Chirurg 2021 · 92:732
<https://doi.org/10.1007/s00104-021-01460-3>
 Angenommen: 22. Juni 2021
 Online publiziert: 19. Juli 2021
 © Springer Medizin Verlag GmbH, ein Teil von
 Springer Nature 2021

Lassen sich Anastomoseninsuffizienzen anhand einer Genanalyse vorhersagen?

A. Geier · M. Anthuber¹

¹ Klinik für Allgemein-, Viszeral-, Transplantationschirurgie, Klinikum Augsburg, Augsburg, Deutschland

Originalpublikation

van Praagh et al (2021) Colorectal anastomotic leak: transcriptomic profile analysis. Br J Surg, Apr 5 edn

Hintergrund. Die Anastomoseninsuffizienz (AI) tritt nach kolorektaler Chirurgie mit einer Häufigkeit von bis zu 10 % auf. Bekannte Risikofaktoren für eine AI sind unter anderem mangelnde Durchblutung, Spannung auf der Anastomose, technische Fehler bei der Anlage, medikamentöse Faktoren, Erkrankungen wie Anämie, Diabetes mellitus oder Atherosklerose sowie möglicherweise auch lokal wirksame bakterielle Faktoren. In der vorliegenden Studie wurde die Gentranskription von Patienten untersucht, welche eine kolorektale Anastomose erhielten. Ziel war es, bei Patienten mit aufgetretener AI mögliche Unterschiede in der Gentranskription zu identifizieren.

Methoden. In dieser multizentrischen Studie wurde nach Anlage einer kolorektalen Anastomose aus dem proximalen Staplerring Ribonukleinsäure (RNS) isoliert und daraus Messenger-Ribonukleinsäure (mRNS) sequenziert. Es erfolgte eine Genexpressionsanalyse sowie eine Gegenüberstellung der hoch- und herunterregulierten Gene. Eine Kofunktionalitätsanalyse der je 150 häufigsten hoch- und herunterregulierten Gene er-

möglichte eine Zuordnung zu einzelnen Clustern bzw. genetischen Pathways.

Ergebnisse. Die Genanalyse erfolgte bei insgesamt 91 Patienten. Von diesen bekamen 22 eine AI innerhalb der ersten 40 postoperativen Tage. Ein Vergleich der Patientencharakteristika zeigte lediglich einen signifikant höheren Body-Mass-Index in der Gruppe der AI. Die Transkriptionsanalyse zeigte bei den Patienten mit AI im Vergleich zu den Patienten ohne AI signifikant ($p < 0,050$) 417 hochregulierte und 1479 herunterregulierte Gene. Zwei dieser hochregulierten sowie 42 der herunterregulierten Gene erreichten einen korrigierten Signifikanzwert von $p < 0,050$ im Mehrfachvergleich. Die betreffenden Gene wurden zu einzelnen Clustern gruppiert. Diese Cluster konnten bekannten genetischen Pathways zugeordnet werden. Bei den hochregulierten Genen betraf dies Teilschritte der Zellteilung. Die herabregulierten Gene ließen sich Pathways zuschreiben, welche in den Bereichen Immunantwort, Angiogenese, Proteinsynthese und Kollagenvernetzung involviert sind.

Kommentar

Die Studie von van Praagh et al. identifizierte eine veränderte Gentranskription bei Patienten mit AI. Die Cluster der herunterregulierten Gene sind beteiligt an allen Schritten der Wundheilung, welche aus biologischer Sicht der Anastomosenheilung weitestgehend entspricht. Die Studie extrahierte Genmaterial aus dem Kolon, jedoch nicht aus dem rektalen Teil der Anastomose. Daher gibt es noch keine Hinweise für mögliche Unterschiede der Genexpression je nach Entnahmestel-

le. Die genaue Bedeutung der einzelnen Gene für die Anastomosenheilung ist noch nicht bekannt. Somit lassen die gewonnenen Daten noch keine Vorhersage der Wahrscheinlichkeit für das Auftreten einer AI zu. Dennoch zeigte die Studie, dass es zum Zeitpunkt der Operation signifikante Unterschiede in der Genexpression gab. Diese Unterschiede könnten Einfluss auf das spätere Entstehen einer AI nehmen. Inwieweit diesbezüglich präemptive Maßnahmen möglich und sinnvoll sind, kann derzeit noch nicht beurteilt werden.

Korrespondenzadresse

Prof. Dr. M. Anthuber

Klinik für Allgemein-, Viszeral-, Transplantationschirurgie, Klinikum Augsburg
 Stenglinstr. 2, 86156 Augsburg, Deutschland
matthias.anthuber@klinikum-augsburg.de

Interessenkonflikt. A. Geier und M. Anthuber geben an, dass kein Interessenkonflikt besteht.

QR-Code scannen & Beitrag online lesen