bevor sie künstlich infiziert wurden, waren sie vor der Infektion geschützt.

Ob sich die Ergebnisse auch auf den Menschen übertragen ließen, musste noch erprobt werden, denn HB-Viren infizieren immer nur einen spezifischen Wirt: Was für Pekingtonenten galt, musste nicht unbedingt für Menschen genauso gelten.

### Der neue Wirkstoff ist sehr effektiv

Urban stellte also die passenden Peptidstücke des menschlichen HB-Virus her und wiederholte die gleichen Experimente, zusammen mit seinem französischen Kollegen bei INSERM (Institut National de la Santé et de la Recherche Médicale, Paris), an gesunden menschlichen Leberzellen. Diese Untersuchungen glückten, auch menschliche Zellen konnten effizient vor einer Infektion geschützt werden – und zwar bereits bei sehr niedrigen Konzentrationen des Peptids. Weil HB- und HD-Viren das gleiche Hüllprotein tragen, war so zugleich auch ein Wirkstoff gegen Hepatitis D entstanden.

Bereits in der präklinischen Phase sicherte sich das Biotech-Start-up-Unternehmen MYR Pharmaceuticals die exklusiven Lizenzrechte für Hepcludex und

**DZIF**

Im Deutschen Zentrum für Infektionsforschung (DZIF) entwickeln bundesweit mehr als 500 Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler aus 35 Institutionen gemeinsam neue Ansätze zur Vorbeugung, Diagnose und Behandlung von Infektionskrankheiten. Das DZIF ist eines von sechs Deutschen Zentren der Gesundheitsforschung (DZG), die vom Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) zur Bekämpfung von Volkskrankheiten ins Leben gerufen wurden. Weitere Informationen: [www.dzif.de](http://www.dzif.de)

übernahm die Weiterentwicklung bis zur Zulassung. Das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) förderte die präklinische Entwicklung mit 2,4 Millionen Euro. Das DZIF erkannte früh das Potenzial des Projekts, den Wirkstoffkandidaten bis zum Einsatz als Medikament weiterentwickeln zu können. Bereits 2012 beteiligte es sich an den präklinischen Untersuchungen. 2014 wurde eine DZIF-Professur für Translationale Virologie eingerichtet, deren Ruf Stephan Urban folgte. Im Dezember 2020 akquirierte der amerikanische Pharmakonzern Gilead die MYR GmbH für insgesamt 1,45 Milliarden Euro – ein Beleg dafür, welches Potenzial in dem im DZIF mitentwickelten Hepatitis-D-Medikament steckt.

---

**Ansprechpartner:**

DZIF-Forschungsbereich Hepatitis  
Prof. Dr. Stephan Urban  
Department of Infectious Diseases, Molecular Virology  
DZIF Research Group Translational Virology  
Universitätsklinikum Heidelberg  
Im Neuenheimer Feld 344  
69120 Heidelberg  
Tel.: +49 6221-564902  
E-Mail: [Stephan.Urban@med.uni-heidelberg.de](mailto:Stephan.Urban@med.uni-heidelberg.de)  
[www.molecular-virology.uni-hd.de](http://www.molecular-virology.uni-hd.de)

**Pressekontakt:**

Janna Schmidt  
Tel.: +49 531 6181-1154  
E-Mail: [presse@dzif.de](mailto:presse@dzif.de)

---

## Nationale Dekade gegen Krebs



# 5

Fragen an...

### Professor Dr. Michael Baumann

**Professor Dr. Michael Baumann ist Co-Vorsitzender des Strategiekreises der Nationalen Dekade gegen Krebs. Nach zwei Dekaden-Jahren zieht er Bilanz und erklärt im Interview, welche Ergebnisse des Bündnisses die Krebsforschung nachhaltig verbessern werden.**

*Herr Professor Baumann, welche Ergebnisse der ersten zwei Jahre der Nationalen Dekade gegen Krebs sind aus Ihrer Sicht die wichtigsten und was bedeuten sie, um Krebs die Stirn zu bieten?*

Zum einen ist hier der Ausbau des Nationalen Centrums für Tumorerkrankungen (NCT) zu nennen. Durch die Etablierung weiterer Standorte wird die wissenschaftsgetriebene translationale Forschung gefördert und die nationalen Potenziale werden gehoben. Das bedeutet, dass Erkenntnisse schneller bei den Patientinnen und Patienten ankommen und in Produkte überführt werden können. Der NCT-Ausbau ist eine langfristige Strategie für die langfristige Herausforderung Krebs.



Professor Dr. Michael Baumann

Zum anderen sind die Entwicklungen im Bereich Krebsprävention zu nennen. Die Bedeutung von Prävention und Präventionsforschung hat deutlich zugenommen und es setzt sich zunehmend ein Bewusstsein dafür durch, welches Potenzial hier vorhanden ist. Durch Primärprävention können bis zu 40 Prozent der Krebsneuerkrankungen vermieden werden – damit kann jede und jeder Einzelne ihr bzw. sein persönliches Risiko senken, das Gesundheitssystem mit seinen beschränkten Ressourcen wird weniger belastet.

*Sind Sie mit dem Erreichten und dem Arbeitstempo in der Krebsdekade zufrieden und gibt es für Sie nach den ersten zwei Jahren auch eine persönliche Erkenntnis?*

Ich denke, wir können sehr positiv auf die letzten zwei Jahre zurückblicken. Trotz der nicht einfachen Rahmenbedingungen während einer Pandemie haben die Gremien auch 2020 hoch motiviert gearbeitet. Das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) hat in der Steuerung der Dekade sehr gute

Arbeit geleistet und es wurden verschiedene Förderinstrumente veröffentlicht. Dafür sind wir sehr dankbar. Auch international gab es viel Aufmerksamkeit für diese einzigartige Initiative. Nun gilt es, die geplanten Projekte umzusetzen und weiter an den Herausforderungen zu arbeiten.

