

Krebs bei Kindern besser verstehen: Forschende entwickeln neues Werkzeug zur gezielten Steuerung von Stammzellen

Open Science > Medizin - Mensch - Ernährung > Krebs bei Kindern besser verstehen: Forschende entwickeln neues Werkzeug zur gezielten Steuerung von Stammzellen



Autoren der Publikation Davide Seruggia, Florian Halbritter, Sophie Müller und Luis Montano-Gutierrez,
Bild: Lukas Lach, St. Anna Kinderkrebsforschung

Wer die molekularen Auslöser von Kinderkrebs verstehen will, muss die komplexen Entwicklungsabläufe des Körpers im Labor Schritt für Schritt nachstellen – bislang häufig ein mühsames Vorgehen nach dem Prinzip Versuch und Irrtum. Forscher:innen der St. Anna Kinderkrebsforschung unter der Leitung von Florian Halbritter und Davide Seruggia haben nun eine neue Methode entwickelt, die es ermöglicht, aus Stammzellen präzise zelluläre Modelle herzustellen. Ihre Arbeit wurde in der renommierten Fachzeitschrift *Nucleic Acids Research* veröffentlicht.

Viele Krebserkrankungen im Kindesalter entstehen durch Fehlentwicklungen in frühen Wachstumsphasen von Zellen. Genetische Veränderungen bringen die Zellen vom vorgesehenen Entwicklungsweg ab und können so die Tumorbildung auslösen. Zu verstehen, wie genetische Veränderungen diese Fehlsteuerung auslösen, ist entscheidend – sowohl für das Verständnis der Krebsentstehung als auch für die Entwicklung neuer Therapien.

Um diese Prozesse zu erforschen, stellen Wissenschaftler:innen bestimmte Aspekte der frühen Entwicklung im Labor nach. Dafür verwenden sie Stammzellen, die von den Forscher:innen genau durch jene Stadien geführt werden, die die Zellen normalerweise in ihrer Entwicklung im Körper durchlaufen. Für einen kontrollierten Ablauf dieser Zellentwicklung braucht es aber viele aufeinanderfolgende Schritte. Zum Beispiel kann das die Zugabe von bestimmten Wachstumsfaktoren sein oder auch die Zeit, die den Zellen zum Wachstum gegeben wird. Dabei ist es besonders wichtig, jeden einzelnen Schritt genau abzustimmen, damit sich auch genau jene Zelle aus der Stammzelle entwickelt, die man im Labor untersuchen möchte. Unterschiedliche Laborbedingungen können nämlich Zellen hervorbringen, die sich zwar anfänglich äußerlich ähneln, aber nicht die gewünschten Funktionen erfüllen.

Die Feinabstimmung jedes einzelnen Schritts kann dann schnell zu einer riesigen Herausforderung werden. Außerdem lässt sich mit den bisherigen Methoden auch nur schwer beurteilen, wie genau diese im Labor erzeugten Zellen in den einzelnen Entwicklungsphasen ihren natürlichen Vorbildern entsprechen.

Um dieses Problem zu lösen, entwickelte das Team um Florian Halbritter und Davide Seruggia eine neue Methode, die auf Prinzipien basiert, die

auch in der Informatik zur Vereinfachung komplexer Aufgaben verwendet werden. Der Ansatz bewertet den Erfolg bereits früh – nicht erst am Ende der Zellentwicklung – und hilft Wissenschaftler:innen so, experimentelle Bedingungen genauer zu vergleichen und das beste Protokoll zur Herstellung des gewünschten Zelltyps auszuwählen. Darüber hinaus zeigt die Methode, wie sich Laborzellen so weiterentwickeln lassen, dass sie echten Körperzellen möglichst nahekommen.

Maschinelles Lernen inspiriert Krankheitsmodellierung

Normalerweise optimieren Forschende ein Differenzierungsprotokoll – also den schrittweisen Prozess, der eine Stammzelle im Labor in eine spezialisierte Zelle verwandelt – indem bislang meist nur das Endprodukt untersucht und mit der Referenzzelle – etwa roten Blutkörperchen oder Leberzellen – verglichen wird. Sobald ein so ein Laborprotokoll jedoch mehrere aufeinanderfolgende Schritte umfasst, wird es zunehmend anspruchsvoll nachzuvollziehen, wie sich Veränderungen in einzelnen Schritten auf das Endergebnis auswirken.

„Die Zahl der Kombinationen wächst exponentiell“, erklärt Florian Halbritter. „Schon bei zwei Schritten und acht verschiedenen Versuchsbedingungen pro Schritt ergeben sich 64 unterschiedliche Protokolle zum Vergleichen. Bei drei Schritten sind es bereits 512 und so weiter!“

Alle möglichen Kombinationen zu testen ist in der Praxis kaum machbar, da Zeit und Ressourcen begrenzt sind. Um den Prozess zu vereinfachen, griff das Team ein Konzept aus dem maschinellen Lernen auf, bekannt als Greedy Optimization.

„Greedy Optimization vereinfacht die Suche, indem sie jeden Zwischenschritt bewertet und jeweils nur die beste Bedingung für den nächsten Schritt auswählt“, erklärt Erstautor Luis Montano.

Mit diesem Ansatz konnten die Forschenden die Zahl der zu testenden Bedingungen deutlich reduzieren und so Zeit und Kosten sparen. Voraussetzung dafür war jedoch eine präzise Methode, um die sich entwickelnden Zellen in jeder Phase des Protokolls zuverlässig zu bewerten.

Brücken zwischen Kinderkrebsforschung und regenerativer Medizin

Die Ergebnisse des Teams eröffnen eine neue Strategie zur Verbesserung zellulärer Modelle der Kinderkrebsentwicklung. Solche Modelle sind entscheidend, um die Entstehung von Erkrankungen besser zu verstehen und wirksamere Therapien zu entwickeln. Doch die

Auswirkungen gehen weit über die Krebsforschung hinaus: Indem die Erzeugung spezifischer Zelltypen im Labor verbessert wird, könnte die Methode neue Wege in der regenerativen Medizin eröffnen – etwa zur Reparatur von Gewebe, das durch Schlaganfall, Herzinfarkt oder andere Verletzungen geschädigt wurde.

„Unsere Strategie lässt sich in den meisten Labors weltweit leicht umsetzen“, sagt Halbritter. „Wir hoffen, dass sie anderen Wissenschaftler:innen hilft, ihre Prozesse zu optimieren, damit sie sich auf das Wesentliche konzentrieren können: Krankheiten verstehen und neue Therapien entwickeln.“

am, 27.02.2026

Quellenangaben

[Presseaussendung](#) von APA-OTS Krebs bei Kindern besser verstehen: Forschende entwickeln neues Werkzeug zur gezielten Steuerung von Stammzellen vom 25.02.2026

Originalpublikation:

Montano-Gutierrez LF, Müller S, Kutschat AP, Adameyko I, Seruggia D, Halbritter F. Directing stem cell differentiation by chromatin state approximation. Nucleic Acids Res. 2026.
<https://doi.org/10.1093/nar/gkag124>