

Press release**Ludwig-Maximilians-Universität München**
LMU

11/28/2022

<http://idw-online.de/en/news805629>Research results
Medicine
transregional, national**Nasenhöhlenkrebs: KI ermöglicht Durchbruch in der Diagnostik**

- Forschende der LMU und der Charité haben eine Methode entwickelt, um schwer diagnostizierbare Nasenhöhrentumore zu klassifizieren - Mithilfe von künstlicher Intelligenz (KI) werden chemische Modifikationen der DNA analysiert - Vier Tumor-Gruppen mit unterschiedlicher Prognose wurden identifiziert

Tumore in der Nasehöhle und der Nasennebenhöhle beschränken sich zwar auf einen kleinen Raum, umfassen aber ein sehr breites Spektrum mit vielen Tumorarten. Diese sind schwer zu diagnostizieren, da sie oft kein spezifisches Muster oder Erscheinungsbild aufweisen. Besonders gilt dies für die sogenannten sinonasalen undifferenzierten Karzinome oder kurz SNUCs.

Nun ist es einem Team um Dr. Philipp Jurmeister und Prof. Frederick Klauschen vom Pathologischen Institut der LMU sowie Prof. David Capper von der Charité, zudem Wissenschaftler im Deutschen Konsortium für Translationale Krebsforschung (DKTK), Partnerstandorte München und Berlin, gelungen, die Diagnostik entscheidend zu verbessern: Sie entwickelten ein KI-Tool, das auf der Basis chemischer DNA-Modifikationen Tumore zuverlässig unterscheidet und die mit den bislang verfügbaren Methoden nicht unterscheidbaren SNUCs vier deutlich unterschiedlichen Gruppen zuordnet. Dies könnte auch neue Möglichkeiten für zielgerichtete Therapien eröffnen.

Chemische Modifikationen der DNA spielen bei der Regulation der Genaktivität eine entscheidende Rolle. Dazu gehört auch die DNA-Methylierung, bei der DNA-Bausteine mit einer zusätzlichen Methylgruppe versehen werden. Bereits in früheren Studien konnten die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler zeigen, dass das Methylierungsmuster des Erbguts für verschiedene Tumorarten spezifisch ist, weil es auf die Ursprungszelle des Tumors zurückgeführt werden kann.

„Darauf basierend haben wir nun die DNA-Methylierungsmuster von fast 400 Tumoren in Nasen- und Nasennebenhöhle erfasst“, sagt Capper. Dank einer umfangreichen internationalen Kooperation gelang es den Forschenden, eine so große Probenzahl zusammenzutragen, obwohl diese Tumore selten sind und insgesamt nur etwa vier Prozent aller bösartigen Tumoren im Hals-Nasen-Bereich ausmachen.

Vier Tumor-Gruppen mit unterschiedlicher Prognose

Für die Analyse der Methylierungsdaten entwickelten die Forschenden ein KI-Modell, das die Tumore verschiedenen Klassen zuordnet. „Methoden des maschinellen Lernens sind dabei aufgrund der großen Datenmenge unerlässlich“, sagt Jurmeister. „Um tatsächlich Muster zu erkennen, mussten wir in unserer Studie mehrere Tausend Methylierungspositionen auswerten.“ Dabei zeigte sich, dass SNUCs in vier Gruppen eingeteilt werden können, die sich auch noch bezüglich weiterer molekularer Eigenschaften unterscheiden.

Diese Ergebnisse sind auch klinisch relevant, da die unterschiedlichen Gruppen verschiedene Prognosen haben. „Eine Gruppe beispielsweise verläuft überraschend gut, obwohl die Tumoren unter dem Mikroskop sehr aggressiv aussehen“, sagt Klauschen. „Eine andere Gruppe dagegen hat eine schlechte Prognose.“ Auf der Basis der molekularen

Eigenschaften der Gruppen könnten Forschende möglicherweise in Zukunft auch gezielte neue Therapieansätze entwickeln.

contact for scientific information:

Dr. Philipp Jurmeister

Pathologisches Institut der LMU

Tel.: 089 2180 73680

E-Mail: Philipp.Jurmeister@med.uni-muenchen.de

https://www.pathologie.med.uni-muenchen.de/o44mitarbeiter/aerzte/jurmeister_-philipp/index.html

Prof. Dr. med. David Capper

Charité – Universitätsmedizin Berlin

Abteilung für Neuropathologie

Tel.: 030 450 536 498

E-Mail: David.Capper@charite.de

https://neuropathologie.charite.de/forschung/molekulare_neuropathologietumorepigenetik

Original publication:

Philipp Jurmeister et al: DNA methylation-based classification of sinonasal tumors. Nature Communications 2022

<https://www.nature.com/articles/s41467-022-34815-3>