Für mich persönlich war besonders beeindruckend, wie die verschiedenen Beteiligten ihre Perspektiven zusammengebracht haben, um gemeinsam ein Ziel zu verfolgen.

*Aus Ihrer Sicht als Co-Vorsitzender des Strategiekreises der Nationalen Dekade gegen Krebs: Wie haben Sie die Zusammenarbeit mit vielen unterschiedlichen Perspektiven und Expertisen der Mitglieder im Strategiekreis wahrgenommen und ist hier eine Entwicklung festzustellen?*

Von allen Beteiligten wird es als sehr wertvoll angesehen, dass das BMBF und das Bundesministerium für Gesundheit (BMG) von Anfang an alle relevanten Akteure mit eingebunden haben. Dadurch konnte ein gemeinsames Verständnis geschaffen werden, die verschiedenen Interessenlagen wurden besser verstanden. Das ist eine unverzichtbare Grundlage, um nationale Herausforderungen wie die Bekämpfung von Krebs anzugehen und zu meistern.

*Wie zahlt sich die Einbindung von Patientenvertretern in allen Gremien des Bündnisses aus?*

Ziel der Krebsforschung ist es, dass die Ergebnisse bei den Betroffenen ankommen und sie davon profitieren können. Durch die Einbindung der Patientenvertretungen ist eine 360-Grad-Betrachtung der Krebsproblematik möglich. Es können sich Prioritäten verschieben und andere Themen rücken in den Mittelpunkt. Diese umfassende Betrachtungsweise hat in Deutschland vergleichsweise erst recht spät Einzug gehalten, dafür sind wir jetzt umso besser aufgestellt.

*Am Schluss noch ein kurzer Ausblick: Welche wissenschaftlichen Neuerungen oder Entdeckungen zeichnen sich aus Ihrer Sicht am Horizont der Krebsforschung in den nächsten Jahren ab?*

Die Potenziale der Krebsprävention werden die Krebsforschung stark prägen. Hier gibt es noch viel Forschungsbedarf – gerade auch in der Grundlagenforschung –, um beispielsweise besser zu verstehen,

wie Infektionen, Entzündungen und Krebs zusammenhängen. Immuntherapien haben in den letzten Jahren die Krebsbehandlung teilweise revolutioniert und wir erwarten in Zukunft noch weitere Innovationen auf diesem Gebiet, z. B. möglicherweise weitere Impfungen gegen Krebs. Auch vom Nachweis kleinster Mengen an Tumorerbgut im Blut – der sogenannten Liquid Biopsy – versprechen wir uns deutliche Verbesserungen, z. B. beim Therapie-Monitoring oder sogar bei der Tumordiagnostik. Ich gehe zudem davon aus, dass der Bereich Data Science und die Nutzung von digitalen Technologien und Smart Devices in den nächsten Jahren weiter eine große Rolle spielen werden.

[www.dekade-gegen-krebs.de/zweivonzehn](http://www.dekade-gegen-krebs.de/zweivonzehn)



Hier informieren Sie sich über die bisherigen Ergebnisse, Akteure und Initiativen in der Nationalen Dekade gegen Krebs.

---

**Ansprechpartnerin:**

Katrin Benninghoff  
 Bundesministerium für Bildung und Forschung  
 Kapelle-Ufer 1  
 10117 Berlin  
 E-Mail: [Katrin.Benninghoff@bmbf.bund.de](mailto:Katrin.Benninghoff@bmbf.bund.de)  
[www.dekade-gegen-krebs.de](http://www.dekade-gegen-krebs.de)

---



## Impressum

### Herausgeber

Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF)  
Referat Medizinische Forschung; Medizintechnik  
11055 Berlin  
bmbf.de  
gesundheitsforschung-bmbf.de

Dieser Newsletter wird als Fachinformation des Bundesministeriums für Bildung und Forschung kostenlos herausgegeben. Sie ist nicht zum Verkauf bestimmt und darf nicht zur Wahlwerbung politischer Parteien oder Gruppen eingesetzt werden.

### Stand

März 2021

### Text/Autorinnen und Autoren

DLR Projektträger  
Bereich Gesundheit  
Ursula Porwol (Koordination Fachkommunikation)  
Dr. Bettina Koblenz (Redaktionsleitung)  
Heinrich-Konen-Straße 1  
53227 Bonn  
Tel.: 0228 3821-1265  
Fax: 0228 3821-1257  
E-Mail: [bettina.koblenz@dlr.de](mailto:bettina.koblenz@dlr.de)

### Mitarbeit

Susanne Laux, Dr. Britta Sommersberg  
Projektträger Jülich (Katharina Kalhoff, Dr. Gesa Terstiege)  
Deutsche Zentren der Gesundheitsforschung

### Gestaltung

wbv Media, Bielefeld; Gerald Halstenberg

### Druck

BMBF

### Bildnachweis

gilaxia/iStock: Titel; Luchschen/Thinkstock: S. 2; M. Synofzik, HHH/Zentrum für Neurologie, UKT, Tübingen: S. 3; Sven Döring: S. 6; Dr. J. C. Alfonso Lopez, Dr. Haralampos Hatzikirou, Dr. R. Schönmeier, Prof. F. Feuerhake: S. 8; freshidea/Adobe Stock: S. 10; Philipps-Universität Marburg: S. 13; Katarzyna Bialasiewicz/Thinkstock: S. 15 oben; DLR-PT/BMBF: S. 15 unten; Jutta Jung/DKFZ: S. 16, beide; Dominik Buschardt: S. 18; DKFZ/Uwe Anspach: S. 21